

(19)



Евразийское  
патентное  
ведомство

(21) 201690831 (13) A1

(12) ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ЕВРАЗИЙСКОЙ ЗАЯВКЕ

(43) Дата публикации заявки  
2016.11.30

(51) Int. Cl. C07K 14/415 (2006.01)  
C12N 15/82 (2006.01)

(22) Дата подачи заявки  
2014.11.05

(54) СПОСОБЫ МОДУЛИРОВАНИЯ РАЗМЕРА СЕМЯН И ОРГАНОВ У РАСТЕНИЙ

(31) 1319876.7

(32) 2013.11.11

(33) GB

(86) PCT/GB2014/053296

(87) WO 2015/067943 2015.05.14

(71) Заявитель:

ПЛАНТ БИОСАЙЕНС ЛИМИТЕД  
(GB)

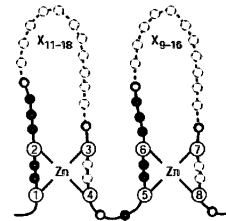
(72) Изобретатель:

Беван Майкл, Дюмениль Джек (GB)

(74) Представитель:

Нилова М.И. (RU)

(57) Настоящее изобретение относится к экспрессии белка DA1 с мутацией, которая нарушает или инактивирует LIM-домен или LIM-подобный домен, в клетках растения. Данная экспрессия может увеличить урожайность или усилить связанный с урожайностью признак растения. Предложены способы, растения и клетки растений.



201690831 A1

201690831

A1

## СПОСОБЫ МОДУЛИРОВАНИЯ РАЗМЕРА СЕМЯН И ОРГАНОВ У РАСТЕНИЙ

### Область техники

- 5 Настоящее изобретение относится к способам изменения размеров семян и органов растений, например, для улучшения урожайности растений.

### Уровень техники

Размер семян и органов является важным с точки зрения агрономии и экологии  
10 признаком, который находится под генетическим контролем (Alonso-Blanco, C. PNAS USA 96, 4710-7 (1999); Song, X.J. Nat Genet 39, 623-30 (2007); Weiss, J. Int J Dev Biol 49, 513-25 (2005); Dinnyen, J.R. Development 131, 1101-10 (2004); Disch, S. Curr Biol 16, 272-9 (2006); Science 289, 85-8 (2000); Horiguchi, G. Plant J 43, 68-78 (2005); Hu, Y Plant J 47, 1-9 (2006); Hu, Y. Plant Cell 15, 1951-61 (2003); Krizek, B.A. Dev Genet 25, 224-36  
15 (1999); Mizukami, Y. PNAS USA 97, 942-7 (2000); Nath, U. Science 299, 1404-7 (2003); Ohno, C.K. Development 131, 1111-22 (2004); Szecsi, J. Embo J 25, 3912-20 (2006); White, D.W. PNAS USA 103, 13238-43 (2006); Horvath, B.M. Embo J 25, 4909-20 (2006); Garcia, D. Plant Cell 17, 52-60 (2005). Конечный размер семян и органов является постоянным в пределах конкретного вида, тогда как межвидовая вариативность размера семян и  
20 органов является значительно большей. Это свидетельствует о том, что растениям свойственны регуляторные механизмы, скоординированно и своевременно контролирующие рост семян и органов. Однако, несмотря на важность размера семян и органов, о молекулярных и генетических механизмах, контролирующих конечный размер семян и органов у растений, известно немного.

25

Генетическую регуляцию размера семян исследовали у растений, в том числе у помидоров, сои, маиса и риса, с применением картирования локуса количественных признаков (quantitative trait locus, QTL). В опубликованной на сегодняшний день  
30 литературе сообщается об обнаружении двух генов (Song, X.J. Nat Genet 39, 623-30 (2007); Fan, C. Theor. Appl. Genet. 112, 1164-1171 (2006)), соответствующих двум крупным QTL, отвечающим за размер зерен риса, хотя молекулярные механизмы функционирования данных генов до конца не изучены. У арабидопсиса были картированы одиннадцать локусов, влияющих на массу и/или длину семян в продуктах скрещивания между изолятами Ler и Cvi {Alonso-Blanco, 1999 ссылка выше}, но

соответствующие гены не были обнаружены. В недавно проведенных исследованиях было показано, что AP2 и ARF2 вовлечены в контроль размера семян. Однако, к сожалению, мутанты *ap2* и *arf2* характеризуются меньшей фертильностью, чем дикий тип (Schruff, M.C. *Development* 137, 251-261 (2006); Ohto, M.A. *PNAS USA* 102, 3123-3128 (2005); Jofuku, K.D. *PNAS USA* 102, 3117-3122 (2005)). Кроме того, исследования с применением мутантных растений позволили обнаружить несколько положительных и отрицательных регуляторов, влияющих на размер органов посредством воздействия на пролиферацию или размножение клеток {Krizek, B.A. *Dev Genet* 25, 224-36 (1999); Mizukami, Y. *Proc Natl Acad Sci U S A* 97, 942-7 (2000); Nath, U. *Science* 299, 1404-7 (2003); Ohno, C.K. *Development* 131, 1111-22 (2004); Szecsi, J. *Embo J* 25, 3912-20 (2006); White, D.W. *PNAS USA* 103, 13238-43 (2006); Horvath, B.M. *Embo J* 25, 4909-20 (2006); Garcia, D. *Plant Cell* 17, 52-60 (2005). Horiguchi, G. *Plant J* 43, 68-78 (2005); Hu, Y. *Plant J* 47, 1-9 (2006) Dinneny, J.R. *Development* 131, 1101-10 (2004)).

Известно, что на размер семян влияют несколько факторов, вовлеченных в активности, связанные с убиквитином. Фактор, ограничивающий рост, DA1, представляет собой рецептор убиквитина и содержит два убиквитин-взаимодействующих мотива (ubiquitin interaction motif, UIM), которые связывают убиквитин *in vitro*, и у мутанта *dal-1* образуются большие семена в результате влияния на материнские покровы семяпочки (Li et al., 2008). Мутации в энхансере *dal-1* (*EOD1*), который кодирует убиквитин-лигазу E3 BIG BROTHER (BB) (Disch et al., 2006; Li et al., 2008), синергетически усиливают фенотип размера семян *dal-1*. Это свидетельствует, что *DA1* действует синергетически с *EOD1/BB* при осуществлении контроля размера семян.

Обнаружение дополнительных факторов, контролирующих итоговый размер семян и органов, не только улучшит понимание механизмов контроля размера у растений, но может также найти значительное практическое применение, например, для улучшения урожайности культур и биомассы растений для получения биотоплива.

### 30 Краткое описание изобретения

Авторы настоящего изобретения неожиданно обнаружили, что нарушение LIM-домена и/или LIM-подобного домена в белках DA1 растений не препятствует

гомодимеризации или активности DA, а вместо этого предоставляет доминантно-негативный фенотип.

5 В аспекте настоящего изобретения предложен способ увеличения урожайности растения или усиления связанного с урожайностью признака у растения, включающий осуществление экспрессии белка DA1, содержащего инактивированный LIM-домен или LIM-подобный домен, в клетках указанного растения.

10 Белок DA1 может содержать одну или несколько мутаций по сравнению с последовательностью дикого типа, которые нарушают или инактивируют LIM-домен или LIM-подобный домен белка DA1.

15 Экспрессия белка DA1 с нарушенным или инактивированным LIM-доменом или LIM-подобным доменом усиливает один или несколько связанных с урожайностью признаков и увеличивает урожайность растения.

20 Белок DA1, который содержит инактивированный LIM-домен или LIM-подобный домен, можно экспрессировать из кодирующей последовательности гетерологичной нуклеиновой кислоты в одной или нескольких клетках растения или можно экспрессировать из кодирующей последовательности эндогенной нуклеиновой кислоты в одной или нескольких клетках растения.

25 В другом аспекте настоящего изобретения предложен способ получения растения с увеличенной урожайностью и/или с одним или несколькими усиленными признаками, связанными с урожайностью, включающий:

введение в клетку растения гетерологичной нуклеиновой кислоты, кодирующей белок DA1, который содержит инактивированный LIM-домен или LIM-подобный домен, или

30 введение в нуклеотидную последовательность клетки растения, кодирующую белок DA1, мутации, вследствие которой LIM-домен или LIM-подобный домен белка DA1 становится инактивированным, и регенерацию растения из клетки растения.

В другом аспекте настоящего изобретения предложена клетка растения, содержащая гетерологичную нуклеиновую кислоту, кодирующую белок DA1, который содержит инактивированный LIM-домен или LIM-подобный домен.

- 5 В другом аспекте настоящего изобретения предложено растение, содержащее одну или несколько клеток растения, которые содержат гетерологичную нуклеиновую кислоту, кодирующую белок DA1, который содержит инактивированный LIM-домен или LIM-подобный домен.
- 10 Растение может демонстрировать увеличенную урожайность или усиление связанного с урожайностью признака по сравнению с контролями.

#### Краткое описание чертежей

- На фигуре 1 представлены характеристики восьми остатков, связывающих цинк (1 – 8),  
15 и расстояния между ними в LIM-домене, установленные в результате анализа 135 последовательностей LIM человека. Редко наблюдаемые участки (<10%) консервативной последовательности и топография LIM-домена.

- На фигуре 2 представлена топология координации Zn в LIM-домене. Фиолетовые  
20 круги обозначают остатки, связывающие Zn. Полуконсервативные алифатические/объемные остатки показаны зеленым цветом, неконсервативные остатки, расположенные на постоянном расстоянии, – красным. Пунктирные желтые круги обозначают переменное число остатков (X), возможное в пространстве.

- 25 На фигуре 3 представлены результаты иммунопреципитации *in vitro*, которые демонстрируют связывание dallim8 с DA1 дикого типа. Экспрессированные в *E. coli* белки-приманки, меченные GST (глутатион-S-трансферазой), инкубировали с экспрессированными в *E. coli* белками-добычей, меченными меткой FLAG, с последующей очисткой на гранулах глутатион-сефарозы и анализом методом  
30 иммуноблоттинга для обнаружения GST и FLAG. FLAG-DA1 и FLAG-dallim8 были выделены совместно с GST-DA1 и GST-dallim8 (дорожки 5, 6, 8, 9), но не с отрицательным контролем GST-GUS (дорожки 2, 3); данные результаты

свидетельствуют, что введения мутации в LIM-домен DA1 недостаточно для устранения физического взаимодействия между белками DA1.

На фигуре 4 представлен эффект мутации *lim8* на размер семян у расы Col.

5

#### Подробное описание вариантов реализации изобретения

Настоящее изобретение относится к экспрессии белков DA1, в которых LIM- или LIM-подобный домен является нарушенным или инактивированным (в настоящей заявке в совокупности называются белками DA1 с нарушенным LIM), у растений. Данная экспрессия может быть пригодной для изменения признаков растения, которые влияют на урожайность, таких как размер семян и органов.

10

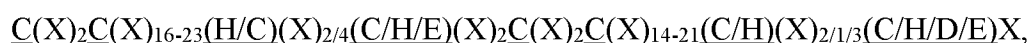
DA1 представляет собой рецептор убиквитина растений, который подробно описан в публикациях Li et al (2008), Wang, et al (2012) и WO2009/047525.

15

Белки DA1 характеризуются наличием LIM-домена, LIM-подобного домена, консервативного C-концевого домена и одного или нескольких UIM-доменов.

20

LIM-домен содержит два мотива «цинкового пальца» и может содержать аминокислотную последовательность (SEQ ID NO:1):



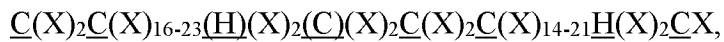
25

где X представляет собой любую аминокислоту, и остатки, координирующие Zn, подчеркнуты.

Остатки в LIM-домене, координирующие Zn, могут представлять собой C, H, D или E, предпочтительно C.

30

Согласно некоторым предпочтительным вариантам реализации настоящего изобретения LIM-домен может содержать мотивы CXXC, HXXCXXCXXC и HxxC, где X представляет собой любую аминокислоту. Например, LIM-домен может содержать аминокислотную последовательность (SEQ ID NO:2):



где X представляет собой любую аминокислоту, и остатки, координирующие  
5 Zn, подчеркнуты.

Согласно некоторым вариантам реализации настоящего изобретения LIM-домен может  
содержать аминокислотную последовательность LIM-домена AtDA1:

10 CAGCNMEIGHGRFLNCLNSLWHHPECFRCYGCSQPISEYEFSTSGNYPFHKACY  
(SEQ ID NO: 3; остатки, координирующие Zn, подчеркнуты)

Другие LIM-домены включают LIM-домен согласно аминокислотной  
последовательности DA1, представленной в таблице 1 (пунктирный квадрат),  
15 например, остатки со 141 по 193 SEQ ID NO: 4 (Si\_GI-514815267.pro), остатки со 123  
по 175 SEQ ID NO: 5 (Bd\_GI-357157184.pro), остатки со 155 по 207 SEQ ID NO: 6  
(Br\_DA1b.pro), остатки со 172 по 224 SEQ ID NO: 7 (Br\_DA1a.pro), остатки со 172 по  
224 SEQ ID NO: 8 (At\_GI-15221983.pro), остатки со 117 по 169 SEQ ID NO: 9 (Tc\_GI-  
508722773.pro), остатки со 117 по 169 SEQ ID NO: 10 (Gm\_GI-356564241.pro), остатки  
20 со 121 по 173 SEQ ID NO: 11 (Gm\_GI-356552145.pro), остатки со 119 по 171 SEQ ID  
NO: 12 (Vv\_GI-302142429.pro), остатки со 122 по 174 SEQ ID NO: 13 (Vv\_GI-  
359492104.pro), остатки со 125 по 177 SEQ ID NO: 14 (Sl\_GI-460385048.pro), остатки с  
516 по 568 SEQ ID NO: 15 (Os\_GI-218197709.pro), остатки со 124 по 176 SEQ ID NO:  
16 (Os\_GI-115466772.pro), остатки со 150 по 202 SEQ ID NO: 17 (Bd\_GI-  
25 357160893.pro), остатки со 132 по 184 SEQ ID NO: 18 (Bd\_GI-357164660.pro), остатки  
со 124 по 176 SEQ ID NO: 19 (Sb\_GI-242092232.pro), остатки со 147 по 199 SEQ ID NO:  
20 (Zm\_GI-212275448.pro), остатки со 190 по 242 SEQ ID NO: 21 (At\_GI-  
240256211.pro), остатки со 162 по 214 SEQ ID NO: 22 (At\_GI-145360806.pro), остатки с  
1240 по 1291 SEQ ID NO: 23 (At\_GI-22326876.pro), остатки с 80 по 122 SEQ ID NO: 24  
30 (At\_GI-30698242.pro), остатки с 347 по 402 SEQ ID NO: 25 (At\_GI-30698240.pro),  
остатки с 286 по 341 SEQ ID NO: 26 (At\_GI-15240018.pro) или остатки с 202 по 252  
SEQ ID NO: 27 (At\_GI-334188680.pro).

Последовательности LIM-домена можно обнаружить с применением стандартных методик анализа последовательности (например, Simple Modular Architecture Research Tool (SMART); EMBL Heidelberg, DE).

- 5 LIM-подобный домен содержит два мотива «цинкового пальца» и может содержать мотивы CXXC, HXXXXXXXXXXH и CxxC, где X представляет собой любую аминокислоту. Например, LIM-подобный домен может содержать аминокислотную последовательность (SEQ ID NO:28):

10 CX<sub>2</sub>CX<sub>16-23</sub>HX<sub>7</sub>CX<sub>2</sub>HX<sub>7</sub>CX<sub>2</sub>CX<sub>19</sub>CX<sub>2</sub>C

где X представляет собой любую аминокислоту, остатки, координирующие Zn, подчеркнуты сплошной чертой, и предполагаемые остатки, координирующие Zn, подчеркнуты пунктиром.

- 15 Предпочтительно, LIM-подобный домен может содержать аминокислотную последовательность (SEQ ID NO:29):

20 CXVCX<sub>16-23</sub>HPFWX<sub>3</sub>YCPXHX<sub>7</sub>CCSCERXEX<sub>5</sub>YX<sub>2</sub>LXDXXRLCXXC

где X представляет собой любую аминокислоту, остатки, координирующие Zn, подчеркнуты сплошной чертой, и предполагаемые остатки, координирующие Zn, подчеркнуты пунктиром.

- 25 Более предпочтительно, LIM-подобный домен может содержать аминокислотную последовательность (SEQ ID NO:30):

C(D/E/Y/H)VCXX(F/K)(I/K/F)(P/S/Отсутствует)(T/R/V/Отсутствует)(N/T/Отсутствует)XX(G/Отсутствует)(L/I/M/G)(R/K/I)(E/G/K/T)(Y/F)(R/H/S/N/K)(A/C/E/I/N)HPFWX(Q/E)(K/T/R)YCP(F/V/I/S/T)H(E/D)XD(G/K/R/S/A)T(P/T/A)(R/K)CCSCER(M/L)E(P/S/H)X<sub>4</sub>YX<sub>2</sub>LXD(G/F/N)R(R/K/S/W)LC(L/R/V)(E/K)C

30



где X представляет собой любую аминокислоту, остатки, координирующие Zn, подчеркнуты сплошной чертой, и предполагаемые остатки, координирующие Zn, подчеркнуты пунктиром.

- 5 Согласно некоторым вариантам реализации настоящего изобретения LIM-подобный домен может содержать аминокислотную последовательность LIM-подобного домена AtDA1:

10 CDVCSHFIPTNHAGLIEYRAHPFWVQKYCPSHENDATPRCCSCERMEPRNTRYVELN  
DGRKLCLEC (SEQ ID NO: 31)

Другие LIM-подобные домены включают LIM-домен согласно аминокислотной последовательности DA1, представленной в таблице 1 (сплошной квадрат), например, остатки с 200 по 266 SEQ ID NO: 4 (Si\_GI-514815267.pro), остатки со 182 по 248 SEQ  
15 ID NO: 5 (Bd\_GI-357157184.pro), остатки с 214 по 280 SEQ ID NO: 6 (Br\_DA1b.pro), остатки с 231 по 297 SEQ ID NO: 7 (Br\_DA1a.pro), остатки с 231 по 297 SEQ ID NO: 8 (At\_GI-15221983.pro), остатки со 176 по 242 SEQ ID NO: 9 (Tc\_GI-508722773.pro), остатки со 176 по 242 SEQ ID NO: 10 (Gm\_GI-356564241.pro), остатки со 180 по 246  
20 SEQ ID NO: 11 (Gm\_GI-356552145.pro), остатки со 178 по 244 SEQ ID NO: 12 (Vv\_GI-302142429.pro), остатки со 181 по 247 SEQ ID NO: 13 (Vv\_GI-359492104.pro), остатки со 184 по 250 SEQ ID NO: 14 (Sl\_GI-460385048.pro), остатки с 575 по 641 SEQ ID NO: 15 (Os\_GI-218197709.pro), остатки со 183 по 149 SEQ ID NO: 16 (Os\_GI-115466772.pro), остатки с 209 по 275 SEQ ID NO: 17 (Bd\_GI-357160893.pro), остатки со 191 по 257 SEQ ID NO: 18 (Bd\_GI-357164660.pro), остатки со 183 по 249 SEQ ID NO: 19 (Sb\_GI-242092232.pro), остатки с 206 по 272 SEQ ID NO: 20 (Zm\_GI-212275448.pro),  
25 остатки с 249 по 315 SEQ ID NO: 21 (At\_GI-240256211.pro), остатки с 221 по 287 SEQ ID NO: 22 (At\_GI-145360806.pro), остатки с 1298 по 1363 SEQ ID NO: 23 (At\_GI-22326876.pro), остатки со 130 по 176 SEQ ID NO: 24 (At\_GI-30698242.pro), остатки с 406 по 465 SEQ ID NO: 25 (At\_GI-30698240.pro), остатки с 345 по 404 SEQ ID NO: 26  
30 (At\_GI-15240018.pro) или остатки с 256 по 319 SEQ ID NO: 27 (At\_GI-334188680.pro).

Последовательности LIM-подобного домена в других белках DA1 можно обнаружить с применением стандартных методик анализа последовательности, используя

информацию, приведенную выше (например, Simple Modular Architecture Research Tool (SMART); EMBL Heidelberg, DE).

Помимо LIM-домена и LIM-подобного домена, белок DA1 может дополнительно  
 5 содержать карбокси-концевую область, содержащую аминокислотную  
 последовательность, по меньшей мере на 20%, по меньшей мере на 30%, по меньшей  
 мере на 40%, по меньшей мере на 50%, по меньшей мере на 60%, по меньшей мере на  
 70%, по меньшей мере на 80%, по меньшей мере на 90%, по меньшей мере на 95% или  
 по меньшей мере на 98% аминокислот идентичную последовательности остатков со  
 10 198 по 504 SEQ ID NO: 4, остатков со 180 по 487 SEQ ID NO: 5, остатков с 212 по 514  
 SEQ ID NO: 6, остатков с 229 по 532 SEQ ID NO: 7, остатков с 229 по 532 SEQ ID NO:  
 8, остатков со 174 по 478 SEQ ID NO: 9, остатков со 174 по 474 SEQ ID NO: 10,  
 остатков со 178 по 478 SEQ ID NO: 11, остатков со 176 по 462 SEQ ID NO: 12, остатков  
 со 179 по 482 SEQ ID NO: 13, остатков со 182 по 486 SEQ ID NO: 14, остатков с 573 по  
 15 878 SEQ ID NO: 15, остатков со 181 по 486 SEQ ID NO: 16, остатков с 207 по 512 SEQ  
 ID NO: 17, остатков со 189 по 491 SEQ ID NO: 18, остатков со 181 по 486 SEQ ID NO:  
 19, остатков с 204 по 508 SEQ ID NO: 20, остатков с 247 по 553 SEQ ID NO: 21,  
 остатков с 219 по 528 SEQ ID NO: 22, остатков с 1296 по 1613 SEQ ID NO: 23, остатков  
 со 128 по 450 SEQ ID NO: 24, остатков с 404 по 702 SEQ ID NO: 25, остатков с 343 по  
 20 644 SEQ ID NO: 26 или остатков с 256 по 587 SEQ ID NO: 27.

Карбокси-концевая область белка DA1 может содержать мотив активного сайта  
 металлопептидазы HEMMH (SEQ ID NO: 32).

25 Карбокси-концевая область может дополнительно содержать мотив EK(X)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEQ  
 (SEQ ID NO: 33) или EK(X)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEQ (SEQ ID NO: 34), расположенный между LIM-  
 доменом и мотивом HEMMH.

Помимо LIM-домена и консервативной карбокси-концевой области, белок DA1 может  
 30 содержать домен UIM1 и домен UIM2. Домены UIM1 и UIM2 могут быть расположены  
 между N-концом и LIM-доменом белка DA1.

Домен UIM1 может состоять из последовательности SEQ ID NO: 35, а домен UIM2 может состоять из последовательности SEQ ID NO: 36.

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

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

где:

p представляет собой остаток полярной аминокислоты, например, C, D, E, H, K, N, Q, R, S или T;

10 b представляет собой остаток большой аминокислоты, например, E, F, H, I, K, L, M, Q, R, W или Y;

s представляет собой остаток небольшой аминокислоты, например, A, C, D, G, N, P, S, T или V;

l представляет собой остаток алифатической аминокислоты, например, I, L или V;

15 . отсутствует или представляет собой любую аминокислоту, и

- представляет собой любую аминокислоту.

Дополнительные примеры последовательностей доменов UIM1 и UIM2 можно обнаружить с применением стандартных методик анализа последовательности, описанных в настоящей заявке (например, Simple Modular Architecture Research Tool (SMART); EMBL Heidelberg, DE).

Согласно некоторым предпочтительным вариантам реализации настоящего изобретения белок DA1 может содержать:

25 LIM-домен согласно SEQ ID NO:1,

LIM-подобный домен согласно SEQ ID NO: 28,

С-концевую область, которая характеризуется идентичностью последовательности по меньшей мере 20% остаткам с 229 по 532 SEQ ID NO: 8, или эквивалентную область любой из SEQ NO 4 – 7 или 9 – 27, изложенных выше, и  
30 содержащую мотив EK(X)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEEQ или EK(X)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEQ и мотив HEMMH,

домен UIM SEQ ID NO:35 и

домен UIM SEQ ID NO:36.

Белок DA1 может содержать аминокислотную последовательность белка DA1 растения, представленную в таблице 1 (SEQ ID NO: 4 – 27), или может представлять собой аллель или вариант одной из данных последовательностей, который обладает активностью DA1.

Например, белок DA1 может содержать аминокислотную последовательность AtDA1, AtDAR1, AtDAR2, AtDAR3, AtDAR4, AtDAR5, AtDAR6, AtDAR7, BrDA1a, BrDA1b, BrDAR1, BrDAR2, BrDAR3-7, BrDAL1, BrDAL2, BrDAL3, OsDA1, OsDAR2, OsDAL3, OsDAL5, PpDAL1, PpDAL2, PpDAL3, PpDAL4, PpDAL5, PpDAL6, PpDAL7, PpDAL8, SmDAL1, SmDAL2 или ZmDA1 (ACR35367.1 GI:238008664), предпочтительно AtDA1, AtDAR1 BrDA1a, BrDA1b, OsDA1 или ZmDA1, либо аллель или вариант одной из данных последовательностей.

Согласно некоторым предпочтительным вариантам реализации настоящего изобретения белок DA1 может содержать аминокислотную последовательность AtDA1 (SEQ ID NO: 8; AT1G19270; NP\_173361.1 GI: 15221983) или может представлять собой аллель или вариант данной последовательности, который обладает активностью DA1.

Другие последовательности белка DA1, которым свойственны характерные особенности, изложенные выше, и последовательности нуклеиновой кислоты, кодирующие DA1, можно обнаружить с применением стандартных инструментов для анализа последовательности в любых видах растений, представляющих интерес.

Белок DA1 у видов растений, представляющих интерес, может содержать аминокислотную последовательность, которая представляет собой вариант эталонной аминокислотной последовательности белка DA1, изложенной в настоящей заявке.

Белок DA1, который представляет собой гомолог или вариант эталонной последовательности DA1 растения, такой как любая из SEQ ID NO: 4 – 27, может содержать аминокислотную последовательность, которая характеризуется идентичностью последовательности по меньшей мере 20%, по меньшей мере 30%, по меньшей мере 40%, по меньшей мере 50%, по меньшей мере 60%, по меньшей мере

70%, по меньшей мере 80%, по меньшей мере 90%, по меньшей мере 95% или по меньшей мере 98% эталонной последовательности.

5 Конкретные варианты аминокислотной последовательности, которые возникают у видов растений, могут отличаться от эталонной последовательности, изложенной в настоящей заявке, в результате вставки, добавления, замены или делеции 1 аминокислоты, 2, 3, 4, 5 – 10, 10 – 20, 20 – 30, 30 – 50 или более 50 аминокислот.

10 Согласно некоторым вариантам реализации настоящего изобретения полипептид DA1, который представляет собой вариант последовательности AtDA1 согласно любой из SEQ NO: 4 – 27, может содержать LIM-домен, содержащий последовательность SEQ ID NO: 3, и LIM-подобный домен, содержащий последовательность SEQ ID NO: 31.

15 Нуклеиновая кислота, кодирующая белок DA1, может содержать нуклеотидную последовательность, изложенную в записи базы данных, которую выбирают из группы, включающей NM\_101785.3 GI:42562170 (AtDA1); NM\_001057237.1 GI:115454202 (OsDA1); BT085014.1 GI: 238008663 (ZmDA1), или может представлять собой аллель или вариант одной из данных последовательностей, которые кодируют активный белок DA1.

20 Согласно некоторым предпочтительным вариантам реализации настоящего изобретения нуклеиновая кислота, кодирующая белок DA1, может содержать нуклеотидную последовательность AtDA1 (NM\_101785.3 GI: 42562170), ZmDA1 (BT085014.1 GI: 238008663), OsDA1 (NM\_001057237.1 GI:115454202) или может представлять собой аллель или вариант любой из данных последовательностей, кодирующих белок с активностью DA1.

30 Нуклеиновая кислота, которая кодирует белок DA1 у видов растений, представляющих интерес, может содержать нуклеотидную последовательность, которая представляет собой вариант эталонной нуклеотидной последовательности DA1, изложенной в настоящей заявке.

Полипептиды DA1 и кодирующие нуклеиновые кислоты можно обнаружить в видах растений, в частности, культурных растений, таких как пшеница, ячмень, маис, рис и другие сельскохозяйственные растения, с применением общепринятых методик анализа последовательности.

5

Например, вариант нуклеотидной последовательности может представлять собой гомолог эталонной последовательности DA1, изложенной в настоящей заявке, и может отличаться от эталонной нуклеотидной последовательности DA1 одним или несколькими добавлениями, вставками, делециями или заменами одного или  
10 нескольких нуклеотидов в нуклеиновой кислоте, например 2, 3, 4, 5 – 10, 10 – 20, 20 – 30, 30 – 50 или более 50, что приводит к добавлению, вставке, делеции или замене одной или нескольких аминокислот в кодируемом белке. Разумеется, также включены изменения в нуклеиновой кислоте, которые не влияют на кодируемую аминокислотную последовательность. Нуклеиновая кислота, кодирующая белок DA1,  
15 может содержать последовательность, которая характеризуется идентичностью последовательности по меньшей мере 20% или по меньшей мере 30% с последовательностью эталонной нуклеиновой кислоты, предпочтительно по меньшей мере 40%, по меньшей мере 50%, по меньшей мере 60%, по меньшей мере 65%, по меньшей мере 70%, по меньшей мере 80%, по меньшей мере 90%, по меньшей мере  
20 95% или по меньшей мере 98%. Идентичность последовательности описана в настоящей заявке.

Идентичность последовательности обычно определяют на основании алгоритма GAP (Wisconsin Package, Accelrys, San Diego, USA). В GAP используется алгоритм  
25 Нидлмана-Вунша для выравнивания двух полных последовательностей, который увеличивает до максимума количество совпадений и уменьшает до минимума количество пропусков. Как правило, используют параметры по умолчанию со штрафом за введение пропуска («gap creation penalty») 12 и штрафом за удлинение пропуска («gap extension penalty») 4. Применение GAP может быть предпочтительным, однако  
30 можно использовать и другие алгоритмы, например, BLAST (в котором используется способ Altschul *et al.* (1990) *J. Mol. Biol.* 215: 405-410), FASTA (в котором используется способ Pearson and Lipman (1988) *PNAS USA* 85: 2444-2448) или алгоритм Смита-Вотермана (Smith and Waterman (1981) *J. Mol Biol.* 147: 195-197) либо программу

TBLASTN, Altschul et al. (1990) ссылка выше, как правило, с использованием параметров по умолчанию. В частности, можно применять алгоритм psi-Blast (Nucl. Acids Res. (1997) 25 3389-3402).

- 5 Сравнение последовательностей можно проводить по всей длине соответствующей последовательности, описанной в настоящей заявке.

Нуклеотидную последовательность DA1, которая представляет собой вариант эталонной последовательности нуклеиновой кислоты DA1, изложенной в настоящей заявке, можно селективно гибридизовать в строгих условиях с данной эталонной последовательностью нуклеиновой кислоты или последовательностью, комплементарной указанной последовательности.

Строгие условия включают, например, в случае гибридизации последовательностей, которые являются идентичными приблизительно на 80 – 90%, гибридизацию в течение ночи при температуре 42°C в 0,25 М Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>, pH 7,2, 6,5% SDS (додецилсульфате натрия), 10% сульфате декстрана и завершающую промывку при температуре 55°C в 0,1x SSC (цитрате и хлориде натрия), 0,1% SDS. Условия, подходящие для обнаружения последовательностей, которые идентичны более чем приблизительно на 90%, включают гибридизацию в течение ночи при температуре 65°C в 0,25 М Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>, pH 7,2, 6,5% SDS, 10% сульфате декстрана и завершающую промывку при температуре 60°C в 0,1x SSC, 0,1% SDS.

Альтернативный вариант, который может быть особенно пригодным в случае препаратов нуклеиновой кислоты растений, представляет собой 5x раствор SSPE (конечная концентрация 0,9 М NaCl, 0,05 М фосфат натрия, 0,005 М EDTA, pH 7,7), 5x раствор Денхардта, 0,5% SDS при температуре 50°C или 65°C в течение ночи. Промывки можно проводить в 0,2x SSC/0,1% SDS при температуре 65°C или при температуре 50 – 60°C в 1x SSC/0,1% SDS, при необходимости.

30

Белки DA1 и кодирующие нуклеиновые кислоты можно обнаружить в видах растений, в частности, культурных растений, таких как пшеница, ячмень, маис, рис и другие сельскохозяйственные растения, с применением общепринятых методик анализа

последовательности и/или сравнения с эталонными последовательностями, изложенными в настоящей заявке.

5 LIM-домен, LIM-подобный домен или как LIM-домен, так и LIM-подобный домен белка DA1 для применения, описанного в настоящей заявке, могут являться инактивированными или нарушенными («белок DA1 с нарушенным LIM»).

10 LIM-домены и LIM-подобные домены, которые подробно описаны выше, можно обнаружить в пределах любого белка DA1 с применением стандартных методик анализа последовательности.

15 Белок DA1 с инактивированным или нарушенным LIM-доменом или LIM-подобным доменом может демонстрировать нарушенную, например, увеличенную или активированную, пептидазную активность. Например, инактивация или нарушение LIM-домена или LIM-подобного домена может уменьшить или предотвратить взаимодействие домена с С-концевой областью белка DA1 и ингибирование пептидазной активности DA1.

20 Согласно некоторым вариантам реализации настоящего изобретения белок DA1 с инактивированным или нарушенным LIM-доменом или LIM-подобным доменом может демонстрировать уменьшенную стабильность в клетке растения после убиквитинилирования по сравнению с белком DA1 дикого типа.

25 Нарушенный или инактивированный LIM-домен или LIM-подобный домен может быть неспособен координировать Zn или образовывать мотивы «цинкового пальца», что препятствует осуществлению функции домена, т.е. нарушенный LIM- или LIM-подобный домен неспособен опосредовать белок-белковые взаимодействия. Например, нарушенный LIM-домен или LIM-подобный домен может быть неспособен внутримолекулярно взаимодействовать с С-концевой областью белка DA1 для  
30 ингибирования пептидазной активности.



Инактивированный или нарушенный LIM-домен или LIM-подобный домен может содержать изменение или мутацию последовательности, которая устраняет один или несколько мотивов «цинкового пальца» в LIM- или LIM-подобном домене.

- 5 Аминокислотная последовательность белка DA1 может быть изменена или мутирована посредством вставки, замены или делеции одной или нескольких аминокислот по сравнению с аминокислотной последовательностью дикого типа с целью инактивировать LIM-домен или LIM-подобный домен. Например, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 или 10 или более аминокислот могут быть изменены, например, делетированы или  
10 замещены, по сравнению с аминокислотной последовательностью дикого типа. Согласно некоторым вариантам реализации настоящего изобретения могут быть изменены от 1 до 30, от 1 до 20 или от 1 до 10 остатков.

- Единичные замены аминокислот в пределах LIM-доменов и LIM-подобных доменов  
15 достаточны, чтобы вызвать фенотип нокаута LIM. LIM-домены, например, можно инактивировать посредством мутаций остатков, координирующих Zn, или других остатков в пределах LIM-домена (McIntosh et al (1998) *Am J Human Genet* 63 1651-1658; Clough et al (1999) *Human mutation* 14 459-465; Hamlington et al (2001) *Human mutation* 18 458-464; Taira et al., *Nature* 1994 372, 677-9; Agulnick et al., *Nature* 1996 384,  
20 270-2). LIM-подобные домены можно также инактивировать в результате мутаций остатков, координирующих Zn (т.е. консервативных остатков Cys), или других остатков в пределах LIM-подобного домена (Yang et al *Plant Journal*, (2010), 63, 283–296).

- 25 Подходящие инактивирующие или нарушающие мутации расположены предпочтительно в пределах LIM-домена или LIM-подобного домена или поблизости от данных доменов.

- Инактивированный или нарушенный LIM-домен или LIM-подобный домен может  
30 содержать мутацию одного или нескольких остатков, координирующих Zn, или предполагаемых остатков, координирующих Zn, например, остатка цистеина или гистидина в окружении CxxC или CXXH, и/или мутацию одного или нескольких аминокислотных остатков, не координирующих Zn.

Инактивированный или нарушенный LIM-домен может содержать мутацию одного или нескольких из первого, второго, третьего, четвертого, пятого, шестого, седьмого и восьмого остатков, координирующих Zn, в LIM-домене, представленном в SEQ ID NO: 1 или SEQ ID NO: 2 выше. Например, инактивированный или нарушенный LIM-домен может содержать мутацию одного или нескольких остатков цистеина в мотиве CXXC или остатков цистеина или гистидина в мотиве HXXC, например, остатков цистеина/гистидина, представленных в положениях 1, 4, 22, 25, 28, 31, 49 и 52 SEQ ID NO: 3 и подчеркнутых в SEQ ID NO 1 и 2 выше. LIM-домен указанного белка DA1 может содержать мутацию одного или нескольких подчеркнутых остатков LIM-домена DA1, представленного выше, предпочтительно C141, C144, H162, C165, C168, C171, H189 и C192 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 4, C123, C126, H144, C147, C150, C153, H171 и C174 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 5, C155, C158, H176, C179, C182, C185, H203 и C206 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 6, C172, C175, H193, C196, C199, C202, H220 и C223 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 7, C172, C175, H193, C196, C199, C202, H220 и C223 в последовательности AtDA1 согласно SEQ ID NO: 8, C117, C120, H138, C141, C144, C147, H165 и C168 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 9, C177, C180, H198, C201, C204, C207, H225 и C228 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 10, C121, C124, H142, C145, C148, C151, H169 и C172 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 11, C119, C122, H140, C143, C146, C149, H167 и C170 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 12, C122, C125, H143, C146, C149, C152, H170 и C173 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 13, C125, C128, H146, C149, C152, C155, H173 и C176 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 14, C516, C519, H537, C540, C543, C546, H564 и C567 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 15, C124, C127, H145, C148, C151, C154, H172 и C175 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 16, C150, C153, H171, C174, C177, C180, H198 и C201 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 17, C132, C135, H153, C156, C159, C162, H180 и C183 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 18, C124, C127, H145, C148, C151, C154, H172 и C175 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 19, C147, C150, H168, C172, C175, C178, H196 и C199 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 20, C190, C193, H211, C204, C207, C210, H228 и C231 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 21, C162, C165,

H183, C186, C189, C192, H210 и C213 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 22, C1240, C1243, H1261, C1264, C1267, C1270, H1287 и C1290 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 23, C347, C350, H368, C371, C374, C377, H398 и C401 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 25, C286, C289, H307, C310, C313, 5 C316, H337 и C340 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 26, C201, C204, H222, C225, C228, C231, H248 и C251 в последовательности DA1 согласно SEQ ID NO: 27 или эквивалентных остатков цистеина в другой последовательности белка DA1.

Например, белок DA1 с нарушенным LIM может содержать замену С на Y, С на G или 10 другие замены в одном или нескольких из данных положений.

Остатки, координирующие Zn, в пределах LIM-домена белка DA1 можно обнаружить с применением стандартных анализов последовательности. Остатки цистеина и гистидина, эквивалентные C172, C175, H193, C196, C199, C202, H220 и C223 в SEQ ID 15 NO: 8, представляют собой остатки последовательности, находящиеся в том же окружении в другой последовательности белка DA1, которые можно обнаружить с применением стандартных анализов последовательности, представленной в таблице 1.

Инактивированный или нарушенный LIM-домен может содержать мутацию одного 20 или нескольких остатков, не координирующих Zn, в LIM-домене, представленном в SEQ ID NO:1 или SEQ ID NO:2 выше. Остаток, не координирующий Zn, может быть расположен в пределах 4 остатков от остатка, координирующего Zn, в последовательности LIM-домена или может быть расположен на 4 или более остатков дальше от остатка, координирующего Zn.

Инактивированный или нарушенный LIM-подобный домен может содержать мутацию 25 одного или нескольких из первого, второго, третьего, четвертого, пятого, шестого, седьмого и восьмого остатков, координирующих Zn, или предполагаемых остатков, координирующих Zn, в LIM-подобном домене, представленном в любой из SEQ ID 30 NO: 28 – 31 выше. Например, инактивированный или нарушенный LIM-подобный домен может содержать мутацию одного или нескольких остатков цистеина в мотиве CXXC или остатка цистеина или гистидина в мотиве CXXH, например, остатков цистеина/гистидина, представленных в положениях 1, 4, 29, 32, 40, 43, 63 или 66 SEQ

ID NO: 31 и подчеркнутых в SEQ ID NO 28 – 31 выше. Два из трех предполагаемых остатков, координирующих Zn, H252, C260, H263 в LIM-подобном домене отвечают за координацию Zn (т.е. H252 и C260; H252 и H263; или C260 и H263). LIM-подобный домен указанного белка DA1 может содержать мутацию одного или нескольких подчеркнутых остатков AtDA1 LIM-подобного домена, представленного выше, предпочтительно, C232, C235, H252, C260, H263, C271, C274, C294 и/или C297 последовательности AtDA1 согласно SEQ ID NO: 8, или эквивалентных остатков цистеина в последовательности другого белка DA1. Например, белок DA1 с нарушенным LIM может содержать замены С на У, С на G или другие замены в одном или нескольких из данных положений.

Остатки цистеина, эквивалентные C232, C235, H252, C260, H263, C271, C274, C294 и C297 в SEQ ID NO: 8, представляют собой остатки последовательности, находящиеся в том же окружении в различных последовательностях белка DA1, которые можно обнаружить с применением стандартных анализов последовательности, представленной в таблице 1.

Инактивированный или нарушенный LIM-подобный домен может содержать мутацию одного или нескольких остатков в LIM-подобном домене, отличных от консервативных остатков цистеина или гистидина, показанных в SEQ ID NO:28 – SEQ ID NO:31 выше. Подходящие остатки могут быть расположены в пределах 4 остатков от консервативного остатка цистеина или гистидина в последовательности LIM-подобного домена или могут быть расположены на 4 или более остатков дальше от консервативного остатка цистеина или гистидина.

Некоторые предпочтительные мутации включают преобразование остатка, координирующего Zn, в LIM- или LIM-подобном домене, такого как цистеин или гистидин, в нейтральную аминокислоту, такую как глицин.

Специалисту будут очевидны другие мутации, которые нарушают мотивы «цинкового пальца» и являются подходящими для устранения LIM- или LIM-подобной функции в белке DA1. В отличие от мутаций в других доменах в пределах белка DA1, мутации LIM-домена и LIM-подобного домена дестабилизируют белок DA1 в присутствии его

взаимодействующего партнера EOD1 в клетке растения. Вследствие этого подходящие мутации LIM-домена и LIM-подобного домена можно обнаружить посредством определения стабильности мутантного белка DA1 в присутствии EOD1 с применением стандартных методик проведения экспериментов. Уменьшение стабильности по сравнению с DA1 дикого типа свидетельствует, что мутация нарушает LIM- или LIM-подобный домен.

Белок DA1 с нарушенным LIM, описанный в настоящей заявке, может содержать консервативный остаток R, расположенный в аминокислотной последовательности DA1 в положении, которое является эквивалентным положению 358 в SEQ ID NO: 8 DA1 *A. thaliana*, положению 333 в SEQ ID NO: 8 DA1 *Z. mays* или эквивалентным положению в другой аминокислотной последовательности DA1, например, в последовательности DA1 согласно таблице 1 (консервативный остаток R отмечен стрелкой). Консервативный остаток R, который расположен в аминокислотной последовательности DA1 в положении, которое эквивалентно положению 358 в SEQ ID NO: 8 DA1 *A. thaliana* или положению 333 в DA1 *Z. mays* согласно SEQ ID NO: 20, расположен в положении в пределах аминокислотной последовательности DA1, которое соответствует R333 в SEQ ID NO:20 и R358 в SEQ ID NO:8, т.е. находится в том же положении относительно других мотивов и доменов белка DA1. Консервативный остаток R расположен между LIM-доменом и мотивом пептидазы НЕММН (SEQ ID NO: 32) С-концевой области и является полностью консервативным и находящимся в том же окружении в последовательностях белков DA1. Консервативный остаток R может содержаться в мотиве EK(X)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEEQ (SEQ ID NO: 33) или EK(X)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEQ (SEQ ID NO: 34) в пределах С-концевой области.

Данные, приведенные в настоящей заявке, демонстрируют, что LIM-домен и LIM-подобный домен не опосредуют гомодимеризацию DA1, и белок DA1 с нарушенным LIM сохраняет способность к связыванию с DA1 дикого типа.

Экспрессия белка DA1 с нарушенным LIM в одной или нескольких клетках растения уменьшает активность DA1 в клетках и усиливает признаки растения, связанные с урожайностью, такие как размер семян или органов (см., например, публикации Li et al (2008); WO2009/047525; Wang et al 2012), посредством этого увеличивая урожайность

растений. Растение, экспрессирующее белок DA1 с нарушенным LIM, может характеризоваться фенотипом *dal-1* или фенотипом, подобным *dal-1*.

5 Согласно некоторым вариантам реализации настоящего изобретения белок DA1 с нарушенным LIM можно экспрессировать из гетерологичной нуклеиновой кислоты в одной или нескольких клетках растения.

10 Белок DA1 с нарушенным LIM можно экспрессировать в одной или нескольких клетках растения с применением любой пригодной методики, и подходящие методики хорошо известны в данной области техники.

15 Нуклеиновую кислоту, кодирующую белок DA1 с нарушенным LIM, можно экспрессировать рекомбинантным способом в том же виде или разновидности растения, из которого изначально была выделена данная нуклеиновая кислота, или в другом виде или разновидности растения (т.е. в гетерологичном растении).

20 Предложенные нуклеиновые кислоты могут являться двух- или одноцепочечными и могут представлять собой кДНК или геномную ДНК, или РНК. Нуклеиновая кислота может являться полностью или частично синтетической, в зависимости от цели. Разумеется, специалист понимает, что, если нуклеиновая кислота содержит РНК, последовательность, эталонная представленной последовательности, должна быть сконструирована как эталонная последовательность к эквиваленту РНК с заменой Т на У.

25 Термин «гетерологичный» указывает, что ген/последовательность нуклеотидов, о которых идет речь, или последовательность, регулирующая ген/последовательность, о которых идет речь, были введены в указанные клетки растения или его предка с применением способов генной инженерии или рекомбинантных способов, т.е. посредством вмешательства человека. Нуклеотидные последовательности, которые являются гетерологичными по отношению к клетке растения, могут являться не существующими в природе в клетках данного типа, разновидности или вида (т.е. экзогенными или чужеродными) или могут представлять собой последовательности, которые не присутствуют в природе в данном внутриклеточном или геномном

окружении клеток, или могут представлять собой последовательности, которые в природе не регулируются в клетках, т.е. которые функционально связаны с искусственным регуляторным элементом.

- 5 Нуклеиновая кислота, кодирующая белок DA1 с нарушенным LIM, может быть функционально связана с гетерологичной регуляторной последовательностью, такой как промотор, например, конститутивный, индуцибельный, тканеспецифичный промотор или промотор, специфичный к стадии развития, как описано выше.
- 10 Нуклеиновая кислота, кодирующая белок DA1 с нарушенным LIM, может содержаться в конструкции нуклеиновой кислоты или векторе. Конструкция или вектор являются предпочтительно подходящими для трансформации клетки растения и/или экспрессии в клетке растения. Вектор представляет собой, среди прочего, любую плазмиду, космиду, фаг или бинарный вектор *Agrobacterium* в двух- или одноцепочечной
- 15 линейной или циклической форме, который может являться самопередающимся или мобилизуемым либо может не являться таковым, и которым можно трансформировать прокариотического или эукариотического хозяина, в частности, растение-хозяин, посредством интеграции в геном клетки или внехромосомного существования (например, автономно реплицирующаяся плазида с точкой начала
- 20 репликации).

Конкретно включены «шаттл-векторы», под которыми подразумевают ДНК-носитель, способный от природы или в результате конструирования к репликации в двух различных организмах, которые могут быть выбраны из *Actinomyces* и родственных

25 видов, бактерий и эукариотических клеток (например, клеток высших растений, млекопитающих, дрожжей или грибов).

Конструкция или вектор, содержащие нуклеиновую кислоту, описанные выше, не обязательно должны содержать промотор или другую регуляторную

30 последовательность, в особенности, если вектор предназначен для введения нуклеиновой кислоты в клетки для рекомбинации в геном.

Конструкции и векторы могут дополнительно содержать селективируемые генетические маркеры, состоящие из генов, которые обеспечивают селективируемые фенотипы, например, устойчивость к антибиотикам, таким как канамицин, гигромицин, фосфинотрицин, хлорсульфурон, метотрексат, гентамицин, спектиномицин, имидазолиноны, глифосат и d-аминокислоты.

Специалисты в данной области техники могут сконструировать векторы и разработать протоколы для экспрессии рекомбинантных генов, например, в клетке микроорганизмов или растений. Можно выбрать или сконструировать подходящие векторы, содержащие соответствующие регуляторные последовательности, включая последовательности промотора, терминирующие фрагменты, последовательности полиаденилирования, последовательности энхансера, гены-маркеры и другие последовательности, при необходимости. Подробные указания см., например, в руководствах *Molecular Cloning: a Laboratory Manual*: 3rd edition, Sambrook *et al*, 2001, Cold Spring Harbor Laboratory Press и *Protocols in Molecular Biology*, Second Edition, Ausubel *et al.* eds. John Wiley & Sons, 1992. Конкретные процедуры и векторы, которые ранее с большим успехом использовали у растений, описаны в публикациях Bevan, *Nucl. Acids Res.* (1984) 12, 8711-8721), и Guerineau and Mullineaux, (1993) Plant transformation and expression vectors. In: *Plant Molecular Biology Labfax* (Croy RRD ed) (Croy RRD ed) Oxford, BIOS Scientific Publishers, pp 121-148.

При введении выбранной генетической конструкции в клетку следует принять во внимание определенные факторы, хорошо известные специалистам в данной области техники. Нуклеиновая кислота, которую будут встраивать, должна быть собрана в конструкции, содержащей эффективные регуляторные элементы, которые будут управлять транскрипцией. Должен иметься способ переноса конструкции в клетку. После того, как конструкция окажется под мембраной клетки, произойдет либо не произойдет интеграция в эндогенный хромосомный материал. Наконец, предпочтительным целевым типом клеток является таковой, клетки которого можно регенерировать в целые растения.

Предпочтительно применение конструкции и способа трансформации, которые усиливают экспрессию нуклеиновой кислоты, кодирующей белок DA1 с нарушенным



LIM- или LIM-подобным доменом. Интеграция одной копии гена в геном клетки растения может быть полезной для минимизации эффектов подавления экспрессии гена. Аналогично, в этом отношении может быть полезным контроль полноты интеграции. Особенный интерес в этой связи представляет собой трансформация  
5 клеток растений с применением минимальной конструкции экспрессии гена согласно, например, европейскому патенту № EP1407000B1, включенному в настоящую заявку посредством ссылки с данной целью.

Методики, хорошо известные специалистам в данной области техники, можно  
10 применять для введения конструкций нуклеиновой кислоты и векторов в клетки растений для получения трансгенных растений, обладающих признаками, описанными в настоящей заявке.

Трансформация агробактериями представляет собой способ, широко применяемый  
15 специалистами в данной области техники для трансформации видов растений. Получение стабильных и фертильных трансгенных растений на сегодняшний день является рутинным в данной области техники (см., например, публикации Toriyama, et al. (1988) *Bio/Technology* 6, 1072-1074; Zhang, et al. (1988) *Plant Cell Rep.* 7, 379-384; Zhang, et al. (1988) *Theor Appl Genet* 76, 835-840; Shimamoto, et al. (1989) *Nature* 338,  
20 274-276; Datta, et al. (1990) *Bio/Technology* 8, 736-740; Christou, et al. (1991) *Bio/Technology* 9, 957-962; Peng, et al. (1991) International Rice Research Institute, Manila, Philippines 563-574; Cao, et al. (1992) *Plant Cell Rep.* 11, 585-591; Li, et al. (1993) *Plant Cell Rep.* 12, 250-255; Rathore, et al. (1993) *Plant Molecular Biology* 21, 871-884; Fromm, et al. (1990) *Bio/Technology* 8, 833-839; Gordon-Kamm, et al. (1990) *Plant Cell* 2, 603-618;  
25 D'Halluin, et al. (1992) *Plant Cell* 4, 1495-1505; Walters, et al. (1992) *Plant Molecular Biology* 18, 189-200; Koziel, et al. (1993) *Biotechnology* 11, 194-200; Vasil, I. K. (1994) *Plant Molecular Biology* 25, 925-937; Weeks, et al. (1993) *Plant Physiology* 102, 1077-1084; Somers, et al. (1992) *Bio/Technology* 10, 1589-1594; WO92/14828; Nilsson, O. et al (1992) *Transgenic Research* 1, 209-220).

30

Другие способы, такие как баллистическая трансфекция или бомбардировка  
микрочастицами (US 5100792, EP-A-444882, EP-A-434616), электропорация (EP  
290395, WO 8706614), микроинъекция (WO 92/09696, WO 94/00583, EP 331083, EP

175966, Green et al. (1987) *Plant Tissue and Cell Culture*, Academic Press), непосредственное поглощение ДНК (DE 4005152, WO 9012096, US 4684611), поглощение ДНК, опосредованное липосомами (например, Freeman et al. *Plant Cell Physiol.* 29: 1353 (1984)), или способ с применением вортекса (например, Kindle, *PNAS U.S.A.* 87: 1228 (1990d)) могут быть предпочтительными, если трансформация агробактериями является малоэффективной или неэффективной, например, у некоторых видов голосеменных. Обзор физических способов трансформации клеток растений приведен в публикации Oard, 1991, *Biotech. Adv.* 9: 1-11.

10 В качестве альтернативы, для увеличения эффективности процесса трансформации можно применять комбинацию различных методик, например, бомбардировку микрочастицами, покрытыми агробактериями (EP-A-486234), или баллистическую трансфекцию для образования повреждений и последующего совместного культивирования с агробактериями (EP-A-486233).

15 После трансформации растение можно регенерировать, например, из отдельных клеток, ткани каллюса или листовых дисков, что является стандартом в данной области техники. Практически любое растение можно полностью регенерировать из клеток, тканей и органов растения. Обзор доступных методик приведен в руководствах Vasil et al., *Cell Culture and Somatic Cell Genetics of Plants, Vol I, II and III, Laboratory Procedures and Their Applications*, Academic Press, 1984 и Weissbach and Weissbach, *Methods for Plant Molecular Biology*, Academic Press, 1989.

25 Конкретный выбор технологии трансформации будет определяться эффективностью такой технологии трансформировать определенные виды растений, а также опыта и предпочтений лица, реализующего настоящее изобретение на практике, и конкретной предпочтительной методологией. Специалисту очевидно, что конкретный выбор системы трансформации для введения нуклеиновой кислоты в клетки растений не является важным для настоящего изобретения или не является ограничивающим  
30 настоящее изобретение, как и выбор методики для регенерации растения.

После трансформации клетку растения, которая экспрессирует белок DA1 с нарушенным LIM, можно обнаружить и/или отобрать. Растение можно регенерировать из клетки растения.

- 5 Согласно другим вариантам реализации настоящего изобретения можно ввести мутацию в последовательность нуклеиновой кислоты, которая кодирует белок DA1, в геноме клетки растения, вследствие чего нуклеиновая кислота будет кодировать белок DA1 с нарушенным LIM. Например, можно ввести мутацию в последовательность, кодирующую LIM-домен или LIM-подобный домен белка DA1. Затем из мутантной
- 10 клетки можно регенерировать растение.

Нуклеиновую кислоту, кодирующую белок DA1, можно подвергнуть мутации посредством вставки, замены или делеции одного или нескольких нуклеотидов по сравнению с нуклеотидной последовательностью дикого типа. Например, 1, 2, 3, 4, 5,

15 6, 7, 8, 9 или 10 или более нуклеотидов могут быть изменены по сравнению с нуклеотидной последовательностью дикого типа с целью инактивировать кодируемый LIM- или LIM-подобный домен. Мутации инактивируют или нокаутируют LIM-домен и/или LIM-подобный домен и находятся предпочтительно в области последовательности нуклеиновой кислоты, кодирующей LIM-домен или LIM-

20 подобный домен. Предпочтительные мутации не вызывают сдвигов рамки считывания.

Методики мутагенеза, инактивации или нокаута целевых генов хорошо известны в данной области техники (см., например, руководства *In Vitro Mutagenesis Protocols*; *Methods in Molecular Biology* (2nd edition) Ed Jeff Braman; Sambrook J et al. 2012.

25 *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (4th Edition) CSH Press; *Current Protocols in Molecular Biology*; Ed Ausubel et al (2013) Wiley). Согласно некоторым вариантам реализации настоящего изобретения мутации в целевую последовательность, кодирующую DA1, можно ввести с применением методик геномного редактирования, например, методик на основе нуклеазы, направляемой РНК, такой как методика на

30 основе CRISPR (clustered regularly interspaced short palindromic repeats — короткие палиндромные повторы, регулярно расположенные группами), методик на основе нуклеаз «цинковых пальцев» (zinc-finger nucleases, ZFN) и эффекторных нуклеаз, подобных активаторам транскрипции (transactivator-like effector nucleases, TALEN)

(Urnov, F.D. et al *Nature reviews. Genetics* 11, 636-646 (2010); Joung, J.K. et al. *Nature reviews. Molecular cell biology* 14, 49-55 (2013); Gasiunas, G. et al *PNAS USA* 109, E2579-2586 (2012); Cong, L. et al. *Science* 339, 819-823 (2013)).

- 5 Растение, которое экспрессирует белок DA1 с нарушенным LIM, описанный выше (т.е. белок DA1 с инактивированным или нарушенным LIM-доменом или LIM-подобным доменом), можно размножить половым путем или вегетативно либо вырастить для получения потомка или потомства. Потомка или потомство растения, регенерированного из одной или нескольких клеток, можно размножить половым
- 10 путем или вегетативно либо вырастить. Растение либо его потомка или потомство можно скрестить с другим растениями или с самим собой.

Растение либо его потомка или потомство можно исследовать на предмет размера семян, размера органов и/или урожайности растений по сравнению с контролями.

- 15 У растения, которое экспрессирует белок DA1 с нарушенным LIM, описанный в настоящей заявке, может наблюдаться увеличенный размер семян и/или органов по сравнению с контролями, и такое растение может характеризоваться большей урожайностью.

- 20 Эффект доминантно-негативных аллелей DA1 на связанные с урожайностью признаки растений является усиленным у растений, которые являются дефицитными по экспрессии или активности EOD1 (Li et al (2008), WO2009/047525).

- 25 Белок DA1 с нарушенным LIM можно экспрессировать, как описано выше, у растения, которое является дефицитным по экспрессии или активности EOD1.

- Белки EOD1 представляют собой убиквитин-лигазы E3 растений (Disch et al. (2006), Li et al (2008), WO2009/047525). Белки EOD1 содержат домен EOD. Домен EOD растений
- 30 может состоять из аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 37:

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

Согласно некоторым предпочтительным вариантам реализации настоящего изобретения белок EOD1 может содержать домен EOD, содержащий аминокислотную последовательность остатков со 150 по 192 SEQ ID NO: 38, остатков со 187 по 229 SEQ ID NO: 39, остатков со 192 по 234 SEQ ID NO: 40, остатков со 189 по 231 SEQ ID NO: 41, остатков со 194 по 236 SEQ ID NO: 42, остатков со 194 по 236 SEQ ID NO: 43, остатков со 194 по 236 SEQ ID NO: 44, остатков со 195 по 237 SEQ ID NO: 45, остатков со 189 по 231 SEQ ID NO: 46, остатков со 195 по 237 SEQ ID NO: 47, остатков со 195 по 237 SEQ ID NO: 48, остатков со 195 по 237 SEQ ID NO: 49, остатков с 218 по 260 SEQ ID NO: 50, остатков со 196 по 238 SEQ ID NO: 51, остатков со 197 по 239 SEQ ID NO: 52 или остатков со 193 по 235 SEQ ID NO: 53.

Дополнительные подходящие последовательности домена EOD можно обнаружить с применением стандартных методик анализа последовательности, описанных в настоящей заявке (например, Simple Modular Architecture Research Tool (SMART); EMBL Heidelberg, DE).

Белок EOD1, экспрессия или активность которого уменьшена в клетке растения, экспрессирующей белок DA1 с нарушенным LIM, может содержать аминокислотную последовательность согласно любой из SEQ ID NO 38 – 53, изложенных в таблице 2. Согласно некоторым предпочтительным вариантам реализации настоящего изобретения белок EOD1 может содержать аминокислотную последовательность SEQ ID NO: 45 (AtEOD1) или SEQ ID NO: 50, или 51 (OsEOD1) либо может представлять собой вариант данной последовательности, который сохраняет активность убиквитин-лигазы E3.

Белок EOD1, который представляет собой вариант любой из SEQ ID NO: 38 – 53 или другой эталонной последовательности EOD1, может содержать аминокислотную последовательность, которая характеризуется идентичностью последовательности по меньшей мере 20%, по меньшей мере 30%, по меньшей мере 40%, по меньшей мере 50%, по меньшей мере 60%, по меньшей мере 70%, по меньшей мере 80%, по меньшей мере 90%, по меньшей мере 95% или по меньшей мере 98% эталонной последовательности EOD1.

Белок EOD, который представляет собой вариант любой из SEQ ID NO: 38 – 53, может дополнительно содержать домен EOD, содержащий последовательность SEQ ID NO: 37. Примеры подходящих последовательностей изложены выше.

5

Нуклеиновая кислота, кодирующая белок EOD1, может содержать нуклеотидную последовательность, изложенную в записи базы данных, которую выбирают из группы, включающей XM\_002299911.1 GI:224059639 (PtEOD1); XM\_002531864.1 GI:255582235 (RcEOD1); XM\_002279758.2 GI:359487285 (VvEOD1); XM\_003542806.1 GI:356548934 (GmEOD1a); XM\_003540482.1 GI:356544175 (GmEOD1b); XM\_002468372.1 GI:242042044 (SbEOD1); NM\_001147247.1 GI:226496788 (ZmEOD1); или NP\_001030922.1 GI: 79316205 (AtEOD1; At3g63530), или может представлять собой вариант одной из данных последовательностей.

10

15 Согласно некоторым предпочтительным вариантам реализации настоящего изобретения нуклеотидная последовательность, кодирующая белок EOD1 у растения, может кодировать AtEOD1 или OsEOD1 либо может представлять собой вариант указанных последовательностей.

20

Белки EOD1 и кодирующие нуклеиновые кислоты, экспрессия или активность которых может быть уменьшена, как описано в настоящей заявке, можно легко обнаружить в любом виде растений, представляющих интерес, в частности, в культурном растении, таком как пшеница, ячмень, маис, рис и другие сельскохозяйственные растения, с применением общепринятых методик анализа последовательности.

25

Подходящие способы уменьшения экспрессии или активности EOD1 хорошо известны в данной области техники.

30

Например, активность EOD1 можно уменьшить, предпочтительно устранить, посредством введения мутации, такой как делеция, вставка или замена, в положение, соответствующее положению 44 в SEQ ID NO: 45, например, посредством замены А на Т. Положение в последовательности белка EOD1, эквивалентное положению 44 в SEQ

ID NO: 45, можно обнаружить с применением стандартных анализов последовательности и инструментов выравнивания.

Согласно некоторым вариантам реализации настоящего изобретения экспрессию белка EOD1 можно уменьшить в клетках растения посредством экспрессии гетерологичной нуклеиновой кислоты, которая кодирует или транскрибирует супрессорную нуклеиновую кислоту, например, супрессорную молекулу РНК или РНКи, в клетках указанного растения. Супрессорная РНК подавляет экспрессию белка EOD1 в клетках растения, которое экспрессирует DA1 с нарушенным LIM.

10

Подходящая последовательность РНКи может соответствовать фрагменту эталонной нуклеотидной последовательности EOD1, изложенной в настоящей заявке, или может представлять собой вариант указанной последовательности.

Согласно другим вариантам реализации настоящего изобретения в последовательность нуклеиновой кислоты, которая кодирует белок EOD1, в геноме клетки растения можно ввести нокаут- или нокаун-мутацию, в результате которой экспрессия или активность EOD1 уменьшается. Затем из мутантной клетки можно регенерировать растение.

Нуклеиновую кислоту, кодирующую EOD1, можно подвергнуть мутации посредством вставки, замены или делеции одного или нескольких нуклеотидов по сравнению с нуклеотидной последовательностью дикого типа. Например, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 или 10 или более нуклеотидов могут быть изменены по сравнению с нуклеотидной последовательностью дикого типа.

25

Белки DA1 с нарушенным LIM можно экспрессировать, как описано в настоящей заявке, в любом виде растений. Примеры растений, подходящих для применения согласно любому аспекту настоящего изобретения, описанному в настоящей заявке, включают однодольные и двудольные высшие растения, например, сельскохозяйственные или культурные растения, такие как растения, которые выбирают из группы, включающей *Lithospermum erythrorhizon*, *Taxus* spp, табак, тыкву, морковь, овощную культуру рода Капуста, дыню, перец однолетний, виноград, салат, клубнику, масличную культуру рода Капуста, сахарную свеклу, пшеницу, ячмень,

30

маис, рис, сою, горох, сорго, подсолнечник, помидор, картофель, перец, хризантему, гвоздику, лен, коноплю и рожь.

5 В другом аспекте настоящего изобретения предложено трансгенное растение, которое экспрессирует белок DA1 с нарушенным LIM, как описано выше.

Растение может содержать экзогенную нуклеиновую кислоту, которая кодирует белок DA1 с нарушенным LIM.

10 Один или несколько признаков растения, связанных с урожайностью, могут быть улучшены, увеличены или усилены в растении по сравнению с контрольными растениями, которые не экспрессируют белок DA1 с нарушенным LIM. Связанные с урожаем признаки могут включать продолжительность жизни, размер органа и размер семени.

15 Растение может обладать увеличенной урожайностью по сравнению с контрольными растениями дикого типа (т.е. идентичными растениями, которые не экспрессируют белок DA1 с нарушенным LIM). Например, масса семян (например, зерен) или другого продукта растительного происхождения на единицу площади может быть увеличена по сравнению с контрольными растениями.

20

Подходящее растение может быть получено посредством способа, описанного выше.

25 Помимо растения, полученного посредством способа, описанного в настоящей заявке, настоящее изобретение охватывает любой клон такого растения, семена, самоопыленное или гибридное потомство и потомков, а также любую часть или побег, служащий для вегетативного размножения, любого из указанных объектов, такие как черенки и семена, которые можно применять для воспроизведения либо полового или вегетативного размножения. Также настоящее изобретение охватывает растение,

30 которое представляет собой потомка, полученного в результате полового или вегетативного размножения, клон или потомка такого растения, или любую часть или побег, служащий для вегетативного размножения, указанного растения, потомка, клона или потомства.



Растение согласно настоящему изобретению может представлять собой растение, которое не способно передавать один или несколько признаков потомству. Могут быть исключены разновидности растений, в особенности разновидности растений, регистрируемые согласно правилам регистрации новых сортов растений (Plant Breeders Rights).

«И/или» в настоящей заявке следует интерпретировать как конкретное указание на каждый из двух указанных признаков или компонентов в сочетании с другим или без другого. Например, «А и/или В» следует интерпретировать как конкретное указание на каждый из (i) А, (ii) В и (iii) А и В так, как если бы каждый из данных вариантов был указан в настоящей заявке индивидуально.

Если контекст не диктует обратное, описания и определения свойств, изложенных выше, не ограничены никаким конкретным аспектом или вариантом реализации настоящего изобретения и применяются эквивалентно ко всем описанным аспектам и вариантам реализации.

Все документы, упоминаемые в настоящей спецификации, включены в настоящую заявку посредством ссылки во всей своей полноте для всех целей.

Содержание всех записей баз данных, упоминаемых в настоящей спецификации, также включено в настоящую заявку посредством ссылки во всей своей полноте для всех целей. Такие записи включают версии любой последовательности, которые существуют на дату подачи настоящей заявки.

## Эксперименты

### 1. Методы

#### 1.1 Анализ коиммунопреципитации

Все белки-приманки для данных исследований были помечены GST (глутатион-S-трансферазой), и гранулы глутатион-сефарозы (GE Life Science 17-0756-01) использовали для аффинной адсорбции данных белков.

В колбу, содержащую 10 мл среды LB с соответствующими антибиотиками, инокулировали штамм BL21 с соответствующей экспрессирующей конструкцией в исходном растворе глицерола и оставляли выращивать в течение ночи при температуре 37°C и при 220 об./мин. На следующее утро 10 мл прекультуры использовали для инокуляции в колбу, содержащую LB объемом 100 мл (в соотношении 1:100), и данную культуру инкубировали при температуре 37°C в течение двух часов при 220 об./мин. Колбу вынимали из инкубатора, добавляли IPTG (изопропилтиогалактозид, Melford MB1008) до конечной концентрации 1 мМ, после чего инкубировали культуру при температуре 28°C (и 220 об./мин.) в течение еще трех часов.

После данной фазы роста культуры центрифугировали при 4500g в течение 10 минут, супернатанты отбрасывали, и осадок ресуспендировали при температуре 4°C в 2,5 мл буфера TGH (50 мМ HEPES (pH 7,5), 150 мМ NaCl, 1% Triton-X-100, 10% глицерол, 1 мМ DTT (дителиотреитол), 1 таблетка полного ингибитора протеазы, не содержащего EDTA (complete EDTA-free protease inhibitor, на 50 мл, Roche 11873580001)). Затем бактериальную суспензию обрабатывали ультразвуком (на льду) в течение четырех циклов длительностью по десять секунд, разделенных интервалами по 20 секунд, после чего центрифугировали при 12000g в течение 20 минут, чтобы осадить весь клеточный дебрис. Выделенные образцы после обработки ультразвуком хранили на льду, пока не была приготовлена 50% суспензия промытых гранул глутатион-сефарозы (GE Life Sciences 17-0756-01) согласно инструкциям производителя. Затем 20 мкл 50% суспензии глутатион-сефарозы объединяли с 2,5 мл экстракта белка из клеток, экспрессирующих белок-приманку (меченный GST), и с 2,5 мл экстракта белка из клеток, экспрессирующих белок-добычу (меченный HA-/FLAG-/HIS). Данную смесь инкубировали в течение 30 минут при температуре 4°C на вращающемся столе, после чего гранулы глутатион-сефарозы промывали пять раз избытком (500 мкл) буфера TGH (согласно инструкциям производителя). После промывки белки элюировали 35 мкл буфера для элюирования GST (50 мМ TRIS-глицин (pH 8,0), 10 мМ восстановленного глутатиона) в течение более 30 минут при температуре 4°C с последующим анализом методом вестернблоттинга.

## 1.2 Вестернблоттинг

20%, 12% или 4 – 20% заранее приготовленные SDS-полиакриламидные гели (RunBlue NXG02012, NXG01227, NXG42027) погружали в буфер для анализа RunBlue SDS-TRIS-трицин (RunBlue NXB0500) в резервуарах для геля (Atto Japan AE6450). Образцы смешивали с 2x буфером для образца Лэмли (Bio-Rad Ltd 161-0737), который помещали в термоблок при температуре 96°C в течение 10 минут, а затем наносили в промытые лунки в геле в аликвотах по 10 мкл или 20 мкл. Гели анализировали при 160 В в течение 60 минут вместе с аликвотой предварительно окрашенной «лесенки» маркеров молекулярной массы PageRuler Plus Prestained Protein Ladder, от 10 до 250 кДа (Fermentas 26619) объемом 3 мкл. При необходимости, на данной стадии гели окрашивали.

Перенос проводили с применением набора Bio-Rad Mini Trans-Blot® Cell (Bio-Rad 170-3836). Гели удаляли из стеклянного каркаса и клали сверху на губку (из набора Bio-Rad Mini Trans-Blot® Cell), два листа хроматографической бумаги (VWR WHAT3030-917) и промытую метанолом PVDF (поливинилиденфторидную) мембрану (Roche Diagnostics 03010040001). Пузырьки воздуха между гелем и мембраной удаляли, после чего на гель клали два дополнительных листа ватманской бумаги и губку, и всю полученную конструкцию закрывали в контейнере для удерживания геля (из набора Bio-Rad Mini Trans-Blot® Cell), погружали в буфер для переноса (25 мМ TRIS, 192 мМ глицин, 10% (об./об.) метанол) и выдерживали при 90 В в течение 70 минут при температуре 4°C.

После переноса мембрану промывали в течение 10 минут в 50 мл ФБР (фосфатный буферный раствор, 140 мМ NaCl, 2,7 мМ KCl, 10 мМ Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>, 1,8 мМ KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>, pH 7,3) при комнатной температуре и встряхивали в 50 мл блокирующего раствора (5% (мас./об.) сухого молока, 0,1% (об./об.) Tween-20) в течение одного часа при комнатной температуре или в течение ночи при температуре 4°C. Первичные антитела разводили в блокирующем растворе до соответствующей концентрации (см. таблицу 2.9) и инкубировали с мембраной (10 мл на мембрану при легком перемешивании) в течение одного часа перед пятью промывками 50 мл ФБРТ (ФБР с Tween, 140 мМ NaCl, 2,7 мМ KCl, 10 мМ Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>, 1,8 мМ KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>, 0,1 % (об./об.) Tween-20, pH 7,3) при комнатной температуре. Если требовалось вторичное антитело, этапы окрашивания и промывки повторяли.

Промытую мембрану держали пинцетом и аккуратно промокивали один угол на промокательной бумаге, чтобы удалить избыток влаги. Затем мембрану помещали в чашку Петри и обрабатывали субстратом пероксидазы (SuperSignal West FEMTO Max. Sensitivity substrate (Fisher Scientific PN34095)) в количестве 800 мкл субстрата на мембрану. Мембраны оставляли в данном субстрате на пять минут, высушивали, как описано ранее, и помещали в рентгеновскую кассету для пленок под лист рентгеновской пленки (Fuji Film X-RAY, 18 x 24 см (FujiFilm 497772RXNO)). Рентгеновскую пленку проявляли с применением настольной проявочной машины для рентгеновских пленок Konica SRX-101 (Konica 106931659).

10

При необходимости, после проведения анализа мембраны промывали в 50 мл ФБРТ и окрашивали 10 мл раствора Ponceau S (Sigma-Aldrich P7170) в течение 30 минут после одной промывки в 50 мл ФБРТ и высушивали при комнатной температуре.

### 15 1.3 Определение размера семян

Площадь семян использовали в качестве репрезентативного показателя размера семян. Семена раскидывали в чашке Петри и сканировали против белого фона с применением настольного сканера (Hewlett Packard Scanjet 4370) при высоком разрешении (<3600 точек на дюйм). Изображения хранили в виде черно-белых изображений размером 8 бит, и анализ изображений проводили с применением программного обеспечения ImageJ. Открывали программу ImageJ и устанавливали порог (Ctrl+Shift+T) так, чтобы все семена были полностью красными, затем выбирали все семена с помощью инструмента «прямоугольного выбора» и выбирали вариант анализа (Analyze > Analyze Particles). В диалоговом окне устанавливали размер порога, чтобы исключить из анализа меньшие (отличные от семян) структуры и крупные структуры, такие как агрегаты семян. Длину и ширину семян рассчитывали посредством подгонки овала к каждому семени (Analyze > Set measurements > Fit ellipse). При выборе данного варианта анализ выдает «Большее» и «Меньшее» значение, соответствующее длине и ширине овала, представляя наиболее длинную и наиболее широкую части семени. [J1]

25  
30

## 2. Результаты

LIM-домены (Prosite: PS00478) представляют собой тандемные домены «цинкового пальца», которые выступают в качестве платформы для белок-белковых взаимодействий (фиг. 1).

5 С помощью программного обеспечения для прогнозирования доменов, доступного в сети интернет (Pfam, SMART, PROSITE), было спрогнозировано наличие одного LIM-домена в DA1 (аминокислоты (АК) 170 – 230 AtDA1), который, как предполагалось, вовлечен в опосредование предполагаемой гомодимеризации DA1-DA1 (Li et al., 2008).

10 Однако неожиданно было обнаружено, что при введении расе Col арабидопсиса вариант DA1 с мутантным LIM-доменом (в дальнейшем обозначаемый «DA1lim8») вызывает доминантный негативный фенотип размера органа, эквивалентный мутанту da-1 (фиг. 4). Полученные результаты демонстрируют, что LIM-домен DA1 не вовлечен в гомодимеризацию DA1.

15 Для получения мутанта DA1lim84 ключевые аминокислоты, координирующие цинк (C172, C175, C199 и C202), преобразовывали в глицин. Согласно прогнозу, данные мутации устраняют мотив «цинкового пальца», который образуется в результате координации Zn участками остатков цистеина (C).

20 Рекомбинантные белки-приманки, меченные GST, инкубировали с рекомбинантными белками-добычей, меченными FLAG, с последующей преципитацией меченных GST белков-приманок на гранулах глутатион-сефарозы. Затем очищенные белки элюировали и проводили анализ методом электрофореза в полиакриламидном геле с додецилсульфатом натрия и иммуноблотинга. Способность β-глюкуронидазы (GUS) образовывать гомотетрамер использовали для получения положительного контроля GST-GUS по сравнению с FLAG-GUS. Также использовали два набора отрицательных контролей, которые представляли собой GST-GUS по сравнению с FLAG-добыча и GST-приманка по сравнению с FLAG-GUS.

30 Данные эксперименты по коиммунопреципитации *in vitro* продемонстрировали, что DA1lim8 способен связываться с белком DA1 дикого типа (фигура 3), и что фенотип размера семян lim8 у расы Col эквивалентен таковому для da1-1 (фигура 4).

Затем последовательности белков DA1 анализировали с применением двухэтапного анализа прогнозирования доменов. Сначала проводили начальный скрининг для обнаружения гомологии (HHpred) с целью обнаружения белков с подобными доменами и структурами. После этого проводили скрининг для прогнозирования доменов (Pfam, SMART, PROSITE), при котором данные белки использовали в качестве искомой последовательности. Данная стратегия позволила установить, что область аминокислот 230 – 297 AtDA1 обладает значительной структурной гомологией с LIM-доменами других белков (включая белок LHX3 LIM/гомеобокса мыши). Данный новый предполагаемый домен был назван *LIM-подобным доменом*.

Предполагаемая вторая пара аминокислот, координирующих цинк в LIM-подобном домене DA1, не была обнаружена с применением классического программного обеспечения для прогнозирования доменов (Pfam, SMART, PROSITE) вследствие значительного отклонения последовательности от канонического участка LIM. При анализе спаривания CxxH в положении аминокислот 261 – 264 в последовательности AtDA1 было очевидно, что вставка в первый домен «цинкового пальца» и межпальцевую область вызывает значительное отклонение последовательности от консенсусного участка LIM, в результате чего длина «пальца» составляет 24 АК и длина межпальцевой области составляет 7 АК (вместо 16 – 23 АК и 2 АК, соответственно).

Вследствие этого LIM-подобный домен представляет собой второй «цинковый палец», который содержит LIM-домен в пределах белка DA1.

```

Si_GI-514815267.pro -----
Bd_GI-357157184.pro -----
Br_DA1b.pro -----
5 Br_DA1a.pro -----
At_GI-15221983.pro -----
Tc_GI-508722773.pro -----
Gm_GI-356564241.pro -----
10 Gm_GI-356552145.pro -----
Vv_GI-302142429.pro -----
Vv_GI-359492104.pro -----
Sl_GI-460385048.pro -----
Os_GI-218197709.pro -----
15 Os_GI-115466772.pro -----
Bd_GI-357160893.pro -----
Bd_GI-357164660.pro -----
Sb_GI-242092232.pro -----
Zm_GI-212275448.pro -----
At_GI-240256211.pro -----
20 At_GI-145360806.pro -----
At_GI-22326876.pro MEPPAARVTPSIKADCShSVNIICEETVLHSLVSHLSAALRREGISVFVDACGLQETKFF 60
At_GI-30698242.pro -----
At_GI-30698240.pro -----
25 At_GI-15240018.pro -----
At_GI-334188680.pro -----

Si_GI-514815267.pro -----
Bd_GI-357157184.pro -----
30 Br_DA1b.pro -----
Br_DA1a.pro -----
At_GI-15221983.pro -----
Tc_GI-508722773.pro -----
Gm_GI-356564241.pro -----
35 Gm_GI-356552145.pro -----
Vv_GI-302142429.pro -----
Vv_GI-359492104.pro -----
Sl_GI-460385048.pro -----
40 Os_GI-218197709.pro -----
Os_GI-115466772.pro -----
Bd_GI-357160893.pro -----
Bd_GI-357164660.pro -----
Sb_GI-242092232.pro -----
Zm_GI-212275448.pro -----
45 At_GI-240256211.pro -----
At_GI-145360806.pro -----
At_GI-22326876.pro SIKQnQPLTDGARVLVVVISDEVEFYDPWFPKFLKVIQGWQNNGHVVVVPFYGVDSLTRV 120
At_GI-30698242.pro -----
At_GI-30698240.pro -----
50 At_GI-15240018.pro -----
At_GI-334188680.pro -----

Si_GI-514815267.pro -----
55 Bd_GI-357157184.pro -----
Br_DA1b.pro -----
Br_DA1a.pro -----
At_GI-15221983.pro -----
Tc_GI-508722773.pro -----
60 Gm_GI-356564241.pro -----
Gm_GI-356552145.pro -----
Vv_GI-302142429.pro -----
Vv_GI-359492104.pro -----
Sl_GI-460385048.pro -----
65 Os_GI-218197709.pro -----
Os_GI-115466772.pro -----
Bd_GI-357160893.pro -----
Bd_GI-357164660.pro -----
Sb_GI-242092232.pro -----
70 Zm_GI-212275448.pro -----
At_GI-240256211.pro -----
At_GI-145360806.pro -----
At_GI-22326876.pro YGWANSWLEAEKLTSHQSKILSNNVLTDSSELVEEIVRDVYGKLYPAERVGIYARLLEIEK 180
75 At_GI-30698242.pro -----
At_GI-30698240.pro -----
At_GI-15240018.pro -----

```

```

At_GI-334188680.pro -----

5  Si_GI-514815267.pro -----
   Bd_GI-357157184.pro -----
   Br_DA1b.pro -----
   Br_DA1a.pro -----
   At_GI-15221983.pro -----
10  Tc_GI-508722773.pro -----
   Gm_GI-356564241.pro -----
   Gm_GI-356552145.pro -----
   Vv_GI-302142429.pro -----
   Vv_GI-359492104.pro -----
15  Sl_GI-460385048.pro -----
   Os_GI-218197709.pro -----
   Os_GI-115466772.pro -----
   Bd_GI-357160893.pro -----
   Bd_GI-357164660.pro -----
20  Sb_GI-242092232.pro -----
   Zm_GI-212275448.pro -----
   At_GI-240256211.pro -----
   At_GI-145360806.pro -----
   At_GI-22326876.pro ----- LLYKQHRDIRSIGIWGMPGIGKTTLAKAVFNHMSTDYDASCFTIENFDEAFHKEGLHRLLK 240
   At_GI-30698242.pro -----
25  At_GI-30698240.pro -----
   At_GI-15240018.pro -----
   At_GI-334188680.pro -----

30  Si_GI-514815267.pro -----
   Bd_GI-357157184.pro -----
   Br_DA1b.pro -----
   Br_DA1a.pro -----
35  At_GI-15221983.pro -----
   Tc_GI-508722773.pro -----
   Gm_GI-356564241.pro -----
   Gm_GI-356552145.pro -----
   Vv_GI-302142429.pro -----
40  Vv_GI-359492104.pro -----
   Sl_GI-460385048.pro -----
   Os_GI-218197709.pro -----
   Os_GI-115466772.pro -----
   Bd_GI-357160893.pro -----
   Bd_GI-357164660.pro -----
45  Sb_GI-242092232.pro -----
   Zm_GI-212275448.pro -----
   At_GI-240256211.pro -----
   At_GI-145360806.pro -----
50  At_GI-22326876.pro ----- ERIGKILKDEFDIESSYIMRPTLHRDKRILVVLDDVDRDSLAAESFLKRLDWFGSGS 300
   At_GI-30698242.pro -----
   At_GI-30698240.pro -----
   At_GI-15240018.pro -----
   At_GI-334188680.pro -----

55  Si_GI-514815267.pro -----
   Bd_GI-357157184.pro -----
   Br_DA1b.pro -----
   Br_DA1a.pro -----
60  At_GI-15221983.pro -----
   Tc_GI-508722773.pro -----
   Gm_GI-356564241.pro -----
   Gm_GI-356552145.pro -----
   Vv_GI-302142429.pro -----
65  Vv_GI-359492104.pro -----
   Sl_GI-460385048.pro -----
   Os_GI-218197709.pro -----
   Os_GI-115466772.pro -----
   Bd_GI-357160893.pro -----
70  Bd_GI-357164660.pro -----
   Sb_GI-242092232.pro -----
   Zm_GI-212275448.pro -----
   At_GI-240256211.pro -----
   At_GI-145360806.pro -----
75  At_GI-22326876.pro ----- LIIITSVDKQVFAFCQINQIYTVQGLNVHEALQLFSQSVFGINEPEQNDRKLSMKVIDYV 360
   At_GI-30698242.pro -----
   At_GI-30698240.pro -----

```



```

At_GI-15240018.pro -----
At_GI-334188680.pro -----

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

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

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

```

At\_GI-30698240.pro -----  
At\_GI-15240018.pro -----  
At\_GI-334188680.pro -----

5

Si\_GI-514815267.pro -----  
Bd\_GI-357157184.pro -----  
Br\_DAlb.pro -----  
Br\_DAla.pro -----

10

At\_GI-15221983.pro -----  
Tc\_GI-508722773.pro -----  
Gm\_GI-356564241.pro -----  
Gm\_GI-356552145.pro -----  
Vv\_GI-302142429.pro -----

15

Vv\_GI-359492104.pro -----  
Sl\_GI-460385048.pro -----  
Os\_GI-218197709.pro -----  
Os\_GI-115466772.pro -----  
Bd\_GI-357160893.pro -----

20

Bd\_GI-357164660.pro -----  
Sb\_GI-242092232.pro -----  
Zm\_GI-212275448.pro -----  
At\_GI-240256211.pro -----  
At\_GI-145360806.pro -----

25

At\_GI-22326876.pro -----  
At\_GI-30698242.pro -----  
At\_GI-30698240.pro -----  
At\_GI-15240018.pro -----  
At\_GI-334188680.pro -----

MFNLKFLKIYNSCSKYISGLNFPKGLDLSLPYELRLLHWENYPLQSLPQDFDFGHLVKLSM 600

30

Si\_GI-514815267.pro -----  
Bd\_GI-357157184.pro -----  
Br\_DAlb.pro -----  
Br\_DAla.pro -----

35

At\_GI-15221983.pro -----  
Tc\_GI-508722773.pro -----  
Gm\_GI-356564241.pro -----  
Gm\_GI-356552145.pro -----  
Vv\_GI-302142429.pro -----

40

Vv\_GI-359492104.pro -----  
Sl\_GI-460385048.pro -----  
Os\_GI-218197709.pro -----  
Os\_GI-115466772.pro -----  
Bd\_GI-357160893.pro -----

45

Bd\_GI-357164660.pro -----  
Sb\_GI-242092232.pro -----  
Zm\_GI-212275448.pro -----  
At\_GI-240256211.pro -----  
At\_GI-145360806.pro -----

50

At\_GI-22326876.pro -----  
At\_GI-30698242.pro -----  
At\_GI-30698240.pro -----  
At\_GI-15240018.pro -----  
At\_GI-334188680.pro -----

PYSQLHKLGTTRVKDLVMLKRLLILSHSLQLVECDILIIYAQNIELIDLQGCTGLQRFPDTSQ 660

55

Si\_GI-514815267.pro -----  
Bd\_GI-357157184.pro -----  
Br\_DAlb.pro -----  
Br\_DAla.pro -----

60

At\_GI-15221983.pro -----  
Tc\_GI-508722773.pro -----  
Gm\_GI-356564241.pro -----  
Gm\_GI-356552145.pro -----  
Vv\_GI-302142429.pro -----

65

Vv\_GI-359492104.pro -----  
Sl\_GI-460385048.pro -----  
Os\_GI-218197709.pro -----  
Os\_GI-115466772.pro -----  
Bd\_GI-357160893.pro -----

70

Bd\_GI-357164660.pro -----  
Sb\_GI-242092232.pro -----  
Zm\_GI-212275448.pro -----  
At\_GI-240256211.pro -----  
At\_GI-145360806.pro -----  
At\_GI-22326876.pro -----

75

-----MGDRP 5

LQNLRVVNLSGCTEIKCFSGVPPNIEELHLQGTIRIREIPIFNATHPPKVKLDRKKLWNL 720

At\_GI-30698242.pro -----  
 At\_GI-30698240.pro -----  
 At\_GI-15240018.pro -----  
 At\_GI-334188680.pro -----  
 5

Si\_GI-514815267.pro -----  
 Bd\_GI-357157184.pro -----  
 Br\_DAlb.pro -----  
 Br\_DAla.pro -----  
 10 At\_GI-15221983.pro -----  
 Tc\_GI-508722773.pro -----  
 Gm\_GI-356564241.pro -----  
 Gm\_GI-356552145.pro -----  
 15 Vv\_GI-302142429.pro -----  
 Vv\_GI-359492104.pro -----  
 Sl\_GI-460385048.pro -----  
 Os\_GI-218197709.pro DMGAGVALRFSHNDWTLEEDSKALHFLQPDLVLFRTGDYGNENVQLVKISIDLQLPKAAIL 65  
 Os\_GI-115466772.pro -----  
 20 Bd\_GI-357160893.pro -----  
 Bd\_GI-357164660.pro -----  
 Sb\_GI-242092232.pro -----  
 Zm\_GI-212275448.pro -----  
 At\_GI-240256211.pro -----  
 25 At\_GI-145360806.pro -----  
 At\_GI-22326876.pro ENFSDVEHIDLECVTNLATVTSNNHVMGKLVCLNMKYCSNLRGLPDMVSLESKVLVLYLSG 780  
 At\_GI-30698242.pro -----  
 At\_GI-30698240.pro -----  
 At\_GI-15240018.pro -----  
 30 At\_GI-334188680.pro -----

Si\_GI-514815267.pro -----  
 Bd\_GI-357157184.pro -----  
 35 Br\_DAlb.pro -----  
 Br\_DAla.pro -----  
 At\_GI-15221983.pro -----  
 Tc\_GI-508722773.pro -----  
 Gm\_GI-356564241.pro -----  
 40 Gm\_GI-356552145.pro -----  
 Vv\_GI-302142429.pro -----  
 Vv\_GI-359492104.pro -----  
 Sl\_GI-460385048.pro -----  
 Os\_GI-218197709.pro GNHDCWHTYQFSEKKVDRVQLQLESLSGEQHVGYKCLDFPTIKLSVVGGRPFSCGGNRIFR 125  
 45 Os\_GI-115466772.pro -----  
 Bd\_GI-357160893.pro -----  
 Bd\_GI-357164660.pro -----  
 Sb\_GI-242092232.pro -----  
 Zm\_GI-212275448.pro -----  
 50 At\_GI-240256211.pro -----  
 At\_GI-145360806.pro -----  
 At\_GI-22326876.pro CSELEKIMGFPRNLKKLYVGGTAIRELPQLPNSLEFLNAHGCKHLKSINLDFEQLPRHFI 840  
 At\_GI-30698242.pro -----  
 At\_GI-30698240.pro -----  
 55 At\_GI-15240018.pro -----  
 At\_GI-334188680.pro -----

Si\_GI-514815267.pro -----  
 Bd\_GI-357157184.pro -----  
 60 Br\_DAlb.pro -----  
 Br\_DAla.pro -----  
 At\_GI-15221983.pro -----  
 Tc\_GI-508722773.pro -----  
 65 Gm\_GI-356564241.pro -----  
 Gm\_GI-356552145.pro -----  
 Vv\_GI-302142429.pro -----  
 Vv\_GI-359492104.pro -----  
 Sl\_GI-460385048.pro -----  
 70 Os\_GI-218197709.pro PKLLSKWYGVNDMAESAKRIYDAATNAPKEHAVILLAHNGPTGLGSRMEDICGRDWWAGG 185  
 Os\_GI-115466772.pro -----  
 Bd\_GI-357160893.pro -----  
 Bd\_GI-357164660.pro -----  
 Sb\_GI-242092232.pro -----  
 75 Zm\_GI-212275448.pro -----  
 At\_GI-240256211.pro -----  
 At\_GI-145360806.pro -----

```

At_GI-22326876.pro      FSNCYRFSSQVIAEFVEKGLVASLARAKQEELIKAPEVIICIPMDTRQRSSFRLQAGRNA 900
At_GI-30698242.pro      -----
At_GI-30698240.pro      -----MPISDVASLVGGAALGAPLSE 21
At_GI-15240018.pro      -----MASDYSSDDEGFGEKVGVLIG 21
5  At_GI-334188680.pro    -----MWCLSCFKPSTKHDP 15

Si_GI-514815267.pro     -----
Bd_GI-357157184.pro     -----
10  Br_DA1b.pro            -----
    Br_DA1a.pro          -----
    At_GI-15221983.pro    -----
    Tc_GI-508722773.pro    -----
    Gm_GI-356564241.pro    -----
15  Gm_GI-356552145.pro    -----
    Vv_GI-302142429.pro    -----
    Vv_GI-359492104.pro    -----
    Sl_GI-460385048.pro    -----
    Os_GI-218197709.pro    GDHGDPDLEQAI SDLQRETGVSIPLVVFHGMHKS LAYGRGLRKMIAFGANRTIYLNQAVV 245
20  Os_GI-115466772.pro    -----
    Bd_GI-357160893.pro    -----
    Bd_GI-357164660.pro    -----
    Sb_GI-242092232.pro    -----
    Zm_GI-212275448.pro    -----
25  At_GI-240256211.pro    -----
    At_GI-145360806.pro    -----
    At_GI-22326876.pro    MTDLVPWMQKPI SGFMSVVVS FQDDYHNDVGLRIRCVGTWKTWNNQPDRIVERFFQCWA 960
30  At_GI-30698242.pro    -----
    At_GI-30698240.pro    IFKLVIEEAKKVKDFKP -----L 39
    At_GI-15240018.pro    EKDRFEAETIHVIEVSQ -----H 39
    At_GI-334188680.pro    SEDRFEETNIVTGIS -----31

Si_GI-514815267.pro     -----
Bd_GI-357157184.pro     -----
35  Br_DA1b.pro            -----
    Br_DA1a.pro          -----
    At_GI-15221983.pro    -----
    Tc_GI-508722773.pro    -----
40  Gm_GI-356564241.pro    -----
    Gm_GI-356552145.pro    -----
    Vv_GI-302142429.pro    -----
    Vv_GI-359492104.pro    -----
    Sl_GI-460385048.pro    -----
45  Os_GI-218197709.pro    PRVNHAQSSRQPAISTSEKTGLEGLTGLMVPTSRRAFTIVDLFEGAVEKISEVWVTVDGAR 305
    Os_GI-115466772.pro    -----
    Bd_GI-357160893.pro    -----
    Bd_GI-357164660.pro    -----
50  Sb_GI-242092232.pro    -----
    Zm_GI-212275448.pro    -----
    At_GI-240256211.pro    -----
    At_GI-145360806.pro    -----MSSSSSSSSSSPSSSYGVARVS 22
55  At_GI-22326876.pro    PTEAPKVVDHI FVLYDTKMHPSDSEENHISMWAHEVKFEFHTVSGENNPLGASCKVTEC 1020
    At_GI-30698242.pro    -----
    At_GI-30698240.pro    SQDLASTMERLVIPIFNEIDMMQGSNRGTSELKVLTEETMERAGEMVHKCSRIQWYSIACK 99
    At_GI-15240018.pro    EADIQKAKQRS LATHEAEKLDLATHEAEQLDLAIQEF SRQEEEEERRRTRELENDALAN 99
    At_GI-334188680.pro    -----LYEDVILRQRSEADQIEWAIQDSFNPQE---TSRCRQREDDQIAR 75

Si_GI-514815267.pro     -----MGWLSKIFKGSVN-RVSRGHYNGNSHE----GYS 29
Bd_GI-357157184.pro     -----MGWLNKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----GNS 29
60  Br_DA1b.pro            -----MGWLNKIFKGSNQ-RHPLGNEHYHHNGGYYENYP 33
    Br_DA1a.pro          -----MGWLNKIFKGSNQ-RHPLGNEHYHHNGGYYENYP 33
    At_GI-15221983.pro    -----MGWLNKIFKGSNQ-RHPLGNEHYHHNGGYYENYP 32
65  Tc_GI-508722773.pro    -----MDWIKKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----GYS 29
    Gm_GI-356564241.pro    -----MGWLNKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----GYS 29
    Gm_GI-356552145.pro    -----MGWLNKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----GYS 29
    Vv_GI-302142429.pro    -----MGWLNKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----GYS 29
    Vv_GI-359492104.pro    -----MGWLNKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----GYS 29
70  Sl_GI-460385048.pro    -----MGWLNKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----GYS 29
    Os_GI-218197709.pro    TELEQELVLYKQPHKSVPSNIAI WSTMGWLTKFFRGSTH-KISEGQYHSKPAEETIWNPG 364
    Os_GI-115466772.pro    -----MGWLNKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----GYS 29
    Bd_GI-357160893.pro    -----MGWLNKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----GYS 29
    Bd_GI-357164660.pro    -----MGWLNKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----GYS 29
75  Sb_GI-242092232.pro    -----MGWLNKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----GYS 29
    Zm_GI-212275448.pro    -----MGWLNKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----GYS 29
    At_GI-240256211.pro    -----MGWLNKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----GYS 29

```

	At_GI-145360806.pro	HISNPCIFGEVGSSSSSSTYRDKKWKLMKVVSKLFKSGSNGGSGAHTNHPPQFQEDENM	82
	At_GI-22326876.pro	GVEVITAATGDTSVSGIIRESETITIEEKEDTIDEEDTPLLRSRKPPEETNRSRSSLQ	1080
	At_GI-30698242.pro		
	At_GI-30698240.pro	ALYTREIKA--INQDFLKFCQIQLIQRNQLQYMRSMGMASVSTKADLLSDIGNEFSK	157
5	At_GI-15240018.pro	VLQHEERE-----RLINKKTALEDEEELLARTLEESLKENRRRKMFEQVVKDEQ	150
	At_GI-334188680.pro	GLQYVEET-----ELDKSVVDEED-----QQ	96
	Si_GI-514815267.pro	TQHTKSY-----	36
10	Bd_GI-357157184.pro	SENIR-----	34
	Br_DAlb.pro	-HEHS-----EPSAETDA-----DHT	48
	Br_DAla.pro	-HDEPSADTDPDPDPDPDE-----THT	52
	At_GI-15221983.pro	TASHDDEPSAADTDADNDPE-----HHT	55
	Tc_GI-508722773.pro	EDPHP-----QF	32
15	Gm_GI-356564241.pro	LPSTS-----	34
	Gm_GI-356552145.pro	LPSTS-----	34
	Vv_GI-302142429.pro	VQNEP-----	33
	Vv_GI-359492104.pro	VQNEP-----	33
	Sl_GI-460385048.pro	EEDDP-----	33
20	Os_GI-218197709.pro	SNSAVVTMVYPLESTFGQLDLLLLLATDLRQLVIDDVCCKLRQQAQPVHLHMYSQLQLLQ	424
	Os_GI-115466772.pro	SNSAVVT-----	40
	Bd_GI-357160893.pro	SSSTVVT-----	40
	Bd_GI-357164660.pro	SSSTAVN-----	40
	Sb_GI-242092232.pro	SSSPVVT-----	40
25	Zm_GI-212275448.pro	SSSPVVT-----	40
	At_GI-240256211.pro	RYSAEGSDFDKKEIECAIALSLS-----EQEHVIPQDDKGGKIIIE	73
	At_GI-145360806.pro	VFPLPPS-----	89
	At_GI-22326876.pro	LSSTSSKVRSKGNVFWKWLGCFF-----LQPKNLRSRRTTALEEA	1122
	At_GI-30698242.pro		
30	At_GI-30698240.pro	LCLVAQPEVVTKFWLKRPLMELKMLFEDGV-----VTVVVSAPYALGKTTTLVTK	207
	At_GI-15240018.pro	LALIVQESLNMEEYPIR-LEEYK-----SISRRAPLDVDEQ-FAKA	189
	At_GI-334188680.pro	LSKIVEESLKE-----	107
	Si_GI-514815267.pro	-----GAHGNEDE-----DMDHAIALSLEEQDRKGAIDTEHHLDE-----ED	74
35	Bd_GI-357157184.pro	-----GAYDESDNE-----DIDRAIALSLAEEDPNKGKAIIDPDYS-----	70
	Br_DAlb.pro	QEPSTSEETWNGKENE-----EVDRVIALSILEE-ENQRPETNTG-----	88
	Br_DAla.pro	QEPSTSEEDTS-GQENE-----DIDRAIALSLIENSQQTNNTCAN-----	93
	At_GI-15221983.pro	QEPSTSEDNTSNDQENE-----DIDRAIALSLLEE--NQEQTSISG-----	94
40	Tc_GI-508722773.pro	NAPSVS-GDAWQELENE-----DVDRAIALSLLGE--SQKGRKVID-----	70
	Gm_GI-356564241.pro	GVTN-----NQNE-----DIDRAIALSLVEESRRANNVNGER-----	69
	Gm_GI-356552145.pro	GVTNDAWNQSQNQNE-----DIDRAIALSLVEETQKANNVN-----	73
	Vv_GI-302142429.pro	---SCSGDVWAETENE-----DIDRAIALSLSEE--EQKGGKVID-----	68
	Vv_GI-359492104.pro	---SCSGDVWAETENE-----DIDRAIALSLSEE--EQKGGKVID-----	69
45	Sl_GI-460385048.pro	---STAEDSWSEIE-----EIDRAIAISLSEE--EQKGGKVID-----	66
	Os_GI-218197709.pro	TSHAHQHGDVPSEFDNE-----DIARAISSLLEEEQRKAKAIEKD-----	465
	Os_GI-115466772.pro	-----DVPSEFDNE-----DIARAISSLLEEEQRKAKAIEKD-----	73
	Bd_GI-357160893.pro	-----DVLSEFDNE-----DIDRAIALSLSEE--QRKSGTGKD-----	72
	Bd_GI-357164660.pro	-----YALSEFDNE-----DIDRAIALSLSEEEQRKSGTGKD-----	73
50	Sb_GI-242092232.pro	-----DIFSEFNNE-----DIDRAIALSLSEEEQRKAKTIDKD-----	73
	Zm_GI-212275448.pro	-----DILSEFNNE-----DIDRAIALSLSEEEQRKAKTIDKD-----	73
	At_GI-240256211.pro	YKSETEEDDDDEDEEYMQRAQLEAAE-----EERRVAQAQIEEBEKRRAEQALETEKLLAK	133
	At_GI-145360806.pro	---SLDDRSRGARDKE-----ELDRSISLSLADN-TKRPHGYGWS-----	125
	At_GI-22326876.pro	LEEALKEREKLEDTREL-----QIALIESKKIKKIQADERDQIKHADER-----	1167
55	At_GI-30698242.pro	---MVRKRQEEDEKI-----EIERVKEESLKLAKQAEKRRLEESKEQ-----	41
	At_GI-30698240.pro	LCHDADVKEKFKQIFFI-----SVSKFPNVRLIGHKLEHIGCKANFYEN-----	252
	At_GI-15240018.pro	VKESLKNKGKQGFED-----QVKKDEQLALIVQESLNMVESPPRLEEN-----	234
	At_GI-334188680.pro	-----KGKSKQFED-----QVNDQEQALMVQESLYMVELSAQLEED-----	145
	Si_GI-514815267.pro	EQLARALQENTSPTLDEDEQLAR-----ALQESMNDHEP	108
60	Bd_GI-357157184.pro	-----LEEDEQLAR-----ALHESLNTGSP	90
	Br_DAlb.pro	-----AWKHAM-MDDDEQLAR-----AIQESMIARN-	113
	Br_DAla.pro	-----AGKYAM-VDEDEQLAR-----AIQESMVVGT	119
65	At_GI-15221983.pro	-----KYSMPVDEDEQLAR-----ALQESMVVGN	119
	Tc_GI-508722773.pro	-----DEYQLEDEDEQLAR-----ALQESLNFEP	94
	Gm_GI-356564241.pro	-----ILSLQTLLEDEDEQLAR-----AIEQSLNLESP	96
	Gm_GI-356552145.pro	-----DYRSQLEDEDEQLAR-----AIEQSLNLESP	98
	Vv_GI-302142429.pro	-----NEFQLEDEDEQLAR-----AIQESLNIESP	92
70	Vv_GI-359492104.pro	-----L-DNEFQLEDEDEQLAR-----AIQESLNIESP	95
	Sl_GI-460385048.pro	-----SESQLEDEDEQLAR-----ALQESLNIESP	90
	Os_GI-218197709.pro	-----MHLEDEDEQLAR-----AIQESLNIESP	487
	Os_GI-115466772.pro	-----MHLEDEDEQLAR-----AIQESLNIESP	95
	Bd_GI-357160893.pro	-----LHLDEDEDEQLAR-----AIHESLNIESP	94
75	Bd_GI-357164660.pro	-----QHLDEDEDEQLAR-----AIQESLNIESP	95
	Sb_GI-242092232.pro	-----MHLEDEDEQLAR-----AIQESLNIESP	95
	Zm_GI-212275448.pro	-----MHLEDEDEQLAR-----AIQESLNIESP	95

	At_GI-240256211.pro	ARLEEEEMRRSKAQLEEDDELLAK-----ALQESMNVGSP	167
	At_GI-145360806.pro	-----MDNNRDFPR-----PFHGGLNPFSS	145
	At_GI-22326876.pro	-----EQRKHSKDHEEEIEESNEKEERRHSKDYVIEELVLKGGKRRKQLDDDKADEKEQ	1221
	At_GI-30698242.pro	-----GKRIQVDDD-----QLAKTTSKDKGQ	62
5	At_GI-30698240.pro	-----DLDAMLYIQQLLKQLGRNGSILLVLDV-----WAEESLLQKFL	292
	At_GI-15240018.pro	-----NNISTRAPVDEDEQLAK-----AVEESLKGKQ	262
	At_GI-334188680.pro	-----KNISTIPPLNEDAQLQK-----VIWESAKGKQ	173

10	Si_GI-514815267.pro	PR-----QHIPIEDVHSESAPASSLPPYVFPNGSRVCA	142
	Bd_GI-357157184.pro	PH-----QNVPVVDVPSERVPTREPPPVLSSGFRAICA	124
	Br_DAlb.pro	----GTT-----YDFGNAY-----GNGHMHGGGNVYDNGDIYYPRPIAFSMDFRICA	156
	Br_DAla.pro	PRQKHGSS-----YDIGNAYGAGDVYGNHMHGGGNVYANGDIYYPRPTAFPMDFRICA	173
	At_GI-15221983.pro	PRHKSGST-----YDNGNAYGAGDLYGNHMYGGGNVYANGDIYYPRPITFQMDFRICA	173
15	Tc_GI-508722773.pro	P-----QYENANMYQMPVHFPMGYRICA	118
	Gm_GI-356564241.pro	P-----RYGNENMYQPPIQYFPLG--ICA	118
	Gm_GI-356552145.pro	P-----RYGNENMYQPPIQYFPMGSRICA	122
	Vv_GI-302142429.pro	PQ-----HGNGN-----GNGNIYQPIFPFYSTGFRAICA	120
	Vv_GI-359492104.pro	PQ-----HGNGN-----GNGNIYQPIFPFYSTGFRAICA	123
20	Sl_GI-460385048.pro	PQ-----HVSRRNDHGGGNVYGNFNHYHVPFPYSASFRVICA	126
	Os_GI-218197709.pro	-----PRARENGNANGGNMYQPLPFMFSSGFRAICA	517
	Os_GI-115466772.pro	-----PRARENGNANGGNMYQPLPFMFSSGFRAICA	125
	Bd_GI-357160893.pro	PCARDNGSPPH--ARDNSSPPHARENSSHPARENGLANGGNSIQHSFFMFSSGFRAICA	151
	Bd_GI-357164660.pro	-----PRAREKSSHPARENGSANGGNSYQL--PLMFSSGFRAICA	133
25	Sb_GI-242092232.pro	P-----PSRENGSANGGNAYHPLPFMFSSGFRAICA	125
	Zm_GI-212275448.pro	PRRNGSAN-----GGTMYHPPRETGNAYQPPRENGSANGGNAYHPLPFMFSSGFRAICA	148
	At_GI-240256211.pro	P-----RYDPGNILQPYPFPLPSSHRIIV	191
	At_GI-145360806.pro	IP-----PYEPSYQYRRRQRIDG	163
	At_GI-22326876.pro	IKH-----SKDHVEE-----EVNPPLSKCK	1241
30	At_GI-30698242.pro	INH-----SKDVVEE-----DVPNPPS-I	80
	At_GI-30698240.pro	IQLPDYKILVTSRFEFSTFGPTFHLKPLIDDEVECRDEIEENEKLP---EVNPPLSMCG	348
	At_GI-15240018.pro	IKQ-----SKDEVEGDGMLL-----ELNPPPSLGG	287
	At_GI-334188680.pro	IEH-----FKDPVEEDGNLPRVDLNVNHPHSIID	202

35	Si_GI-514815267.pro	GCKTPIGQGRFLSCMDSVWHHPQCFRCYGCDDIPISEYEFVAVHE---DHAYHRSCYKERF-H	198
	Bd_GI-357157184.pro	GCNNPIGNRFLSCMDSVWHHPQCFRCFACNKPISEYEFAMHE---NQPYHKSCYKDFE-H	180
	Br_DAlb.pro	GCNMEIGHGRFLNCLNALWHPQCFRCYGCSDHPISSEYEFSTSG---NYPFHKACYKERY-H	212
	Br_DAla.pro	GCNMEIGHGRFLNCLNALWHPQCFRCYGCSDHPISSEYEFSTSG---NYPFHKACYKERY-H	229
40	At_GI-15221983.pro	GCNMEIGHGRFLNCLNALWHPQCFRCYGCSDHPISSEYEFSTSG---NYPFHKACYKERY-H	229
	Tc_GI-508722773.pro	GCNTEIGHGRFLNCLNALFWHPQCFRCHACNLPISDYEFMSG---NYRFHKSCYKERY-H	174
	Gm_GI-356564241.pro	GCYTEIGYGRFLNCLNALFWHPQCFRCHACNLPISDYEFMSG---NYPYHKSCYKESY-H	174
	Gm_GI-356552145.pro	GCYTEIGYGRFLNCLNALFWHPQCFRCHACNLPISDYEFMSG---NYPYHKSCYKESY-H	178
	Vv_GI-302142429.pro	GCNTEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCHGCGYPISDYEYSMNG---NYPYHKSCYKEHY-H	176
45	Vv_GI-359492104.pro	GCNTEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCHGCGYPISDYEYSMNG---NYPYHKSCYKEHY-H	179
	Sl_GI-460385048.pro	GCSTEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCHACNQPISDYEFMSG---NYPYHKTCYKEHY-H	182
	Os_GI-218197709.pro	GCHSEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCHACNQPIYDYEFMSG---NHPYHKTCYKERF-H	573
	Os_GI-115466772.pro	GCHSEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCHACNQPIYDYEFMSG---NHPYHKTCYKERF-H	181
	Bd_GI-357160893.pro	GCHSEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCHACNQPIYDYEFMSG---NHPYHKTCYKERF-H	207
50	Bd_GI-357164660.pro	GCHSEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCHGCSQPIYDYEFMSG---NHPYHKTCYKERF-H	189
	Sb_GI-242092232.pro	GCHREIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCHACNQPIYDYEFMSG---NHPYHKTCYKEQF-H	181
	Zm_GI-212275448.pro	GCHREIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCHACNQPIYDYEFMSG---NHPYHKTCYKEQF-H	204
	At_GI-240256211.pro	GQCAEIGHGRFLSCMGVWHHPQCFCCNACDKPIIDYEFMSG---NRPYHKLCYKEQH-H	247
	At_GI-145360806.pro	GCNSDIGSGNYLGCMTGFHHPQCFRCHSCGYALTEHEEFSLSG---TKPYHKLCYKELT-H	219
55	At_GI-22326876.pro	DCKSAIEDGISINAYGVSWHHPQCFCCLRCPREPIAMNEISDLR---GMYHKPCYKELR-H	1296
	At_GI-30698242.pro	DGKSEIGDGTSVN-----PRCLCCFHCHRPFVHMHELK-----GKFHIDCYKEYYRN	128
	At_GI-30698240.pro	GCNSAVKHEESVNILGVLWHPGCFCCRSCKPIAHELENHVSNSRGKFKHKSCYER---	404
	At_GI-15240018.pro	GCNFAVEHGGSVNILGVLWHPGCFCCRACHKPIAHDLENHVSNSRGKFKHKSCYER---	343
	At_GI-334188680.pro	GCKSAIEYGRSVHALGVNWHHPQCFCCRYCDKPIAMHEFS---NTKGRCHITCYERSH--	256

60	Si_GI-514815267.pro	PKCDVCNSFIPTNKNGLIEYRAHPFWVQKYCPSHEDGTPRCCSCERMFKHSQYITLDD	258
	Bd_GI-357157184.pro	PKCDVCKDFIPTNKDGLIEYRAHPFWVQKYCPSHEDDGTPRCCSCERMEDTDIKYIRLDD	240
	Br_DAlb.pro	PKCDVCSLFIPTNHAGLIEYRAHPFWVQKYCPSHEHDATPRCCSCERMERNTRYVELND	272
65	Br_DAla.pro	PKCDVCSLFIPTNHAGLIEYRAHPFWVQKYCPSHEHDATPRCCSCERMERNTRYVELND	289
	At_GI-15221983.pro	PKCDVCSHFIPTNHAGLIEYRAHPFWVQKYCPSHEHDATPRCCSCERMERNTRYVELND	289
	Tc_GI-508722773.pro	PKCDVCNDFIPTNPAGLIEYRAHPFWIQKYCPSHEHDTPRCCSCERMEDQDTGYVALND	234
	Gm_GI-356564241.pro	PKCDVCKHFIPTNPAGLIEYRAHPFWIQKYCPTHEHDTPRCCSCERMESQEAGYIALKD	234
	Gm_GI-356552145.pro	PKCDVCKHFIPTNPAGLIEYRAHPFWIQKYCPTHEHDTTRCCSCERMESQEAGYIALKD	238
70	Vv_GI-302142429.pro	PKCDVCKHFIPTNPAGLIEYRAHPFWVQKYCPSHEHDTPRCCSCERMERNTRYVALND	236
	Vv_GI-359492104.pro	PKCDVCKHFIPTNPAGLIEYRAHPFWVQKYCPSHEHDTPRCCSCERMERNTRYVALND	239
	Sl_GI-460385048.pro	PKCDVCKHFIPTNAGLIEYRAHPFWIQKYCPTHEHDTPRCCSCERMERNTRYVALND	242
	Os_GI-218197709.pro	PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWLQKYCPSHEVDGTTRCCSCERMERNTRYVALND	633
	Os_GI-115466772.pro	PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWLQKYCPSHEVDGTTRCCSCERMERNTRYVALND	241
75	Bd_GI-357160893.pro	PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWLQKYCPSHEVDGTTRCCSCERMERNTRYVALND	267
	Bd_GI-357164660.pro	PKCDVCKQFIPTNAGLIEYRAHPFWLQKYCPSHEVDGTTRCCSCERMERNTRYVALND	249
	Sb_GI-242092232.pro	PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWLQKYCPSHEVDGTTRCCSCERMERNTRYVALND	241

5	Zm_GI-212275448.pro	PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWVQKYCPSHEMDGTPRCCSCERMEPRESKYVLLDD	264
	At_GI-240256211.pro	PKCDVCHNFIPTNPAGLIEYRAHPFWMQKYCPSHERDGTPRCCSCERMEPKDTKYLI LDD	307
	At_GI-145360806.pro	PKCEVCHHFIPTNDAGLIEYRCHPFWNQKYCPSHEYDKTARCCSERLESWDVRYTLEDD	279
	At_GI-22326876.pro	PNCYVCEKKIPRTAAGL-KYHEHPFWMETCYCPSHDGDTPKCCSCERLEHCGTQYVMLAD	1355
	At_GI-30698242.pro	RNCYVCCQKI PVNAEGRKFSHEPFWKEKYCPIHDEDGTAKCCSCERLEPRGTYNVMGLD	188
	At_GI-30698240.pro	-YCYVCKEKK-----MKTYNIHFWEEERYCPVHEADGTPKCCSCERLEPRGTYKGLSD	457
	At_GI-15240018.pro	-YCYVCKEKK-----MKTYNHHPFWEERYCPVHEADGTPKCCSCERLEPRESNYVMLAD	396
	At_GI-334188680.pro	PNCHVCKKKFP----GRKYKEHPFWKEKYCPEHEVDGTPKCCSCERLEPWGTYKVMMLAD	311

\* \* \* : \* \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \*

10	Si_GI-514815267.pro	GRRLCLECLHTAIMDTNECQPLYLDIQEFYEGMNMKVEQQVPLLLVERQALNEAMEAEKI	318
	Bd_GI-357157184.pro	GRKLCLECLTSATMDSPECQHLYMDIQEFFEGLNMKVEQQVPLLLVERQALNEALEAEKS	300
	Br_DAlb.pro	GRKLCLECLDSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGLNMTVEQVPLLLVERQALNEAREGERN	332
	Br_DAla.pro	GRKLCLECLDSAVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGLFMKVEQDVPLLLVERQALNEAREGEKN	349
15	At_GI-15221983.pro	GRKLCLECLDSAVMDTMCQCPPLYLDIQEFYEGLNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKN	349
	Tc_GI-508722773.pro	GRKLCLECLDSAVMDTMCQCPPLYLDIQEFYEGLNMKVEQQVPLLLVERQALNEAREGEKN	294
	Gm_GI-356564241.pro	GRKLCLECLDSIMDTNECQPLHADIQRFYDSLNMKLDQOI PLLLVERQALNEAREGEKN	294
	Gm_GI-356552145.pro	GRKLCLECLDSAIMDTNECQPLHADIQRFYESLNMKLDQOI PLLLVERQALNEAREGEKN	298
	Vv_GI-302142429.pro	GRKLCLECLDSAIMDTNECQPLYLDIQEFYEGLNMKVQQVPLLLVERQALNEAREGEKS	296
20	Vv_GI-359492104.pro	GRKLCLECLDSAIMDTNECQPLYLDIQEFYEGLNMKVQQVPLLLVERQALNEAMEGEKS	299
	Sl_GI-460385048.pro	GRKLCLECLDSAIMDTSQCQPLYLDIQEFYEGLNMKVEQKVPPLLLVERQALNEAMDGERH	302
	Os_GI-218197709.pro	GRKLCLECLDSAVMDTSECQPLYLEIQEFYEGLNMKVEQQVPLLLVERQALNEAMEGEKT	693
	Os_GI-115466772.pro	GRKLCLECLDSAVMDTSECQPLYLEIQEFYEGLNMKVEQQVPLLLVERQALNEAMEGEKT	301
25	Bd_GI-357160893.pro	GRKLCLECLDSAVMDTTECQPLYLEIQEFYEGLNMKVEQQVPLLLVERQALNEAMEGEKT	327
	Bd_GI-357164660.pro	GRKLCLECLDSAVMDTTECQPLYLEIQEFYEGLNMKVEQQVPLLLVERQALNEAMEGEKT	309
	Sb_GI-242092232.pro	GRKLCLECLDSAVMDTNECQPLYLEIQEFYEGLNMKVEQQVPLLLVERQALNEAMEGEKA	301
	Zm_GI-212275448.pro	GRKLCLECLDSAVMDTNCQPLYLEIQEFYEGLNMKVEQQVPLLLVERQALNEAMEGEKA	324
	At_GI-240256211.pro	GRKLCLECLDSAIMDTNECQPLYLEIREFYEGLNMKVEQQI PMLLVERQALNEAMEGEKH	367
30	At_GI-145360806.pro	GRSLCLECMETAITDTGECQPLYHAIRDYYEGMYMKLDQOI PMLLVQREALNDIVGEKN	339
	At_GI-22326876.pro	FRWLCRECMDSAIMDSDECQPLHFEIREFFEGLHMKIEEEFPVYLVEKNALNKAEEKEKI	1415
	At_GI-30698242.pro	FRWLCIECMGSAVMDTNEVQPLHFEIREFFEGLFLKVDKEFALLLVEKQALNKAEEKEKI	248
	At_GI-30698240.pro	GRWLCLECG-KSAMDSDECQPLYDFMRDFFESLNMKIEKEFFLILVRKELLNK--KEEKI	514
	At_GI-15240018.pro	GRWLCLECMNSAVMDSDECQPLHFDMRDFFEGLNMKIEKEFPFLVVEKQALNKAEEKEKI	456
35	At_GI-334188680.pro	NRWLCVKMECAVMDTYECQPLHFEIREFFGSLNMKVEKEFFLLLVEKALKAQAQEKI	371

\* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \*



40	Si_GI-514815267.pro	G-HHLP---ETRGLCLSEEQIVRTILRRPII-GPGNRIIDMITGPKYKLVRRCEVTAI LIL	373
	Bd_GI-357157184.pro	G-HHLP---ETRGLCLSEEQIVRTILRRPTI-GPGNRIIDMITGPKYKLVRRCEVTAI LIL	355
	Br_DAlb.pro	GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVRTIVRKRKSK---GNWSGNMITEQYKLTTRRCEVTAI LIL	385
	Br_DAla.pro	GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVSTVTRKRKSKH-GTGNWAGNMITEPYKLTTRRCEVTAI LIL	405
	At_GI-15221983.pro	GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVSTVTRKRKSKH-GTGKWAGN-ITEPYKLTTRRCEVTAI LIL	404
	Tc_GI-508722773.pro	GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVSTVTRKRKSKH-GTGNRAMDMITEPCKLTTRRCEVTAI LIL	350
45	Gm_GI-356564241.pro	GHYHMP---ETRGLCLSEE--LSTFSRRPRL-G---TAMDRAQPYRPTTRCDVTAI LVL	345
	Gm_GI-356552145.pro	GHYHMP---ETRGLCLSEE--LSTFSRRPRL-G---TTMDRAQPYRPTTRCDVTAI LIL	349
	Vv_GI-302142429.pro	GHHHMP---ETRGLCLSEEQIVSTILRRPKI-GTGNRVMMNITEPCKLTTRRCDVTAI LIL	352
	Vv_GI-359492104.pro	GHHHMP---ETRGLCLSEEQIVSTILRRPKI-GTGNRVMMNITEPCKLTTRRCDVTAI LIL	355
	Sl_GI-460385048.pro	GYHHMP---ETRGLCLSEEQIVSTILRRPRI-GAGNRVMDMRTPEYKLTTRRCEVTAI LIL	358
50	Os_GI-218197709.pro	GHHHLP---ETRGLCLSEEQIVSTILRRPRM-AGN-KVMEMITEPYRLTRRCEVTAI LIL	748
	Os_GI-115466772.pro	GHHHLP---ETRGLCLSEEQIVSTILRRPRM-AGN-KVMEMITEPYRLTRRCEVTAI LIL	356
	Bd_GI-357160893.pro	GHHHLP---ETRGLCLSEEQIVSTILRRPRM-TGN-KIMEMITEPYRLTRRCEVTAI LIL	382
	Bd_GI-357164660.pro	GHHHLP---ETRGLCLSEEQIVSTILRRPRM-AGN-KIMEMITEPYRLTRRCEVTAI LIL	364
	Sb_GI-242092232.pro	GHHHLP---ETRGLCLSEEQIVSTILRRPRM-AGN-KIMGMITPEPYRLTRRCEVTAI LIL	356
	Zm_GI-212275448.pro	GHHHLP---ETRGLCLSEEQIVSTILR-PRM-AGN-KIMGMITPEPYRLTRRCEVTAI LIL	378
55	At_GI-240256211.pro	GHHHLP---ETRGLCLSEEQIVTTLVLRPRI-GAGYKLIDMITEPCRLIRRCEVTAI LIL	423
	At_GI-145360806.pro	GYHHMP---ETRGLCLSEEQIVTSLVLRPRI-G-AHRLVGMRTQPQLTRKCEVTAI LVL	394
	At_GI-22326876.pro	DKQGDQCLMVGICLSEEQIVTSVSVQGVRR-MLNKQILDVTVESQVRVVRKCEVTAI LIL	1474
	At_GI-30698242.pro	DYHR---AAVTRGLCMSEEQIVPSIIKGPVMGPDNQLITDIVTESQVRS-GFEVTGIL LI	304
	At_GI-30698240.pro	DNHY---EVLIRAYCMSEQKIMTYVVEEPT-GQNKQLIDMDTEPQGVVHECKVTAI LIL	570
60	At_GI-15240018.pro	DYQY---EVTTRGICLSEEQIVDSVSRPVR-GPNKLVGMATESQKVTRECEVTAI LIL	512
	At_GI-334188680.pro	DNQH---GVVTRGICLSEGEIVNSVFKKPTM-GPNGELVSLGTEPQKVVGGCEVTAI LIL	427

. \* . \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \*

65	Si_GI-514815267.pro	YGLPRLLTGSILAHEMMHAYLRLK-----GYRTLSPEV	406
	Bd_GI-357157184.pro	YGLPRLQTGSILAHEMMHAYLRLK-----GYRSLSPQV	388
	Br_DAlb.pro	FGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRK-----GFRPLSQDV	418
	Br_DAla.pro	FGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRK-----GFRTLSQDV	438
	At_GI-15221983.pro	FGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRK-----GFRTLSQDV	437
	Tc_GI-508722773.pro	YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRQ-----GFRTLSQDV	383
70	Gm_GI-356564241.pro	YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRK-----GYRTLSQDV	378
	Gm_GI-356552145.pro	YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRK-----GYRTLSQDV	382
	Vv_GI-302142429.pro	YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLN-----GYRTLAQDV	385
	Vv_GI-359492104.pro	YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLN-----GYRTLAQDV	388
	Sl_GI-460385048.pro	YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLR-----GYRTLSQDV	391
75	Os_GI-218197709.pro	YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDV	781
	Os_GI-115466772.pro	YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDV	389
	Bd_GI-357160893.pro	YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDI	415

	Bd_GI-357164660.pro	YGLPRLLTGSILAHEMMHAWLRLK-----GYRTLSPDI	397
	Sb_GI-242092232.pro	YGLPRLLTGSILAHEMMHAWLRLK-----GYRTLSPDV	389
	Zm_GI-212275448.pro	YGLPRLLTGSILAHEMMHAWLRLK-----GYRTLSPDV	411
5	At_GI-240256211.pro	YGLPRLLTGSILAHEMMHAWLRLN-----GYPNLRPEV	456
	At_GI-145360806.pro	YGLPRLLTGAILAHHELMHGWLRLN-----GFRNLNPEV	427
	At_GI-22326876.pro	YGLPRLLTGYILAHEMMHAYLRLN-----GYRNLNMVL	1507
	At_GI-30698242.pro	YGLPRLLTGYILAHEMMHAWLRLN-----GYKNLKLEL	337
	At_GI-30698240.pro	YGLPRLLTGYILAHEMMHAWLRLN-----GHMNLNLI	603
10	At_GI-15240018.pro	YGLPRLLTGYILAHEMMHAYLRLN-----GHRNLNLI	545
	At_GI-334188680.pro	YGLPRLLTGYILAHEMMHAWLRLNGTTSTQFVFANQYGESSQLKVLFLGITGYRNLKLEL	487
		:***** ** *****:*.:.**.	*. *
	Si_GI-514815267.pro	EEGICQVLAHLWLESEITSGSGSMATTSAAASSS-----SSTS--SSSKKGA-KTEFEKRL	458
15	Bd_GI-357157184.pro	EEGICQVLSHMWLESEIIAGASGNTASTVSPSS-----SSAP--TSSKKGA-KTEFEKRL	440
	Br_DAlb.pro	EEGICQVMAHKWLEAEALAGSRNSNAASSSSSS-----Y----GGVKKGP-RSQYERKL	467
	Br_DAla.pro	EEGICQVMAHKWLEAEALAGSRNSNVASSSSSS-----RGVKKGP-RSQYERKL	485
	At_GI-15221983.pro	EEGICQVMAHKWLEAEALAGSTNSNAASSSSSS-----QGLKKGP-RSQYERKL	485
	Tc_GI-508722773.pro	EEGICQVLAHMWLLTQLEYAS--SSNVASASSSA-----S--SRLQKKG-RPQFEGKL	431
20	Gm_GI-356564241.pro	EEGICQVLAHMWLESELSASGSNFVSASSSSA-----S----HTSRKKG-RPQFEGKL	427
	Gm_GI-356552145.pro	EEGICQVLSHMWLESELSASGSNFVSASSSSA-----S----HTSRKKG-RPQFEGKL	431
	Vv_GI-302142429.pro	EEGICQVLAYMWLDAELTSGSGR-----SQCKERL	415
	Vv_GI-359492104.pro	EEGICQVLAYMWLDAELTSGSGSNV--PSTSSAS-----TSSKGA-GSQCKERL	435
	Sl_GI-460385048.pro	EEGICQVLAHMWLETQIASISSNGGASTSSGM-----SSSKQGI-RSPFERKL	439
	Os_GI-218197709.pro	EEGICQVLAHMWIESEIIAGSGNGASTSSSSS-----AS---TSSKKG-RSQFERKL	831
25	Os_GI-115466772.pro	EEGICQVLAHMWIESEIIAGSGNGASTSSSSS-----AS---TSSKKG-RSQFERKL	439
	Bd_GI-357160893.pro	EEGICQVLAHMWIESEIMAGSSSNAASTSSSSS-----SS--ISSKKG-RSQFERKL	465
	Bd_GI-357164660.pro	EEGICQVLAHMWIESEITAGSGSNAASTSSSST-----S-----SKKGG-RSQFERKL	444
	Sb_GI-242092232.pro	EEGICQVLAHLWIESEIMAGSGSAAASSSSSGSS-----SS---MSSKAG-RSQFEHKL	439
30	Zm_GI-212275448.pro	EEGICQVLAHMWIESEIMAGSGSAAASSSSSGSS-----SS---TSSKKG-RSQFEHKL	461
	At_GI-240256211.pro	EEGICQVLAHMWLESETYAGSTLVDIASSSSSA-----VVS---ASSKGE-RSDFEKKL	507
	At_GI-145360806.pro	EEGICQVLSYMWLESEVLSDPSTRNLPSTSSVA-----TSSSSSFSNKKGG-KSNVEKKL	481
	At_GI-22326876.pro	EEGLCQVLGYMWLECCQTYVFD-----TATIASSS--SSRTPPLSTTTSSKKVD-PQDFEKL	1560
	At_GI-30698242.pro	EEGLCQALGLRWLESQTFASDAAAAAVASSSFSSTAPPAAITSKKSDDSWIFEKKL	397
	At_GI-30698240.pro	EEGICQVLGHLWLESQTYATADTTADAAASASSS---SSRTPPAASAKKGE-WSDFDKKL	659
35	At_GI-15240018.pro	EEGICQVLGHLWLDSTYATADATADASSSASS---SSRTPPAASAKKGE-WSDFDKKL	601
	At_GI-334188680.pro	EEGICQVLGHMWLESCQTYYS---SSAAASSASS---SSRTP--AANASKGA-QSDYEKKL	538
		***:*.:. *:	. : *
40	Si_GI-514815267.pro	GEFFKHQIETDPSVAYGDGFRAGMRAVERYG--LRSTLDHIKLTGSFP-----	504 SEQ 4
	Bd_GI-357157184.pro	GAFIKNQIETDSSVEYGDGFRAGNRAVERYG--LRSTLDHMKITGSFPY-----	487 SEQ 5
	Br_DAlb.pro	GEFFKHQIESDASPVYGDGFRAGRLAVNKYG--LWRTLEHIQMTGRFPV-----	514 SEQ 6
	Br_DAla.pro	GEFFKHQIESDASPVYGDGFRAGRLAVNKYG--LPKTLEHIQMTGRFPV-----	532 SEQ 7
	At_GI-15221983.pro	GEFFKHQIESDASPVYGDGFRAGRLAVHKYG--LRKTLEHIQMTGRFPV-----	532 SEQ 8
45	Tc_GI-508722773.pro	GEFFKHQIESDTPVYGDGFRAGHQAVYKYG--LRRTLEHIRMTGRFPY-----	478 SEQ 9
	Gm_GI-356564241.pro	GEFFKHQIESDISPVYGDGFRAGQKAVRKYG--LQRTLHHIRMTGTFFPY-----	474 SEQ 10
	Gm_GI-356552145.pro	GEFFKHQIESDISPVYGGGFRAGQKAVSKYG--LQRTLHHIRMTGTFFPY-----	478 SEQ 11
	Vv_GI-302142429.pro	GQFFKHQIESDTSLVYAGFRAGHQAVLKYG--LPATLKHIHLTGNFPY-----	462 SEQ 12
	Vv_GI-359492104.pro	GQFFKHQIESDTSLVYAGFRAGHQAVLKYG--LPATLKHIHLTGNFPY-----	482 SEQ 13
	Sl_GI-460385048.pro	GDFFKHQIESDTSPIYNGFRAGNQAVALKYG--LERTLDHIRMTGTFFPY-----	486 SEQ 14
50	Os_GI-218197709.pro	GDFFKHQIESDTSMAVYGDGFRAGNRAVLQYG--LKRTLEHIRLGTFFPF-----	878 SEQ 15
	Os_GI-115466772.pro	GDFFKHQIESDTSMAVYGDGFRAGNRAVLQYG--LKRTLEHIRLGTFFPF-----	486 SEQ 16
	Bd_GI-357160893.pro	GDFFKHQIESDTSVAYNGFRSNGQAVLQYG--LKRTLEHIWLTGTWPF-----	512 SEQ 17
	Bd_GI-357164660.pro	GDFFKHQIESDTSVAYNGFRAGNQAVALQYG--LKRTLEHIRLGTLPF-----	491 SEQ 18
	Sb_GI-242092232.pro	GDFFKHQIETDTSMAVYGGFRAGNRAVLQYG--LKRTLEHIRLGTFFPF-----	486 SEQ 19
55	Zm_GI-212275448.pro	GDFFKHQIETDTSMAVYGGFRITGNRAVLHYG--LKRTLEHIRLGTFFPF-----	508 SEQ 20
	At_GI-240256211.pro	GEFFKHQIESDSSAYGDGFRQGNQAVLKHG--LRRTLDHIRLGTFFP-----	553 SEQ 21
	At_GI-145360806.pro	GEFFKHQIAHDASPAYGGGFRAANAACKYG--LRRTLDHIRLGTFFPL-----	528 SEQ 22
	At_GI-22326876.pro	VNFCKHQIETDESPFFGDGFRKVNKMMASNNHSLKDTLKEIISISKTPQYSKL	1613 SEQ 23
	At_GI-30698242.pro	VEFCMNQIKEDDSPVYGLGFKQVYEMMVSNYNIKDTLKDIVSASNATPPDSTV	450 SEQ 24
60	At_GI-30698240.pro	VEFCNKQIETDESPVYGLGFRVNMVNTNS--SLQETLKEILRRR-----	702 SEQ 25
	At_GI-15240018.pro	VEFCNKQIETDSDSPVYGLGFRVNMVNTNS--SLQETLKEILRQR-----	644 SEQ 26
	At_GI-334188680.pro	VEFCNKQIETDSDSPVYGVGRKVNQMVSDS--SLHKILKSIQHWTKPDSNL--587	SEQ 27

Таблица 1. Выравнивание белков DA1 (SEQ ID NO: 4 - 27)





	Pt_GI-224059640.pro	KQIKLLCKHAYHSECITKWLGINKVCVPCNDEVFGGEESRN-----	203
	Rc_GI-255582236.pro	KQMKLPCKHVYHSECISKWLGINKVCVPCNNEVFGEDSRH-----	240
	Pp_GI-462414664.pro	RQINLPCKHVYHSECISKWLGINKVCVPCNLEVSGEESRH-----	245
5	Tc_GI-508704801.pro	QQMKLPCKHVYHSQCITKWLSINKICPVPCNNEVFGGEESRH-----	242
	Vv_GI-359487286.pro	RQIKLPCKHVYHTDCGKWLTPINKVCVPCNIEVFGGEESRH-----	247
	Gm_GI-356548935.pro	QQMKLPCSHVYHGECITKWLSINKKCPVPCNTEVFGGEESTH-----	247
	Gm_GI-356544176.pro	QQMKLPCSHVYHGECITKWLSINKKCPVPCNTEVFGGEESTH-----	247
	At_EOD1.pro	RQMNLPCKHVYHSECISKWLSINKVCVPCNSEVFGGPSIH-----	248
10	Cr_GI-482561003.pro	RQMNLPCKHVYHSECISKWLSINKVCVPCNTEVFGDPSIH-----	243
	Sb_GI-242042045.pro	LQMTLPCKHVYHASCVTRWLSINKVCVPCFAEVPGDPEPKRQ----	249
	Zm_GI-223973923.pro	LQMTLPCKHVYHASCVTRWLGINKVCVPCFAEVPGEDPEAMSQQL	253
	Zm_GI-226496789.pro	LQITLPCKHVYHASCVTRWLSINKVCVPCFAEVPGEDSLRQ----	249
	Os_GI-222624282.pro	LQMTLPCKHVYHASCVTRWLSINKVCVPCFAEVPGDPEPKRQ----	272
	Os_GI-115451045.pro	LQMTLPCKHVYHASCVTRWLSINKVCVPCFAEVPGDPEPKRQ----	250
15	Bd_GI-357113826.pro	LQMALPCKHVYHASCVTRWLSINKVCVPCFAEVPSEEPSRQ----	251
	Sl_GI-460410949.pro	QOVTLPCKHVYHAGCGSRWLSINKACPICYTEVVINTSKR-----	246
		*: * *.*.** * ::** *** **:* ** : .	

Таблица 2 (SEQ ID NO 38 - 53)

ПЕРЕЧЕНЬ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ

<110> Plant Bioscience Limited

<120> Способы модулирования размера семян и органов у растений

<130> NRS/LP7065238

<150> GB 1319876.7

<151> 2013-11-11

<160> 54

<170> PatentIn version 3.3

<210> 1

<211> 66

<212> PRT

<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Синтетическая последовательность: LIM-домен

<220>

<221> VARIANT

<222> (2)..(3)

<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>

<221> VARIANT

<222> (5)..(27)

<223> Хаа в положениях 5 - 27 представляет собой любую аминокислоту, и до семи из них могут отсутствовать; представляет собой диапазон 16 - 23 аминокислот.

<220>

<221> VARIANT

<222> (28)..(28)

<223> Хаа представляет собой His или Cys

<220>

<221> VARIANT

<222> (29)..(32)

<223> Хаа в положениях 29 - 32 представляет собой любую аминокислоту, и любые две из них могут отсутствовать; представляет собой цепочку из 2 или 4 аминокислот.

<220>

<221> VARIANT

<222> (33)..(33)

<223> Хаа представляет собой Cys, His или Glu

<220>

<221> VARIANT

<222> (34)..(35)

<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>

<221> VARIANT

<222> (37)..(38)

<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>

<221> VARIANT

<222> (40)..(60)  
<223> Хаа в положениях 40 - 60 представляет собой любую аминокислоту, и до семи из них могут отсутствовать; представляет собой диапазон 14 - 21 аминокислот.

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (61)..(61)  
<223> Хаа представляет собой Cys или His

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (62)..(64)  
<223> Хаа в положениях 62 - 64 представляет собой любую аминокислоту, и любая одна или две из них могут отсутствовать; представляет собой цепочку из 2 или 1, или 3 аминокислот.

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (65)..(65)  
<223> Хаа представляет собой Cys, His, Asp или Glu

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (66)..(66)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<400> 1

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

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

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

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

Хаа Хаа  
65

<210> 2  
<211> 63  
<212> PRT  
<213> Искусственная последовательность

<220>  
<223> Синтетическая последовательность: LIM-домен

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (2)..(3)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>

<221> VARIANT  
<222> (5)..(27)  
<223> Хаа в положениях 5 - 27 представляет собой любую аминокислоту, и до семи из них могут отсутствовать; представляет собой диапазон 16 - 23 аминокислот.

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (29)..(30)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (32)..(33)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (35)..(36)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (38)..(58)  
<223> Хаа в положениях 38 - 58 представляет собой любую аминокислоту, и до семи из них могут отсутствовать; представляет собой диапазон 14 - 21 аминокислот.

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (60)..(61)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (63)..(63)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<400> 2

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

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

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

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

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

<400> 3

Cys Ala Gly Cys Asn Met Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Asn Cys

1                    5                    10                    15  
 Leu Asn Ser Leu Trp His Pro Glu Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Ser  
                   20                    25                    30  
 Gln Pro Ile Ser Glu Tyr Glu Phe Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Phe  
                   35                    40                    45  
 His Lys Ala Cys Tyr  
          50  
  
 <210> 4  
 <211> 504  
 <212> PRT  
 <213> *Setaria italica*  
  
 <400> 4  
 Met Gly Trp Leu Ser Lys Ile Phe Lys Gly Ser Val Asn Arg Val Ser  
 1                    5                    10                    15  
 Arg Gly His Tyr Asn Gly Asn Ser His Glu Gly Tyr Ser Thr Gln His  
                   20                    25                    30  
 Thr Lys Ser Tyr Gly Ala His Gly Asn Glu Asp Glu Asp Met Asp His  
                   35                    40                    45  
 Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Gln Asp Gln Arg Lys Gly Lys Ala  
          50                    55                    60  
 Ile Asp Thr Glu His His Leu Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala  
 65                    70                    75                    80  
 Leu Gln Glu Asn Thr Ser Pro Thr Leu Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala  
                   85                    90                    95  
 Arg Ala Leu Gln Glu Ser Met Asn Asp Glu His Pro Pro Arg Gln His  
                   100                    105                    110  
 Ile Pro Ile Glu Asp Val His Ser Glu Ser Ala Pro Ala Ser Ser Leu  
                   115                    120                    125  
 Pro Pro Tyr Val Phe Pro Thr Asn Gly Ser Arg Val Cys Ala Gly Cys  
                   130                    135                    140  
 Lys Thr Pro Ile Gly Gln Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Asp Ser Val  
 145                    150                    155                    160  
 Trp His Pro Gln Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Asp Ile Pro Ile Ser  
                   165                    170                    175

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

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

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

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

Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Lys His Ser Gln Tyr Ile Thr Leu  
 245 250 255

Asp Asp Gly Arg Arg Leu Cys Leu Glu Cys Leu His Thr Ala Ile Met  
 260 265 270

Asp Thr Asn Glu Cys Gln Pro Leu Tyr Ile Asp Ile Gln Glu Phe Tyr  
 275 280 285

Glu Gly Met Asn Met Lys Val Glu Gln Gln Val Pro Leu Leu Leu Val  
 290 295 300

Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met Glu Ala Glu Lys Ile Gly His  
 305 310 315 320

His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Ile Val  
 325 330 335

Arg Thr Ile Leu Arg Arg Pro Ile Ile Gly Pro Gly Asn Arg Ile Ile  
 340 345 350

Asp Met Ile Thr Gly Pro Tyr Lys Leu Val Arg Arg Cys Glu Val Thr  
 355 360 365

Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile  
 370 375 380

Leu Ala His Glu Met Met His Ala Tyr Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg  
 385 390 395 400

Thr Leu Ser Pro Glu Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala His  
 405 410 415

Leu Trp Leu Glu Ser Glu Ile Thr Ser Gly Ser Gly Ser Met Ala Thr  
 420 425 430

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

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

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

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

Ile Lys Leu Thr Gly Ser Phe Pro  
500

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

<400> 5

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

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

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

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

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

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

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

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

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



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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Ile Thr Gly Ser Phe Pro Tyr  
485

<210> 6

<211> 514

<212> PRT

<213> Brassica rapa

<400> 6

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

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

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

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

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

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

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

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

His Gly Gly Gly Asn Val Tyr Asp Asn Gly Asp Ile Tyr Tyr Pro Arg  
 130 135 140

Pro Ile Ala Phe Ser Met Asp Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn Met  
 145 150 155 160

Glu Ile Gly His Gly Arg Tyr Leu Asn Cys Leu Asn Ala Leu Trp His  
 165 170 175

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

Glu Phe Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Phe His Lys Ala Cys Tyr Arg  
 195 200 205

Glu Arg Phe His Pro Lys Cys Asp Val Cys Ser Leu Phe Ile Ser Thr  
 210 215 220

Asn His Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val Gln  
 225 230 235 240

Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu His Asp Ala Thr Pro Arg Cys Cys Ser  
 245 250 255

Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Asn Thr Gly Tyr Phe Glu Leu Asn Asp  
 260 265 270

Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ser Val Met Asp Thr  
 275 280 285

Phe Gln Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Gln Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly  
 290 295 300

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

Gln Ala Leu Asn Glu Ala Arg Glu Gly Glu Arg Asn Gly His Tyr His  
 325 330 335

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

Thr Val Arg Lys Arg Ser Lys Gly Asn Trp Ser Gly Asn Met Ile Thr  
 355 360 365

Glu Gln Phe Lys Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile  
 370 375 380

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

Met Met His Ala Trp Met Arg Leu Lys Gly Phe Arg Pro Leu Ser Gln  
405 410 415

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

Ala Glu Leu Ala Ala Gly Ser Arg Asn Ser Asn Ala Ala Ser Ser Ser  
435 440 445

Ser Ser Ser Tyr Gly Gly Val Lys Lys Gly Pro Arg Ser Gln Tyr Glu  
450 455 460

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

Pro Val Tyr Gly Asp Gly Phe Arg Ala Gly Arg Leu Ala Val Asn Lys  
485 490 495

Tyr Gly Leu Trp Arg Thr Leu Glu His Ile Gln Met Thr Gly Arg Phe  
500 505 510

Pro Val

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

<400> 7

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

Leu Gly Asn Asp His Asp His Asn Gly Tyr Tyr Gln Ser Tyr Pro His  
20 25 30

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

Glu Thr His Thr Gln Glu Pro Ser Thr Ser Glu Glu Asp Thr Ser Gly  
50 55 60

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

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

85

90

95

Tyr Ala Met Val Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu  
 100 105 110

Ser Met Val Val Gly Asn Thr Pro Arg Gln Lys His Gly Ser Ser Tyr  
 115 120 125

Asp Ile Gly Asn Ala Tyr Gly Ala Gly Asp Val Tyr Gly Asn Gly His  
 130 135 140

Met His Gly Gly Gly Asn Val Tyr Ala Asn Gly Asp Ile Tyr Tyr Pro  
 145 150 155 160

Arg Pro Thr Ala Phe Pro Met Asp Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn  
 165 170 175

Met Glu Ile Gly His Gly Arg Tyr Leu Asn Cys Leu Asn Ala Leu Trp  
 180 185 190

His Pro Glu Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Arg His Pro Ile Ser Glu  
 195 200 205

Tyr Glu Phe Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Phe His Lys Ala Cys Tyr  
 210 215 220

Arg Glu Arg Tyr His Pro Lys Cys Asp Val Cys Ser Leu Phe Ile Pro  
 225 230 235 240

Thr Asn His Ala Gly Leu Ile Gly Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val  
 245 250 255

Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu His Asp Ala Thr Pro Arg Cys Cys  
 260 265 270

Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Asn Thr Gly Tyr Val Glu Leu Asn  
 275 280 285

Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp  
 290 295 300

Thr Phe Gln Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Gln Ile Gln Glu Phe Tyr Glu  
 305 310 315 320

Gly Leu Phe Met Lys Val Glu Gln Asp Val Pro Leu Leu Leu Val Glu  
 325 330 335

Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr

340

345

350

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Arg Phe Pro Val  
530

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

<400> 8

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

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

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

Asn Asp Glu Pro His His Thr Gln Glu Pro Ser Thr Ser Glu Asp Asn  
 50 55 60

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

Ser Leu Leu Glu Glu Asn Gln Glu Gln Thr Ser Ile Ser Gly Lys Tyr  
 85 90 95

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

Ser Met Val Val Gly Asn Ser Pro Arg His Lys Ser Gly Ser Thr Tyr  
 115 120 125

Asp Asn Gly Asn Ala Tyr Gly Ala Gly Asp Leu Tyr Gly Asn Gly His  
 130 135 140

Met Tyr Gly Gly Gly Asn Val Tyr Ala Asn Gly Asp Ile Tyr Tyr Pro  
 145 150 155 160

Arg Pro Ile Thr Phe Gln Met Asp Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn  
 165 170 175

Met Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Asn Cys Leu Asn Ser Leu Trp  
 180 185 190

His Pro Glu Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Ser Gln Pro Ile Ser Glu  
 195 200 205

Tyr Glu Phe Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Phe His Lys Ala Cys Tyr  
 210 215 220

Arg Glu Arg Tyr His Pro Lys Cys Asp Val Cys Ser His Phe Ile Pro  
 225 230 235 240

Thr Asn His Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val  
 245 250 255

Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu His Asp Ala Thr Pro Arg Cys Cys  
 260 265 270

Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Asn Thr Arg Tyr Val Glu Leu Asn  
 275 280 285

Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp  
290 295 300

Thr Met Gln Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Gln Ile Gln Asn Phe Tyr Glu  
305 310 315 320

Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln Glu Val Pro Leu Leu Leu Val Glu  
325 330 335

Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr  
340 345 350

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

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

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

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

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

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

Trp Leu Asp Ala Glu Leu Ala Ala Gly Ser Thr Asn Ser Asn Ala Ala  
450 455 460

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Gln Gly Leu Lys Lys Gly Pro Arg Ser Gln  
465 470 475 480

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

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

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

Arg Phe Pro Val  
530



<210> 9  
<211> 478  
<212> PRT  
<213> Theobroma cacao

<400> 9

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<210> 10  
<211> 474  
<212> PRT  
<213> Glycine max

<400> 10

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Glu Cys Leu Asp Ser Ser Ile Met Asp Thr Asn Glu Cys Gln Pro Leu  
 245 250 255

His Ala Asp Ile Gln Arg Phe Tyr Asp Ser Leu Asn Met Lys Leu Asp  
 260 265 270

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

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

Leu Cys Leu Ser Glu Glu Leu Ser Thr Phe Ser Arg Arg Pro Arg Leu  
 305 310 315 320

Gly Thr Ala Met Asp Met Arg Ala Gln Pro Tyr Arg Pro Thr Thr Arg  
 325 330 335

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

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

Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Gln Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln  
 370 375 380

Val Leu Ala His Met Trp Leu Glu Ser Glu Leu Ser Ser Ala Ser Gly  
 385 390 395 400

Ser Asn Phe Val Ser Ala Ser Ser Ser Ala Ser His Thr Ser Arg  
 405 410 415

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

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

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

His Ile Arg Met Thr Gly Thr Phe Pro Tyr  
 465 470

<210> 11  
<211> 478  
<212> PRT  
<213> Glycine max

<400> 11

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Arg Met Glu Ser Gln Glu Ala Gly Tyr Ile Ala Leu Lys Asp Gly Arg



<211> 462  
<212> PRT  
<213> Vitis vinifera

<400> 12

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Glu Ala Met Glu Gly Glu Lys Ser Gly His His His Met Pro Glu Thr  
290 295 300

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

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

Pro Cys Lys Leu Thr Arg Arg Cys Asp Val Thr Ala Val Leu Ile Leu  
340 345 350

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

Met His Ala Trp Leu Arg Leu Asn Gly Tyr Arg Thr Leu Ala Gln Asp  
370 375 380

Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala Tyr Met Trp Leu Asp Ala  
385 390 395 400

Glu Leu Thr Ser Gly Ser Gly Arg Ser Gln Cys Glu Arg Lys Leu Gly  
405 410 415

Gln Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser Leu Val Tyr Gly  
420 425 430

Ala Gly Phe Arg Ala Gly His Gln Ala Val Leu Lys Tyr Gly Leu Pro  
435 440 445

Ala Thr Leu Lys His Ile His Leu Thr Gly Asn Phe Pro Tyr  
450 455 460

<210> 13  
<211> 482  
<212> PRT  
<213> Vitis vinifera  
  
<400> 13



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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Ala Gln Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala Tyr Met Trp  
385 390 395 400

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

Ser Ser Ala Ser Thr Ser Ser Lys Lys Gly Ala Gly Ser Gln Cys Glu  
420 425 430

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

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

Tyr Gly Leu Pro Ala Thr Leu Lys His Ile His Leu Thr Gly Asn Phe  
465 470 475 480

Pro Tyr

<210> 14  
<211> 486  
<212> PRT

<213> Solanum lycopersicum

<400> 14

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

Glu Gly Gln Tyr Asp Trp Arg Cys Glu Gly His Thr Glu Glu Asp Asp  
20 25 30

Pro Ser Thr Ala Glu Asp Ser Trp Ser Glu Ile Glu Glu Ile Asp Arg  
35 40 45

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

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

Leu Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro Gln His Val Ser Arg  
85 90 95

Asn Asp His Gly Gly Gly Asn Val Tyr Gly Asn Gly Asn Phe Tyr His  
100 105 110

Pro Val Pro Phe Pro Tyr Ser Ala Ser Phe Arg Val Cys Ala Gly Cys  
115 120 125

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

Trp His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ala Cys Asn Gln Pro Ile Ser  
145 150 155 160

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

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

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

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

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

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

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

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

Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met Asp Gly Glu Arg His Gly Tyr  
 290 295 300

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

Ile Ser Thr Ile Gln Arg Arg Pro Arg Ile Gly Ala Gly Asn Arg Val  
 325 330 335

Met Asp Met Arg Thr Glu Pro Tyr Lys Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val  
 340 345 350

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

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

Arg Thr Leu Ser Gln Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala  
 385 390 395 400

His Met Trp Leu Glu Thr Gln Ile Ala Ser Ile Ser Ser Ser Asn Gly  
 405 410 415

Gly Ala Ser Thr Ser Ser Gly Met Ser Ser Ser Lys Gln Gly Ile Arg  
 420 425 430

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

Ser Asp Thr Ser Pro Ile Tyr Gly Asn Gly Phe Arg Ala Gly Asn Gln  
 450 455 460

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

Thr Gly Thr Phe Pro Tyr  
 485

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

<400> 15

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

His Asn Asp Trp Thr Leu Glu Glu Asp Ser Lys Ala Leu His Phe Leu  
20 25 30

Gln Pro Asp Leu Val Leu Phe Thr Gly Asp Tyr Gly Asn Glu Asn Val  
35 40 45

Gln Leu Val Lys Ser Ile Ser Asp Leu Gln Leu Pro Lys Ala Ala Ile  
50 55 60

Leu Gly Asn His Asp Cys Trp His Thr Tyr Gln Phe Ser Glu Lys Lys  
65 70 75 80

Val Asp Arg Val Gln Leu Gln Leu Glu Ser Leu Gly Glu Gln His Val  
85 90 95

Gly Tyr Lys Cys Leu Asp Phe Pro Thr Ile Lys Leu Ser Val Val Gly  
100 105 110

Gly Arg Pro Phe Ser Cys Gly Gly Asn Arg Ile Phe Arg Pro Lys Leu  
115 120 125

Leu Ser Lys Trp Tyr Gly Val Asn Asp Met Ala Glu Ser Ala Lys Arg  
130 135 140

Ile Tyr Asp Ala Ala Thr Asn Ala Pro Lys Glu His Ala Val Ile Leu  
145 150 155 160

Leu Ala His Asn Gly Pro Thr Gly Leu Gly Ser Arg Met Glu Asp Ile  
165 170 175

Cys Gly Arg Asp Trp Val Ala Gly Gly Gly Asp His Gly Asp Pro Asp  
180 185 190

Leu Glu Gln Ala Ile Ser Asp Leu Gln Arg Glu Thr Gly Val Ser Ile  
195 200 205

Pro Leu Val Val Phe Gly His Met His Lys Ser Leu Ala Tyr Gly Arg  
210 215 220

Gly Leu Arg Lys Met Ile Ala Phe Gly Ala Asn Arg Thr Ile Tyr Leu



485

490

495

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro

740

745

750

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<400> 16

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

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

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

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

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

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



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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Thr Gly Thr Phe Pro Phe  
485

<210> 17

<211> 512

<212> PRT

<213> *Brachypodium distachyon*

<400> 17

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

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

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

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

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

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

Ala Arg Asp Asn Gly Ser Pro Pro His Ala Arg Asp Asn Ser Ser Pro  
 100 105 110

Pro His Ala Arg Glu Asn Ser Ser His Pro Arg Ala Arg Glu Asn Gly  
 115 120 125

Ile Ala Asn Gly Gly Asn Ser Ile Gln His Ser Pro Phe Met Phe Ser  
 130 135 140

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

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

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

Gly Asn His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr Lys Glu Arg Phe His Pro  
 195 200 205

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<210> 18  
<211> 491  
<212> PRT  
<213> *Brachypodium distachyon*

<400> 18

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

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

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

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

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

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

Arg Ala Arg Glu Lys Ser Ser His Pro Arg Ala Arg Glu Asn Gly Ser  
 100 105 110

Ala Asn Gly Gly Asn Ser Tyr Gln Leu Pro Leu Met Phe Ser Ser Gly  
 115 120 125

Phe Arg Thr Cys Ala Gly Cys His Ser Glu Ile Gly His Gly Arg Phe  
 130 135 140

Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro Glu Cys Phe Cys Cys His  
 145 150 155 160

Gly Cys Ser Gln Pro Ile Tyr Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn  
 165 170 175

His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr Lys Glu Arg Phe His Pro Lys Cys  
 180 185 190

Asp Val Cys Gln Gln Phe Ile Pro Thr Asn Thr Asn Gly Leu Ile Glu  
 195 200 205

Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Leu Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu  
 210 215 220

Val Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg  
 225 230 235 240

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

Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp Thr Thr Glu Cys Gln Pro Leu Tyr  
 260 265 270

Leu Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln  
 275 280 285

Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met  
 290 295 300

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

Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg Arg Pro Arg  
325 330 335

Met Ala Gly Asn Lys Ile Met Glu Met Arg Thr Glu Pro Tyr Arg Leu  
340 345 350

Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro  
355 360 365

Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp  
370 375 380

Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Pro Asp Ile Glu Glu Gly  
385 390 395 400

Ile Cys Gln Val Leu Ala His Met Trp Ile Glu Ser Glu Ile Thr Ala  
405 410 415

Gly Ser Gly Ser Asn Ala Ala Ser Thr Ser Ser Ser Thr Ser Ser  
420 425 430

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

Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser Val Ala Tyr Gly Asp Gly Phe  
450 455 460

Arg Ala Gly Asn Gln Ala Val Leu Gln Tyr Gly Leu Lys Arg Thr Leu  
465 470 475 480

Glu His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Leu Pro Phe  
485 490

<210> 19

<211> 486

<212> PRT

<213> Sorghum bicolor

<400> 19

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

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

Pro Ser Ser Ser Pro Val Val Thr Asp Ile Phe Ser Glu Phe Asn Asn

35

40

45

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

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

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

Pro Ser Arg Glu Asn Gly Ser Ala Asn Gly Gly Asn Ala Tyr His Pro  
 100 105 110

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met Glu Gly Glu Lys Ala Gly His His

290

295

300

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Thr Gly Thr Phe Pro Phe  
485

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

<400> 20

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

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



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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<210> 21  
<211> 553  
<212> PRT  
<213> Arabidopsis thaliana  
  
<400> 21

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Phe Pro  
545 550

<210> 22

<211> 528

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 22

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

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

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

Met Lys Trp Val Ser Lys Leu Phe Lys Ser Gly Ser Asn Gly Gly Gly  
50 55 60

Ser Gly Ala His Thr Asn His His Pro Pro Gln Phe Gln Glu Asp Glu  
65 70 75 80

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

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

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

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

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

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

Cys Met Gly Thr Phe Phe His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ser Cys  
 180 185 190

Gly Tyr Ala Ile Thr Glu His Glu Phe Ser Leu Ser Gly Thr Lys Pro  
 195 200 205

Tyr His Lys Leu Cys Phe Lys Glu Leu Thr His Pro Lys Cys Glu Val  
 210 215 220

Cys His His Phe Ile Pro Thr Asn Asp Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg  
 225 230 235 240

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

Lys Thr Ala Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu Glu Ser Trp Asp Val  
 260 265 270

Arg Tyr Tyr Thr Leu Glu Asp Gly Arg Ser Leu Cys Leu Glu Cys Met  
 275 280 285

Glu Thr Ala Ile Thr Asp Thr Gly Glu Cys Gln Pro Leu Tyr His Ala  
 290 295 300

Ile Arg Asp Tyr Tyr Glu Gly Met Tyr Met Lys Leu Asp Gln Gln Ile  
 305 310 315 320

Pro Met Leu Leu Val Gln Arg Glu Ala Leu Asn Asp Ala Ile Val Gly  
 325 330 335

Glu Lys Asn Gly Tyr His His Met Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu  
 340 345 350

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

Ala His Arg Leu Val Gly Met Arg Thr Gln Pro Gln Arg Leu Thr Arg  
 370 375 380

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

Leu Thr Gly Ala Ile Leu Ala His Glu Leu Met His Gly Trp Leu Arg  
 405 410 415

Leu Asn Gly Phe Arg Asn Leu Asn Pro Glu Val Glu Glu Gly Ile Cys  
 420 425 430

Gln Val Leu Ser Tyr Met Trp Leu Glu Ser Glu Val Leu Ser Asp Pro  
 435 440 445

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

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

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

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

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

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

<400> 23

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

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

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

Val Asp Ala Cys Gly Leu Gln Glu Thr Lys Phe Phe Ser Ile Lys Gln  
 50 55 60

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

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

Ile Gln Gly Trp Gln Asn Asn Gly His Val Val Val Pro Val Phe Tyr  
 100 105 110

Gly Val Asp Ser Leu Thr Arg Val Tyr Gly Trp Ala Asn Ser Trp Leu  
 115 120 125

Glu Ala Glu Lys Leu Thr Ser His Gln Ser Lys Ile Leu Ser Asn Asn

130

135

140

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Phe Phe Glu Leu Lys His Cys Pro Pro Leu Lys Ile Gln Asp Val Leu





645

650

655

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

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

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

His Pro Pro Lys Val Lys Leu Asp Arg Lys Lys Leu Trp Asn Leu Leu  
 705 710 715 720

Glu Asn Phe Ser Asp Val Glu His Ile Asp Leu Glu Cys Val Thr Asn  
 725 730 735

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

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

Ser Leu Glu Ser Leu Lys Val Leu Tyr Leu Ser Gly Cys Ser Glu Leu  
 770 775 780

Glu Lys Ile Met Gly Phe Pro Arg Asn Leu Lys Lys Leu Tyr Val Gly  
 785 790 795 800

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

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

Glu Gln Leu Pro Arg His Phe Ile Phe Ser Asn Cys Tyr Arg Phe Ser  
 835 840 845

Ser Gln Val Ile Ala Glu Phe Val Glu Lys Gly Leu Val Ala Ser Leu  
 850 855 860

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

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

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



1145						1150						1155			
Asp	Gln	Ile	Lys	His	Ala	Asp	Glu	Arg	Glu	Gln	Arg	Lys	His	Ser	
1160						1165					1170				
Lys	Asp	His	Glu	Glu	Glu	Glu	Ile	Glu	Ser	Asn	Glu	Lys	Glu	Glu	
1175						1180					1185				
Arg	Arg	His	Ser	Lys	Asp	Tyr	Val	Ile	Glu	Glu	Leu	Val	Leu	Lys	
1190						1195					1200				
Gly	Lys	Gly	Lys	Arg	Lys	Gln	Leu	Asp	Asp	Asp	Lys	Ala	Asp	Glu	
1205						1210					1215				
Lys	Glu	Gln	Ile	Lys	His	Ser	Lys	Asp	His	Val	Glu	Glu	Glu	Val	
1220						1225					1230				
Asn	Pro	Pro	Leu	Ser	Lys	Cys	Lys	Asp	Cys	Lys	Ser	Ala	Ile	Glu	
1235						1240					1245				
Asp	Gly	Ile	Ser	Ile	Asn	Ala	Tyr	Gly	Ser	Val	Trp	His	Pro	Gln	
1250						1255					1260				
Cys	Phe	Cys	Cys	Leu	Arg	Cys	Arg	Glu	Pro	Ile	Ala	Met	Asn	Glu	
1265						1270					1275				
Ile	Ser	Asp	Leu	Arg	Gly	Met	Tyr	His	Lys	Pro	Cys	Tyr	Lys	Glu	
1280						1285					1290				
Leu	Arg	His	Pro	Asn	Cys	Tyr	Val	Cys	Glu	Lys	Lys	Ile	Pro	Arg	
1295						1300					1305				
Thr	Ala	Glu	Gly	Leu	Lys	Tyr	His	Glu	His	Pro	Phe	Trp	Met	Glu	
1310						1315					1320				
Thr	Tyr	Cys	Pro	Ser	His	Asp	Gly	Asp	Gly	Thr	Pro	Lys	Cys	Cys	
1325						1330					1335				
Ser	Cys	Glu	Arg	Leu	Glu	His	Cys	Gly	Thr	Gln	Tyr	Val	Met	Leu	
1340						1345					1350				
Ala	Asp	Phe	Arg	Trp	Leu	Cys	Arg	Glu	Cys	Met	Asp	Ser	Ala	Ile	
1355						1360					1365				
Met	Asp	Ser	Asp	Glu	Cys	Gln	Pro	Leu	His	Phe	Glu	Ile	Arg	Glu	
1370						1375					1380				
Phe	Phe	Glu	Gly	Leu	His	Met	Lys	Ile	Glu	Glu	Glu	Phe	Pro	Val	

1385						1390						1395			
Tyr	Leu	Val	Glu	Lys	Asn	Ala	Leu	Asn	Lys	Ala	Glu	Lys	Glu	Glu	
	1400					1405					1410				
Lys	Ile	Asp	Lys	Gln	Gly	Asp	Gln	Cys	Leu	Met	Val	Val	Arg	Gly	
	1415					1420					1425				
Ile	Cys	Leu	Ser	Glu	Glu	Gln	Ile	Val	Thr	Ser	Val	Ser	Gln	Gly	
	1430					1435					1440				
Val	Arg	Arg	Met	Leu	Asn	Lys	Gln	Ile	Leu	Asp	Thr	Val	Thr	Glu	
	1445					1450					1455				
Ser	Gln	Arg	Val	Val	Arg	Lys	Cys	Glu	Val	Thr	Ala	Ile	Leu	Ile	
	1460					1465					1470				
Leu	Tyr	Gly	Leu	Pro	Arg	Leu	Leu	Thr	Gly	Tyr	Ile	Leu	Ala	His	
	1475					1480					1485				
Glu	Met	Met	His	Ala	Tyr	Leu	Arg	Leu	Asn	Gly	Tyr	Arg	Asn	Leu	
	1490					1495					1500				
Asn	Met	Val	Leu	Glu	Glu	Gly	Leu	Cys	Gln	Val	Leu	Gly	Tyr	Met	
	1505					1510					1515				
Trp	Leu	Glu	Cys	Gln	Thr	Tyr	Val	Phe	Asp	Thr	Ala	Thr	Ile	Ala	
	1520					1525					1530				
Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Arg	Thr	Pro	Leu	Ser	Thr	Thr	Thr	Ser	
	1535					1540					1545				
Lys	Lys	Val	Asp	Pro	Ser	Asp	Phe	Glu	Lys	Arg	Leu	Val	Asn	Phe	
	1550					1555					1560				
Cys	Lys	His	Gln	Ile	Glu	Thr	Asp	Glu	Ser	Pro	Phe	Phe	Gly	Asp	
	1565					1570					1575				
Gly	Phe	Arg	Lys	Val	Asn	Lys	Met	Met	Ala	Ser	Asn	Asn	His	Ser	
	1580					1585					1590				
Leu	Lys	Asp	Thr	Leu	Lys	Glu	Ile	Ile	Ser	Ile	Ser	Lys	Thr	Pro	
	1595					1600					1605				
Gln	Tyr	Ser	Lys	Leu											
	1610														

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

<400> 24

Met Val Arg Arg Lys Arg Gln Glu Glu Asp Glu Lys Ile Glu Ile Glu  
1 5 10 15

Arg Val Lys Glu Glu Ser Leu Lys Leu Ala Lys Gln Ala Glu Glu Lys  
20 25 30

Arg Arg Leu Glu Glu Ser Lys Glu Gln Gly Lys Arg Ile Gln Val Asp  
35 40 45

Asp Asp Gln Leu Ala Lys Thr Thr Ser Lys Asp Lys Gly Gln Ile Asn  
50 55 60

His Ser Lys Asp Val Val Glu Glu Asp Val Asn Pro Pro Pro Ser Ile  
65 70 75 80

Asp Gly Lys Ser Glu Ile Gly Asp Gly Thr Ser Val Asn Pro Arg Cys  
85 90 95

Leu Cys Cys Phe His Cys His Arg Pro Phe Val Met His Glu Ile Leu  
100 105 110

Lys Lys Gly Lys Phe His Ile Asp Cys Tyr Lys Glu Tyr Tyr Arg Asn  
115 120 125

Arg Asn Cys Tyr Val Cys Gln Gln Lys Ile Pro Val Asn Ala Glu Gly  
130 135 140

Ile Arg Lys Phe Ser Glu His Pro Phe Trp Lys Glu Lys Tyr Cys Pro  
145 150 155 160

Ile His Asp Glu Asp Gly Thr Ala Lys Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu  
165 170 175

Glu Pro Arg Gly Thr Asn Tyr Val Met Leu Gly Asp Phe Arg Trp Leu  
180 185 190

Cys Ile Glu Cys Met Gly Ser Ala Val Met Asp Thr Asn Glu Val Gln  
195 200 205

Pro Leu His Phe Glu Ile Arg Glu Phe Phe Glu Gly Leu Phe Leu Lys  
210 215 220

Val Asp Lys Glu Phe Ala Leu Leu Leu Val Glu Lys Gln Ala Leu Asn  
225 230 235 240

Lys Ala Glu Glu Glu Glu Lys Ile Asp Tyr His Arg Ala Ala Val Thr  
245 250 255

Arg Gly Leu Cys Met Ser Glu Glu Gln Ile Val Pro Ser Ile Ile Lys  
260 265 270

Gly Pro Arg Met Gly Pro Asp Asn Gln Leu Ile Thr Asp Ile Val Thr  
275 280 285

Glu Ser Gln Arg Val Ser Gly Phe Glu Val Thr Gly Ile Leu Ile Ile  
290 295 300

Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His Glu Met  
305 310 315 320

Met His Ala Trp Leu Arg Leu Asn Gly Tyr Lys Asn Leu Lys Leu Glu  
325 330 335

Leu Glu Glu Gly Leu Cys Gln Ala Leu Gly Leu Arg Trp Leu Glu Ser  
340 345 350

Gln Thr Phe Ala Ser Thr Asp Ala Ala Ala Ala Ala Val Ala Ser  
355 360 365

Ser Ser Ser Phe Ser Ser Ser Thr Ala Pro Pro Ala Ala Ile Thr Ser  
370 375 380

Lys Lys Ser Asp Asp Trp Ser Ile Phe Glu Lys Lys Leu Val Glu Phe  
385 390 395 400

Cys Met Asn Gln Ile Lys Glu Asp Asp Ser Pro Val Tyr Gly Leu Gly  
405 410 415

Phe Lys Gln Val Tyr Glu Met Met Val Ser Asn Asn Tyr Asn Ile Lys  
420 425 430

Asp Thr Leu Lys Asp Ile Val Ser Ala Ser Asn Ala Thr Pro Asp Ser  
435 440 445

Thr Val  
450

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

<400> 25

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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



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

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

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

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

Ile Asp Asp Glu Val Glu Cys Arg Asp Glu Ile Glu Glu Asn Glu Lys  
 325 330 335

Leu Pro Glu Val Asn Pro Pro Leu Ser Met Cys Gly Gly Cys Asn Ser  
 340 345 350

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

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

Glu Leu Glu Asn His Val Ser Asn Ser Arg Gly Lys Phe His Lys Ser  
 385 390 395 400

Cys Tyr Glu Arg Tyr Cys Tyr Val Cys Lys Glu Lys Lys Met Lys Thr  
 405 410 415

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

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

Gly Thr Lys Tyr Gly Lys Leu Ser Asp Gly Arg Trp Leu Cys Leu Glu  
 450 455 460

Cys Gly Lys Ser Ala Met Asp Ser Asp Glu Cys Gln Pro Leu Tyr Phe  
 465 470 475 480

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

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

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

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

Asn Lys Gln Leu Ile Asp Met Asp Thr Glu Pro Gln Gly Val Val His  
545 550 555 560 565

Glu Cys Lys Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu  
565 570 575

Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg  
580 585 590

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

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

Asp Thr Thr Ala Asp Ala Ala Ser Ala Ser Ser Ser Ser Arg Thr  
625 630 635 640

Pro Pro Ala Ala Ser Ala Ser Lys Lys Gly Glu Trp Ser Asp Phe Asp  
645 650 655

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

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

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

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

<400> 26

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

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

Val Ile Glu Val Ser Gln His Glu Ala Asp Ile Gln Lys Ala Lys Gln  
 35 40 45

Arg Ser Leu Ala Thr His Glu Ala Glu Lys Leu Asp Leu Ala Thr His  
 50 55 60

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

Glu Glu Glu Glu Arg Arg Arg Thr Arg Glu Leu Glu Asn Asp Ala Gln  
 85 90 95

Ile Ala Asn Val Leu Gln His Glu Glu Arg Glu Arg Leu Ile Asn Lys  
 100 105 110

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

Glu Glu Ser Leu Lys Glu Asn Asn Arg Arg Lys Met Phe Glu Glu Gln  
 130 135 140

Val Asn Lys Asp Glu Gln Leu Ala Leu Ile Val Gln Glu Ser Leu Asn  
 145 150 155 160

Met Glu Glu Tyr Pro Ile Arg Leu Glu Glu Tyr Lys Ser Ile Ser Arg  
 165 170 175

Arg Ala Pro Leu Asp Val Asp Glu Gln Phe Ala Lys Ala Val Lys Glu  
 180 185 190

Ser Leu Lys Asn Lys Gly Lys Gly Lys Gln Phe Glu Asp Glu Gln Val  
 195 200 205

Lys Lys Asp Glu Gln Leu Ala Leu Ile Val Gln Glu Ser Leu Asn Met  
 210 215 220

Val Glu Ser Pro Pro Arg Leu Glu Glu Asn Asn Asn Ile Ser Thr Arg  
 225 230 235 240

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

Leu Lys Gly Lys Gly Gln Ile Lys Gln Ser Lys Asp Glu Val Glu Gly  
 260 265 270

Asp Gly Met Leu Leu Glu Leu Asn Pro Pro Pro Ser Leu Cys Gly Gly  
 275 280 285

Cys Asn Phe Ala Val Glu His Gly Gly Ser Val Asn Ile Leu Gly Val  
 290 295 300

Leu Trp His Pro Gly Cys Phe Cys Cys Arg Ala Cys His Lys Pro Ile  
 305 310 315 320

Ala Ile His Asp Ile Glu Asn His Val Ser Asn Ser Arg Gly Lys Phe  
 325 330 335

His Lys Ser Cys Tyr Glu Arg Tyr Cys Tyr Val Cys Lys Glu Lys Lys  
 340 345 350

Met Lys Thr Tyr Asn Asn His Pro Phe Trp Glu Glu Arg Tyr Cys Pro  
 355 360 365

Val His Glu Ala Asp Gly Thr Pro Lys Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu  
 370 375 380

Glu Pro Arg Glu Ser Asn Tyr Val Met Leu Ala Asp Gly Arg Trp Leu  
 385 390 395 400

Cys Leu Glu Cys Met Asn Ser Ala Val Met Asp Ser Asp Glu Cys Gln  
 405 410 415

Pro Leu His Phe Asp Met Arg Asp Phe Phe Glu Gly Leu Asn Met Lys  
 420 425 430

Ile Glu Lys Glu Phe Pro Phe Leu Leu Val Glu Lys Gln Ala Leu Asn  
 435 440 445

Lys Ala Glu Lys Glu Glu Lys Ile Asp Tyr Gln Tyr Glu Val Val Thr  
 450 455 460

Arg Gly Ile Cys Leu Ser Glu Glu Gln Ile Val Asp Ser Val Ser Gln  
 465 470 475 480

Arg Pro Val Arg Gly Pro Asn Asn Lys Leu Val Gly Met Ala Thr Glu  
 485 490 495

Ser Gln Lys Val Thr Arg Glu Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu  
 500 505 510

Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His Glu Met  
 515 520 525

Met His Ala Tyr Leu Arg Leu Asn Gly His Arg Asn Leu Asn Asn Ile  
 530 535 540

Leu Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Gly His Leu Trp Leu Asp Ser  
545 550 555 560

Gln Thr Tyr Ala Thr Ala Asp Ala Thr Ala Asp Ala Ser Ser Ser Ala  
565 570 575

Ser Ser Ser Ser Arg Thr Pro Pro Ala Ala Ser Ala Ser Lys Lys Gly  
580 585 590

Glu Trp Ser Asp Phe Asp Lys Lys Leu Val Glu Phe Cys Lys Asn Gln  
595 600 605

Ile Glu Thr Asp Asp Ser Pro Val Tyr Gly Leu Gly Phe Arg Thr Val  
610 615 620

Asn Glu Met Val Thr Asn Ser Ser Leu Gln Glu Thr Leu Lys Glu Ile  
625 630 635 640

Leu Arg Gln Arg

<210> 27

<211> 587

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 27

Met Trp Cys Leu Ser Cys Phe Lys Pro Ser Thr Lys His Asp Pro Ser  
1 5 10 15

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

Tyr Glu Asp Val Ile Leu Arg Gln Arg Arg Ser Glu Ala Asp Gln Ile  
35 40 45

Glu Trp Ala Ile Gln Asp Ser Phe Asn Pro Gln Glu Thr Ser Arg Cys  
50 55 60

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

Glu Glu Thr Glu Leu Asp Lys Ser Val Val Asp Glu Glu Asp Gln Gln  
85 90 95

Leu Ser Lys Ile Val Glu Glu Ser Leu Lys Glu Lys Gly Lys Ser Lys  
100 105 110

Gln Phe Glu Asp Asp Gln Val Glu Asn Asp Glu Gln Gln Ala Leu Met

115

120

125

Val Gln Glu Ser Leu Tyr Met Val Glu Leu Ser Ala Gln Leu Glu Glu  
 130 135 140

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

Gln Lys Val Ile Trp Glu Ser Ala Lys Gly Lys Gly Gln Ile Glu His  
 165 170 175

Phe Lys Asp Pro Val Glu Glu Asp Gly Asn Leu Pro Arg Val Asp Leu  
 180 185 190

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

Glu Tyr Gly Arg Ser Val His Ala Leu Gly Val Asn Trp His Pro Glu  
 210 215 220

Cys Phe Cys Cys Arg Tyr Cys Asp Lys Pro Ile Ala Met His Glu Phe  
 225 230 235 240

Ser Asn Thr Lys Gly Arg Cys His Ile Thr Cys Tyr Glu Arg Ser His  
 245 250 255

Pro Asn Cys His Val Cys Lys Lys Lys Phe Pro Gly Arg Lys Tyr Lys  
 260 265 270

Glu His Pro Phe Trp Lys Glu Lys Tyr Cys Pro Phe His Glu Val Asp  
 275 280 285

Gly Thr Pro Lys Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu Glu Pro Trp Gly Thr  
 290 295 300

Lys Tyr Val Met Leu Ala Asp Asn Arg Trp Leu Cys Val Lys Cys Met  
 305 310 315 320

Glu Cys Ala Val Met Asp Thr Tyr Glu Cys Gln Pro Leu His Phe Glu  
 325 330 335

Ile Arg Glu Phe Phe Gly Ser Leu Asn Met Lys Val Glu Lys Glu Phe  
 340 345 350

Pro Leu Leu Leu Val Glu Lys Glu Ala Leu Lys Lys Ala Glu Ala Gln  
 355 360 365

Glu Lys Ile Asp Asn Gln His Gly Val Val Thr Arg Gly Ile Cys Leu

370

375

380

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<210> 28

<211> 73

<212> PRT

<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Синтетическая последовательность: LIM-подобный домен

<220>

<221> VARIANT  
<222> (2)..(3)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (5)..(27)  
<223> Хаа в положениях 5 - 27 представляет собой любую аминокислоту, и до семи из них могут отсутствовать; представляет собой диапазон 16 - 23 аминокислот.

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (29)..(35)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (37)..(38)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (40)..(46)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (48)..(49)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (51)..(69)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (71)..(72)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<400> 28

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

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

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

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

Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Cys Хаа Хаа Cys  
65 70

<210> 29



<211> 73  
<212> PRT  
<213> Искусственная последовательность

<220>  
<223> Синтетическая последовательность: LIM-подобный домен

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (2)..(2)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (5)..(27)  
<223> Хаа в положениях 5 - 27 представляет собой любую аминокислоту, и до семи из них могут отсутствовать; представляет собой диапазон 16 - 23 аминокислот.

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (32)..(34)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (38)..(38)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (40)..(46)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (53)..(53)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (55)..(59)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (61)..(62)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (64)..(64)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (66)..(66)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (68)..(68)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (71)..(72)  
<223> Xaa представляет собой любую аминокислоту

<400> 29

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

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

Xaa Xaa Tyr Cys Pro Xaa His Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Cys Cys  
35 40 45

Ser Cys Glu Arg Xaa Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Leu Xaa  
50 55 60

Asp Xaa Arg Xaa Leu Cys Xaa Xaa Cys  
65 70

<210> 30  
<211> 66  
<212> PRT  
<213> Искусственная последовательность

<220>  
<223> Синтетическая последовательность: LIM-подобный домен

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (2)..(2)  
<223> Xaa представляет собой Asp, Glu, Tyr или His

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (5)..(6)  
<223> Xaa представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (7)..(7)  
<223> Xaa представляет собой Phe или Lys

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (8)..(8)  
<223> Xaa представляет собой Ile, Lys или Phe

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (9)..(9)  
<223> Может присутствовать или отсутствовать. В случае наличия, Xaa представляет собой Pro или Ser

<220>  
<221> VARIANT

<222> (10)..(10)  
<223> Может присутствовать или отсутствовать. В случае наличия, Хаа представляет собой Thr, Arg или Val

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (11)..(11)  
<223> Может присутствовать или отсутствовать. В случае наличия, Хаа представляет собой Asn или Thr

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (12)..(13)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (14)..(14)  
<223> Может присутствовать или отсутствовать. В случае наличия, Хаа представляет собой Gly

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (15)..(15)  
<223> Хаа представляет собой Leu, Ile, Met или Gly

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (16)..(16)  
<223> Хаа представляет собой Arg, Lys или Ile

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (17)..(17)  
<223> Хаа представляет собой Glu, Gly, Lys или Thr

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (18)..(18)  
<223> Хаа представляет собой Tyr или Phe

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (19)..(19)  
<223> Хаа представляет собой Arg, His, Ser, Asn или Lys

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (20)..(20)  
<223> Хаа представляет собой Ala, Cys, Glu, Ile или Asn

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (25)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (26)..(26)  
<223> Хаа представляет собой Gln или Glu

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (27)..(27)

<223> Хаа представляет собой Lys, Thr или Arg

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (31)..(31)  
<223> Хаа представляет собой Phe, Val, Ile, Ser или Thr

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (33)..(33)  
<223> Хаа представляет собой Glu или Asp

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (34)..(34)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (36)..(36)  
<223> Хаа представляет собой Gly, Lys, Arg, Ser или Ala

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (38)..(38)  
<223> Хаа представляет собой Pro, Thr или Ala

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (39)..(39)  
<223> Хаа представляет собой Arg или Lys

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (46)..(46)  
<223> Хаа представляет собой Met или Leu

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (48)..(48)  
<223> Хаа представляет собой Pro, Ser или His

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (49)..(52)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (54)..(55)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (57)..(57)  
<223> Хаа представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (59)..(59)  
<223> Хаа представляет собой Gly, Phe или Asn

<220>  
<221> VARIANT

<222> (61)..(61)  
<223> Xaa представляет собой Arg, Lys, Ser или Trp

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (64)..(64)  
<223> Xaa представляет собой Leu, Arg или Val

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (65)..(65)  
<223> Xaa представляет собой Glu или Lys

<400> 30

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

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

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

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

Xaa Cys  
65

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

<400> 31

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

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

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

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

Glu Cys  
65

<210> 32  
<211> 5

<212> PRT  
<213> Искусственная последовательность  
  
<220>  
<223> Синтетическая последовательность: мотив активного сайта металлопептидазы  
  
<400> 32

His Glu Met Met His  
1 5

<210> 33  
<211> 19  
<212> PRT  
<213> Искусственная последовательность  
  
<220>  
<223> Синтетическая последовательность: мотив карбоксиконцевой области

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (3)..(10)  
<223> Xaa представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (12)..(15)  
<223> Xaa представляет собой любую аминокислоту

<400> 33

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

Glu Glu Gln

<210> 34  
<211> 18  
<212> PRT  
<213> Искусственная последовательность  
  
<220>  
<223> Синтетическая последовательность: мотив карбоксиконцевой области

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (3)..(10)  
<223> Xaa представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (12)..(15)  
<223> Xaa представляет собой любую аминокислоту

<400> 34

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

Glu Gln

<210> 35  
<211> 21  
<212> PRT  
<213> Искусственная последовательность

<220>  
<223> Синтетическая последовательность: домен UIM1

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (1)..(1)  
<223> Xaa представляет собой остаток полярной аминокислоты, например, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser или Thr

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (2)..(4)  
<223> Xaa представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (5)..(5)  
<223> Xaa представляет собой остаток полярной аминокислоты, например Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser или Thr

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (7)..(7)  
<223> Xaa представляет собой остаток полярной аминокислоты, например Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser или Thr

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (8)..(8)  
<223> Xaa представляет собой остаток большой аминокислоты, например Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp или Tyr

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (10)..(10)  
<223> Xaa представляет собой остаток алифатической аминокислоты, например Ile, Leu или Val

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (11)..(11)  
<223> Xaa представляет собой остаток полярной аминокислоты, например, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser или Thr

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (12)..(12)  
<223> Xaa представляет собой остаток большой аминокислоты, например Glu, Phe, His, Ile,

Lys, Met, Gln, Arg, Trp или Tyr

<220>

<221> VARIANT

<222> (13)..(13)

<223> Может присутствовать или отсутствовать. В случае наличия, Xaa представляет собой любую аминокислоту.

<220>

<221> VARIANT

<222> (15)..(15)

<223> Xaa представляет собой остаток большой аминокислоты, например Glu, Phe, His, Ile,  
Lys, Met, Gln, Arg, Trp или Tyr

<220>

<221> VARIANT

<222> (16)..(16)

<223> Xaa представляет собой остаток полярной аминокислоты, например Cys, Asp, Glu,  
His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser или Thr

<220>

<221> VARIANT

<222> (17)..(17)

<223> Xaa представляет собой любую аминокислоту

<220>

<221> VARIANT

<222> (18)..(18)

<223> Может присутствовать или отсутствовать. В случае наличия, Xaa представляет собой любую аминокислоту.

<220>

<221> VARIANT

<222> (19)..(21)

<223> Xaa представляет собой остаток полярной аминокислоты, например Cys, Asp, Glu,  
His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser или Thr

<400> 35

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Xaa Xaa Ala Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Xaa Xaa  
1 5 10 15

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
20

<210> 36

<211> 21

<212> PRT

<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Синтетическая последовательность: домен UIM2

<220>

<221> VARIANT

<222> (1)..(1)

<223> Xaa представляет собой остаток полярной аминокислоты, например Cys, Asp, Glu,  
His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser или Thr



<220>  
<221> VARIANT  
<222> (2)..(4)  
<223> Xaa представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (5)..(5)  
<223> Xaa представляет собой остаток полярной аминокислоты, например, Cys, Asp, Glu,  
His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser или Thr

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (7)..(7)  
<223> Xaa представляет собой остаток полярной аминокислоты, например, Cys, Asp, Glu,  
His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser или Thr

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (8)..(8)  
<223> Xaa представляет собой остаток большой аминокислоты, например, Glu, Phe, His, Ile,  
Lys, Met, Gln, Arg, Trp или Tyr

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (10)..(10)  
<223> Xaa представляет собой остаток алифатической аминокислоты, например, Ile, Leu или Val

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (11)..(11)  
<223> Xaa представляет собой остаток полярной аминокислоты, например, Cys, Asp, Glu,  
His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser или Thr

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (12)..(12)  
<223> Xaa представляет собой остаток большой аминокислоты, например, Glu, Phe, His, Ile,  
Lys, Met, Gln, Arg, Trp или Tyr

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (13)..(13)  
<223> Может присутствовать или отсутствовать. В случае наличия, Xaa представляет собой любую аминокислоту.

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (15)..(15)  
<223> Xaa представляет собой остаток большой аминокислоты, например, Glu, Phe, His, Ile,  
Lys, Met, Gln, Arg, Trp или Tyr

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (16)..(16)

<223> Xaa представляет собой остаток полярной аминокислоты, например, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser или Thr

<220>

<221> VARIANT

<222> (17)..(17)

<223> Xaa представляет собой любую аминокислоту

<220>

<221> VARIANT

<222> (18)..(18)

<223> Xaa представляет собой остаток небольшой аминокислоты, например, Ala, Cys, Asp, Gly, Asn, Pro, Ser, Thr или Val

<220>

<221> VARIANT

<222> (19)..(21)

<223> Xaa представляет собой остаток полярной аминокислоты, например, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser или Thr

<400> 36

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Xaa Xaa Ala Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Xaa Xaa  
1 5 10 15

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
20

<210> 37

<211> 43

<212> PRT

<213> Искусственная последовательность

<220>

<223> Синтетическая последовательность: домен EOD растений

<220>

<221> VARIANT

<222> (1)..(1)

<223> Xaa представляет собой Glu или Lys

<220>

<221> VARIANT

<222> (8)..(8)

<223> Xaa представляет собой Leu или Met

<220>

<221> VARIANT

<222> (9)..(9)

<223> Xaa представляет собой Lys, Arg, Gly, Thr или Glu

<220>

<221> VARIANT

<222> (11)..(11)

<223> Xaa представляет собой Lys или Arg

<220>

<221> VARIANT

<222> (12)..(12)

<223> Хаа представляет собой Arg или Ile

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (13)..(13)  
<223> Хаа представляет собой Gly или Lys

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (14)..(14)  
<223> Хаа представляет собой Asp, Asn или Glu

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (15)..(15)  
<223> Хаа представляет собой Arg, Gln, Lys или Leu

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (17)..(17)  
<223> Хаа представляет собой Ile, Met или Val

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (18)..(18)  
<223> Хаа представляет собой Lys, Asn, Thr или Ala

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (20)..(20)  
<223> Хаа представляет собой Leu или Pro

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (22)..(22)  
<223> Хаа представляет собой Lys или Ser

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (24)..(24)  
<223> Хаа представляет собой Val или Ala

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (27)..(27)  
<223> Хаа представляет собой Ser, Thr, Gly или Ala

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (28)..(28)  
<223> Хаа представляет собой Glu, Gln, Asp, Ser или Gly

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (30)..(30)  
<223> Хаа представляет собой Ile, Gly, Thr или Val

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (31)..(31)  
<223> Хаа представляет собой Ser или Thr

<220>  
<221> VARIANT

<222> (32)..(32)  
<223> Xaa представляет собой Lys или Arg

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (35)..(35)  
<223> Xaa представляет собой Gly, Thr или Ser

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (39)..(39)  
<223> Xaa представляет собой Val, Ile, Ala или Lys

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (42)..(42)  
<223> Xaa представляет собой Val или Ile

<400> 37

Xaa Arg Cys Val Ile Cys Gln Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gln  
1 5 10 15

Xaa Xaa Leu Xaa Cys Xaa His Xaa Tyr His Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Xaa  
20 25 30

Trp Leu Xaa Ile Asn Lys Xaa Cys Pro Xaa Cys  
35 40

<210> 38  
<211> 203  
<212> PRT  
<213> Populus trichocarpa

<400> 38

Met Glu Val His Tyr Met Asn Thr Asp Phe Pro Tyr Thr Thr Thr Glu  
1 5 10 15

Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr His Ala Pro Val Asn Tyr  
20 25 30

Ala His Asn Gly Pro Met His Asp Gln Asp Asn Ala Tyr Trp Ser Met  
35 40 45

Asn Met Asn Ala Tyr Lys Phe Gly Phe Ser Gly Leu Gly Ser Thr Ser  
50 55 60

Tyr Tyr Ser Pro Tyr Glu Val Asn Asp Asn Leu Pro Arg Met Asp Val  
65 70 75 80

Ser Arg Met Ala Trp Glu Tyr Pro Ser Val Val Ile Lys Ala Leu Trp  
85 90 95

Gln Asp Asp Val Asp Pro Asp Thr Met Thr Tyr Glu Glu Leu Val Asp

100

105

110

Leu Gly Glu Thr Val Gly Thr Gln Ser Lys Gly Leu Ser Pro Glu Leu  
115 120 125

Ile Ser Leu Leu Pro Thr Ser Lys Cys Lys Phe Gly Ser Phe Phe Ser  
130 135 140

Arg Lys Arg Ser Gly Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Lys Tyr Lys  
145 150 155 160

Arg Gly Asp Lys Gln Ile Lys Leu Leu Cys Lys His Ala Tyr His Ser  
165 170 175

Glu Cys Ile Thr Lys Trp Leu Gly Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys  
180 185 190

Asn Asp Glu Val Phe Gly Glu Glu Ser Arg Asn  
195 200

<210> 39

<211> 240

<212> PRT

<213> Ricinus communis

<400> 39

Met Glu Val His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe Pro Tyr Thr Val Thr Glu  
1 5 10 15

Ser Phe Leu Asp Phe Phe Glu Gly Leu Ser His Val Pro Val His Tyr  
20 25 30

Ala His Thr Gly Gln Val Leu Asp Gln Val Gln Glu Asn Ala Tyr Trp  
35 40 45

Ser Met Asn Met Asn Ala Tyr Lys Tyr Gly Phe Ser Gly Pro Gly Ser  
50 55 60

Thr Tyr Tyr Asp Pro Tyr Glu Val Asn Asp Asn Leu Pro Arg Met Asp  
65 70 75 80

Val Ser Arg Ser Thr Trp Glu Tyr Pro Ser Val Val Asn Met Glu Glu  
85 90 95

Ala Thr Thr Thr Asp Thr Gln Ser Glu Gly Asp Ala Val Val Gly Val  
100 105 110

His Ala Ser Pro Glu Glu Cys Ile Pro Asn His Thr Ser Gly Asp Ser  
115 120 125

Pro Gln Gly Val Trp Gln Asp Asp Val Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr  
130 135 140

Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Thr Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly  
145 150 155 160

Leu Ser Gln Glu Leu Ile Ser Leu Leu Pro Thr Ser Lys Cys Lys Phe  
165 170 175

Arg Ser Phe Phe Leu Arg Lys Lys Ala Gly Glu Arg Cys Val Ile Cys  
180 185 190

Gln Met Arg Tyr Lys Arg Gly Asp Lys Gln Met Lys Leu Pro Cys Lys  
195 200 205

His Val Tyr His Ser Glu Cys Ile Ser Lys Trp Leu Gly Ile Asn Lys  
210 215 220

Val Cys Pro Val Cys Asn Asn Glu Val Phe Gly Glu Asp Ser Arg His  
225 230 235 240

<210> 40  
<211> 245  
<212> PRT  
<213> Prunus persica

<400> 40

Met Asn Gly Asn Gly Gln Met Asp Val His Tyr Ile Asp Thr Asp Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Thr Pro Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Gly Gly Val Thr  
20 25 30

His Val Pro Met Asn Tyr Gly His Ala Met Pro Met His Asp Gln Glu  
35 40 45

Thr Ala Tyr Trp Ser Met Asn Met His Ser Tyr Lys Phe Gly Pro Ser  
50 55 60

Gly Pro Gly Ser Asn Ser Tyr Tyr Gly Asn Tyr Tyr Glu Val Asn Asp  
65 70 75 80

His Leu Pro Arg Met Asp Val Ser Arg Arg Thr Trp Glu His Pro Ser  
85 90 95

Val Met Asn Ser Glu Glu Pro Ala Asn Ile Asp Ser His Pro Glu Glu  
100 105 110

Glu Asp Ala Val Ala Glu Ala Ala Pro Glu Glu Cys Ile Gln Asn Gln  
115 120 125

Gln Asn Thr Asn Thr Ser Gln Val Val Trp Gln Glu Asp Ile Asp Pro  
130 135 140

Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala Val Gly  
145 150 155 160

Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Asp Glu Leu Ile Ser Leu Leu Pro Thr  
165 170 175

Ser Lys Tyr Lys Cys Gly Ser Phe Phe Ser Arg Lys Lys Ser Gly Glu  
180 185 190

Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Arg Tyr Lys Arg Gly Asp Arg Gln Ile  
195 200 205

Asn Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ser Glu Cys Ile Ser Lys Trp  
210 215 220

Leu Gly Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Asn Leu Glu Val Ser Gly  
225 230 235 240

Glu Glu Ser Arg His  
245

<210> 41  
<211> 242  
<212> PRT  
<213> Theobroma cacao

<400> 41

Met Asn Gly Asn Arg Gln Met Glu Val His Tyr Ile Asp Thr Gly Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Thr Ala Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr  
20 25 30

His Val Pro Val Asn Tyr Thr His Thr Val Pro Met Gln Asp Gln Glu  
35 40 45

Asn Ile Tyr Trp Ser Met Ser Met Asn Ala Tyr Lys Phe Gly Phe Ser  
50 55 60

Gly Pro Glu Ser Thr Phe Tyr Ser Pro Tyr Glu Val Ser Asp His Leu  
65 70 75 80

Pro Arg Met Asp Val Ser Arg Arg Thr Trp Asp Tyr Pro Ser Thr Leu  
85 90 95

Asn Ser Glu Glu Pro Ala Thr Ile Asp Met Gln Pro Gly Gly Glu Ala  
100 105 110

Val Val Gly Ile His Ala Ile Pro Glu Glu Cys Ile Thr Asn His Gln  
115 120 125

Ser Asn Ser Asn Ser Gln Val Val Trp Gln Asp Asn Ile Asp Pro Asp  
130 135 140

Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Thr Ile Gly Ser  
145 150 155 160

Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Leu Ile Asp Leu Leu Pro Thr Ser  
165 170 175

Lys Cys Lys Phe Gly Ser Phe Phe Ser Thr Lys Arg Glu Arg Cys Val  
180 185 190

Ile Cys Gln Met Arg Tyr Lys Arg Gly Glu Gln Gln Met Lys Leu Pro  
195 200 205

Cys Lys His Val Tyr His Ser Gln Cys Ile Thr Lys Trp Leu Ser Ile  
210 215 220

Asn Lys Ile Cys Pro Val Cys Asn Asn Glu Val Phe Gly Glu Glu Ser  
225 230 235 240

Arg His

<210> 42  
<211> 247  
<212> PRT  
<213> Vitis vinifera

<400> 42

Met Asn Gly Asn Arg Gln Met Glu Val His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Gly  
20 25 30

His Val Pro Val Asn Tyr Ala Gln Ala Glu Ala Met His Asn Gln Ser  
35 40 45

Ile Gln Glu Asn Phe Tyr Trp Thr Met Asn Met Asn Ser Tyr Lys Phe



50

55

60

Gly Phe Ser Gly Pro Gly Ser Thr Tyr Tyr Gly Pro Tyr Asp Val Asn  
65 70 75 80

Glu His Val Pro Gly Ile Glu Val Ser Arg Arg Pro Trp Glu Tyr Pro  
85 90 95

Ser Ser Met Ile Val Glu Glu Pro Thr Thr Ile Glu Thr Gln Pro Thr  
100 105 110

Gly Asn Glu Val Met Asn Val His Ala Ile Pro Glu Glu Cys Ser Pro  
115 120 125

Asn His Tyr Ser Ala Thr Ser Ser Gln Ala Ile Trp Gln Asp Asn Val  
130 135 140

Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala  
145 150 155 160

Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu His Ile Asn Leu Leu  
165 170 175

Pro Thr Cys Arg Tyr Lys Ser Gly Arg Leu Phe Ser Arg Lys Arg Ser  
180 185 190

Ala Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Gly Tyr Lys Arg Gly Asp Arg  
195 200 205

Gln Ile Lys Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Thr Asp Cys Gly Thr  
210 215 220

Lys Trp Leu Thr Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Asn Ile Glu Val  
225 230 235 240

Phe Gly Glu Glu Ser Arg His  
245

<210> 43  
<211> 247  
<212> PRT  
<213> Glycine max

<400> 43

Met Asn Asp Gly Arg Gln Met Gly Val His Tyr Val Asp Ala Gly Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Ala Val Asn Asp Asn Phe Val Asp Phe Phe Gln Gly Phe Thr  
20 25 30

His Val Pro Val Asn Tyr Ala Phe Ala Gly Ser Ile Pro Asp Gln Glu  
35 40 45

Ser Val Tyr Trp Ser Met Asn Met Asn Pro Tyr Lys Phe Gly Leu Ser  
50 55 60

Gly Pro Gly Ser Thr Ser Tyr Tyr Ser Ser Tyr Glu Val Asn Gly His  
65 70 75 80

Leu Pro Arg Met Glu Ile Asp Arg Ala Glu Trp Glu Tyr Pro Ser Thr  
85 90 95

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

Asp Gly Val Thr Ser Met Gln Thr Ile Pro Glu Glu Cys Ser Pro Asn  
115 120 125

His His Glu Ser Asn Ser Ser Ser Gln Val Ile Trp Gln Asp Asn Ile  
130 135 140

Tyr Pro Asp Asp Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala  
145 150 155 160

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

Pro Thr Ser Lys Tyr Lys Phe Gly Ser Leu Phe Lys Arg Lys Asn Ser  
180 185 190

Gly Lys Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Thr Tyr Arg Arg Gly Asp Gln  
195 200 205

Gln Met Lys Leu Pro Cys Ser His Val Tyr His Gly Glu Cys Ile Thr  
210 215 220

Lys Trp Leu Ser Ile Asn Lys Lys Cys Pro Val Cys Asn Thr Glu Val  
225 230 235 240

Phe Gly Glu Glu Ser Thr His  
245

<210> 44  
<211> 247  
<212> PRT  
<213> Glycine max

<400> 44

Met Asn Asp Gly Arg Gln Met Gly Val Asn Tyr Val Asp Ala Gly Phe  
 1 5 10 15

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

Pro Val Pro Val Asn Tyr Ala Phe Ala Gly Ser Ile Pro Asp Gln Glu  
 35 40 45

Ser Val Tyr Trp Ser Met Asn Met Asn Pro Tyr Lys Phe Gly Leu Ser  
 50 55 60

Gly Pro Gly Ser Thr Ser Tyr Tyr Ser Ser Tyr Glu Val Asn Gly His  
 65 70 75 80

Leu Pro Arg Met Glu Ile Asp Arg Ala Glu Trp Glu Tyr Pro Ser Thr  
 85 90 95

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

Asp Gly Val Thr Asn Met Gln Thr Ile Pro Glu Glu Cys Ser Pro Asn  
 115 120 125

His His Glu Ser Asn Ser Ser Ser Gln Val Ile Trp Gln Asp Asn Ile  
 130 135 140

Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala  
 145 150 155 160

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

Pro Thr Ser Lys Tyr Lys Phe Gly Asn Leu Phe Lys Arg Lys Asn Ser  
 180 185 190

Gly Lys Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Thr Tyr Arg Arg Gly Asp Gln  
 195 200 205

Gln Met Lys Leu Pro Cys Ser His Val Tyr His Gly Glu Cys Ile Thr  
 210 215 220

Lys Trp Leu Ser Ile Asn Lys Lys Cys Pro Val Cys Asn Thr Glu Val  
 225 230 235 240

Phe Gly Glu Glu Ser Thr His  
 245

<210> 45  
<211> 248  
<212> PRT  
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 45

Met Asn Gly Asp Asn Arg Pro Val Glu Asp Ala His Tyr Thr Glu Thr  
1 5 10 15

Gly Phe Pro Tyr Ala Ala Thr Gly Ser Tyr Met Asp Phe Tyr Gly Gly  
20 25 30

Ala Ala Gln Gly Pro Leu Asn Tyr Asp His Ala Ala Thr Met His Pro  
35 40 45

Gln Asp Asn Leu Tyr Trp Thr Met Asn Thr Asn Ala Tyr Lys Phe Gly  
50 55 60

Phe Ser Gly Ser Asp Asn Ala Ser Phe Tyr Gly Ser Tyr Asp Met Asn  
65 70 75 80

Asp His Leu Ser Arg Met Ser Ile Gly Arg Thr Asn Trp Asp Tyr His  
85 90 95

Pro Met Val Asn Val Ala Asp Asp Pro Glu Asn Thr Val Ala Arg Ser  
100 105 110

Val Gln Ile Gly Asp Thr Asp Glu His Ser Glu Ala Glu Glu Cys Ile  
115 120 125

Ala Asn Glu His Asp Pro Asp Ser Pro Gln Val Ser Trp Gln Asp Asp  
130 135 140

Ile Asp Pro Asp Thr Met Thr Tyr Glu Glu Leu Val Glu Leu Gly Glu  
145 150 155 160

Ala Val Gly Thr Glu Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Leu Ile Glu Thr  
165 170 175

Leu Pro Thr Lys Lys Tyr Lys Phe Gly Ser Ile Phe Ser Arg Lys Arg  
180 185 190

Ala Gly Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Leu Lys Tyr Lys Ile Gly Glu  
195 200 205

Arg Gln Met Asn Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ser Glu Cys Ile  
210 215 220

Ser Lys Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Asn Ser Glu  
225 230 235 240

Val Phe Gly Glu Pro Ser Ile His  
245

<210> 46

<211> 243

<212> PRT

<213> Capsella rubella

<400> 46

Met Asn Gly Asp Arg Pro Val Glu Asp Ala His Tyr Thr Glu Ala Glu  
1 5 10 15

Phe Pro Tyr Ala Ala Ser Gly Ser Tyr Ile Asp Phe Tyr Gly Gly Ala  
20 25 30

Pro Gln Gly Pro Leu Asn Tyr Ala His Ala Gly Thr Met Asp Asn Leu  
35 40 45

Tyr Trp Thr Met Asn Thr Asn Ala Tyr Lys Phe Gly Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asp Asn Pro Ser Phe Tyr Asn Ser Tyr Asp Met Thr Asp His Leu Ser  
65 70 75 80

Arg Met Ser Ile Gly Arg Thr Asn Trp Glu Tyr His Pro Met Val Asn  
85 90 95

Val Asp Asp Pro Asp Ile Thr Leu Ala Arg Ser Val Gln Ile Gly Asp  
100 105 110

Ser Asp Glu His Ser Glu Ala Glu Asp Cys Ile Ala Asn Glu His Asp  
115 120 125

Pro Asp Ser Pro Gln Val Ser Trp Gln Asp Asp Ile Asp Pro Asp Thr  
130 135 140

Met Thr Tyr Glu Glu Leu Val Glu Leu Gly Glu Ala Val Gly Thr Glu  
145 150 155 160

Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Leu Ile Glu Thr Leu Pro Thr Arg Lys  
165 170 175

Phe Lys Phe Gly Ser Ile Phe Ser Arg Lys Arg Ala Gly Glu Arg Cys  
180 185 190

Val Ile Cys Gln Leu Lys Tyr Lys Ile Gly Glu Arg Gln Met Asn Leu

195

200

205

Pro Cys Lys His Val Tyr His Ser Glu Cys Ile Ser Lys Trp Leu Ser  
210 215 220

Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Asn Thr Glu Val Phe Gly Asp Pro  
225 230 235 240

Ser Ile His

<210> 47

<211> 249

<212> PRT

<213> Sorghum bicolor

<400> 47

Met Asn Ser Cys Arg Gln Met Glu Leu His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr  
20 25 30

Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Leu Met Asp Gly Phe Gln Asp Gln Gly  
35 40 45

Asn Pro Tyr Trp Ala Met Met His Thr Asn Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr  
50 55 60

Ser Gly Pro Gly Asn Tyr Tyr Thr Tyr Ala His Val Tyr Asp Ile Asp  
65 70 75 80

Asp Tyr Met His Arg Ala Asp Gly Gly Arg Arg Val Trp Asp Asn Thr  
85 90 95

Thr Pro Ala Asn Asn Val Asp Ser Ala Asn Val Val Leu Gln Gly Ser  
100 105 110

Glu Ala Pro Arg Thr Thr Ala Asn Thr Thr Thr Glu Glu Cys Ile Gln  
115 120 125

Gln Val His Gln Ser Pro Gly Ser Pro His Val Val Trp Gln Asp Asn  
130 135 140

Ile Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu  
145 150 155 160

Val Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Arg Ile Ser Ser  
165 170 175

Leu Pro Val Thr Lys Tyr Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys Thr  
180 185 190

Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Arg Arg Gly Asn  
195 200 205

Leu Gln Met Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser Cys Val  
210 215 220

Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe Ala Glu  
225 230 235 240

Val Pro Gly Asp Glu Pro Lys Arg Gln  
245

<210> 48  
<211> 253  
<212> PRT  
<213> Zea mays

<400> 48

Met Asn Ser Ser Arg Gln Met Glu Leu His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr  
20 25 30

Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Leu Thr Asp Gly Phe Gln Asp Gln Gly  
35 40 45

Asn Pro Tyr Trp Ala Met Met His Thr Asn Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr  
50 55 60

Ser Gly Pro Gly Asn Tyr Tyr Ser Tyr Ala His Val Tyr Asp Ile Asp  
65 70 75 80

Asp Tyr Met Arg Arg Ala Asp Gly Gly Arg Arg Ile Trp Asp Asn Thr  
85 90 95

Thr Pro Val Asn Asn Val Asp Ser Ala Asn Val Val Leu Gln Gly Gly  
100 105 110

Glu Ala Pro His Thr Thr Thr Asn Thr Ile Asn Lys Glu Cys Ile Gln  
115 120 125

Gln Val His Gln Ser Pro Gly Ser Pro Gln Val Val Trp Gln Asp Asn  
130 135 140

Ile Glu Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu  
145 150 155 160

Ala Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Arg Ile Ser Ser  
165 170 175

Leu Pro Val Thr Lys Tyr Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys Thr  
180 185 190

Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Arg Arg Gly Asn  
195 200 205

Leu Gln Met Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser Cys Val  
210 215 220

Thr Arg Trp Leu Gly Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe Ala Glu  
225 230 235 240

Val Pro Gly Glu Asp Pro Glu Ala Met Ser Gln Gln Leu  
245 250

<210> 49  
<211> 249  
<212> PRT  
<213> Zea mays

<400> 49

Met Thr Ser Ser Arg Gln Met Glu Leu His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr  
20 25 30

Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Leu Met Asp Gly Phe Gln Asp Gln Gly  
35 40 45

Asn Pro Tyr Trp Thr Met Met His Thr Asn Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr  
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Asn Tyr Tyr Ser Tyr Ala His Ala Tyr Asp Ile Asp  
65 70 75 80

Asp Tyr Met His Arg Thr Asp Gly Gly Arg Arg Thr Trp Asp Asn Thr  
85 90 95

Thr Pro Val Asn Asn Val Asp Ser Ala Asn Val Val Leu Gln Gly Gly  
100 105 110



Glu Ala Pro Arg Thr Thr Ala Asn Thr Thr Ser Glu Asp Cys Ile Gln  
115 120 125

Gln Val His Gln Ser Pro Gly Ser Pro Gln Val Val Trp Gln Asp Asn  
130 135 140

Ile Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu  
145 150 155 160

Ala Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Cys Ile Ser Leu  
165 170 175

Leu Pro Ile Thr Lys Tyr Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys Thr  
180 185 190

Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Arg Arg Gly Asn  
195 200 205

Leu Gln Ile Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser Cys Val  
210 215 220

Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe Ala Glu  
225 230 235 240

Val Pro Gly Glu Asp Ser Leu Arg Gln  
245

<210> 50  
<211> 272  
<212> PRT  
<213> *Oryza sativa*

<400> 50

Met Thr Glu Ser His Glu Arg Asp Thr Glu Val Thr Arg Trp Gln Val  
1 5 10 15

His Asp Pro Ser Glu Gly Met Asn Gly Ser Arg Gln Met Glu Leu His  
20 25 30

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

Phe Phe Glu Gly Leu Thr Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Ile Ala Asp  
50 55 60

Ala Phe His Asp Gln Ala Asn Pro Tyr Trp Ala Met Met His Thr Asn  
65 70 75 80

Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr Ser Gly Ala Gly Asn Tyr Tyr Ser Tyr Gly

85

90

95

His Val Tyr Asp Met Asn Asp Tyr Met His Arg Ala Asp Gly Gly Arg  
 100 105 110

Arg Ile Trp Asp Asn Ala Thr Pro Val Asn Asn Thr Glu Ser Pro Asn  
 115 120 125

Val Val Leu Gln Gly Gly Glu Thr Pro His Ala Asn Thr Ser Ser Thr  
 130 135 140

Thr Glu Glu Cys Ile Gln Gln Gln Val His Gln Asn Ser Ser Ser Pro  
 145 150 155 160

Gln Val Ile Trp Gln Asp Asn Ile Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu  
 165 170 175

Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu  
 180 185 190

Ser Gln Glu Arg Ile Ser Leu Leu Pro Val Thr Lys Tyr Lys Cys Gly  
 195 200 205

Phe Phe Ser Arg Lys Lys Thr Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln  
 210 215 220

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

Val Tyr His Ala Ser Cys Val Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val  
 245 250 255

Cys Pro Val Cys Phe Ala Glu Val Pro Gly Asp Glu Pro Lys Arg Gln  
 260 265 270

<210> 51

<211> 250

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 51

Met Asn Gly Ser Arg Gln Met Glu Leu His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe  
 1 5 10 15

Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr  
 20 25 30

Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Ile Ala Asp Ala Phe His Asp Gln Ala  
 35 40 45

Asn Pro Tyr Trp Ala Met Met His Thr Asn Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr  
50 55 60

Ser Gly Ala Gly Asn Tyr Tyr Ser Tyr Gly His Val Tyr Asp Met Asn  
65 70 75 80

Asp Tyr Met His Arg Ala Asp Gly Gly Arg Arg Ile Trp Asp Asn Ala  
85 90 95

Thr Pro Val Asn Asn Thr Glu Ser Pro Asn Val Val Leu Gln Gly Gly  
100 105 110

Glu Thr Pro His Ala Asn Thr Ser Ser Thr Thr Glu Glu Cys Ile Gln  
115 120 125

Gln Gln Val His Gln Asn Ser Ser Ser Pro Gln Val Ile Trp Gln Asp  
130 135 140

Asn Ile Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly  
145 150 155 160

Glu Ala Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Arg Ile Ser  
165 170 175

Leu Leu Pro Val Thr Lys Tyr Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys  
180 185 190

Thr Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Arg Arg Gly  
195 200 205

Asn Leu Gln Met Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser Cys  
210 215 220

Val Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe Ala  
225 230 235 240

Glu Val Pro Gly Asp Glu Pro Lys Arg Gln  
245 250

<210> 52

<211> 251

<212> PRT

<213> Brachypodium distachyon

<400> 52

Met Asn Gly Ser Arg Gln Met Glu Leu His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr  
20 25 30

Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Leu Ala Asp Ala Phe Gln Asp Gln Ala  
35 40 45

Asn Pro Tyr Trp Thr Met Met Gln Thr Asn Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr  
50 55 60

Ser Gly Ala Ser Asn Tyr Tyr Ser Tyr Gly His Val Tyr Asp Met Asn  
65 70 75 80

Asp Tyr Met His Arg Ala Asp Gly Gly Arg Arg Ile Trp Asp Asn Pro  
85 90 95

Thr Pro Ala Ser Asn Thr Asp Ser Pro Asn Val Val Leu Gln Gly Ala  
100 105 110

Ala Glu Ala Pro His Pro Arg Ala Ser Ser Thr Thr Glu Glu Cys Ile  
115 120 125

Gln Gln Pro Val His Gln Asn Ser Ser Ser Pro Gln Val Val Trp Gln  
130 135 140

Asp Asn Val Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu  
145 150 155 160

Gly Glu Ala Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Arg Ile  
165 170 175

Ser Ser Leu Pro Val Thr Lys Tyr Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys  
180 185 190

Lys Thr Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Arg Arg  
195 200 205

Gly Asp Leu Gln Met Ala Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser  
210 215 220

Cys Val Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe  
225 230 235 240

Ala Glu Val Pro Ser Glu Glu Pro Ser Arg Gln  
245 250

<210> 53  
<211> 246  
<212> PRT

<213> Solanum lycopersicum

<400> 53

Met Asn Trp Asn Gln Gln Thr Glu Ile Tyr Tyr Thr Asn Gly Ala Met  
1 5 10 15

Pro Tyr Asn Ser Ile Gly Ser Phe Met Asp Phe Phe Gly Gly Val Thr  
20 25 30

Tyr Asp His Val Asn Tyr Ile Phe Ala Asp Pro Pro Tyr Ala Gln Glu  
35 40 45

Ser Leu Tyr Pro Ser Ile Ser Thr Asn Pro Tyr Lys Phe Gly Tyr Ser  
50 55 60

Glu Ala Gly Ser Phe Ser Tyr Tyr Asp Tyr Asp Arg Glu Tyr Val Val  
65 70 75 80

Asn Asp His Val Ser Gly Ile Glu Glu His Asp Arg His Leu Glu Asn  
85 90 95

Pro Ser Thr Thr Thr Val Asn Val Ala Ala Asn Val His Arg Glu Glu  
100 105 110

Ile Ser Gly Ser Asn Ser Leu Thr Asn Ser Val Glu Cys Pro Arg Gly  
115 120 125

Gln Ile Asn Thr Arg Asp Ser Glu Val Val Trp Gln Asp Asn Ile Asp  
130 135 140

Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Glu Leu Gly Glu Ala Val  
145 150 155 160

Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Asn Gln Ile Ser Leu Leu Pro  
165 170 175

Val Thr Lys Phe Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys Ser Arg Lys  
180 185 190

Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Lys Arg Lys Asp Gln Gln  
195 200 205

Val Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Gly Cys Gly Ser Arg  
210 215 220

Trp Leu Ser Ile Asn Lys Ala Cys Pro Ile Cys Tyr Thr Glu Val Val  
225 230 235 240

Ile Asn Thr Ser Lys Arg  
245

<210> 54  
<211> 10  
<212> PRT  
<213> Искусственная последовательность

<220>  
<223> Синтетическая последовательность: мотив LIM-домена

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (2)..(3)  
<223> Xaa представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (5)..(6)  
<223> Xaa представляет собой любую аминокислоту

<220>  
<221> VARIANT  
<222> (8)..(9)  
<223> Xaa представляет собой любую аминокислоту

<400> 54

His Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Cys  
1 5 10

**ФОРМУЛА ИЗОБРЕТЕНИЯ**

1. Способ увеличения урожайности растения или усиления связанного с урожайностью признака у растения, включающий:  
5 экспрессию белка DA1 в клетках указанного растения,  
причем аминокислотная последовательность указанного белка DA1 содержит мутацию, которая нарушает или инактивирует LIM-домен или LIM-подобный домен белка DA1.
- 10 2. Способ по п. 1, отличающийся тем, что указанный белок DA1 экспрессируют из гетерологичной кодирующей последовательности нуклеиновой кислоты в одной или нескольких клетках растения.
3. Способ получения растения с увеличенной урожайностью и/или с одним или  
15 несколькими усиленными признаками, связанными с урожайностью, включающий:  
введение в клетку растения гетерологичной нуклеиновой кислоты, которая кодирует белок DA1,  
причем аминокислотная последовательность указанного белка DA1 содержит мутацию, которая нарушает или инактивирует LIM-домен или LIM-подобный домен  
20 белка DA1, или  
введение в нуклеотидную последовательность клетки растения, кодирующую белок DA1, мутации, вследствие которой LIM-домен или LIM-подобный домен белка DA1 становится нарушенным или инактивированным, и  
регенерацию растения из клетки растения.  
25
4. Способ по любому из пп.1-3, отличающийся тем, что указанное растение, экспрессирующее белок DA1, характеризуется увеличенной продолжительностью жизни, размером органов и/или размером семян по сравнению с контролями.
- 30 5. Способ по любому из пп.1-4, отличающийся тем, что указанный белок DA1 с инактивированным LIM- и/или LIM-подобным доменом характеризуется нарушенной активностью пептидазы по сравнению с белком DA1 дикого типа.

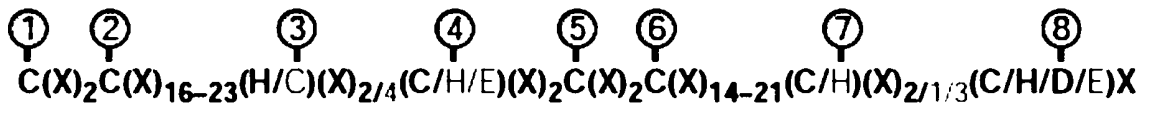
6. Способ по любому из пп.1-5, отличающийся тем, что указанный LIM-домен белка DA1 является инактивированным.
7. Способ по любому из пп.1-6, отличающийся тем, что указанный  
5 инактивированный LIM-домен белка DA1 содержит одно или несколько изменений последовательности по сравнению с LIM-доменом дикого типа, которые инактивируют активность или функцию LIM-домена.
8. Способ по п. 6 или 7, отличающийся тем, что указанный LIM-домен дикого  
10 типа содержит последовательность SEQ ID NO: 1 или SEQ ID NO: 2.
9. Способ по любому из пп. 6 – 8, отличающийся тем, что указанный LIM-домен дикого типа содержит два мотива «цинкового пальца», и изменения последовательности устраняют один или оба мотива «цинкового пальца».
- 15
10. Способ по любому из пп. 7 – 9, отличающийся тем, что указанные изменения последовательности включают мутацию одного или нескольких остатков, координирующих Zn, в LIM-домене.
- 20
11. Способ по любому из пп. 7 – 10, отличающийся тем, что указанные изменения последовательности включают мутацию одного или нескольких остатков, не координирующих Zn, в LIM-домене.
- 25
12. Способ по п. 11, отличающийся тем, что указанные остатки в LIM-домене, не координирующие Zn, расположены в пределах 4 остатков от остатка в LIM-домене, координирующего Zn.
- 30
13. Способ по п. 11, отличающийся тем, что указанные остатки в LIM-домене, не координирующие Zn, расположены на 4 или более остатков дальше от остатка в LIM-домене, координирующего Zn.
14. Способ по любому из пп.1-13, отличающийся тем, что указанный LIM-подобный домен белка DA1 является инактивированным.



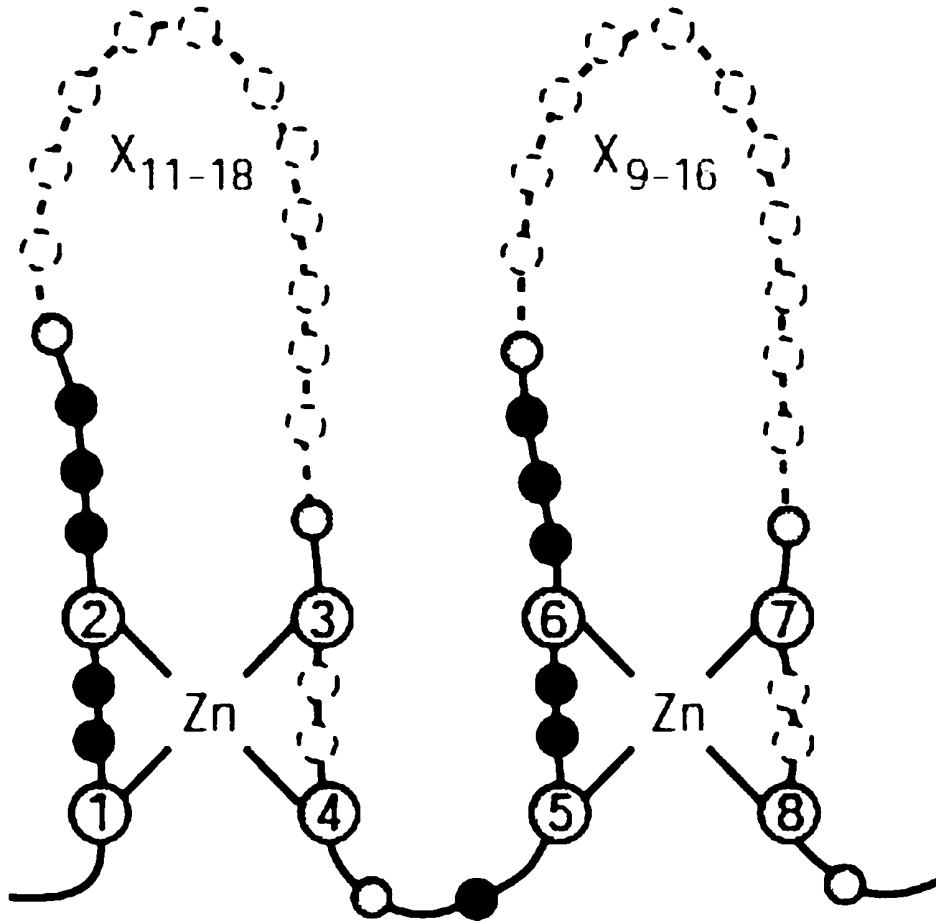
15. Способ по п. 14, отличающийся тем, что указанный инактивированный LIM-подобный домен белка DA1 содержит одно или несколько изменений последовательности по сравнению с LIM-подобным доменом дикого типа, которые инактивируют активность или функцию LIM-подобного домена.
- 5
16. Способ по п. 14 или п. 15, отличающийся тем, что указанный LIM-подобный домен дикого типа содержит последовательность SEQ ID NO: 28, 29, 30 или 31.
17. Способ по любому из пп. 14 – 16, отличающийся тем, что указанный LIM-подобный домен дикого типа содержит два мотива «цинкового пальца», и изменения последовательности устраняют один или оба мотива «цинкового пальца».
- 10
18. Способ по любому из пп. 14 – 17, отличающийся тем, что указанные изменения последовательности включают мутацию одного или нескольких остатков, координирующих Zn, в LIM-подобном домене.
- 15
19. Способ по любому из пп. 14 – 16, отличающийся тем, что указанные изменения последовательности включают мутацию одного или нескольких остатков, не координирующих Zn, в LIM-подобном домене.
- 20
20. Способ по п. 19, отличающийся тем, что указанные остатки, не координирующие Zn, в LIM-подобном домене расположены в пределах 4 остатков от остатка, координирующего Zn, в LIM-домене.
- 25
21. Способ по п. 19, отличающийся тем, что указанные другие остатки в LIM-подобном домене расположены на 4 или более остатков дальше от консервативного остатка цистеина в LIM-подобном домене.
- 30
22. Способ по любому из предшествующих пунктов, отличающийся тем, что указанный белок DA1 содержит С-концевую область, которая характеризуется идентичностью последовательности по меньшей мере 20% остаткам с 229 по 532 SEQ ID NO: 8.

23. Способ по п. 22, отличающийся тем, что указанная С-концевая область содержит мотив металлопептидазы HEMMH (SEQ ID NO: 32).
24. Способ по п. 22 или п. 23, отличающийся тем, что указанная С-концевая область  
5 содержит аминокислотную последовательность EK(X)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEEQ (SEQ ID NO: 33) или EK(X)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEQ (SEQ ID NO: 34).
25. Способ по любому из пп.1-24, отличающийся тем, что указанный белок DA1  
10 содержит домен UIM1 согласно SEQ ID NO: 35 и домен UIM2 согласно SEQ ID NO: 36.
26. Способ по любому из пп.1-25, отличающийся тем, что указанный белок DA1  
15 содержит одно или нескольких изменений последовательности по сравнению с последовательностью DA1 дикого типа, которые нарушают или инактивируют активность или функцию LIM-домена.
27. Способ по п. 26, отличающийся тем, что указанная последовательность DA1  
20 дикого типа содержит аминокислотную последовательность согласно любой из SEQ ID NO: 4 – 27 или представляет собой вариант указанной последовательности.
28. Способ по п. 27, отличающийся тем, что указанная последовательность DA1  
25 дикого типа содержит аминокислотную последовательность, которая характеризуется идентичностью последовательности по меньшей мере 50% любой из SEQ ID NO: 4 – 27.
29. Способ по любому из пп.1-28, отличающийся тем, что нуклеиновая кислота,  
кодирующая указанный белок DA1, функционально связана с гетерологичным промотором.
30. Способ по п. 29, отличающийся тем, что указанный промотор представляет  
30 собой тканеспецифичный промотор или индуцибельный промотор.

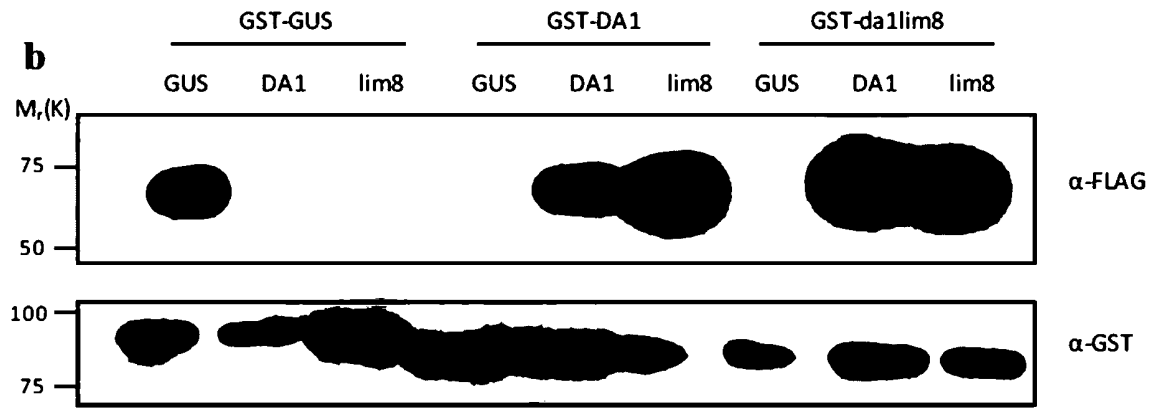
31. Способ по любому из пп. 29 – 30, отличающийся тем, что указанная нуклеиновая кислота, кодирующая белок DA, содержится в одном или нескольких векторах.
- 5 32. Способ по любому из пп.1-31, отличающийся тем, что указанное растение или клетка растения дефицитна по экспрессии или активности EOD1.
33. Способ по любому из пп.1-32, включающий выбор растения или клетки растения, которые характеризуются увеличенной урожайностью или одним или  
10 несколькими усиленными признаками, связанными с урожайностью, по сравнению с контрольными растениями.
34. Способ по любому из пп.1-33, включающий половое или вегетативное размножение либо выращивание потомка или потомства растения, экспрессирующего  
15 белок DA1.
35. Способ по любому из пп.1-34, отличающийся тем, что указанное растение представляет собой высшее растение.
- 20 36. Способ по п. 35, отличающийся тем, что указанное растение представляет собой сельскохозяйственное растение, которое выбирают из группы, включающей *Lithospermum erythrorhizon*, *Taxus* spp, табак, тыкву, морковь, овощную культуру рода Капуста, дыню, перец однолетний, виноград, салат, клубнику, масличную культуру рода Капуста, сахарную свеклу, пшеницу, ячмень, маис, рис, сою, горох, сорго,  
25 подсолнечник, помидор, картофель, перец, хризантему, гвоздику, лен, коноплю и рожь.
37. Клетка растения, содержащая гетерологичную нуклеиновую кислоту, кодирующую белок DA1, который содержит нарушенный или инактивированный LIM-  
домен.  
30
38. Растение, содержащее клетку растения по п. 37.
39. Растение по п. 38, полученное способом по любому из пп. 1 - 36.



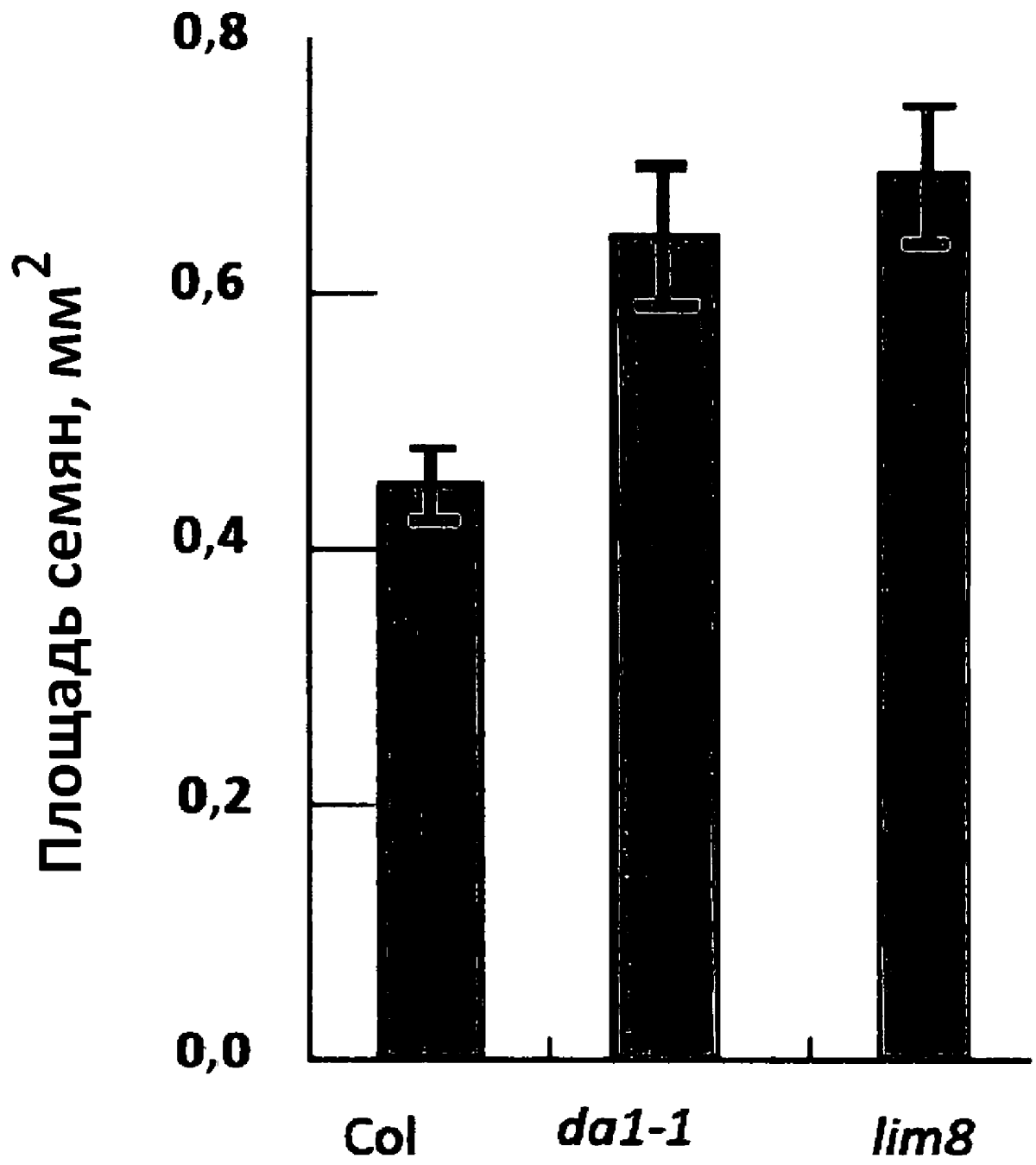
Фигура 1



Фигура 2



Фигура 3



Фигура 4