

(19)



Евразийское
патентное
ведомство

(11) 037142

(13) B1

(12) ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ЕВРАЗИЙСКОМУ ПАТЕНТУ

(45) Дата публикации и выдачи патента
2021.02.10

(21) Номер заявки
201591444

(22) Дата подачи заявки
2014.03.14

(51) Int. Cl. C12N 15/82 (2006.01)
C12N 15/87 (2006.01)
A01H 5/00 (2006.01)

(54) МУТИРОВАННЫЕ ГЕНЫ АЛЛЕНОКСИДСИНТАЗЫ 2 (AOS2)

(31) 61/785,059

(32) 2013.03.14

(33) US

(43) 2016.03.31

(86) PCT/US2014/029434

(87) WO 2014/153178 2014.09.25

(71)(73) Заявитель и патентовладелец:
СИБАС ЮС ЛЛС (US); СИБАС
ЮРОП Б.В. (NL)

(72) Изобретатель:
Гунавардена Увини, Гокал Грегори
Ф.в., Битэм Питер Р., Волкер Кейт А.
(US)

(74) Представитель:
Нилова М.И. (RU)

(56) GenBank Submission ABD15175.1.
Allene oxide synthase 2 [*Solanum tuberosum*].
(26 June 2008) [Retrieved from the Internet
10 July 2014: <[http://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/86769479?report=genbank&log\\$=protalign&blast_rank=1&RID=VWERVDMJ014](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/86769479?report=genbank&log$=protalign&blast_rank=1&RID=VWERVDMJ014)>];
in entirety

Pajerowska-Mukhtar et al. Single nucleotide
polymorphisms in the allene oxide synthase 2 gene
are associated with field resistance to late blight in
populations of tetraploid potato cultivars. *Genetics*
2009, 181(3):1115-27; abstract, pg. 1125, col. 1

(57) Предложены композиции и способы, связанные с мутациями генов и/или белков в растениях. Некоторые варианты реализации изобретения относятся к мутациям в гене алленоксидсинтазы 2 (т.е. AOS2). Некоторые варианты реализации изобретения относятся к растениям, которые устойчивы к патогену.

B1

037142

037142

B1

Настоящая заявка испрашивает приоритет на основании предварительной заявки на патент США 61/785059, поданной 14 марта 2013 года, содержание которой включено в настоящее описание посредством ссылки.

Область техники

Изобретение относится отчасти к мутациям генов и/или белков в растениях.

Уровень техники

Нижеследующее рассмотрение уровня техники приведено исключительно для облегчения понимания настоящего изобретения и не описывает и не составляет известный уровень техники.

Phytophthora infestans (Pi) представляет собой организм, который принадлежит к типу Oomycota и может вызывать разрушительное заболевание у картофеля (*Solanum tuberosum*), также известное как фитофтороз. Род *Phytophthora* вызывает заболевание у других видов растений, таких как томат, соя, перец и табак. С Pi справлялись путем применения химикатов, таких как метилбромид и металаксил.

Существуют данные о связи между геном алленоксидсинтазы *Solanum tuberosum* (StAOS2) и устойчивостью к фитофторозу. В Pajerowska-Mukhtar et al., *Planta* 228:293 (2008) описано, что "[естественная] изменчивость алленоксидсинтазы 2 картофеля является причиной различий уровней жасмонатов и устойчивости к патогенам у *Arabidopsis*". В Pajerowska-Mukhtar et al., *Genetics* 181:1115 (2009) описано, что "[основная] взаимосвязь была обнаружена в локусе StAOS2, кодирующем алленоксидсинтазу 2, ключевой фермент в биосинтезе жасмонатов..." и "[два] SNP в локусе StAOS2 были связаны с наибольшим влиянием на устойчивость. StAOS2_snp691 и StAOS2_snp692..."

Краткое описание изобретения

Изобретение относится отчасти к способам и композициям, связанным с мутациями генов и белков в растениях. Некоторые аспекты и варианты реализации настоящего изобретения могут также относиться к композициям и способам для получения устойчивых к патогену растений. Некоторые аспекты и варианты реализации настоящего изобретения могут также относиться к композициям и способам для получения трансгенного или нетрансгенного растения с нормальной или измененной оценкой зрелости. Некоторые аспекты и варианты реализации настоящего изобретения могут также относиться к композициям и способам для получения трансгенного или нетрансгенного растения с повышенными уровнями жасмоновой кислоты. Настоящее изобретение также относится, по меньшей мере отчасти, к композициям и способам, связанным с мутациями в гене (генах)/аллеле (аллелях) алленоксидсинтазы (AOS2). В соответствии с одним из аспектов предложено растение или растительная клетка, содержащая мутированный ген AOS2. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2. В некоторых вариантах реализации растение, содержащее растительную клетку, которая содержит мутированный ген AOS2, может быть устойчивым к патогену; например, устойчивым к патогену растений, такому как *Phytophthora infestans* (Pi). В некоторых вариантах реализации растение, содержащее растительную клетку, которая содержит мутированный ген AOS2, может иметь измененную оценку зрелости. В некоторых вариантах реализации растение, содержащее растительную клетку, которая содержит мутированный ген AOS2, может содержать повышенные уровни жасмоновой кислоты.

В соответствии с любым из различных аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, растение или растительная клетка может относиться к любому виду двудольного, однодольного или голосеменного растения, включая любой вид древесных растений, который растет в виде дерева или кустарника, любой вид травянистых растений или любой вид, который дает съедобные плоды, семена или овощи, или любой вид, который дает яркие или ароматические цветы. Например, растение или растительная клетка может быть выбрана из вида растения, выбранного из группы, состоящей из картофеля, подсолнечника, сахарной свеклы, кукурузы, хлопчатника, сои, пшеницы, ржи, овса, риса, канолы, фруктов, овощей, табака, баклажана, ячменя, boxthane, сорго, томата, физалиса клейкоплодного, тамарилло, манго, персика, яблока, груши, клубники, банана, дыни, плодов годжи, паслена черного, физалиса пушистого, моркови, латука, лука репчатого, видов сои, сахарного тростника, гороха, конских бобов, тополя, винограда, цитруса, люцерны, ржи, овса, газонных и кормовых трав, тыквы, льна, масличной культуры, огурца, тыквы крупноплодной столовой, тыквы обыкновенной, арбуза, дыни мускусной, ипомеи, бальзамина, перца, сладкого перца, перца красного стручкового, перца чили, паприки, перца гвоздичного, хабанеро, перца кайенского, баклажана, календулы, лотоса, капусты, маргаритки, гвоздики, тюльпана, касатика, лилии и растений, образующих орехи, в той мере, в какой они еще не упомянуты специально. Растение или растительная клетка может также относиться к виду, выбранному из группы, состоящей из *Arabidopsis thaliana*, *Solanum tuberosum*, *Solanum phureja*, *Oryza sativa*, *Amaranthus tuberculatus* и *Zea mays*. В различных вариантах реализации растения, описанные в настоящем документе, могут относиться к любому виду семейства Solanaceae.

В соответствии с любым из различных аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, растение или растительная клетка может представлять собой картофель любого коммерческого сорта. Например, растение или растительная клетка может быть выбрана из сорта картофеля, выбранного из группы, состоящей из

Anya, Arran Victory, Atlantic, Belle de Fontenay, BF-15, Bintje, Cabritas, Camota, Chelina, Chiloé, Cielo, Clavela Blanca, Désirée, Fianna, Fingerling, Flava, Fontana, Golden Wonder, Innovator, Jersey Royal, Kerr's Pink, Kestrel, King Edward, Kipfler, Lady Balfour, Maris Piper, Nicola, Pachacoña, Pink Eye, Pink Fir Apple, Primura, Red Norland, Red Pontiac, Rooster, Russet Burbank, Russet Norkotah, Shepody, Spunta, Vivaldi, Yukon Gold, Nyayo, Mukori, Roslin Tana, Kerr's Pink/Meru, Golof, Kinongo, Ngure, Kenya Baraka, Maritta, Kihoro, Americar, Roslin Bvumbwe, Njine, Roslin Gucha, Arka, B53 (Roslin Eburu), Kiraya, Kenya Akiba, 9, Original, Gituma, Mukorino, Amin, Pimpernel, Anett, B, Gituru, Feldeslohn, C, Kigeni, Romano, Kenya Ruaka, Purplu, Njae, Suzanna, Cardinal, Kathama, Kinare-Mwene, Kibururu, Karoa-Igura, Muturu, Faraja, Kiamucove, Michiri, Rugano, Njine Giathireko, Meru Mix, Blue Baranja, Patrones, Robijn, Roslin Chania, Urgentia, Mirka и Roslin Sasamua.

В настоящем описании термин "ген AOS2" относится к последовательности ДНК, которая способна генерировать полипептид, представляющий собой алленоксидсинтазу 2 (AOS2), который обладает гомологией и/или аминокислотной идентичностью аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 1, и/или кодирует белок, который демонстрирует активность AOS2. В некоторых вариантах реализации ген AOS2 на 70; 75; 80; 85; 90; 95; 96; 97; 98; 99 или 100% идентичен конкретному гену AOS2; например гену AOS2 Solanum tuberosum, например StAOS2. В некоторых вариантах реализации ген AOS2 на 60; 70; 75; 80; 85; 90; 95; 96; 97; 98; 99 или 100% идентичен последовательности, выбранной из SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48 и 50. В настоящем описании термин "устойчивость к патогену" относится к признакам растений, которые уменьшают рост патогена после того, как произошло инфицирование патогенным изолятом.

В настоящем описании термин "толерантность к патогену" относится к способности растения уменьшать влияние инфекции на приспособляемость растения. В некоторых вариантах реализации устойчивое к патогену растение может демонстрировать некротические поражения, которые ограничены и/или не распространяются неопределенным образом. В некоторых вариантах толерантного к патогену растения наблюдают незначительный некроз или отсутствие некроза, но могут быть насыщенные водой поражения. В некоторых вариантах реализации толерантное к патогену растение может пережить инфекцию с минимальным повреждением или малым снижением собираемого урожая товарной продукции.

В настоящем описании термин "мутация" относится к изменению по меньшей мере одного нуклеотида в последовательности нуклеиновой кислоты и/или изменению по меньшей мере одной аминокислоты в полипептиде относительно обычной последовательности или последовательности дикого типа, или эталонной последовательности, например SEQ ID NO: 1 или SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации термин "мутация" относится к изменению по меньшей мере одного нуклеотида в последовательности нуклеиновой кислоты и/или изменению по меньшей мере одной аминокислоты в полипептиде относительно нуклеотидной или аминокислотной последовательности белка AOS2, которая не обеспечивает приемлемый уровень устойчивости и/или толерантности к патогену. В некоторых вариантах реализации мутация может включать замену, делецию, инверсию или встраивание. В некоторых вариантах реализации замена, делеция, встраивание или инверсия может включать изменение более одного нуклеотида. В некоторых вариантах реализации замена, делеция, встраивание или инверсия может включать изменение положений 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23 или 24 нуклеотидов. В некоторых вариантах реализации замена, делеция, встраивание или инверсия может включать изменение положений 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11 или 12 аминокислот. Термин "нуклеиновая кислота" или "последовательность нуклеиновой кислоты" относится к олигонуклеотиду, нуклеотиду или полинуклеотиду и их фрагментам или частям, которые могут быть одно-или двухцепочечными и представлять собой смысловую или бессмысловую цепь. Нуклеиновая кислота может включать ДНК или РНК и может быть природного или синтетического происхождения. Например, нуклеиновая кислота может включать мРНК или кДНК, или геномную ДНК. Нуклеиновая кислота может включать нуклеиновую кислоту, которая была амплифицирована (например, с использованием полимеразной цепной реакции). Обозначение "НТдт ### НТмут" используется для указания на мутацию, приводящую к замене нуклеотида дикого типа НТдт в положении ### в нуклеиновой кислоте на мутантный НТмут. Однобуквенное обозначение нуклеотидов является таким, как описано в руководстве Патентного ведомства США по процедуре патентной экспертизы, раздел 2422, табл.1. В этом отношении обозначение нуклеотида "R" означает пурин, такой как гуанин или аденин, "Y" означает пиримидин, такой как цитозин или тимин (урацил в случае РНК); "M" означает аденин или цитозин; "K" означает гуанин или тимин; и "W" означает аденин или тимин.

В настоящем описании термин "мутированный ген AOS2" относится к гену алленоксидсинтазы 2

(AOS2), содержащему одну или более мутаций в положениях нуклеотидов относительно эталонной последовательности нуклеиновой кислоты AOS2 (например, SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48 и/или 50). В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 содержит одну или более мутаций относительно соответствующей последовательности AOS2 дикого типа. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 содержит одну или более мутаций относительно соответствующей последовательности AOS2, кодирующей белок AOS2, который не обеспечивает приемлемый уровень устойчивости и/или толерантности к патогену. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 содержит одну или более мутаций относительно, например, SEQ ID NO: 2, в гомологичных положениях его паралога. В некоторых вариантах реализации ген AOS2 модифицирован с помощью по меньшей мере одной мутации. В некоторых вариантах реализации ген AOS2 модифицирован с помощью по меньшей мере двух мутаций. В некоторых вариантах реализации ген AOS2 модифицирован с помощью по меньшей мере трех мутаций. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует один или более мутированных белков AOS2, таких как описаны в настоящем документе. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 представляет собой мутированный ген/аллели AOS2 *Solanum tuberosum*; например StAOS2. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 представляет собой мутированный ген/аллель AOS2 *Désirée*. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 представляет собой мутированный ген/аллель AOS2 *Bintje*. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 представляет собой мутированный ген/аллель AOS2 *Fontana*. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 представляет собой мутированный ген/аллели AOS2 *Innovator*.

В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 содержит А в положении, соответствующем положению 691 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 содержит С в положении, соответствующем положению 692 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 содержит А в положении, соответствующем положению 678 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 содержит Т в положении, соответствующем положению 681 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 содержит С в положении, соответствующем положению 727 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 содержит А в положении, соответствующем положению 744 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 содержит С в положении, соответствующем положению 774 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 содержит А в положении, соответствующем положению 879 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 содержит А в положении, соответствующем положению 900 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 содержит С в положении, соответствующем положению 954 последовательности SEQ ID NO: 2. В настоящем описании термин "белок AOS2" относится к белку, который обладает гомологией и/или аминокислотной идентичностью белку AOS2 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 и/или 49, и/или демонстрирует активность AOS2. В некоторых вариантах реализации белок AOS2 на 70; 75; 80; 85; 90; 95; 96; 97; 98; 99 или 100% идентичен конкретному белку AOS2 (например, SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 или 49), такому как, например, белок AOS2 *Solanum tuberosum*. В некоторых вариантах реализации мутированный белок AOS2 представляет собой мутированный белок AOS2 *Désirée*. В некоторых вариантах реализации мутированный белок AOS2 представляет собой мутированный белок AOS2 *Bintje*. В некоторых вариантах реализации мутированный белок AOS2 представляет собой мутированный белок AOS2 *Fontana*. В некоторых вариантах реализации мутированный белок AOS2 представляет собой мутированный белок AOS2 *Innovator*. В некоторых вариантах реализации белок AOS2 на 70; 75; 80; 85; 90; 95; 96; 97; 98; 99 или 100% идентичен последовательности, выбранной из последовательностей на фиг. 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 и/или 49.

В настоящем описании термин "мутированный белок AOS2" относится к белку AOS2, содержащему одну или более мутаций в положениях аминокислот относительно эталонной аминокислотной последовательности AOS2 или в гомологичных положениях его паралога. В некоторых вариантах реализации мутированный белок AOS2 содержит одну или более мутаций относительно эталонной аминокислотной последовательности AOS2, например эталонной аминокислотной последовательности AOS2 с SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 или 49, или ее частей. В некоторых вариантах реализации мутированный белок AOS2 содержит одну или более мутаций относительно соответствующего белка AOS2 дикого типа. В некоторых вариантах реализации мутированный белок AOS2 содержит одну или более мутаций в положении, соответствующем положениям, выбранным из группы, состоящей из 6, 12, 30, 37, 46, 48, 51, 76, 113, 145, 187, 197, 200, 227, 231, 256, 264, 270, 282, 289, 292, 309, 320, 328, 337, 338, 357, 381, 394, 407, 423, 430, 439, 467, 480, 494 и 495 последовательности SEQ ID NO: 1. В некоторых вариантах реализации мутированный белок AOS2 содержит одну или более мутаций относительно эталонной аминокислотной последовательности AOS2, при этом указанная эта-

[illegible]

торых вариантах реализации белок AOS2 модифицирован с помощью по меньшей мере двенадцати мутаций. В некоторых вариантах реализации мутированный белок AOS2 представляет собой один или более белков AOS2 *Solanum tuberosum*. В некоторых вариантах реализации термин "мутированный белок AOS2" относится к белку AOS2, который обеспечивает повышенную устойчивость и/или толерантность к одному или более патогенам по сравнению с эталонным белком.

В настоящем описании термин "ниже чем приемлемый уровень устойчивости и/или толерантности к патогену" означает, что чувствительность растения или сельскохозяйственной культуры к патогену снижает или губит коммерческую рентабельность указанного растения или сельскохозяйственной культуры. В некоторых вариантах реализации ниже чем приемлемый уровень устойчивости и/или толерантности к патогену снижает рентабельность растения или сельскохозяйственной культуры по меньшей мере на 10%; или по меньшей мере на 25%; или по меньшей мере на 50%; или по меньшей мере на 75%; или по меньшей мере на 100% по сравнению с аналогичным растением или сельскохозяйственной культурой, которая является устойчивой и/или толерантной к патогену. Рентабельность сельскохозяйственной культуры или растения с "приемлемым уровнем устойчивости и/или толерантности" к патогену, напротив, по существу не снижается или не губится вследствие воздействия патогена. В некоторых вариантах реализации рентабельность растения или сельскохозяйственной культуры снижается менее чем на 20%; или менее чем на 15%, или менее чем на 10% в результате воздействия патогена. Рентабельность сельскохозяйственной культуры или растения с "уровнем устойчивости и/или толерантности к патогену выше приемлемого" снижается менее чем на 10%; или менее чем на 5%, или менее чем на 2% в результате воздействия патогена.

В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, термин "мутация" относится к изменению по меньшей мере одного нуклеотида в гене AOS2 или изменению по меньшей мере одной аминокислоты в полипептиде относительно аминокислотной последовательности гена/белка AOS2, которое обеспечивает устойчивость и/или толерантность к патогену. В некоторых вариантах реализации термин "мутация" относится к изменению по меньшей мере одного нуклеотида в гене AOS2 или изменению по меньшей мере одной аминокислоты в полипептиде относительно аминокислотной последовательности белка AOS2, которая не обеспечивает приемлемый уровень устойчивости и/или толерантности к патогену. В некоторых вариантах реализации мутация может включать замену, делецию, инверсию или встраивание в одном или более положениях в гене и/или белке. В некоторых вариантах реализации замена, делеция, встраивание или инверсия может включать изменение в 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36 или 37 положениях аминокислот. В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, одна или более мутаций в мутированном белке AOS2 включает одну или более, две или более, три или более, четыре или более, пять или более, шесть или более, семь или более, восемь или более, девять или более, или десять или более, одиннадцать или более, двенадцать или более, тринадцать или более, четырнадцать или более, пятнадцать или более, шестнадцать или более, семнадцать или более, восемнадцать или более, девятнадцать или более, двадцать или более, двадцать одну или более, двадцать две или более, двадцать три или более, двадцать четыре или более, двадцать пять или более, двадцать шесть или более, двадцать семь или более, двадцать восемь или более, двадцать девять или более, тридцать или более, тридцать одну или более, тридцать две или более, тридцать три или более, тридцать четыре или более, тридцать пять или более, тридцать шесть или более, тридцать семь или более мутаций в положениях, соответствующих положениям, выбранным из группы, состоящей из 6, 12, 30, 37, 46, 48, 51, 76, 113, 145, 187, 197, 200, 227, 231, 256, 264, 270, 282, 289, 292, 309, 320, 328, 337, 338, 357, 381, 394, 407, 423, 430, 439, 467, 480, 494 и 495 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 и/или 49.

В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, одна или более мутаций в мутированном белке AOS2 включает одну или более, две или более, три или более, четыре или более, пять или более, шесть или более, семь или более, восемь или более, девять или более, или десять или более, одиннадцать или более, двенадцать или более, тринадцать или более, четырнадцать или более, пятнадцать или более, шестнадцать или более, семнадцать или более, восемнадцать или более, девятнадцать или более, двадцать или более, двадцать одну или более, двадцать две или более, двадцать три или более, двадцать четыре или более, двадцать пять или более мутаций в положениях, выбранных из группы, состоящей из S6, P12, R12, V30, T37, F46, L46, 148, T48, 151, D76, D113, G113, Y145, F187, D197, E197, T200, T227, G231, T231, F256, V256, T264, F270, F282, S282, N289, S289, A292, I309, L309, L320, M320, L328, V328, D337, E337, L338, V338, I357, M357, L381, P381, K394, C407, G407, 1423, F430, A439 (где A обозначает делецию), G467, S467, T480, D494, G494 и K495 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 и/или 49.

В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, мутированный ген AOS2 содержит G в положении, соответствующем положению 231 последовательности SEQ ID NO: 1, и V в положении, соответствующем положению 328 последова-

тельности SEQ ID NO: 1. В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, одна или более мутаций в мутированном белке AOS2 включает одну или более мутаций, две или более мутаций, три или более мутаций, четыре или более мутаций, пять или более мутаций, шесть или более мутаций, семь или более мутаций, восемь или более мутаций, девять или более мутаций, или десять или более, одиннадцать или более, двенадцать или более, тринадцать или более, четырнадцать или более, пятнадцать или более, шестнадцать или более, семнадцать или более, восемнадцать или более, девятнадцать или более, двадцать или более, двадцать одну или более, двадцать две или более, двадцать три или более, двадцать четыре или более, двадцать пять или более мутаций, выбранных из группы, состоящей из F6S, R12P, P12R, A30V, I37T, L46F, F46L, V48T, V48I, T48I, I48T, M51I, D76N, N76D, G113D, D113G, F145Y, L187F, D197E, E197D, K200T, A227T, I231T, I231G, G231T, T231G, F256V, V256F, A264T, L270F, F282S, S282F, V289N, V289S, S289N, N289S, V292A, L309I, I309L, M320L, L320M, M328L, M328V, L328V, V328L, E337D, D337E, V338L, L338V, I357M, M357I, P381L, L381P, T394K, G407C, C407G, F423I, L430F, E439A, G467S, S467G, V480T, G494D, D494G и T495K. В некоторых вариантах реализации одна или более мутаций в мутированном белке AOS2 включает одну или более мутаций, две или более мутаций, три или более мутаций, четыре или более мутаций, пять или более мутаций, шесть или более мутаций, семь или более мутаций, восемь или более мутаций, девять или более мутаций или десять или более, одиннадцать или более, двенадцать или более, тринадцать или более, четырнадцать или более, пятнадцать или более, шестнадцать или более, семнадцать или более, восемнадцать или более, девятнадцать или более, двадцать или более, двадцать одну или более, двадцать две или более, двадцать три или более, двадцать четыре или более, двадцать пять или более мутаций, выбранных из группы, состоящей из: мутаций фенилаланин - серин в положении, соответствующем положению 6, аргинин - пролин в положении, соответствующем положению 12, пролин - аргинин в положении, соответствующем положению 12, аланин - валин в положении, соответствующем положению 30, изолейцин - треонин в положении, соответствующем положению 37, фенилаланин - лейцин в положении, соответствующем положению 46, лейцин - фенилаланин в положении, соответствующем положению 46, валин - треонин в положении, соответствующем положению 48, валин - изолейцин в положении, соответствующем положению 48, изолейцин - треонин в положении, соответствующем положению 48, треонин - изолейцин в положении, соответствующем положению 48, метионин - изолейцин в положении, соответствующем положению 51, аспарагин - аспарагиновая кислота в положении, соответствующем положению 76, аспарагиновая кислота - аспарагин в положении, соответствующем положению 76, аспарагиновая кислота - глицин в положении, соответствующем положению 113, глицин - аспарагиновая кислота в положении, соответствующем положению 113, фенилаланин - тирозин в положении, соответствующем положению 145, лейцин - фенилаланин в положении, соответствующем положению 187, аспарагиновая кислота - глутаминовая кислота в положении, соответствующем положению 197, глутаминовая кислота - аспарагиновая кислота в положении, соответствующем положению 197, лизин - треонин в положении, соответствующем положению 200, аланин - треонин в положении, соответствующем положению 227, изолейцин - треонин в положении, соответствующем положению 231, изолейцин - глицин в положении, соответствующем положению 231, глицин - треонин в положении, соответствующем положению 231, треонин - глицин в положении, соответствующем положению 231, валин - фенилаланин в положении, соответствующем положению 256, фенилаланин - валин в положении, соответствующем положению 256, аланин - треонин в положении, соответствующем положению 264, лейцин - фенилаланин в положении, соответствующем положению 270, серин - фенилаланин в положении, соответствующем положению 282, фенилаланин - серин в положении, соответствующем положению 282, валин - аспарагин в положении, соответствующем положению 289, валин - серин в положении, соответствующем положению 289, серин - аспарагин в положении, соответствующем положению 289, аспарагин - серин в положении, соответствующем положению 289, валин - аланин в положении, соответствующем положению 292, изолейцин - лейцин в положении, соответствующем положению 309, лейцин - изолейцин в положении, соответствующем положению 309, лейцин - метионин в положении, соответствующем положению 320, метионин - лейцин в положении, соответствующем положению 320, метионин - лейцин в положении, соответствующем положению 328, метионин - валин в положении, соответствующем положению 328, валин - лейцин в положении, соответствующем положению 328, лейцин - валин в положении, соответствующем положению 328, аспарагиновая кислота - глутаминовая кислота в положении, соответствующем положению 337, глутаминовая кислота - аспарагиновая кислота в положении, соответствующем положению 337, лейцин - валин в положении, соответствующем положению 338, валин - лейцин в положении, соответствующем положению 338, метионин - изолейцин в положении, соответствующем положению 357, изолейцин - метионин в положении, соответствующем положению 357, лейцин - пролин в положении, соответствующем положению 381, пролин - лейцин в положении, соответствующем положению 381, треонин - лизин в положении, соответствующем положению 394, цистеин - глицин в положении, соответствующем положению 407, глицин - цистеин в положении, соответствующем положению 407, фенилаланин - изолейцин в положении, соответствующем положению 423, лейцин - фенилаланин в положении, соответствующем положению 430, серин - глицин в положении, соответствующем положению 467, глицин - серин в положении, соответствующем положению 467, валин - треонин в по-

ложении, соответствующем положению 480, аспарагиновая кислота - глицин в положении, соответствующем положению 494, глицин - аспарагиновая кислота в положении, соответствующем положению 494, треонин - лизин в положении, соответствующем положению 495 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 или 49, и мутации, представляющей собой делецию глутаминовой кислоты в положении, соответствующем положению 439 последовательности SEQ ID NO: 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 33, 39, 41, 43, 45, 47 или 49.

В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, мутированный белок AOS2 содержит SEQ ID NO: 1. В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, мутированный белок AOS2 содержит SEQ ID NO:3.

В соответствии с другим аспектом предложен способ получения растительной клетки. В некоторых вариантах реализации указанная растительная клетка содержит мутированный ген AOS2. В некоторых вариантах реализации указанный мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2. В некоторых вариантах реализации растительная клетка могут быть частью устойчивого к патогену растения. Указанный способ может включать введение в растительную клетку олигонуклеосложения репарации генов (GRON); например, с использованием GRON с целевой мутацией, с изменением нуклеотида в гомологичном положении в гене AOS2. В некоторых вариантах реализации растительная клетка, полученная указанным способом, может содержать ген AOS2, способный экспрессировать мутированный белок AOS2. Способ может дополнительно включать идентификацию растительной клетки или растения, содержащего растительную клетку, которая (1) содержит мутированный ген AOS2 и/или (2) демонстрирует нормальный или измененный рост и/или каталитическую активность AOS2, повышенную стабильность фермента AOS2, способность передавать сигнал, и/или (3) демонстрирует более высокую устойчивость и/или толерантность к патогену по сравнению с соответствующей растительной клеткой дикого типа. Устойчивое к патогену растение, содержащее растительную клетку, такую как описана в настоящем документе, может быть идентифицировано в присутствии патогена. В некоторых вариантах реализации растительная клетка является трансгенной. В некоторых вариантах реализации растительная клетка является нетрансгенной. Растение, содержащее растительную клетку, такую как описана в настоящем документе, может представлять собой нетрансгенное устойчивое/толерантное к патогену растение; например, растение и/или растительная клетка может содержать мутированный ген AOS2, который обуславливает устойчивость и/или толерантность по меньшей мере к одному патогену. В некоторых вариантах реализации растение, содержащее растительную клетку, описанную в настоящем документе, может быть получено бесполом способом; например, из одной или более растительных клеток или из растительной ткани, состоящей из одной или более растительных клеток; например, из клубня или части клубня картофеля, имеющего по меньшей мере один или два глазка (спящие почки), часто называемого семенным картофелем. В некоторых вариантах реализации растение, содержащее растительную клетку, такую как описана в настоящем документе, может быть получено половым способом с получением настоящего генетического семени.

В соответствии с другим аспектом предложен способ получения устойчивого и/или толерантного к патогену растения. Указанный способ может включать введение в растительную клетку олигонуклеосложения репарации генов (GRON); например, с использованием GRON с целевой мутацией, с изменением нуклеотида в гомологичном положении в гене AOS2. С помощью указанного способа можно получать растительную клетку с мутированным геном AOS2. Указанный мутированный ген AOS2 может экспрессировать мутированный белок AOS2. Указанный способ может дополнительно включать идентификацию растения, демонстрирующего нормальный или измененный рост, каталитическую активность белка AOS2, стабильность фермента AOS2 и/или способность передавать сигнал по сравнению с соответствующей растительной клеткой дикого типа. Указанный способ может дополнительно включать регенерацию устойчивого к патогену растения из растительной клетки с мутированным геном AOS2. Растение может быть идентифицировано в присутствии патогенов. В некоторых вариантах реализации растение является трансгенным. В некоторых вариантах реализации растение является нетрансгенным. В некоторых вариантах реализации растение может представлять собой нетрансгенное устойчивое к патогену растение; например, растение может содержать мутированный ген AOS2, который обуславливает повышенную устойчивость и/или толерантность по меньшей мере к одному патогену. В некоторых вариантах реализации растение может содержать мутированный ген AOS2, который позволяет получить растение с измененной оценкой зрелости. В некоторых вариантах реализации растение может содержать мутированный ген AOS2, который позволяет получить растение с оценкой поздней зрелости.

В соответствии с другим аспектом предложен способ получения растения с оценкой ранней, средней, среднеранней или поздней зрелости. Указанный способ может включать введение в растительную клетку олигонуклеосложения репарации генов (GRON); например, с использованием GRON с целевой мутацией, с изменением нуклеотида в гомологичном положении в гене AOS2. С помощью указанного способа можно получать растительную клетку с мутированным геном AOS2. Указанный мутированный ген AOS2 может экспрессировать мутированный белок AOS2. Указанный способ может дополнительно включать идентификацию растительной клетки, демонстрирующей нормальный рост и/или каталитиче-

скую активность по сравнению с соответствующей растительной клеткой дикого типа. Указанный способ может дополнительно включать регенерацию устойчивого к патогену растения из растительной клетки с мутированным геном AOS2. В некоторых вариантах реализации растение является нетрансгенным. Растение может представлять собой нетрансгенное растение с оценкой среднеранней зрелости. В некоторых вариантах реализации растение может представлять собой нетрансгенное устойчивое к патогену растение; например, растение может содержать мутированный ген AOS2, который обуславливает устойчивость и/или толерантность по меньшей мере к одному патогену. В некоторых вариантах реализации растение является трансгенным. Растение может представлять собой нетрансгенное растение с оценкой среднеранней зрелости. В некоторых вариантах реализации растение может представлять собой трансгенное устойчивое к патогену растение; например, растение может содержать мутированный ген AOS2, который обуславливает устойчивость и/или толерантность по меньшей мере к одному патогену.

В соответствии с другим аспектом предложен способ повышения уровней жасмоновой кислоты в растении. Указанный способ может включать введение в растительную клетку олигонуклеосложения репарации генов (GRON); например, с использованием GRON с целевой мутацией, с изменением нуклеотида в гомологичном положении в гене AOS2. С помощью указанного способа можно получать растительную клетку с мутированным геном AOS2. Указанный мутированный ген AOS2 может экспрессировать мутированный белок AOS2. Указанный способ может дополнительно включать идентификацию растения, демонстрирующего нормальный или измененный рост, каталитическую активность белка AOS2, стабильность фермента AOS2 и/или способность передавать сигнал по сравнению с соответствующей растительной клеткой дикого типа. Указанный способ может дополнительно включать регенерацию растения с повышенными уровнями жасмоновой кислоты из растительной клетки с мутированным геном AOS2. Растение может быть идентифицировано в присутствии патогенов. В некоторых вариантах реализации растение является нетрансгенным. В некоторых вариантах реализации растение может представлять собой нетрансгенное устойчивое к патогену растение; например, растение может содержать мутированный ген AOS2, который обуславливает устойчивость и/или толерантность по меньшей мере к одному патогену. В некоторых вариантах реализации растение может содержать мутированный ген AOS2, который позволяет получить растение с повышенными уровнями жасмоновой кислоты. В некоторых вариантах реализации растение является трансгенным. В некоторых вариантах реализации растение может представлять собой трансгенное устойчивое к патогену растение; например, растение может содержать мутированный ген AOS2, который обуславливает устойчивость и/или толерантность по меньшей мере к одному патогену. В некоторых вариантах реализации растение может содержать мутированный ген AOS2, который позволяет получить растение с повышенными уровнями жасмоновой кислоты.

В соответствии с другим аспектом предложен способ повышения устойчивости и/или толерантности растения к патогену. Указанный способ может включать введение в растительную клетку олигонуклеосложения репарации генов (GRON); например, с использованием GRON с целевой мутацией, с изменением нуклеотида в гомологичном положении в гене AOS2. С помощью указанного способа можно получать растительную клетку с мутированным геном AOS2. Указанный мутированный ген AOS2 может экспрессировать мутированный белок AOS2. Указанный способ может дополнительно включать идентификацию растения, демонстрирующего нормальный или измененный рост и/или каталитическую активность белка AOS2, и/или стабильность белка AOS2 по сравнению с соответствующей растительной клеткой дикого типа. Указанный способ может дополнительно включать регенерацию устойчивого к патогену растения из растительной клетки с мутированным геном AOS2. Растение может быть идентифицировано в присутствии патогена. В некоторых вариантах реализации растение является нетрансгенным. В некоторых вариантах реализации растение может представлять собой нетрансгенное устойчивое к патогену растение; например, растение может содержать мутированный ген AOS2, который обуславливает устойчивость и/или толерантность по меньшей мере к одному патогену. В некоторых вариантах реализации растение может содержать мутированный ген AOS2, который позволяет получить растение с оценкой среднеранней зрелости. В некоторых вариантах реализации растение может содержать мутированный ген AOS2, который позволяет получить растение с оценкой поздней зрелости. В некоторых вариантах реализации растение является трансгенным. В некоторых вариантах реализации растение может представлять собой трансгенное устойчивое к патогену растение; например, растение может содержать мутированный ген AOS2, который обуславливает устойчивость и/или толерантность по меньшей мере к одному патогену. В некоторых вариантах реализации растение может содержать мутированный ген AOS2, который позволяет получить растение с оценкой среднеранней зрелости. В некоторых вариантах реализации растение может содержать мутированный ген AOS2, который позволяет получить растение с оценкой поздней зрелости.

В соответствии с другим аспектом предложено растение или растительная клетка, содержащая мутированный ген AOS2. В некоторых вариантах реализации указанный мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Désirée. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Bintje. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Fontana. В некоторых вариантах реализации рас-

тение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Innovator. В некоторых вариантах реализации растение, содержащее растительную клетку, которая содержит мутированный ген AOS2, может быть устойчивым и/или толерантным к патогену. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка является нетрансгенной. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка является трансгенной.

В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, композиции и способы могут включать растение или растительную клетку, содержащую множественные гены AOS2, при этом каждый ген имеет два аллеля, в двух или более наборах хромосом. Например, тетраплоидное растение может содержать один, два, три или четыре мутированных аллеля AOS2. В некоторых вариантах реализации множественные гены AOS2 могут содержать одинаковую мутацию или разные мутации. В некоторых вариантах реализации множественные гены AOS2 могут содержать любую комбинацию или перестановку мутаций, например, мутаций AOS2, описанных в настоящем документе.

В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, растение или растительная клетка может содержать мутации в гене/аллеле/локусе AOS2 в одной или более хромосомах. Растение или растительная клетка может включать растение с различными кратными числами хромосом; например, по меньшей мере одним набором хромосом, по меньшей мере двумя наборами хромосом, по меньшей мере тремя наборами хромосом, по меньшей мере четырьмя наборами хромосом, по меньшей мере пятью наборами хромосом, по меньшей мере шестью наборами хромосом, по меньшей мере семью наборами хромосом, по меньшей мере восемью наборами хромосом, по меньшей мере девятью наборами хромосом, по меньшей мере десятью наборами хромосом, по меньшей мере одиннадцатью наборами хромосом и по меньшей мере двенадцатью наборами хромосом. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка включает растение с четырьмя наборами хромосом.

В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, мутированный ген AOS2 содержит по меньшей мере одну мутацию, которая обеспечивает устойчивость и/или толерантность к патогену, или по меньшей мере одну мутацию, которая обеспечивает оценку поздней зрелости. В некоторых вариантах реализации по меньшей мере одна мутация, которая обеспечивает устойчивость и/или толерантность к патогену, является такой же мутацией, что и по меньшей мере одна мутация, которая обеспечивает оценку поздней зрелости. В некоторых вариантах реализации по меньшей мере одна мутация, которая обеспечивает устойчивость и/или толерантность к патогену, отличается от по меньшей мере одной мутации, которая обеспечивает оценку поздней зрелости.

В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, мутированный ген AOS2 содержит по меньшей мере одну мутацию, которая обеспечивает устойчивость и/или толерантность к патогену, и по меньшей мере одну мутацию, которая обеспечивает оценку среднеранней зрелости. В некоторых вариантах реализации по меньшей мере одна мутация, которая обеспечивает устойчивость и/или толерантность к патогену, является такой же мутацией, что и по меньшей мере одна мутация, которая обеспечивает оценку среднеранней зрелости. В некоторых вариантах реализации по меньшей мере одна мутация, которая обеспечивает устойчивость и/или толерантность к патогену, отличается от по меньшей мере одной мутации, которая обеспечивает оценку среднеранней зрелости. В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, мутированный ген AOS2 содержит по меньшей мере одну мутацию, которая обеспечивает устойчивость и/или толерантность к патогену, и по меньшей мере одну мутацию, которая обеспечивает оценку ранней зрелости. В некоторых вариантах реализации по меньшей мере одна мутация, которая обеспечивает устойчивость и/или толерантность к патогену, является такой же мутацией, что и по меньшей мере одна мутация, которая обеспечивает оценку ранней зрелости. В некоторых вариантах реализации по меньшей мере одна мутация, которая обеспечивает устойчивость и/или толерантность к патогену, отличается от по меньшей мере одной мутации, которая обеспечивает оценку ранней зрелости.

В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, мутированный ген AOS2 содержит по меньшей мере одну мутацию, которая обеспечивает устойчивость и/или толерантность к патогену, и по меньшей мере одну мутацию, которая обеспечивает оценку средней зрелости. В некоторых вариантах реализации по меньшей мере одна мутация, которая обеспечивает устойчивость и/или толерантность к патогену, является такой же мутацией, что и по меньшей мере одна мутация, которая обеспечивает оценку средней зрелости. В некоторых вариантах реализации по меньшей мере одна мутация, которая обеспечивает устойчивость и/или толерантность к патогену, отличается от по меньшей мере одной мутации, которая обеспечивает оценку средней зрелости.

В соответствии с другим аспектом предложено семя, содержащее мутированный ген AOS2. В некоторых вариантах реализации указанное семя содержит мутированный ген AOS2. В некоторых вариантах реализации указанный мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2. В некоторых ва-

риантах реализации указанный мутированный белок AOS2 может быть устойчивым и/или толерантным к патогену. В некоторых вариантах реализации семя является устойчивым и/или толерантным к патогену. В некоторых вариантах реализации семя может содержать мутированный ген AOS2, который позволяет получить устойчивое и/или толерантное к патогену растение. В некоторых вариантах реализации семя является нетрансгенным. В некоторых вариантах реализации семя является трансгенным. В некоторых вариантах реализации семя может содержать мутированный ген AOS2, который позволяет получить растение с оценкой среднеранней зрелости. В некоторых вариантах реализации семя может содержать мутированный ген AOS2, который позволяет получить растение с оценкой поздней зрелости.

В соответствии с другим аспектом предложен вегетативный растительный материал, который позволяет получить новое растение, включая, но не ограничиваясь ими, клубни или их части, имеющие по меньшей мере один глазок, выращенные *in vitro* побеги, побеги с корнями или полученный из протопластов каллус, содержащий по меньшей мере один мутированный аллель AOS2. В некоторых вариантах реализации такой вегетативно размноженный материал содержит мутированный ген AOS2. В некоторых вариантах реализации указанный мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2. В некоторых вариантах реализации указанный мутированный белок AOS2 может быть устойчивым и/или толерантным к патогену. В некоторых вариантах реализации вегетативный материал является устойчивым и/или толерантным к патогену. В некоторых вариантах реализации вегетативный материал может содержать мутированный ген AOS2, который позволяет получить устойчивое и/или толерантное к патогену растение. В некоторых вариантах реализации вегетативный материал является нетрансгенным. В некоторых вариантах реализации вегетативный материал является трансгенным. В некоторых вариантах реализации вегетативный материал может содержать мутированный ген AOS2, который позволяет получить растение с оценкой среднеранней зрелости. В некоторых вариантах реализации вегетативный материал может содержать мутированный ген AOS2, который позволяет получить растение с оценкой поздней зрелости.

В соответствии с другим аспектом предложен способ повышения устойчивости и/или толерантности растения к патогену путем: (a) скрещивания первого растения со вторым растением, при котором первое растение содержит мутированный ген AOS2, при этом указанный ген кодирует мутированный белок AOS2; (b) скрининга популяции, полученной в результате скрещивания, на предмет повышенной устойчивости и/или толерантности к патогену; (c) отбора элемента, полученного в результате скрещивания, обладающего повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену; и (d) получения семян в результате скрещивания. В некоторых вариантах реализации гибридное семя получают любым из вышеуказанных способов. В некоторых вариантах реализации растения выращивают из семян, полученных любым из вышеуказанных способов. В некоторых вариантах реализации растения и/или семена являются нетрансгенными. В некоторых вариантах реализации растения и/или семена являются трансгенными. В некоторых вариантах реализации первое и второе растения представляют собой растения *Solanum tuberosum*. В некоторых вариантах реализации растения и/или семена имеют оценку ранней, среднеранней, средней или поздней зрелости.

В соответствии с другим аспектом предложена выделенная нуклеиновая кислота мутированного гена AOS2. В некоторых вариантах реализации выделенная нуклеиновая кислота кодирует мутированный белок AOS2. В некоторых вариантах реализации выделенная нуклеиновая кислота кодирует мутированный белок AOS2, который является устойчивым и/или толерантным к патогену. В некоторых вариантах реализации выделенная нуклеиновая кислота кодирует мутированный белок AOS2, который позволяет получить растение с оценкой ранней, средней, среднеранней или поздней зрелости.

В соответствии с другим аспектом предложен вектор экспрессии, содержащий выделенную нуклеиновую кислоту мутированного гена AOS2. В некоторых вариантах реализации указанный вектор экспрессии содержит выделенную нуклеиновую кислоту, кодирующую белок AOS2.

В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, способы и композиции, описанные в настоящем документе, включают один или более мутированных генов AOS2, которые кодируют один или более белков AOS2. В некоторых вариантах реализации способы и композиции включают мутированный хлоропластный целевой ген AOS2. В некоторых вариантах реализации способы и композиции включают мутированный ген AOS2. В некоторых вариантах реализации способы и композиции включают мутированный ген AOS2 *Solanum tuberosum*; например StAOS2. В некоторых вариантах реализации способы и композиции включают мутированный аллель StAOS2-1 гена AOS2. В некоторых вариантах реализации способы и композиции включают мутированный аллель StAOS2-6 гена AOS2. В некоторых вариантах реализации способы и композиции включают мутированный аллель StAOS2-12 гена AOS2. В некоторых вариантах реализации способы и композиции включают мутированный аллель StAOS2-7 гена AOS2. В некоторых вариантах реализации способы и композиции включают мутированный аллель StAOS2-8 гена AOS2. В некоторых вариантах реализации способы и композиции включают мутированный аллель StAOS2 CB1 гена AOS2. В некоторых вариантах реализации способы и композиции включают мутированный аллель StAOS2 CB2 гена AOS2. В некоторых вариантах реализации способы и композиции включают мутированный аллель StAOS2 CB3 гена AOS2. В некоторых вариантах реализации способы и композиции включают мутиро-

В соответствии с любым из различных аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, растение или растительная клетка, содержащая мутированный ген AOS2, содержит по меньшей мере один ген/аллель, содержащий С в положении 692. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка, содержащая мутированный ген AOS2, содержит по меньшей мере два гена/аллеля, содержащие С в положении 692. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка, содержащая мутированный ген AOS2, содержит по меньшей мере три гена/аллеля, содержащие С в положении 692. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка, содержащая мутированный ген AOS2, содержит по меньшей мере четыре гена/аллеля, содержащие С в положении 692. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка представляет собой картофель. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка представляет собой картофель Désirée. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка представляет собой картофель Bintje. В некоторых вариантах реализации указанный ген (гены)/аллель (аллели) не представляет собой трансген (трансгены). В некоторых вариантах реализации ген AOS2 представляет собой SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 или 49. В соответствии с любым из различных аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, растение или растительная клетка, содержащая мутированный ген AOS2, содержит по меньшей мере один ген/аллель, содержащий А в положении 691 и С в положении 692. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка, содержащая мутированный ген AOS2, содержит по меньшей мере два гена/аллеля, содержащие А в положении 691 и С в положении 692. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка, содержащая мутированный ген AOS2, содержит по меньшей мере три гена/аллеля, содержащие А в положении 691 и С в положении 692. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка, содержащая мутированный ген AOS2, содержит по меньшей мере четыре гена/аллеля, содержащие А в положении 691 и С в положении 692. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка представляет собой картофель. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка представляет собой картофель Désirée. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка представляет собой картофель Bintje. В некоторых вариантах реализации указанный ген (гены)/аллель (аллели) не представляет собой трансген (трансгены). В некоторых вариантах реализации ген AOS2 представ-

В соответствии с любым из различных аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, картофель Désirée или клетка картофеля Désirée содержит мутированный ген AOS2, содержащий А в положении 691. В некоторых вариантах реализации по меньшей мере один мутированный ген/аллель AOS2 картофеля Désirée или клетки картофеля Désirée содержит А в положении 691. В некоторых вариантах реализации по меньшей мере два мутированных гена/аллеля AOS2 картофеля Désirée или клетки картофеля Désirée содержат А в положении 691. В некоторых вариантах реализации по меньшей мере три мутированных гена/аллеля AOS2 картофеля Désirée или клетки картофеля Désirée содержат А в положении 691. В некоторых вариантах реализации по меньшей мере четыре мутированных гена/аллеля AOS2 картофеля Désirée или клетки картофеля Désirée содержат А в положении 691. В некоторых вариантах реализации указанный ген (гены)/аллель (аллели) не представляет собой трансген (трансгены). В некоторых вариантах реализации ген AOS2 представляет собой SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48 или 50.

- 14 -

- 16 -

В некоторых вариантах реализации растение, представляющее собой картофель, или клетка картофеля содержит мутации в гене (генах)/аллеле (аллелях) AOS2, которые образуют генотип AAAG/CGGG, в положениях нуклеотидов, соответствующих 691/692 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации растение, представляющее собой картофель, или клетка картофеля содержит мутации в гене (генах)/аллеле (аллелях) AOS2, которые образуют генотип AAGG/CGGG, в положениях нуклеотидов, соответствующих 691/692 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации растение, представляющее собой картофель, или клетка картофеля содержит мутации в гене (генах)/аллеле (аллелях) AOS2, которые образуют генотип AGGG/CGGG, в положениях нуклеотидов, соответствующих 691/692 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации растение, представляющее собой картофель, или клетка картофеля содержит мутации в гене (генах)/аллеле (аллелях) AOS2, которые образуют генотип AAGG/GGGG, в положениях нуклеотидов, соответствующих 691/692 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации растение, представляющее собой картофель, или клетка картофеля содержит мутации в гене (генах)/аллеле (аллелях) AOS2, которые образуют генотип AGGG/GGGG, в положениях нуклеотидов, соответствующих 691/692 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации растение, представляющее собой картофель, или клетка картофеля содержит мутации в гене (генах)/аллеле (аллелях) AOS2, которые образуют генотип GGGG/GGGG, в положениях нуклеотидов, соответствующих 691/692 последовательности SEQ ID NO: 2. В некоторых вариантах реализации картофель представляет собой картофель Désirée. В некоторых вариантах реализации картофель представляет собой картофель Bintje. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка является нетрансгенной. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка является трансгенной.

В соответствии с любым из различных аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, растение или растительная клетка представляет собой картофель или клетку картофеля *Solanum tuberosum*. В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, растение, содержащее растительную клетку, которая содержит мутированный ген AOS2, может иметь оценку ранней, средней среднеранней или поздней зрелости. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка является нетрансгенной. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка является трансгенной. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка содержит мутацию в кодирующей последовательности гена AOS2. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка содержит мутацию в некодирующей последовательности гена AOS2. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка содержит мутацию, расположенную выше кодирующей последовательности гена AOS2.

В настоящем описании термин "ген" относится к последовательности ДНК, которая включает контрольную и кодирующую последовательности, необходимые для образования РНК, которая может выполнять некодирующую функцию (например, рибосомная или транспортная РНК) или которая может включать полипептид или предшественник полипептида. РНК или полипептид может кодироваться полноразмерной кодирующей последовательностью или любой частью указанной кодирующей последовательности, если сохраняется желаемая активность или функция. Термин "ген" также относится и включает соответствующие аллели культурного сорта растения или линии растения.

Аллель представляет собой одну из нескольких альтернативных форм гена или нуклеотидной последовательности в конкретной вариации в конкретном положении в образце нуклеиновой кислоты. Аллель может быть представлен одним или более изменениями оснований в конкретном локусе (например, SNP). Например, в каждом аутосомном локусе диплоидный индивидуум имеет 2 аллеля: один наследованный по материнской линии, другой - по отцовской.

В настоящем описании термин "патоген" относится к инфекционному агенту, который вызывает заболевание у хозяина. В некоторых вариантах реализации патоген представляет собой *Phytophthora infestans*.

В настоящем описании термин "кодирующая последовательность" относится к последовательности нуклеиновой кислоты или ее комплементарной последовательности, или ее части, которая может транскрибироваться и/или транслироваться с образованием мРНК и/или полипептида, или его фрагмента. Кодирующие последовательности включают экзоны в геномной ДНК или незрелых первичных РНК-транскриптах, которые соединены друг с другом с помощью биохимических механизмов клетки с образованием зрелой мРНК. Антисмысловая цепь комплементарна такой нуклеиновой кислоте, и из нее может быть выведена кодирующая последовательность.

В настоящем описании термин "некодирующая последовательность" относится к последовательности нуклеиновой кислоты или ее комплементарной последовательности, или ее части, которая не транскрибируется в аминокислоту *in vivo*, или те области, в которых тРНК не вступает во взаимодействие для переноса или попытки переноса аминокислоты. Некодирующие последовательности включают как последовательности интронов в геномной ДНК или незрелых первичных РНК-транскриптах, так и ген-ассоциированные последовательности, такие как промоторы, энхансеры, сайленсеры и т.д.

Нуклеооснование представляет собой основание, которое в некоторых предпочтительных вариан-

тах реализации представляет собой пурин, пиримидин или их производное, или аналог. Нуклеозиды представляют собой нуклеооснования, которые содержат пентозафуранозильную группу, например, возможно содержащий заместители рибозид или 2'-дезоксирибозид. Нуклеозиды могут быть связаны одним из нескольких связывающих фрагментов, которые могут содержать или могут не содержать фосфор. Нуклеозиды, которые связаны не содержащими заместители фосфодиэфирными связями, называются нуклеотидами. В настоящем описании термин "нуклеооснование" включает пептидные нуклеооснования, субъединицы пептидных нуклеиновых кислот и морфолиновые нуклеооснования, а также нуклеозиды и нуклеотиды.

Олигонуклеооснование представляет собой полимер, содержащий нуклеооснования; предпочтительно по меньшей мере часть которого может гибридизоваться путем спаривания оснований по Уотсону-Крику с ДНК, имеющей комплементарную последовательность. Цепь олигонуклеооснования может иметь один 5'-и 3'-конец, которые представляют собой крайние нуклеооснования полимера. Конкретная цепь олигонуклеооснования может содержать нуклеооснования всех типов. Олигонуклеооснование представляет собой соединение, содержащее одну или более цепей олигонуклеооснований, которые могут быть комплементарными и гибридизоваться путем спаривания оснований по Уотсону-Крику. Нуклеооснования рибо-типа включают нуклеооснования, содержащие пентозафуранозил, где 2' углерод представляет собой метилен, содержащий в качестве заместителей гидроксил, алкилокси или галоген. Нуклеооснования дезоксирибо-типа представляют собой нуклеооснования, отличные от нуклеооснований рибо-типа, и включают все нуклеооснования, которые не содержат пентозафуранозильную группу.

В некоторых вариантах реализации нить олигонуклеооснования может включать как цепи олигонуклеооснований, так и сегменты или области цепей олигонуклеооснований. Нить олигонуклеооснования может иметь 3'-конец и 5'-конец, и когда нить олигонуклеооснования и цепь одинаковы по протяженности, 3'- и 5'-концы нити являются также 3'- и 5'-концами цепи.

В настоящем описании термин "олигонуклеооснование репарации генов" или "GRON" относится к олигонуклеооснованиям, включающим смешанные дуплексные олигонуклеотиды, молекулы, содержащие ненуклеотиды, одноцепочечные олигодезоксинуклеотиды и другие молекулы репарации генов.

В настоящем описании термин "выделенный" применительно к нуклеиновой кислоте (например, олигонуклеотиду, такому как РНК, ДНК или смешанный полимер) относится к нуклеиновой кислоте, которая отделена от значительной части генома, в котором она встречается в природе, и/или по существу отделена от других клеточных компонентов, которые сопровождают такую нуклеиновую кислоту в природе. Например, любая нуклеиновая кислота, которая была получена путем синтеза (например, путем последовательной конденсации оснований), считается выделенной. Подобным образом, нуклеиновые кислоты, рекомбинантно экспрессированные, клонированные, полученные путем реакции удлинения праймера (например, ПНР) или иным образом вырезанные из генома, также считаются выделенными.

В настоящем описании термин "аминокислотная последовательность" относится к полипептидной или белковой последовательности. Обозначение "АКдт###АКмут" используется для указания на мутацию, приводящую к замене аминокислоты дикого типа АКдт в положении ### в полипептиде на мутантную АКмут. В настоящем описании термин "комплементарная последовательность" относится к последовательности, комплементарной нуклеиновой кислоте согласно стандартным правилам спаривания по Уотсону/Крику. Комплементарная последовательность может также представлять собой последовательность РНК, комплементарную последовательности ДНК или ее комплементарной последовательности, и может также представлять собой кДНК.

В описании термин "по существу комплементарный" относится к двум последовательностям, которые гибридизуются в условиях гибридизации, близких к жестким. Специалисту в данной области техники будет очевидно, что по существу комплементарные последовательности не обязательно гибридизуются по всей длине. В настоящем описании термин "кодон" относится к последовательности из трех соседних нуклеотидов (либо РНК, либо ДНК), составляющей генетический код, который определяет присоединение конкретной аминокислоты в полипептидной цепи во время синтеза белка или сигнал остановки синтеза белка. Термин "кодон" также относится к соответствующим (и комплементарным) последовательностям из трех нуклеотидов в матричной РНК, в которую транскрибируется исходная ДНК.

В настоящем описании термин "дикий тип" относится к гену или генному продукту, который обладает характеристиками данного гена или генного продукта, когда он выделен из встречающегося в природе источника. Ген дикого типа представляет собой ген, который чаще всего наблюдается в популяции и, таким образом, произвольно называется "нормальной" формой гена или формой гена "дикого типа". Термин "дикий тип" может также относиться к последовательности в конкретном положении или положениях нуклеотидов, или к последовательности в конкретном положении или положениях кодонов, или к последовательности в конкретном положении или положениях аминокислот.

В настоящем описании термин "мутантный" или "модифицированный" относится к нуклеиновой кислоте или белку, демонстрирующему модификации последовательности и/или функциональных свойств (т.е. измененные характеристики) по сравнению с геном или генным продуктом дикого типа. Термин "мутантный" или "модифицированный" также относится к последовательности в конкретном положении или положениях нуклеотидов, или к последовательности в конкретном положении или поло-

жениях кодонов, или к последовательности в конкретном положении или положениях аминокислот, демонстрирующей модификации последовательности и/или функциональных свойств (т.е. измененные характеристики) по сравнению с геном или генным продуктом дикого типа.

В настоящем описании термин "гомология" относится к сходству последовательностей среди белков и ДНК. Термин "гомология" или "гомологичный" относится к степени идентичности. Гомология может быть частичной или полной. Частично гомологичная последовательность представляет собой последовательность, которая обладает менее чем 100% идентичностью последовательности при сравнении с другой последовательностью.

В настоящем описании термин "гетерозиготный" относится к наличию разных аллелей в одном или более генетических локусах в гомологичных сегментах хромосом. В настоящем описании термин "гетерозиготный" может также относиться к образцу, клетке, клеточной популяции или организму, в котором могут быть обнаружены разные аллели в одном или более генетических локусах. Гетерозиготные образцы могут быть также определены с помощью способов, известных в данной области техники, таких как, например, секвенирование нуклеиновых кислот. Например, если электрофореграмма секвенирования демонстрирует два пика в одном локусе, и оба пика приблизительно одинакового размера, образец может быть охарактеризован как гетерозиготный. Или, если один пик меньше другого, но составляет по меньшей мере примерно 25% от размера более крупного пика, образец может быть охарактеризован как гетерозиготный. В некоторых вариантах реализации меньший пик составляет по меньшей мере примерно 15% от более крупного пика. В некоторых вариантах реализации меньший пик составляет по меньшей мере примерно 10% от более крупного пика. В некоторых вариантах реализации меньший пик составляет по меньшей мере примерно 5% от более крупного пика. В некоторых вариантах реализации обнаруживают минимальную величину меньшего пика. В настоящем описании термин "гомозиготный" относится к наличию идентичных аллелей в одном или более генетических локусах в гомологичных сегментах хромосом. Термин "гомозиготный" может также относиться к образцу, клетке, клеточной популяции или организму, в котором могут быть обнаружены одинаковые аллели в одном или более генетических локусах. Гомозиготные образцы могут быть определены с помощью способов, известных в данной области техники, таких как, например, секвенирование нуклеиновых кислот. Например, если электрофореграмма секвенирования демонстрирует один пик в конкретном локусе, образец может называться "гомозиготным" в отношении данного локуса.

Термин "гемизиготный" относится к гену или сегменту гена, присутствующему только один раз в геноме клетки или организма, поскольку второй аллель подвергнут делеции. В настоящем описании термин "гемизиготный" может также относиться к образцу, клетке, клеточной популяции или организму, в котором аллель в одном или более генетических локусах может быть обнаружен только один раз в геноме. В настоящем описании термин "состояние зиготности" относится к образцу, клеточной популяции или организму, оказывающемуся гетерозиготным, гомозиготным или гемизиготным по результатам способов тестирования, известных в данной области техники и описанных в настоящем документе. Термин "состояние зиготности нуклеиновой кислоты" означает определение того, является ли источник нуклеиновой кислоты гетерозиготным, гомозиготным или гемизиготным. Термин "состояние зиготности" может относиться к отличиям одного нуклеотида в последовательности. В некоторых способах состояние зиготности образца по отношению к одной мутации может быть отнесено к категории: гомозиготный дикого типа, гетерозиготный (т.е. один аллель дикого типа и один мутантный аллель), гомозиготный мутантный или гемизиготный (т.е. одна копия либо аллеля дикого типа, либо мутантного аллеля).

В настоящем описании термин "примерно" означает в количественном выражении плюс или минус 10%. Например, термин "примерно 3%" будет включать 2,7-3,3%, и термин "примерно 10%" будет включать 9-11%. Более того, если термин "примерно" употребляется в настоящем описании в сочетании с количественным выражением, очевидно, что в дополнение к значению плюс или минус 10% также предполагается и описывается точное значение указанного количественного выражения. Например, термин "примерно 3%" явным образом предполагает, описывает и включает точно 3%.

Краткое описание фигур

Фиг. 1 представляет собой аминокислотную последовательность белка AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель 1 (SEQ ID NO: 1);

фиг. 2 - последовательность нуклеиновой кислоты гена AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель 1 (SEQ ID NO: 2);

фиг. 3 - аминокислотную последовательность белка AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель 6 (SEQ ID NO: 3);

фиг. 4 - последовательность нуклеиновой кислоты гена AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель 6 (SEQ ID NO: 4);

фиг. 5 - аминокислотную последовательность белка AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель 7 (SEQ ID NO: 5);

фиг. 6 - последовательность нуклеиновой кислоты гена AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель 7 (SEQ ID NO: 6);

фиг. 7 - аминокислотную последовательность белка AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель 8 (SEQ ID

(SEQ ID NO: 38);

фиг. 39 - аминокислотную последовательность белка AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель CB15 (SEQ ID NO: 39);

фиг. 40 - последовательность нуклеиновой кислоты гена AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель CB15 (SEQ ID NO: 40);

фиг. 41 - аминокислотную последовательность белка AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель CB16 (SEQ ID NO: 41);

фиг. 42 - последовательность нуклеиновой кислоты гена AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель CB16 (SEQ ID NO: 42);

фиг. 43 - аминокислотную последовательность белка AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель CB17 (SEQ ID NO: 43);

фиг. 44 - последовательность нуклеиновой кислоты гена AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель CB17 (SEQ ID NO: 44);

фиг. 45 - аминокислотную последовательность белка AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель CB18 (SEQ ID NO: 45);

фиг. 46 - последовательность нуклеиновой кислоты гена AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель CB18 (SEQ ID NO: 46);

фиг. 47 - аминокислотную последовательность белка AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель CB19 (SEQ ID NO: 47);

фиг. 48 - последовательность нуклеиновой кислоты гена AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель CB19 (SEQ ID NO: 48);

фиг. 49 - аминокислотную последовательность белка AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель CB20 (SEQ ID NO: 49);

фиг. 50 - последовательность нуклеиновой кислоты гена AOS2 *Solanum tuberosum*, аллель CB20 (SEQ ID NO: 50).

Подробное описание изобретения

Белки, представляющие собой алленоксидсинтазу.

Белки, представляющие собой алленоксидсинтазу 2 (AOS2), принадлежат к суперсемейству цитохрома P450 и включают группу CYP74, "специализирующуюся" на метаболизме гидропероксидов. Данные белки играют роль в пути биосинтеза оксипинов растений, который имеет важное значение для образования веществ, играющих важную роль в различных стрессовых процессах и в процессах развития растений, включая атаку патогенов/насекомых, а также фертильность растений. Hughes et al., *Chembiochem* 10:1122 (2009). Данные ферменты кодируются тремя различными генами AOS1, 2 и 3, которые катализируют соответствующее образование альдегидов С6, жасмоновой кислоты (ЖК) и альдегидов С9. AOS1 и AOS2 представляют собой ферменты, локализованные в хлоропластах, тогда как существуют данные о том, что экспрессия AOS3 ограничивается подземными органами картофеля. Stumpe et al., *Plant J.* 47: 883 (2006). Все три фермента представляют собой необычные белки цитохрома P450, которые не связывают молекулярный кислород, но используют уже окисленные субстраты, представляющие собой гидропероксиды жирных кислот, в качестве донора кислорода. Schaller and Stintzi, *Phytochemistry* 70:1532 (2009). Белок AOS2 катализирует окончательный этап образования жасмоновой кислоты (ЖК) в растениях. Жасмоновая кислота хорошо известна своей важной ролью в индукции защиты растения в ответ на повреждение растения и атаку патогена.

Аллели алленоксидсинтазы 2 (AOS2) и SNP, связанные с устойчивостью и/или толерантностью к патогену.

Генный продукт AOS2 известен как алленоксидсинтаза 2 и катализирует превращение гидропероксидов в алленоксид, стадию активации в биосинтезе жасмоновой кислоты (ЖК). Жасмоновая кислота и ее производные, известные под общим названием "жасмонаты", представляют собой ключевые сигнальные молекулы, вовлеченные в индукцию защитных реакций растения в ответ на атаку патогена или повреждение. Снижение выработки ЖК или чувствительности к ней приводит к увеличению подверженности растений к заболеваниям - например, мутанты *Arabidopsis coil* (Feys et al., *Plant Cell.* 6(5):751-759 (1994)). В картофеле использование ЖК ингибирует прорастание спорангиев и мицелиальный рост *Phytophthora infestans* (Pi). Ген AOS2 *Solanum tuberosum* (StAOS2) локализуется в локусе количественной устойчивости (QRL) в хромосоме XI картофеля, которая содержит ген устойчивости R3a, который играет роль в расоспецифической устойчивости к заболеванию Pi. Pajerowska et al., *Planta* 228:293 (2008). Кроме того, сайленсинг гена AOS2 в картофеле приводил к сильному снижению уровней жасмоновой кислоты в поврежденных растениях и увеличению развития поражения при инфицировании Pi. (Pajerowska-Mukhtar et al., 2008, *Planta* 228:293 (2008)). Ген 5YAOS2 дополнял линию *Arabidopsis thaliana* с нокаутом гена AOS2, в которой отсутствовала ЖК, и данная дополненная линия растений по сравнению с линией с децелией указанного гена демонстрировала повышенную устойчивость к бактериальному патогену *Arabidopsis*. (Pajerowska-Mukhtar et al., 2008).

Известны последовательности пяти аллелей AOS2, происходящих из диплоидного картофеля, используемого в популяциях предварительного отбора. Pajerowska et al., (2008); Pajerowska-Mukhtar et al.,

Genetics 181:1115 (2009). Данные пять различных аллелей распределены по трем группам: "устойчивые" (SYAOS2-1, SYAOS2-6), "нейтральные" (SYAOS2-12) и "чувствительные" (SYAOS2-7, S?AOS2-8). В вышеупомянутых опубликованных исследованиях две популяции потомств F1 гетерозиготных родительских линий были отнесены к категориям: количественные устойчивые, количественные нейтральные и количественные чувствительные в зависимости от развития фитофтороза. Позже данные категории были связаны с конкретными аллелями гена SYAOS2, перечисленными выше. Комплементационные анализы ЖК-дефицитного мутанта *Arabidopsis* с помощью аллелей StAOS2 приводили к восстановлению выработки ЖК (и 12-оксофитодиеноат (ОПОА)-редуктазы, промежуточного соединения в биосинтезе ЖК). Кроме того, комплементация "устойчивыми" аллелями приводила к 10-кратному увеличению выработки ЖК по сравнению с уровнями, которые давали "чувствительные" аллели. "Нейтральный" аллель демонстрировал промежуточные уровни ЖК и OPDA. Кроме того, анализ данных дополненных линий *Arabidopsis* на предмет патогена с использованием *Erwinia carotovora* ssp. *carotovora* подтвердил характеристики выработки ЖК, продемонстрировав в 10 раз больший рост бактерий в растениях, дополненных "чувствительными" аллелями, чем в случае "устойчивых" аллелей.

Сравнение аминокислотной последовательности пяти разных аллелей выявило наличие нескольких отличий аминокислот на протяжении высококонсервативной в остальном последовательности аллелей гена AOS2. Двадцать пять изменений аминокислот и один полиморфизм по типу встраивание/делеция (InDel) присутствуют в пяти аллелях, при этом пять аминокислот (N76D, V289S, V292A, M328L и T495K) и InDel характерны исключительно для "устойчивых" аллелей на основе нумерации чувствительного аллеля StAOS2-7 (SEQ ID NO: 5). Изменение аминокислот не было характерно исключительно для "чувствительных" аллелей. Три замены (Y145F, T231I/G и K394T) встречались в нейтральном аллеле. Pajerowska et al., *Planta* 228:293 (2008). Замены аминокислот T495K и N76D расположены в непосредственной близости от активного сайта. Полиморфизм F256V между StAOS2-1 и StAOS2-6 выдвигается в качестве объяснения несколько меньшей эффективности StAOS2-6 на основе его локализации относительно субстрат-связывающего кармана. Кроме того, Y145F нейтрального аллеля может вносить вклад в промежуточные характеристики активности, поскольку данный остаток расположен рядом с активным сайтом. Pajerowska-Mukhtar et al., *Planta* 228:293 (2008).

Оценка полевой устойчивости культурных сортов картофеля к Pi показала, что ген AOS2 представляет собой имеющий важное значение локус, который определяет фенотип устойчивости некоторых культурных сортов. Pajerowska-Mukhtar et al., *Genetics* 181:1115 (2009). Два SNP, StAOS2_SNP691(A) и StAOS2_SNP692(C) коррелируют с полевой устойчивостью (значение r_{AUDPC} 0,15, которое указывает на очень низкое развитие заболевания). В данном исследовании наиболее устойчивым к фитофторозу генотипом был гомозиготный генотип AAAA/CCCC, и наблюдали положительную корреляцию со степенью отклонения от него и тяжестью развития фитофтороза. Также существуют данные о том, что эти SNP связаны со зрелостью растений (PM). В целом, существует положительная корреляция между оценкой зрелости картофеля (культурные сорта с ранней зрелостью относительно культурных сортов с поздней зрелостью) и устойчивостью к Pi. Wastie R.L., *Adv Plant Pathology* 7: 193 (1999). Однако гомозиготные по аллелям A и C индивидуумы относятся к классу средне ранней зрелости, что таким образом отделяет их от крайне нежелательного фенотипа поздней зрелости. Pajerowska-Mukhtar et al., *Genetics* 181:1115 (2009).

Solanum tuberosum представляет собой полностью гетерозиготный тетраплоид, что затрудняет передачу желаемых признаков между культурными сортами для экспрессии в потомстве. Кроме того, некоторые виды *Solanum* с природной устойчивостью к насекомым-вредителям и заболеваниям, такие как некоторые, встречающиеся в Перу и Центральной Америке, являются диплоидными и не легко разводятся с тетраплоидным *Solanum tuberosum*. Аутотетраплоидный геном и бесполое размножение, используемое для разведения картофеля, создает проблемы в разработке новых культурных сортов с желаемыми признаками. Признаки устойчивости, продемонстрированные у диплоидных видов, например *Solanum bulbocastanum*, недоступны для передачи, поскольку указанный вид имеет балансовое число эндосперма, равное 1, по сравнению с *S. Tuberosum*, имеющим балансовое число эндосперма, равное 4.

Применение системы быстрой доставки признака (Rapid Trait Development System, RTDS™) в картофеле обладает некоторыми преимуществами трансгенной генетической инженерии перед традиционным разведением. RTDS™ позволяет осуществлять манипуляцию с эндогенными генами AOS2, устраняя необходимость в обратном скрещивании, которое требуется для удаления нежелательных признаков при традиционном разведении. RTDS™ позволяет вводить мутации в генах, обеспечивающие устойчивость и/или толерантность, демонстрируемую другими видами, которые не обладают плоидностью, совместимой с *S. tuberosum*. Кроме того, RTDS™ обладает преимуществами перед трансгенной генетической инженерией. RTDS™ способна осуществлять манипуляции с эндогенными генами в противоположность введению чужеродного трансгена.

Система быстрой доставки признака (RTDS™).

В соответствии с любым из различных аспектов и вариантов композиций и способов, описанных в настоящем документе, мутации в генах и белках можно осуществлять с применением, например, техно-

логии на основе системы быстрой доставки признака (RTDS™), разработанной Cibus. В комбинации или отдельно, растения, содержащие любую из мутаций, описанных в настоящем документе, могут служить основой для новых устойчивых и/или толерантных к патогену продуктов. Также предложены семена/растительный материал, полученный из мутированных растений, в котором гены AOS2 являются либо гомозиготными, либо гетерозиготными в отношении мутаций. Мутации, описанные в настоящем документе, могут быть в комбинации с любой другой известной мутацией или мутациями, обнаруживаемыми в дальнейшем.

В некоторых вариантах реализации RTDS™ основана на изменении целевого гена путем использования собственной системы клетки для репарации генов для специфической модификации последовательности гена *in situ*, а не встраивания чужеродной ДНК и последовательностей, контролирующей экспрессию генов. Данная процедура может производить точное изменение в генетической последовательности, тогда как остальная часть генома остается неизменной. В отличие от традиционных трансгенных ГМО, не происходит интеграция чужеродного генетического материала, а также в растении не остается никакой чужеродный генетический материал. Во многих вариантах реализации изменения в генетической последовательности, вводимые с помощью RTDS™, не являются вносимыми случайным образом. Поскольку затрагиваемые гены остаются в нативной локализации, не наблюдается случайный, неконтролируемый или неблагоприятный профиль экспрессии.

Способ RTDS™ осуществляют с использованием химически синтезированного олигонуклеотида (олигонуклеоснование репарации генов (GRON)), который может состоять как из оснований ДНК, так и модифицированных оснований РНК, а также других химических фрагментов, и предназначен для гибридизации в локализации целевого гена с образованием пары (пар) оснований, спаренных вопреки принципу комплементарности. Данная пара оснований, спаренных вопреки принципу комплементарности, выступает в качестве сигнала для привлечения собственной природной системы клетки для репарации генов в данный участок и коррекции (замены, встраивания или делеции) намеченного нуклеотида (нуклеотидов) в пределах гена. По завершении процесса коррекции молекула GRON распадается, и ныне модифицированный или подвергнутый репарации ген продолжает экспрессироваться в соответствии с обычными для данного гена внутренними механизмами контроля.

Олигонуклеоснования репарации генов ("GRON").

Способы и композиции, описанные в настоящем документе, можно применять на практике или получать с помощью "олигонуклеоснований репарации генов", например, имеющих конформации и химические структуры, подробно описанные ниже. "Олигонуклеоснования репарации генов", предусмотренные настоящим изобретением, были также описаны в опубликованной научной и патентной литературе с использованием других названий, включая "рекомбинагенные олигонуклеоснования"; "химерные РНК/ДНК-олигонуклеотиды"; "химерные олигонуклеотиды"; "смешанные дуплексные олигонуклеотиды (MDON)"; "РНК ДНК-олигонуклеотиды (RDO)"; "олигонуклеотиды направленного воздействия на гены"; "генопласты"; "одноцепочечные модифицированные олигонуклеотиды"; "одноцепочечные олигонуклеотидные мутационные векторы" (SSOMV); "дуплексные мутационные векторы" и "гетеродуплексные мутационные векторы".

Олигонуклеоснования, имеющие конформации и химические структуры, описанные в патенте США № 5565350 автором Kmiec (Kmiec I) и патенте США № 5731181 автором Kmiec (Kmiec II), содержание которых включено в настоящее описание посредством ссылки, подходят для применения в качестве "олигонуклеоснований репарации генов" согласно настоящему изобретению. Указанные олигонуклеоснования репарации генов в Kmiec I и/или Kmiec II содержат две комплементарные цепи, одна из которых содержит по меньшей мере один сегмент нуклеотидов РНК-типа ("РНК-сегмент"), основания которых спарены с нуклеотидами ДНК-типа другой цепи.

В Kmiec II описано, что нуклеотиды могут быть заменены на нуклеотиды, содержащие пуриновые и пиримидиновые основания. Дополнительные молекулы репарации генов, которые можно использовать для настоящего изобретения, описаны в патентах США № 5756325; 5871984; 5760012; 5888983; 5795972; 5780296; 5945339; 6004804; и 6010907, и в международном патенте № PCT/US00/23457; и в международных публикациях патента № WO 98/49350; WO 99/07865; WO 99/58723; WO 99/58702; и WO 99/40789, полное содержание каждой из которых включено в настоящее описание.

В одном из вариантов реализации олигонуклеоснование репарации генов представляет собой смешанный дуплексный олигонуклеотид (MDON), в котором нуклеотидам РНК-типа указанного смешанного дуплексного олигонуклеотида придают устойчивость к РНКазе путем замены 2'-гидроксильной функциональной группой, представляющей собой фтор, хлор или бром, или путем введения заместителя в 2'-О. Подходящие заместители включают заместители, указанные в Kmiec II. Альтернативные заместители включают заместители, указанные в патенте США № 5334711 (Sproat), и заместители, указанные в публикациях патента EP 629387 и EP 679657 (обобщенно заявки Martin), содержание которых включено в настоящее описание посредством ссылки. В настоящем описании 2'-фтор-, хлор- или бромпроизводное рибонуклеотида или рибонуклеотид, в котором 2'-ОН содержит заместитель, описанный в заявках Martin или у Sproat, называется "2'-содержащим заместителем рибонуклеотидом". В настоящем описании термин

"нуклеотид РНК-типа" означает 2'-гидроксильный или 2'-содержащий заместители нуклеотид, связанный с другими нуклеотидами смешанного дуплексного олигонуклеотида не содержащей заместителей фосфодиэфирной связью или любой из неприродных связей, указанных в Kmiec I или Kmiec II. В настоящем описании термин "нуклеотид дезоксирибо-типа" означает нуклеотид, содержащий 2'-Н, который может быть связан с другими нуклеотидами олигонуклеоснования репарации генов не содержащей заместителей фосфодиэфирной связью или любой из неприродных связей, указанных в Kmiec I или Kmiec II.

В конкретном варианте реализации настоящего изобретения олигонуклеоснование репарации генов представляет собой смешанный дуплексный олигонуклеотид (MDON), который связан исключительно не содержащими заместителей фосфодиэфирными связями. В альтернативных вариантах реализации указанная связь осуществляется содержащими заместители фосфодиэфирными, производными фосфодиэфиров и связями не на основе фосфора, указанными в Kmiec II. В другом варианте реализации каждый нуклеотид РНК-типа в смешанном дуплексном олигонуклеотиде представляет собой 2'-содержащий заместители нуклеотид. Наиболее предпочтительными вариантами 2'-содержащих заместителей рибонуклеотидов являются 2'-фтор-, 2'-метокси-, 2'-пропилокси-, 2'-аллилокси-, 2'-гидроксипропилокси-, 2'-метоксипропилокси-, 2'-фторпропилокси- и 2'-трифторпропилоксизамещенные рибонуклеотиды. Более предпочтительными вариантами 2'-содержащих заместителей рибонуклеотидов являются 2'-фтор-, 2'-метокси-, 2'-метоксипропилокси- и 2'-аллилоксизамещенные нуклеотиды. В другом варианте реализации смешанный дуплексный олигонуклеотид связан не содержащими заместителей фосфодиэфирными связями.

Хотя смешанные дуплексные олигонуклеотиды (MDON), содержащие только один вид 2'-содержащего заместителя нуклеотида РНК-типа, удобнее синтезировать, способы согласно настоящему изобретению можно применять на практике с помощью смешанных дуплексных олигонуклеотидов, содержащих два или более видов нуклеотидов РНК-типа. Прерывание, вызванное введением дезоксинуклеотида между двумя тринуклеотидами РНК-типа, может не влиять на функцию РНК-сегмента, соответственно, термин "РНК-сегмент" включает такие термины, как "прерванный РНК-сегмент". Непрерывный РНК-сегмент называется сплошным РНК-сегментом. В альтернативном варианте реализации РНК-сегмент может содержать чередующиеся устойчивые к РНКазе нуклеотиды и нуклеотиды с не содержащим заместителей 2'-ОН. Смешанные дуплексные олигонуклеотиды предпочтительно содержат меньше 100 нуклеотидов и более предпочтительно меньше 85 нуклеотидов, но больше 50 нуклеотидов. Основания первой и второй цепей спарены по Уотсону-Крику. В одном из вариантов реализации цепи смешанного дуплексного олигонуклеотида ковалентно связаны линкером, таким как одноцепочечный гекса-, пента- или тетрануклеотид так, что первая и вторая цепи являются сегментами одной олигонуклеотидной цепи, имеющей один 3'- и один 5'-конец. Указанные 3'- и 5'-концы могут быть защищены путем присоединения "шпилечного кэпа", при котором 3'- и 5'-концевые нуклеотиды спариваются по Уотсону-Крику с соседними нуклеотидами. Второй шпилечный кэп может быть дополнительно помещен на соединение между первой и второй цепями в отдалении от 3'- и 5'-концов так, чтобы стабилизировать спаривание по Уотсону-Крику между первой и второй цепями.

Первая и вторая цепи содержат две области, гомологичные двум фрагментам целевого гена, т.е. имеют такую же последовательность, что и целевой ген. Гомологичная область содержит нуклеотиды РНК-сегмента и может содержать один или более нуклеотидов ДНК-типа соединяющего ДНК-сегмента, и может также содержать нуклеотиды ДНК-типа, которые не находятся в пределах промежуточного ДНК-сегмента. Две области гомологии отделены и каждая из них прилегает к области, имеющей последовательность, отличную от последовательности целевого гена, называемой "гетерологичной областью". Указанная гетерологичная область может содержать один, два или три несовпадающих нуклеотида. Несовпадающие нуклеотиды могут примыкать друг к другу или, в качестве альтернативы, могут быть разделены одним, двумя, тремя, четырьмя, пятью, шестью, семью, восемью, девятью, десятью, одиннадцатью, двенадцатью, тринадцатью, четырнадцатью или пятнадцатью нуклеотидами, гомологичными целевому гену. В качестве альтернативы, гетерологичная область может также содержать вставку из одного, двух, трех или из пяти или менее нуклеотидов. В качестве альтернативы, последовательность смешанного дуплексного олигонуклеотида может отличаться от последовательности целевого гена только делецией одного, двух, трех или пяти, или менее нуклеотидов из смешанного дуплексного олигонуклеотида. В данном случае длиной и положением гетерологичной области считается длина делеции, даже несмотря на то, что в пределах гетерологичной области нет нуклеотидов смешанного дуплексного олигонуклеотида. Расстояние между фрагментами целевого гена, которые комплементарны двум гомологичным областям, идентично длине гетерологичной области, в которой предполагается замена или замены. Когда гетерологичная область содержит встраивание, гомологичные области таким образом расположены в смешанном дуплексном олигонуклеотиде дальше друг от друга, чем их комплементарные гомологичные фрагменты расположены в гене, и обратное утверждение применимо, когда гетерологичная область кодирует делецию.

Каждый из РНК-сегментов смешанных дуплексных олигонуклеотидов является частью гомологичной области, т.е. области, последовательность которой идентична фрагменту целевого гена, при этом указанные сегменты вместе предпочтительно содержат по меньшей мере 13 нуклеотидов РНК-типа и

предпочтительно от 16 до 25 нуклеотидов РНК-типа или более предпочтительно 18-22 нуклеотида РНК-типа, или наиболее предпочтительно 20 нуклеотидов. В одном из вариантов реализации РНК-сегменты гомологичных областей разделены и прилегают к, т.е. "соединены" промежуточным ДНК-сегментом. В одном из вариантов реализации каждый нуклеотид гетерологичной области представляет собой нуклеотид промежуточного ДНК-сегмента. Промежуточный ДНК-сегмент, который содержит гетерологичную область смешанного дуплексного олигонуклеотида, называется "мутаторным сегментом".

В другом варианте реализации настоящего изобретения олигонуклеосооснование репарации генов (GRON) представляет собой одноцепочечный олигодезоксинуклеотидный мутационный вектор (SSOMV), например, такой как описан в международной заявке на патент PCT/US2000/23457; патентах США № 6271360; 6479292; и 7060500, полное содержание которых включено в настоящее описание посредством ссылки. Последовательность SSOMV основана на тех же принципах, что и мутационные векторы, описанные в патентах США № 5756325; 5871984; 5760012; 5888983; 5795972; 5780296; 5945339; 6004804; и 6010907, и в международных публикациях № WO 98/49350; WO 99/07865; WO 99/58723; WO 99/58702; и WO 99/40789. Последовательность SSOMV содержит две области, гомологичные целевой последовательности, разделенные областью, которая содержит желаемое генетическое изменение, называемой мутаторной областью. Мутаторная область может иметь последовательность той же длины, что и последовательность, которая разделяет гомологичные области в целевой последовательности, но отличную от нее последовательность. Такая мутаторная область может обуславливать замену. В качестве альтернативы, гомологичные области в SSOMV могут граничить друг с другом, в то время как области в целевом гене, имеющие такую же последовательность, разделены одним, двумя или более нуклеотидами. Такой SSOMV вызывает делецию нуклеотидов в целевом гене, которые отсутствуют в SSOMV. Наконец, последовательность целевого гена, которая идентична гомологичным областям, может быть смежной в целевом гене, но отделенной одним, двумя или более нуклеотидами в последовательности SSOMV. Такой SSOMV вызывает встраивание в последовательности целевого гена.

Нуклеотиды SSOMV представляют собой дезоксирибонуклеотиды, связанные немодифицированными фосфодиэфирными связями за исключением того, что 3'-концевая и/или 5'-концевая межнауклеотидная связь или, в качестве альтернативы, две 3'-концевые и/или 5'-концевые межнауклеотидные связи могут представлять собой фосфоротиоат или фосфоамидат. В настоящем описании межнауклеотидная связь представляет собой связь между нуклеотидами в SSOMV и не включает связь между 3'-концевым нуклеотидом или 5'-концевым нуклеотидом и блокирующим заместителем. В конкретном варианте реализации длина SSOMV составляет от 21 до 55 дезоксинуклеотидов, и длины областей гомологии составляют, соответственно, общую длину, равную по меньшей мере 20 дезоксинуклеотидам, и каждая из по меньшей мере двух областей гомологии должна иметь длину, равную по меньшей мере 8 дезоксинуклеотидам.

SSOMV может быть разработан таким образом, чтобы он был комплементарен либо кодирующей, либо некодирующей цепи целевого гена. В случае, когда желаемая мутация представляет собой замену одного основания, предпочтительно, чтобы как мутаторный нуклеотид, так и целевой нуклеотид представляли собой пиримидин. В тех случаях, когда это соответствует достижению желаемого функционального результата, предпочтительно, чтобы как мутаторный нуклеотид, так и целевой нуклеотид в комплементарной цепи представляли собой пиримидины. Наиболее предпочтительными являются SSOMV, которые кодируют трансверсии, т.е. мутаторный С или Т нуклеотид спаривается вопреки принципу комплементарности соответственно с С или Т нуклеотидом в комплементарной цепи.

В дополнение к олигодезоксинуклеотиду SSOMV может содержать 5'-блокирующий заместитель, присоединенный к 5'-концевым атомам углерода через линкер. Химическая структура линкера не имеет критического значения в отличие от его длины, которая предпочтительно должна составлять по меньшей мере 6 атомов, и линкер должен быть гибким. Можно использовать различные нетоксичные заместители, такие как биотин, холестерин или другие стероиды, или неинтеркалирующий катионный флуоресцентный краситель. Наиболее предпочтительными реагентами для получения SSOMV являются реагенты, продаваемые под названием $\text{Cu}3^{\text{TM}}$ и $\text{Cu}5^{\text{TM}}$ компанией Glen Research, Стерлинг, Вирджиния (в настоящее время GE Healthcare), которые представляют собой заблокированные фосфорамидиты, которые при включении в олигонуклеотид образуют красители, представляющие собой 3,3,3',3'-тетраметил-N,N'-изопротилзамещенный индомонокарбоцианин и индодикарбоцианин соответственно. $\text{Cu}3^{\text{TM}}$ является наиболее предпочтительным. Когда индокарбоцианин является N-оксипропилзамещенным, он может быть легко связан с 5'-концом олигодезоксинуклеотида в виде фосфодиэфира с 5'-концевым фосфатом. Химическая структура красителя-линкера между красителем и олигодезоксинуклеотидом не имеет критического значения и выбирается из соображений удобства синтеза. Когда коммерчески доступный фосфорамидит $\text{Cu}3^{\text{TM}}$ используют в соответствии с указаниями, полученная 5'-модификация состоит из блокирующего заместителя и линкера, которые вместе представляют собой N-гидроксипропил, N'-фосфатидилпропил-3,3,3',3'-тетраметилиндомонокарбоцианин.

В предпочтительном варианте реализации индокарбоцианиновый краситель является тетразамещенным в 3- и 3'-положениях индольных колец. Без ограничения рамками какой-либо теории, данные

замещения препятствуют тому, чтобы указанный краситель был интеркалирующим красителем. Идентичность заместителей в данных положениях не имеет критического значения. SSOMV может дополнительно содержать 3'-блокирующий заместитель. Снова химическая структура указанного 3'-блокирующего заместителя не имеет критического значения.

Мутации, описанные в настоящем документе, также могут быть получены путем мутагенеза (случайного, соматического или направленного) и других технологий "редактирования" или рекомбинации ДНК, включая, но не ограничиваясь ими, направленное воздействие на гены с использованием сайт-специфической гомологичной рекомбинации под действием цинк-пальцевых нуклеаз, мегануклеаз или других нуклеаз.

Доставка олигонуклеоснований репарации генов в растительные клетки.

Для доставки олигонуклеоснований репарации генов можно использовать любой общеизвестный способ, используемый для трансформации растительной клетки. Типичные способы описаны ниже.

Микроносители и микроволокна.

Применение металлических микроносителей (микрофер) для введения крупных фрагментов ДНК в растительные клетки с целлюлозными клеточными стенками путем "бомбардирующего" проникновения хорошо известно специалисту в соответствующей области техники (далее библистическая доставка). В патентах США № 4945050; 5100792 и 5204253 описана общая методика выбора микроносителей и устройств для их получения.

Конкретные условия применения микроносителей в способах согласно изобретению описаны в международной публикации WO 99/07865. Согласно типичной методике охлажденные до температуры льда микроносители (60 мг/мл), смешанный дуплексный олигонуклеотид (60 мг/мл), 2,5M CaCl₂ и 0,1M спермидин добавляют в данном порядке; смесь осторожно встряхивают, например, на вортексе в течение 10 мин, а затем оставляют при комнатной температуре на 10 мин, после чего микроносители разводят в 5 объемах этанола, центрифугируют и ресуспендируют в 100% этаноле. Хорошие результаты могут быть получены при концентрации в отвечающем условиям растворе, составляющей 8-10 мкг/мкл микроносителей, 14-17 мкг/мл смешанного дуплексного олигонуклеотида, 1,1-1,4M CaCl₂ и 18-22 mM спермидин. Оптимальные результаты наблюдали в условиях, представляющих собой 8 мкг/мкл микроносителей, 16,5 мкг/мл смешанного дуплексного олигонуклеотида, 1,3M CaCl₂ и 21 mM спермидин.

Олигонуклеоснования репарации генов можно также вводить в растительные клетки для практического применения настоящего изобретения с использованием микроволокон для проникновения в клеточную стенку и клеточную мембрану. В патенте США № 5302523 авторов Coffee et al. описано применение 30X0,5 мкм и 10X0,3 мкм карбидокремниевых волокон для облегчения трансформации суспензионных культур кукурузы Black Mexican Sweet. Любой механический способ, который можно использовать для введения ДНК для трансформации растительной клетки с использованием микроволокон, можно применять для доставки олигонуклеоснований репарации генов для трансмутации.

Типичная методика доставки олигонуклеоснований репарации генов с использованием микроволокон заключается в следующем: стерильные микроволокна (2 мкг) суспендируют в 150 мкл растительной культуральной среды, содержащей примерно 10 мкг смешанного дуплексного олигонуклеотида. Суспензионной культуре дают осесть и равные объемы клеточной массы и суспензии стерильного волокна/нуклеотида перемешивают на вортексе в течение 10 мин и высевают. Селективные среды добавляют сразу же или с отсрочкой до примерно 120 ч в зависимости от конкретного признака.

Электропорация протопластов.

В альтернативном варианте реализации олигонуклеоснования репарации генов могут быть доставлены в растительную клетку путем электропорации протопласта, полученного из части растения или суспензии растительных клеток. Протопласты получают путем ферментативной обработки части растения, в частности листа в соответствии с методиками, хорошо известными специалисту в данной области техники. См., например, Gallois et al., 1996, *Methods in Molecular Biology* 55:89-107, Humana Press, Totowa, N.J.; Kipp et al., 1999, *Methods in Molecular Biology* 133:213-221, Humana Press, Totowa, N.J. Протопласты не нужно культивировать в питательных средах перед электропорацией. Типичные условия электропорации являются следующими: 3X10 протопластов в общем объеме 0,3 мл с концентрацией олигонуклеоснования репарации генов, составляющей 0,6-4 мкг/мл.

ПЭГ-опосредуемое поглощение ДНК протопластами.

В альтернативном варианте реализации нуклеиновые кислоты поглощаются протопластами растений в присутствии модифицирующего мембрану агента полиэтиленгликоля в соответствии с методиками, хорошо известными специалисту в данной области техники (см., например, Gharti-Chhetri et al., *Physiol. Plant.* 85:345-351 (1992); Datta et al., *Plant Molec. Biol.* 20:619-629 (1992)).

Микроинъекция.

В альтернативном варианте реализации олигонуклеоснования репарации генов могут быть доставлены путем введения их с помощью микрокапилляра в растительные клетки или в протопласты (см., например, Miki B. et al., *Meth. Cell Science* 12:139-144 (1989); Schnorf M. et al., *Transgen. Res.* 1:23-30 (1991)).

Трансгенные растения.

В соответствии с любым из различных аспектов и вариантов композиций и способов, описанных в настоящем документе, мутации в генах и белках могут быть осуществлены с использованием, например, трансгенной технологии. В некоторых вариантах реализации композиции и способы включают растение или растительную клетку, содержащую конструкцию трансформированной нуклеиновой кислоты, включающую промотор, функционально связанный с нуклеотидом AOS2, описанным в настоящем документе. Способы, описанные в настоящем документе, могут включать введение конструкции нуклеиновой кислоты AOS2, описанной в настоящем документе, по меньшей мере в одну растительную клетку и регенерацию трансформированного растения на ее основе. Конструкция нуклеиновой кислоты содержит по меньшей мере одну нуклеотидную последовательность, которая кодирует устойчивый и/или толерантный к патогену белок AOS2, описанный в настоящем документе, в частности, нуклеотидные последовательности, представленные на фиг. 2 и 4, и их фрагменты и варианты. Способы дополнительно включают использование промотора, который способен регулировать экспрессию генов в растительной клетке. В одном из вариантов реализации такой промотор представляет собой конститутивный промотор или тканепредпочтительный промотор. Растение, получаемое данными способами, может обладать повышенной или стабилизированной активностью AOS2, и/или повышенными уровнями жасмоновой кислоты и/или 12-оксофитодиеновой кислоты (OPDA), приводящими к повышенной устойчивости и/или толерантности к патогенам по сравнению с нетрансформированным растением. Таким образом, указанные способы находят применение для усиления или повышения устойчивости и/или толерантности растения по меньшей мере к одному патогену.

В одном из вариантов реализации способы получения устойчивого и/или толерантного к патогену растения включают трансформацию растительной клетки конструкцией нуклеиновой кислоты, содержащей нуклеотидную последовательность, функционально связанную с промотором, который регулирует экспрессию в растительной клетке, и регенерацию трансформированного растения из указанной трансформированной растительной клетки. Указанная нуклеотидная последовательность выбрана из тех нуклеотидных последовательностей, которые кодируют устойчивый и/или толерантный к патогену AOS2, описанный в настоящем документе, в частности, нуклеотидных последовательностей, представленных на фиг. 2 и 4, и их фрагментов и вариантов. Устойчивое и/или толерантное к патогену растение, получаемое данным способом, обладает повышенной устойчивостью и/или толерантностью по сравнению с нетрансформированным растением по меньшей мере к одному патогену, например, *Phytophthora infestans*.

Описанные молекулы нуклеиновой кислоты могут быть использованы в конструкциях нуклеиновых кислот для трансформации растений, например культурных растений, таких как *Solanum tuberosum*. В одном из вариантов реализации такие конструкции нуклеиновых кислот, содержащие молекулы нуклеиновой кислоты согласно настоящему изобретению, можно применять для получения трансгенных растений с обеспечением устойчивости и/или толерантности к патогенам, таким как *Phytophthora infestans*. Конструкции нуклеиновых кислот можно применять в кассетах экспрессии, векторах экспрессии, трансформационных векторах, плаزمидях и т.п. Трансгенные растения, получаемые в результате трансформации такими конструкциями, демонстрируют повышенную устойчивость и/или толерантность к патогенам, таким как, например, *Phytophthora infestans*.

Конструкции.

Молекулы нуклеиновой кислоты, описанные в настоящем документе (например, мутированные гены AOS2), можно применять для получения рекомбинантных конструкций нуклеиновых кислот. В одном из вариантов реализации молекулы нуклеиновой кислоты согласно настоящему изобретению можно применять для получения конструкций нуклеиновых кислот, например кассет экспрессии для экспрессии в представляющем интерес растении.

Кассеты экспрессии могут содержать регуляторные последовательности, функционально связанные с последовательностями нуклеиновых кислот AOS2, описанными в настоящем документе. Кассета может дополнительно содержать по меньшей мере один дополнительный ген для котрансформации в организме. В качестве альтернативы, указанный дополнительный ген (гены) может быть предусмотрен в нескольких кассетах экспрессии.

Конструкции нуклеиновых кислот могут быть снабжены множеством сайтов рестрикции для встраивания последовательности нуклеиновой кислоты AOS2 таким образом, чтобы находиться под регуляцией транскрипции регуляторными областями. Конструкции нуклеиновых кислот могут дополнительно содержать молекулы нуклеиновой кислоты, кодирующие селективируемые маркерные гены.

Для получения конструкций нуклеиновых кислот можно использовать любой промотор. Промотор может быть нативным или схожим, или чужеродным, или гетерологичным по отношению к растению-хозяину и/или по отношению к последовательностям нуклеиновых кислот AOS2, описанным в настоящем документе. Кроме того, промотор может представлять собой природную последовательность или, в качестве альтернативы, синтетическую последовательность. В случае, когда промотор является "чужеродным" или "гетерологичным" по отношению к растению-хозяину, предполагается, что указанный промотор не встречается в нативном растении, в который вводят промотор. В случае, когда промотор является "чужеродным" или "гетерологичным" по отношению к последовательностям нуклеиновых кислот

AOS2, описанным в настоящем документе, предполагается, что указанный промотор не является ни нативным, ни встречающимся в природе промотором для функционально связанных последовательностей нуклеиновых кислот AOS2, описанных в настоящем документе. В настоящем описании химерный ген содержит кодирующую последовательность, функционально связанную с областью инициации транскрипции, которая является гетерологичной по отношению к указанной кодирующей последовательности. В некоторых вариантах реализации последовательности нуклеиновых кислот AOS2, описанные в настоящем документе, экспрессируются с использованием гетерологичных промоторов, нативные промоторные последовательности могут быть использованы для получения конструкций. Такие конструкции будут изменять уровни экспрессии белка AOS2 в растении или растительной клетке. Таким образом, изменяется фенотип растения или растительной клетки.

Для получения конструкций можно использовать любой промотор для контроля экспрессии кодирующей последовательности AOS2, такие как конститутивные, тканепредпочтительные, индуцибельные промоторы или другие промоторы для экспрессии в растениях. Конститутивные промоторы включают, например, коровый промотор Rsyn7-промотора и другие конститутивные промоторы, описанные в WO 99/43838 и патенте США № 6072050; коровый промотор CaMV 35S (Odell et al. (1985) *Nature* 313:810-812); промотор актина риса (McElroy et al. (1990) *Plant Cell* 2:163-171); убиквитина (Christensen et al. (1989) *Plant Mol. Biol.* 12:619-632 и Christensen et al. (1992) *Plant Mol. Biol.* 18:675-689); pEMU (Last et al. (1991) *Theor. Appl. Genet.* 81:581-588); MAS (Velten et al. (1984) *EMBO J.* 3:2723-2730); промотор ALS (патент США № 5659026) и т.п. Другие конститутивные промоторы включают, например, промоторы из патентов США № 5608149; 5608144; 5604121; 5569597; 5466785; 5399680; 5268463; 5608142 и 6177611. Тканепредпочтительные промоторы можно использовать для регуляции экспрессии AOS2 в конкретной ткани растения. Такие тканепредпочтительные промоторы включают, но не ограничиваются ими, предпочтительные для листа промоторы, предпочтительные для корня промоторы, предпочтительные для семени промоторы и предпочтительные для стебля промоторы. Тканепредпочтительные промоторы включают промоторы, описанные в Yamamoto et al. (1997) *Plant J.* 12(2):255-265; Kawamata et al. (1997) *Plant Cell Physiol.* 38(7):792-803; Hansen et al. (1997) *Mol. Gen. Genet.* 254(3):337-343; Russell et al. (1997) *Transgenic Res.* 6(2):157-168; Rinehart et al. (1996) *Plant Physiol.* 112(3):1331-1341; Van Camp et al. (1996) *Plant Physiol.* 112(2):525-535; Canevascini et al. (1996) *Plant Physiol.* 112(2): 513-524; Yamamoto et al. (1994) *Plant Cell Physiol.* 35(5):773-778; Lam (1994) *Results Probl. Cell Differ.* 20:181-196; Orozco et al. (1993) *Plant Mol. Biol.* 23(6): 1129-1138; Matsuoka et al. (1993) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 90(20):9586-9590; и Guevara-Garcia et al. (1993) *Plant J.* 4(3):495-505.

Конструкции нуклеиновых кислот могут также содержать области терминирования транскрипции. В случае, когда используют области терминирования транскрипции, для получения конструкций нуклеиновых кислот можно использовать любую область терминирования. Например, область терминирования может быть нативной по отношению к области инициации транскрипции, может быть нативной по отношению к функционально связанной представляющей интерес последовательности AOS2, может быть нативной по отношению к растению-хозяину или может быть получена из другого источника (т.е. чужеродная или гетерологичная по отношению к промотору, представляющей интерес молекуле нуклеиновой кислоты AOS2, растению-хозяину или их любой комбинации). Примеры областей терминирования, которые доступны для использования в конструкциях согласно настоящему изобретению, включают области терминирования из Ti-плазмиды *A. tumefaciens*, такие как области терминирования октопинсинтазы и нопалинсинтазы. См. также Guerinneau et al. (1991) *Mol. Gen. Genet.* 262:141-144; Proudfoot (1991) *Cell* 64:671-674; Sanfacon et al. (1991) *Genes Dev.* 5:141-149; Mogen et al. (1990) *Plant Cell* 2:1261-1272; Munroe et al. (1990) *Gene* 91:151-158; Ballas et al. (1989) *Nucleic Acids Res.* 17:7891-7903; и Joshi et al. (1987) *Nucleic Acid Res.* 15:9627-9639.

В некоторых вариантах реализации нуклеиновые кислоты могут быть оптимизированы для увеличения экспрессии в трансформированном растении. Т.е. нуклеиновые кислоты, кодирующие мутантные белки AOS2, можно синтезировать с использованием предпочтительных для растения кодонов для улучшения экспрессии. См., например, обсуждение предпочтительного для хозяина использования кодонов в Campbell and Gowri (1990) *Plant Physiol.* 92:1-11. В данной области техники доступны способы синтеза предпочтительных для растения генов. См., например, патенты США № 5380831 и 5436391, и Murray et al. (1989) *Nucleic Acids Res.* 17:477-498.

Кроме того, могут быть осуществлены другие модификации последовательностей нуклеиновых кислот, описанных в настоящем документе. Например, дополнительные модификации последовательностей усиливают экспрессию генов в клетке-хозяине. Они включают удаление последовательностей, кодирующих ложные сигналы полиаденилирования, сигналы сайтов сплайсинга экзона/интрона, подобные транспозонам повторы и других таких хорошо охарактеризованных последовательностей, которые могут оказывать неблагоприятное воздействие на экспрессию генов. Содержание G-C в последовательности можно также регулировать до уровней, которые являются средними для целевой клетки-хозяина, рассчитанных в соответствии с известными генами, экспрессируемыми в указанной клетке-хозяине. Кроме того, последовательность можно модифицировать для избегания предсказанных вторичных шпильчатых структур мРНК.

Другие последовательности нуклеиновых кислот можно также использовать для получения конструкций согласно настоящему изобретению, например для усиления экспрессии кодирующей последовательности AOS2. Такие последовательности нуклеиновых кислот включают интрон 1 гена *Adh1* кукурузы (Callis et al. (1987) *Genes and Development* 1:1183-1200) и лидерные последовательности (W-последовательность) из вируса табачной мозаики (TMV), вируса хлоротической пятнистости кукурузы и вируса мозаики люцерны (Gallie et al., (1987) *Nucleic Acid Res.* 15:8693-8711 и Skuzeski et al., (1990) *Plant Mol. Biol.* 15:65-79). Было показано, что первый интрон локуса *shrunk-1* кукурузы увеличивает экспрессию генов в химерных генетических конструкциях. В патентах США № 5424412 и 5593874 описано применение конкретных интронов в конструкциях экспрессии генов, и Gallie et al., *Plant Physiol.* 106:929-939 (1994) также показали, что интроны подходят для регуляции экспрессии генов на тканеспецифической основе. Для дополнительного усиления или для оптимизации экспрессии гена AOS2 растительные векторы экспрессии, описанные в настоящем документе, могут также содержать последовательности ДНК, содержащие участки прикрепления к ядерному матриксу (MAR). Растительные клетки, трансформированные такими модифицированными системами экспрессии, в таком случае могут демонстрировать сверхэкспрессию или конститутивную экспрессию нуклеотидной последовательности согласно настоящему изобретению.

Конструкции экспрессии, описанные в настоящем документе, могут также содержать последовательности нуклеиновых кислот, способные направлять экспрессию последовательности AOS2 в хлоропласт. Такие последовательности нуклеиновых кислот включают нацеленную на хлоропласты последовательность, кодирующую транзитный пептид хлоропласта, для направления представляющего интерес генного продукта в хлоропласты растительных клеток. Такие транзитные пептиды известны в данной области техники. В отношении нацеленных на хлоропласты последовательностей термин "функционально связанный" означает, что последовательность нуклеиновой кислоты, кодирующая транзитный пептид (т.е. нацеленная на хлоропласты последовательность), связана с молекулой нуклеиновой кислоты AOS2 согласно настоящему изобретению так, что две последовательности примыкают друг к другу и находятся в одной и той же рамке считывания. См., например, Von Heijne et al. (1991) *Plant Mol. Biol. Rep.* 9:104-126; Clark et al. (1989) *J. Biol. Chem.* 264:17544-17550; Della-Cioppa et al. (1987) *Plant Physiol.* 84:965-968; Romer et al. (1993) *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 196:1414-1421; и Shah et al. (1986) *Science* 233:478-481. В то время как белки AOS2, описанные в настоящем документе, могут включать нативный транзитный пептид хлоропласта, любой транзитный пептид хлоропласта, известный в данной области техники, может быть слит с аминокислотной последовательностью зрелого белка AOS2 согласно настоящему изобретению путем функционального связывания нацеленной на хлоропласты последовательности с 5'-концом нуклеотидной последовательности, кодирующей зрелый белок AOS2 согласно настоящему изобретению.

Нацеленные на хлоропласты последовательности известны в данной области техники и включают малую субединицу рибулоза-1,5-бисфосфаткарбоксилазы (Rubisco) хлоропластов (de Castro Silva Filho et al. (1996) *Plant Mol. Biol.* 30:769-780; Schnell et al. (1991) *J. Biol. Chem.* 266(5):3335-3342); 5-(енолпирувил)шикимат-3-фосфатсинтазу (EPSPS) (Archer et al. (1990) *J. Bioenerg. Biomemb.* 22(6):789-810); триптофансинтазу (Zhao et al. (1995) *J. Biol. Chem.* 270(11):6081-6087); пластоцианин (Lawrence et al. (1997) *J. Biol. Chem.* 272(33):20357-20363); хоризматсинтазу (Schmidt et al. (1993) *J. Biol. Chem.* 268(36):27447-27457); и светособирающий хлорофилл *a/b*-связывающий белок (LHBP) (Lamppa et al. (1988) *J. Biol. Chem.* 263:14996-14999). См. также Von Heijne et al. (1991) *Plant Mol. Biol. Rep.* 9:104-126; Clark et al. (1989) *J. Biol. Chem.* 264:17544-17550; Della-Cioppa et al. (1987) *Plant Physiol.* 84:965-968; Romer et al. (1993) *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 196:1414-1421; и Shah et al. (1986) *Science* 233:478-481.

В другом варианте реализации могут быть получены конструкции нуклеиновых кислот для направления экспрессии мутантной кодирующей последовательности AOS2 из хлоропласта растительной клетки. Способы трансформации хлоропластов известны в данной области техники. См., например, Svab et al. (1990) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 87:8526-8530; Svab and Maliga (1993) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 90:913-917; Svab and Maliga (1993) *EMBO J.* 12:601-606. Способ основан на доставке ДНК, содержащей селективный маркер, с помощью генной пушки, и нацеливании ДНК на геном пластид посредством гомологичной рекомбинации. Кроме того, трансформацию пластид можно осуществлять путем трансактивации молчащего происходящего из пластид трансгена посредством тканепредпочтительной экспрессии кодируемой ядром и направленной на пластиды РНК-полимеразы. Такая система была описана в McBride et al. (1994) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 91:7301-7305.

Представляющие интерес нуклеиновые кислоты для нацеливания на хлоропласт могут быть оптимизированы для экспрессии в хлоропласте с учетом различий в использовании кодонов между ядром растения и данной органеллой. Таким образом, представляющие интерес нуклеиновые кислоты можно синтезировать с использованием предпочтительных для хлоропластов кодонов. См., например, патент США № 5380831, содержание которого включено в описание посредством ссылки. Конструкции нуклеиновых кислот можно применять для трансформации растительных клеток и регенерации трансгенных растений, содержащих мутантные кодирующие последовательности AOS2. Доступны многочисленные векторы для трансформации растений и способы трансформации растений. См., например, патент

США № 6753458; An, G. *et al.* (1986) *Plant Physiol.*, 81:301-305; Fry, J. *et al.* (1987) *Plant Cell Rep.* 6:321-325; Block, M. (1988) *Theor. Appl Genet.* 76:767-774; Hinchey *et al.* (1990) *Stadler. Genet. Symp.* 203:212-203-212; Cousins *et al.* (1991) *Aust. J. Plant Physiol.* 18:481-494; Chee, P. P. *et al.* (1992) *Gene*. 118:255-260; Christou *et al.* (1992) *Trends. Biotechnol.* 10:239-246; D'Halluin *et al.* (1992) *Bio/Technol.* 10:309-314; Dhir *et al.* (1992) *Plant Physiol.* 99:81-88; Casas *et al.* (1993) *Proc. Nat. Acad. Sci. USA* 90:11212-11216; Christou, P. (1993) *In Vitro Cell. Dev. Biol.-Plant*; 29P:119-124; Davies *et al.* (1993) *Plant Cell Rep.* 12:180-183; Dong, J. A. *et al.* (1993) *Plant Sci.* 91:139-148; Franklin, C. I. *et al.* (1993) *Plant. Physiol.* 102:167; Golovkin *et al.* (1993) *Plant Sci.* 90:41-52; Guo Chin Sci. Bull. 38:2072-2078; Asano *et al.* (1994) *Plant Cell Rep.* 13; Ayeres, N. M. *et al.* (1994) *Crit. Rev. Plant. Sci.* 13:219-239; Barcelo *et al.* (1994) *Plant. J.* 5:583-592; Becker, *et al.* (1994) *Plant. J.* 5:299-307; Borkowska *et al.* (1994) *Acta. Physiol Plant.* 16:225-230; Christou, P. (1994) *Agro. Food. Ind. Hi Tech.* 5: 17-27; Eapen *et al.* (1994) *Plant Cell Rep.* 13:582-586; Hartman *et al.* (1994) *Bio-Technology* 12: 919-923; Ritala *et al.* (1994) *Plant. Mol. Biol.* 24:317-325; и Wan, Y. C. *et al.* (1994) *Plant Physiol.* 104:3748.

Указанные конструкции можно также трансформировать в растительные клетки с использованием гомологичной рекомбинации. Описанные конструкции, содержащие последовательности нуклеиновых кислот AOS2, описанные в настоящем документе, можно применять в различных способах для получения трансгенных клеток-хозяев, таких как бактерии, дрожжи, и для трансформации растительных клеток и в некоторых случаях регенерации трансгенных растений. Например, способы получения трансгенного культурного растения, содержащего мутантные белки AOS2, описанные в настоящем документе, в которых экспрессия нуклеиновой кислоты (кислот) в указанном растении обуславливает устойчивость и/или толерантность к патогену по сравнению с растениями дикого типа или с известными мутантными по AOS2 растениями, включают: (а) введение в растительную клетку вектора экспрессии, содержащего нуклеиновую кислоту, кодирующую мутантный белок AOS2, и (b) получение из указанной растительной клетки трансгенного растения, которое является устойчивым и/или толерантным к патогену.

Мутации AOS2.

Композиции и способы могут относиться, по меньшей мере отчасти, к мутациям в гене AOS2, например мутациям, которые делают растение устойчивым или толерантным к патогену. В некоторых вариантах реализации композиции и способы также относятся к использованию олигонуклеосложения репарации генов для осуществления желаемой мутации в хромосомных или эписомальных последовательностях растения в гене, кодирующем белок AOS2. Мутированный белок может в некоторых вариантах реализации по существу сохранять каталитическую активность белка дикого типа, что обеспечивает повышенную устойчивость и/или толерантность растения к патогену и, таким образом, в некоторых вариантах реализации обеспечивает по существу нормальный или измененный рост или развитие растения, его органов, тканей или клеток по сравнению с растением дикого типа, независимо от наличия или отсутствия патогена. Композиции и способы также относятся к нетрансгенной растительной клетке, в которой ген AOS2 был подвергнут мутации, нетрансгенному растению, регенерированному из нее, а также растению, полученному в результате скрещивания с использованием регенерированного нетрансгенного растения с растением, содержащим мутацию в другом гене AOS2 или в том же гене AOS2, например. Композиции и способы также относятся к трансгенной растительной клетке, в которой ген AOS2 был подвергнут мутации, трансгенному растению, регенерированному из нее, а также растению, полученному в результате скрещивания с использованием регенерированного трансгенного растения с растением, содержащим мутацию в другом гене AOS2 или в том же гене AOS2, например.

В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, мутированный белок AOS2 содержит одну или более мутаций в положении, соответствующем положению, выбранному из группы, состоящей из 6, 12, 30, 37, 46, 48, 51, 76, 113, 145, 187, 197, 200, 227, 231, 256, 264, 270, 282, 289, 292, 309, 320, 328, 337, 338, 357, 381, 394, 407, 423, 430, 439, 467, 480, 494 и 495 последовательности SEQ ID NO: 5. В некоторых вариантах реализации мутированный белок AOS2 содержит одну или более мутаций в положении, соответствующем положению 6 последовательности SEQ ID NO: 5. В некоторых вариантах реализации мутированный белок AOS2 содержит одну или более мутаций в положении, соответствующем положению 12 последовательности SEQ ID NO: 5. В некоторых вариантах реализации мутированный белок AOS2 содержит одну или более мутаций в положении, соответствующем положению 30 последовательности SEQ ID NO: 5. В некоторых вариантах реализации мутированный белок AOS2 содержит одну или более мутаций в положении, соответствующем положению 37 последовательности SEQ ID NO: 5. В некоторых вариантах реализации мутированный

[illegible]

- 34 -

- 35 -

ности SEQ ID NO: 3. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий одну или более мутаций относительно аминокислотной последовательности AOS2, содержащей Р в положении аминокислоты 381 последовательности SEQ ID NO: 5. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий одну или более мутаций относительно аминокислотной последовательности AOS2, содержащей L в положении аминокислоты 381 последовательности SEQ ID NO: 35. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий одну или более мутаций относительно аминокислотной последовательности AOS2, содержащей Т в положении аминокислоты 394 последовательности SEQ ID NO: 9. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий одну или более мутаций относительно аминокислотной последовательности AOS2, содержащей G в положении аминокислоты 407 последовательности SEQ ID NO: 5. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий одну или более мутаций относительно аминокислотной последовательности AOS2, содержащей С в положении аминокислоты 407 последовательности SEQ ID NO: 13. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий одну или более мутаций относительно аминокислотной последовательности AOS2, содержащей F в положении аминокислоты 423 последовательности SEQ ID NO: 7. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий одну или более мутаций относительно аминокислотной последовательности AOS2, содержащей L в положении аминокислоты 430 последовательности SEQ ID NO: 5. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий одну или более мутаций относительно аминокислотной последовательности AOS2, содержащей делецию аминокислоты E в положении 439 последовательности SEQ ID NO: 5. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий одну или более мутаций относительно аминокислотной последовательности AOS2, содержащей G в положении аминокислоты 467 последовательности SEQ ID NO: 5. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий одну или более мутаций относительно аминокислотной последовательности AOS2, содержащей S в положении аминокислоты 467 последовательности SEQ ID NO: 39. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий одну или более мутаций относительно аминокислотной последовательности AOS2, содержащей V в положении аминокислоты 480 последовательности SEQ ID NO: 5. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий одну или более мутаций относительно аминокислотной последовательности AOS2, содержащей G в положении аминокислоты 494 последовательности SEQ ID NO: 5. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий одну или более мутаций относительно аминокислотной последовательности AOS2, содержащей D в положении аминокислоты 494 последовательности SEQ ID NO: 21. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий одну или более мутаций относительно аминокислотной последовательности AOS2, содержащей T в положении аминокислоты 495 последовательности SEQ ID NO: 5.

В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, мутированный белок AOS2 содержит одну или более, две или более, три или более, четыре или более, пять или более, шесть или более, семь или более, восемь или более, девять или более, или десять или более, или одиннадцать или более, или двенадцать или более, тринадцать или более, четырнадцать или более, пятнадцать или более, шестнадцать или более, семнадцать или более, восемнадцать или более, девятнадцать или более, двадцать или более, двадцать одну или более, двадцать две или более, двадцать три или более, двадцать четыре или более, двадцать пять или более мутаций в положениях, выбранных из группы, состоящей из S6, P12, R12, V30, T37, F46, L46, I48, T48, I51, D76, N76, D113, G113, Y145, F187, D197, E197, T200, T227, G231, T231, F256, V256, T264, F270, F282, S282, N289, S289, A292, I309, L309, L320, M320, L328, V328, D337, E337, L338, V338, I357, M357, L381, P381, K394, C407, G407, I423, F430, A439 (где A обозначает делецию), G467, S467, T480, D494, G494 и K495 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 и/или 49. В некоторых вариантах реализации мутированный белок AOS2 содержит две или более мутаций, по меньшей мере одна из которых расположена в положении аминокислоты, соответствующем положению, выбранному из группы, состоящей из S6, P12, R12, V30, T37, F46, L46, I48, T48, I51, D76, D113, G113, Y145, F187, D197, E197, T200, T227, G231, T231, F256, V256, T264, F270, F282, S282, N289, S289, A292, I309, L309, L320, M320, L328, V328, D337, E337, L338, V338, I357, M357, L381, P381, K394, C407, G407, I423, F430, A439 (где A обозначает делецию), G467, S467, T480, D494, G494 и K495 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 и/или 49. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 содержит три или более мутаций, по меньшей мере одна из которых расположена в положении аминокислоты, соответствующем положению, выбранному из группы, состоящей из S6, P12, R12, V30, T37, F46, L46, I48, T48, I51, D76, D113, G113, Y145, F187, D197, E197, T200, T227, G231, T231, F256, V256, T264, F270, F282, S282, N289, S289,

- 41 -

- 43 -

- 44 -

33, 37, 39, 41, 43, 45, 47 или 49. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий мутацию аминокислоты пролин - лейцин в положении, соответствующем положению 381 последовательности SEQ ID NO: 35. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий мутацию аминокислоты треонин - лизин в положении, соответствующем положению 394 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 или 49. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий мутацию аминокислоты цистеин - глицин в положении, соответствующем положению 407 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 или 49. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий мутацию аминокислоты глицин - цистеин в положении, соответствующем положению 407 последовательности SEQ ID NO: 13 или 15. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий мутацию аминокислоты фенилаланин - изолейцин в положении, соответствующем положению 423 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 5, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 29, 31, 35, 37, 39, 41, 43 или 45. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий мутацию аминокислоты лейцин - фенилаланин в положении, соответствующем положению 430 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 или 49. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий мутацию аминокислоты серин - глицин в положении, соответствующем положению 467 последовательности SEQ ID NO: 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 33, 41, 43, 45, 47 или 49, или положению 466 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 29, 31, 35 или 37. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий мутацию аминокислоты глицин - серин в положении, соответствующем положению 467 последовательности SEQ ID NO: 39. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий мутацию аминокислоты валин - треонин в положении, соответствующем положению 480 последовательности SEQ ID NO: 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 или 49, или положению 479 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 29, 31, 35 или 37. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий мутацию аминокислоты аспарагиновая кислота - глицин в положении, соответствующем положению 494 последовательности SEQ ID NO: 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 25, 27, 29, 33, 35, 37, 39, 41, 45, 47 или 49, или положению 493 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 29, 35 или 37. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий мутацию аминокислоты глицин - аспарагиновая кислота в положении, соответствующем положению 494 последовательности SEQ ID NO: 21, 23 или 43, или положению 493 последовательности SEQ ID NO: 31. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий мутацию аминокислоты треонин - лизин в положении, соответствующем положению 495 последовательности SEQ ID NO: 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 или 49, или положению 494 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 29, 31, 35 или 37. В некоторых вариантах реализации мутированный ген AOS2 кодирует мутированный белок AOS2, содержащий мутацию аминокислоты, при которой глутаминовая кислота подвергнута делеции в положении, соответствующем положению 439 последовательности SEQ ID NO: 1, 3, 29, 31, 35 или 37.

В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, мутированный ген AOS2 содержит по меньшей мере одну мутацию, по меньшей мере две мутации, по меньшей мере три мутации, по меньшей мере четыре мутации, по меньшей мере пять мутаций, по меньшей мере шесть мутаций, по меньшей мере семь мутаций, по меньшей мере восемь мутаций, по меньшей мере девять мутаций, по меньшей мере десять мутаций, по меньшей мере одиннадцать мутаций, по меньшей мере двенадцать мутаций, по меньшей мере тринадцать мутаций, по меньшей мере четырнадцать мутаций, по меньшей мере пятнадцать мутаций, по меньшей мере шестнадцать мутаций, по меньшей мере семнадцать мутаций, по меньшей мере восемнадцать мутаций, по меньшей мере девятнадцать мутаций, по меньшей мере двадцать мутаций, по меньшей мере двадцать одну мутацию, по меньшей мере двадцать две мутации, по меньшей мере двадцать три мутации, по меньшей мере двадцать четыре мутации, по меньшей мере двадцать пять мутаций, по меньшей мере двадцать шесть мутаций, по меньшей мере двадцать семь мутаций, по меньшей мере двадцать восемь мутаций, по меньшей мере двадцать девять мутаций, по меньшей мере тридцать мутаций, по меньшей мере тридцать одну мутацию, по меньшей мере тридцать две мутации, по меньшей мере тридцать три мутации, по меньшей мере тридцать четыре мутации, по меньшей мере тридцать пять мутаций, по меньшей мере тридцать шесть мутаций или по меньшей мере тридцать семь мутаций.

Паралоги.

Рассматриваемые мутации в гене AOS2, в целом, описаны в настоящем документе с использованием выбранных генов и белков AOS2 *Solanum tuberosum* с аминокислотами с указанием на положения в SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47 и 49 и положениям нуклеиновых кислот с указанием на положения в SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24,

26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48 и 50. Композиции и способы также включают мутантные гены и белки AOS2 других культурных сортов картофеля, а также других видов растений (паралоги). Однако вследствие изменений в генах AOS2 разных видов количество изменяемых остатков аминокислот у одного вида может быть другим у другого вида. Тем не менее, специалист в данной области техники может легко определить аналогичное положение с помощью гомологии последовательностей. Таким образом, аналогичные положения в паралогах могут быть идентифицированы и подвергнуты мутации.

Патогены.

Композиции и способы, предложенные согласно настоящему изобретению, включают гены AOS2 и белки AOS2, которые обеспечивают устойчивость и/или толерантность к патогенам. В некоторых вариантах реализации патоген представляет собой патоген *Phytophthora*. В конкретных вариантах реализации патоген представляет собой *Phytophthora infestans*. В конкретных вариантах реализации патоген представляет собой вирус, бактерии, нематоды, грибки и т.п. Вирусные патогены включают любой вирус растений, например, вирус табачной мозаики или вирус мозаики огурца, Y-вирус картофеля, вирус кольцевой пятнистости, вирус некроза, вирус карликовой мозаики кукурузы и т.п. Грибковые, оомицетные и вирусные патогены для основных сельскохозяйственных культур включают, но не ограничиваются ими, *Phytophthora*, *Fusarium* spp., *Alternaria*, *Pythium* spp., вирус мозаики соевых бобов, вирус кольцевой пятнистости табака, вирус полосатости табака, вирус бронзовости томата, *Sclerotinia*, *Peronospora*, *Cladosporium*, *Erysiphe*, *Aspergillus*, *Puccinia* spp., *Botrytis* spp., *Blumeria* spp. и *Trichoderma*. Бактериальные патогены растений включают любые виды бактерий, которые инфицируют растение, и включают, но не ограничиваются ими, *Xanthomonas* (например, *Xanthomonas axonopodis* pv. *aurantifolii*, *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*, *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*), *Pseudomonas* (*Pseudomonas syringae* pv. *tomato*, *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*, *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*), *Erwinia* (например, *Erwinia carotovora* subsp. *atroseptica*), *Ralstonia* (например, *Ralstonia solanacearum*), *Clavibacter michiganensis* и *Xylella fastidiosa*.

Также предложено трансгенное или нетрансгенное растение или растительная клетка, содержащая одну или более мутаций в гене AOS2, например, таких как описаны в настоящем документе. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка, содержащая одну или более мутаций в гене AOS2, обладает повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка, содержащая одну или более мутаций в гене AOS2, может демонстрировать по существу нормальный рост или развитие растения, его органов, тканей или клеток по сравнению с соответствующим растением или клеткой дикого типа. В соответствии с конкретными аспектами и вариантами реализации предложены нетрансгенные растения, содержащие мутацию в гене AOS2, например, такую как описана в настоящем документе, которые в некоторых вариантах реализации обладают повышенной устойчивостью и/или толерантностью к *Phytophthora infestans*. Также предложены способы получения растения, содержащего мутированный ген AOS2, например, содержащий одну или более мутаций, описанных в настоящем документе; предпочтительно указанное растение по существу сохраняет каталитическую активность белка дикого типа, независимо от наличия или отсутствия соответствующего патогена. В некоторых вариантах реализации указанные способы включают введение в растительную клетку олигонуклеосложения репарации генов с одной или более целевыми мутациями в гене AOS2 (например, такими как описаны в настоящем документе) и идентификацию клетки, семени или растения, содержащего мутированный ген AOS2.

Виды растений.

В соответствии с любым из различных аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, растение или растительная клетка может относиться к любому виду двудольного, однодольного или голосеменного растения, включая любой вид древесных растений, который растет в виде дерева или кустарника, любой вид травянистых растений или любой вид, который дает съедобные плоды, семена или овощи, или любой вид, который дает яркие или ароматические цветы. Например, растение или растительная клетка может быть выбрана из вида растения, выбранного из группы, состоящей из картофеля, подсолнечника, сахарной свеклы, кукурузы, хлопчатника, сои, пшеницы, ржи, овса, риса, канолы, фруктов, овощей, табака, баклажана, ячменя, boxthane, сорго, томата, физалиса клейкоплодного, тамарилло, манго, персика, яблока, груши, клубники, банана, дыни, плодов годжи, паслена черного, физалиса пушистого, моркови, латука, лука репчатого, видов сои, сахарного тростника, гороха, конских бобов, тополя, винограда, цитруса, люцерны, ржи, овса, газонных и кормовых трав, тыквы, льна, масличной культуры, огурца, тыквы крупноплодной столовой, тыквы обыкновенной, арбуза, дыни мускусной, ипомеи, бальзамина, перца, сладкого перца, перца красного стручкового, перца чили, паприки, перца гвоздичного, хабанеро, перца кайенского, баклажана, календулы, лотоса, капусты, маргаритки, гвоздики, тюльпана, касатика, лилии и растений, образующих орехи, в той мере, в какой они еще не упомянуты специально. Растение или растительная клетка может также относиться к виду, выбранному из группы, состоящей из *Arabidopsis thaliana*, *Solanum tuberosum*, *Solanum phureja*, *Oryza sativa*, *Amaranthus tuberculatus* и *Zea mays*. В различных вариантах реализации растения, описанные в настоящем документе, могут относиться к любому виду семейства Solanaceae.

В некоторых вариантах реализации растения или растительные клетки могут представлять собой

томат. В некоторых вариантах реализации растения или растительные клетки могут представлять собой баклажан. В некоторых вариантах реализации растения или растительные клетки могут представлять собой перец. В некоторых вариантах реализации растения или растительные клетки могут представлять собой сою. В некоторых вариантах реализации растения или растительные клетки могут представлять собой табак.

В соответствии с любым из аспектов, вариантов реализации, композиций и способов, описанных в настоящем документе, растения могут представлять собой картофель любого коммерческого сорта. Например, растение или растительная клетка может быть выбрана из сорта картофеля, выбранного из группы, состоящей из

Anya, Arran

Victory, Atlantic, Belle de Fontenay, BF-15, Bintje, Cabritas, Camota, Chelina, Chiloé, Cielo, Clavela Blanca, Désirée, Fianna, Fingerling, Fontana, Flava, Golden Wonder, Innovator, Jersey Royal, Kerr's Pink, Kestrel, King Edward, Kipfler, Lady Balfour, Maris Piper, Nicola, Pachacoña, Pink Eye, Pink Fir Apple, Primura, Red Norland, Red Pontiac, Rooster, Russet Burbank, Russet Norkotah, Shepody, Spunta, Vivaldi, Yukon Gold, Nyayo, Mukori, Roslin Tana, Kerr's Pink/Meru, Golof, Kinongo, Ngure, Kenya Baraka, Maritta, Kihoro, Americar, Roslin Bvumbwe, Njine, Roslin Gucha, Arka, B53 (Roslin Eburu), Kiraya, Kenya Akiba, 9, Original, Gituma, Mukorino, Amin, Pimpernel, Anett, B, Gituru, Feldeslohn, C, Kigeni, Romano, Kenya Ruaka, Purplu, Njae, Suzanna, Cardinal, Kathama, Kinare-Mwene, Kibururu, Karoa-Igura, Muturu, Faraja, Kiamucove, Michiri, Rugano, Njine Giathireko, Meru Mix, Blue Baranja, Patrones, Robijn, Roslin Chania, Urgentia, Mirka и Roslin Sasamua.

В различных вариантах реализации растения или растительные клетки, описанные в настоящем документе, могут представлять собой картофель любого коммерческого сорта. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Anya. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Arran Victory. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Atlantic. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Belle de Fontenay. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля BF-15. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Bintje. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Cabritas. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Camota. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Chelina. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Chiloé, Cielo. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Clavela Blanca. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Désirée. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Fianna. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Fingerling. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Flava. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Fontana. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Golden Wonder. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Innovator. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Jersey Royal. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Kerr's Pink. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Kestrel. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля King Edward. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Kipfler. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Lady Balfour. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Maris Piper. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Nicola. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Pachacoña. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Pink Eye. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Pink Fir Apple. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Primura. В не-

может относиться к сорту картофеля Njine Giathireko. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Meru Mix. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Blue Baranja. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Patrones. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Robijn. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Roslin Chania. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Urgentia. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Mirka. В некоторых вариантах реализации растение или растительная клетка может относиться к сорту картофеля Roslin Sasamua.

Олигонуклеосомное репарирование генов может быть введено в растительную клетку с применением любого способа, обычно используемого в данной области техники, включая, но не ограничиваясь ими, микроносители (биолистическая доставка), микроволокна, полиэтиленгликоль (ПЭГ)-опосредуемое поглощение, электропорацию и микроинъекцию.

Также предложены способы и композиции, относящиеся к культуре клеток, мутированных в соответствии со способами, описанными в настоящем документе, для получения растения, которое дает семена, далее "фертильного растения", и получению семян и дополнительных растений из такого фертильного растения.

Также предложены способы и композиции, относящиеся к культуре клеток, мутированных в соответствии со способами, описанными в настоящем документе, для получения растения, которое образует по существу нормальные клубни с по существу нормальным выходом, благодаря чему по существу нормальные растения образуются из клубня или части клубня картофеля, имеющего по меньшей мере один или два глазка (спящие почки), часто называемого семенным картофелем.

Также предложены мутации в гене AOS2, которые обеспечивают растению устойчивость и/или толерантность к соответствующему патогену, или при которых мутированный ген AOS2 обладает по существу такой же или измененной ферментативной активностью по сравнению с AOS2 дикого типа.

Отбор устойчивых к патогену растений и применение патогенов.

Растения и растительные клетки можно тестировать на предмет устойчивости и/или толерантности к патогену с использованием способов, общеизвестных в данной области техники, например, путем выращивания растения или растительной клетки в присутствии патогена и измерения скорости роста по сравнению со скоростью роста в отсутствие патогена. Заражение патогеном для отбора устойчивых и/или толерантных растений можно осуществлять путем введения либо спорангиев, либо зооспор патогена. Уровни устойчивости растения в случае данных заражений можно оценивать в соответствии с различными способами, такими как определение скорости увеличения ДНК патогена в инфицированном растительном материале, скорости прогрессирования размеров поражения и т.д.

В настоящем описании по существу нормальный рост растения, органа растения, растительной ткани или растительной клетки определяется как скорость роста или скорость деления клеток указанного растения, органа растения, растительной ткани или растительной клетки, которая составляет по меньшей мере 35%, по меньшей мере 50%, по меньшей мере 60% или по меньшей мере 75% скорости роста или скорости деления клеток в соответствующем растении, органе растения, растительной ткани или растительной клетке, экспрессирующей белок AOS2 дикого типа.

В настоящем описании по существу нормальное развитие растения, органа растения, растительной ткани или растительной клетки определяется как возникновение одного или более явлений развития в указанном растении, органе растения, растительной ткани или растительной клетке, которые по существу совпадают с теми, которые возникают в соответствующем растении, органе растения, растительной ткани или растительной клетке, экспрессирующей белок AOS2 дикого типа.

В некоторых вариантах реализации органы растений, предложенные согласно настоящему изобретению, включают, но не ограничиваются ими, листья, стебли, корни, вегетативные почки, цветочные почки, меристемы, зародыши, семядоли, эндосперм, чашелистики, лепестки, пестики, плодолистики, тычинки, пыльники, микроспоры, пыльцу, пыльцевые трубки, семяпочки, завязи и плоды или полученные из них срезы, части или диски. Растительные ткани включают, но не ограничиваются ими, каллюсные ткани, основную паренхиму, сосудистые ткани, запасающие ткани, меристематические ткани, ткани листьев, ткани побегов, ткани корней, ткани галлов, ткани опухолей растений и репродуктивные ткани. Растительные клетки включают, но не ограничиваются ими, выделенные клетки с клеточными стенками, их агрегаты различных размеров и протопласты.

Растения являются по существу "толерантными" к соответствующему патогену, когда они подвергаются его воздействию и обеспечивают кривую доза/ответ, которая смещена вправо по сравнению с кривой, обеспечиваемой подобным нетолерантным растением, подвергнутым аналогичному воздействию. Такие кривые доза/ответ включают "дозу", нанесенную на ось X, и "процент уничтожения", "патогенный эффект" и т.д., нанесенную на ось Y. Для конкретного патогенного эффекта толерантным растениям потребуется большее количество патогена, чем подобным нетолерантным растениям. Растения, которые являются по существу "устойчивыми" к патогену, демонстрируют малое количество (при нали-

чий) некротических, литических, хлоротических или других поражений при воздействии патогена в концентрациях и со скоростями, которые типичны для воздействия патогена в природе. Растения, которые устойчивы к патогену, являются также толерантными к указанному патогену.

Методы полимеразной цепной реакции для детектирования и количественного определения патогенов в растениях.

Устойчивость хозяина к патогену может быть определена с использованием способов, уже разработанных и известных специалисту в данной области техники. Как правило, для разных патогенов используют разные способы, но в целом, следующие способы можно применять в отношении грибковых и бактериальных патогенов. Устойчивость и/или толерантность к патогену может быть определена путем мониторинга присутствия и количества патогенспецифической нуклеиновой кислоты в растении. Например, листочки растения инокулируют 10 мкл каплями суспензии спорангиев (30-40 спорангиев/мкл) на обеих сторонах средней жилки. Oberhagemann P. et al. Mol. Breed. Vol. 5, p. 399-415 (1999). Симптомы заболевания могут быть оценены через 7 дней после инфицирования. ДНК экстрагируют из инфицированного растительного материала. Осуществляют мониторинг роста патогена с использованием описанных *Phytophthora infestans*-рибосомная ДНК-специфических праймеров (типичная последовательность прямого праймера: 5'-GAAAGGCATAGAAGGTAGA-3' и типичная последовательность обратного праймера: 5'-TAACCGACCAAGTAGTAAA-3'). Интенсивность ампликонов *Phytophthora infestans* калибруют относительно ДНК-полос тубулина картофеля. Интенсивность полос определяют количественно и переводят в произвольные единицы относительно абсолютных значений, полученных у контрольных растений. Judelson H.S. et al. Phytopathology, vol. 90, p. 1112-1119 (2000).

Уровни устойчивости к патогену у представляющих интерес растений, представляющих собой картофель, могут быть оценены путем заражения растений *Phytophthora infestans* или другим представляющим интерес патогеном. Для *Phytophthora infestans* листья 6-8-недельных растений отделяют от стебля и помещают абаксиальной стороной вверх в чашки с 4% водным агаром. Листья инокулируют каплей суспензии спорангиев (40000-100000 спорангиев/мл) с использованием пипетки Пастера на абаксиальной стороне листа. Чашки помещают в инкубатор 18°C с 12-часовым фотопериодом.

Развитие заболевания оценивают через 6 дней после инокуляции и при необходимости в соответствии с опубликованными способами, как в Vleeshouwers et al. (2000) *Physiol and Mol Plant Pathology*, vol. 57, p. 35 - 42; Vleeshouwers et al. (1999) *Europ J. of Plant Pathology*, vol. 105, p. 241-250; Oberhagemann et al. (1999) *Molecular Breeding*, vol. 5, p.399-415.

Для анализов грибковой инфекции оценку уровня инфицирования осуществляют в соответствии с опубликованными способами для каждого взаимодействия грибок-хозяин. Источники включают Rogers et al. (1994) *Plant Cell*, vol. 6, p. 935-945; Valent et al. (1991) *Genetics*, vol. 127, p. 87- 101; Thomas et al. (1997) *Plant Cell*, vol. 9, p. 2209-2224. Как правило, для спорообразующего грибка инокуляцию осуществляют с использованием инокулята, содержащего споры представляющего интерес грибка в желаемой концентрации. Данный инокулят наносят распылением на растение на конкретной стадии развития (например: до появления 4-го листа/6-8-недельное и т.д.). Инокулированные растения инкубируют в условиях высокой влажности в течение 24 ч после инокуляции, а затем переносят в желаемые условия роста с циклами дня и ночи, подходящими для роста растения-хозяина. Интенсивность инфицирования оценивают, как правило, через 3-4 дня после инфицирования и проводят оценку в соответствии с разработанными способами для системы хозяин-патоген. Как правило, неспорулирующие поражения оценивают как реакции "устойчивости", тогда как спорующие поражения считаются реакциями "чувствительности". Последние оценивают на предмет тяжести инфекции в соответствии с размером и внешним видом поражений.

Для оценки тяжести заболевания, связанной с бактериальными патогенами, используют опубликованные способы для каждого вида бактерий, упомянутые в Elibox W. et al. (2008) *Phytopathology*, vol. 98, p. 421-426; Chaudhry et al. (2006) - *Pakistan J. of Botany*, vol. 38 (1), p. 193-203; Zhao et al. (2005) *J. of Bacteriology*, vol. 187, p. 8088. Как правило, для бактериальных патогенов бактериальная суспензия с предварительно определенной плотностью (например: 5×10^4 колониеобразующих единиц) будет проникать в листья растения-хозяина на конкретной стадии развития (например: 3-недельные растения). Инокулированные растения выдерживают при высокой влажности в течение 3-4 дней, и тяжесть инфекции оценивают путем взятия образцов двух-трех листовых дисков, которые измельчают, и полученную надосадочную жидкость высеваяют в среды для роста бактерий для подсчета колониеобразующих единиц бактерий, образующихся из инфицированного растительного материала.

Тяжесть инфекции преобразованного растения оценивают путем определения количества колониеобразующих единиц, образующихся из инфицированной ткани преобразованного растения, по сравнению с образующимися из инфицированной ткани растений дикого типа.

Для специалиста в данной области техники совершенно очевидно, что настоящее изобретение позволяет реализовать задачи и достичь результатов и преимуществ, упомянутых в настоящем описании, а также присущих ему. Примеры, приведенные в настоящем описании, представляют предпочтительные варианты реализации, являются типичными и не ограничивают объем настоящего изобретения.

Примеры

Ниже следуют примеры, иллюстрирующие процедуры для практического применения настоящего изобретения. Данные примеры не следует рассматривать как ограничивающие. Все проценты приведены по массе и все пропорции смеси растворителей приведены по объему, если не указано иное.

Пример 1. Повышение устойчивости растения к патогену с применением технологии RTDS™.

Оценка представляющих интерес культурных сортов на предмет генотипа в локусах генов AOS2.

С использованием навыков, известных специалисту в данной области техники, представляющие интерес культурные сорта картофеля подвергали генотипированию следующим образом: геномную ДНК представляющих интерес культурных сортов растения экстрагировали с помощью известных способов и подвергали амплификации гена, опосредуемой полимеразной цепной реакцией (ПЦР), с выделением всех аллелей AOS2, присутствующих в образцах указанных геномной ДНК. Праймеры для ПЦР, используемые для амплификации, были следующими: прямой праймер 5'-CACCTTTGTATCACTAACATTACCCATCC-3' (SEQ ID NO: 51) и обратный праймер 5'-GCATGTGTTGCTTGTCTTATAATTTCAG-3' (SEQ ID NO: 52). Амплифицированные фрагменты клонировали в вектор TOPO 2.1 (Invitrogen Corporation, Карлсбад, Калифорния) и подвергали секвенированию по 12 клонов на амплификацию. Полученные последовательности выравнивали с эталонной последовательностью (SEQ ID NO 2) с использованием пакета программного обеспечения для анализа Vector NTI (Invitrogen Corporation, Карлсбад, Калифорния) и определяли полиморфные сайты. Трансляцию указанных последовательностей нуклеиновых кислот в последовательность, кодирующую белок, осуществляли также с использованием программного обеспечения для анализа последовательностей Vector NTI и полученные последовательности сравнивали с эталонной белковой последовательностью (SEQ ID NO 1) с идентификацией полиморфных аминокислот. Все обнаруженные аминокислотные полиморфизмы и их положения в белковых последовательностях, полученных на сегодняшний день, приведены в табл.1. Положения аминокислот обозначены в соответствии с положениями аминокислот в эталонной белковой последовательности, представленной последовательностью SEQ ID NO 1.

Получение характеристик биохимической активности аллелей AOS2 (in vitro).

Нуклеиновую кислоту идентифицированных аллелей AOS2 амплифицировали методом ПЦР с помощью праймеров, описанных выше, но с добавлением сайтов Xma I и Pst I в прямой и обратный праймеры соответственно с введением сайтов Xma I и Pst I в 5'-и 3'-концы аллелей соответственно для облегчения клонирования амплифицированных продуктов в вектор pQE30 для гетерологичной экспрессии в E.coli (штамм M15, Qiagen Inc., Валенсия, Калифорния). Амплифицированные методом ПЦР фрагменты расщепляли с помощью рестриктаз Xma I и Pst I, и клонировали в расщепленный подобным образом вектор pQE30b (подвергнутый сайт-направленному мутагенезу со встраиванием нуклеотида 5' в сайт Xma I так, что любой фрагмент гена, клонированный в сайт Xma I, находится в рамке с кодирующей последовательностью вектора pQE30), и отбирали клоны путем трансформации в штамм XL-1 Blue E.coli. Полученные экспрессионные плазмиды экстрагировали из клеток XL-1 Blue и подвергали ПЦР в геле и секвенированию для подтверждения клонирования и отсутствия каких-либо сдвигов рамки считывания. Подтвержденные клоны трансформировали в клетки M15 (Qiagen Inc., Валенсия, Калифорния) и использовали для анализа экспрессии белка.

Для анализов экспрессии белка каждые 500 мкл ночных 5 мл культур представляющих интерес штаммов (например, несущий только вектор штамм, содержащий плазмиду без гена AOS2, и представляющий интерес штамм, содержащий один аллель гена AOS2,) инокулировали в 10 мл среды LB с добавлением карбенициллина (100 мкг/мл) и канамицина (25 мкг/мл). Культуры инкубировали при 37°C со встряхиванием при 250 об/мин пока поглощение при 600 нм (A600) не достигало желаемых единиц оптической плотности (OD) (например, 0,6-0,8 единиц OD). Затем в клетках индуцировали экспрессию белка с помощью 1 mM изопропилтиогалактозида (IPTG) и инкубировали при желаемой температуре (например, 12°C) со встряхиванием при 100 об/мин в течение желаемого периода времени (например, 3-7 дней). Экспрессию белка контролировали с помощью электрофореза в полиакриламидном геле в присутствии додецилсульфата натрия (SDS-ПААГ) и путем спектрального анализа на предмет экспрессии белка цитохрома P450 типа I. Очистку белка AOS2 осуществляли с использованием коммерчески доступных колонок для связывания Ni NTA в соответствии с инструкциями производителя (Thermo Scientific, Рокфорд, Иллинойс).

Биохимический анализ для определения характеристик каталитической активности белков AOS2.

Очищенные белки, экспрессированные в E.coli, использовали для анализа на предмет каталитической активности белков, кодируемых идентифицированными различными аллелями гена AOS2. Анализ проводили в соответствии с опубликованными протоколами (Schreier and Lorenz (1982) Z. Naturforsch, Vol. 37°C, p. 165). Как правило, 13S-гидроперокси-9Z,11E-октадекадиеновая кислота (13-HPODE) и 13S-гидроперокси-9Z,11E,15Z-октадекатриеновая кислота (HPOTrE) выступают в качестве субстрата для анализа ферментов, а эталонный образец без добавления фермента служит в качестве отрицательного контроля. Для оценки каталитической активности различных белков, кодируемых различными аллелями AOS2, определяли известное количество очищенного белка, нормализованное путем спектрального ана-

лиза или другим способом, с помощью 3-13 мкМ раствора субстрата в 0,1М фосфатном буфере, pH 6,0. Скорость уменьшения поглощения при A234 контролировали с течением времени и полученные кинетические данные использовали для расчета удельной активности каждого из представляющих интерес белков. Ферменты с самыми высокими значениями удельной активности считали представляющими интерес ферментами, и аминокислотные последовательности таких ферментов сравнивали с последовательностями ферментов с более низкими значениями удельной активности с идентификацией конкретных положений аминокислот, которые обеспечивают белкам AOS2 большую каталитическую активность.

Для оценки влияния мутации G231T нуклеотиды (HT) 691/692 аллелей StAOS2, StAOS2_CB17 и StAOS2_CB18, Bintje превращали из G/G в A/C с использованием сайт-направленного мутагенеза (SDM), что приводило к переходу G231T в соответствующих белках AOS2. Аминокислотные (AK) полиморфизмы, обнаруженные повсеместно в данных белках AOS2, представлены в табл. 2. Данные клоны подвергали биохимическому анализу, описанному выше, и значения удельной активности данных белков и белков с изменением в положении АК 231 приведены в табл. 3.

Таблица 2. Отличия генотипов среди положений аминокислот 48, 76, 231, 328, 423 и 494 аллелей StAOS2 Bintje, подвергнутых анализу биохимической активности

	48	76	231	328	423	494
StAOS2_CB17	T	N	G	L	I	D
StAOS2_CB17_G231T	T	N	T	L	I	D
StAOS2_CB18	T	D	G	L	I	G
StAOS2_CB18_G231T	T	D	T	L	I	G

Таблица 3. Значения удельной активности белков, кодируемых аллелями StAOS2, StAOS2_CB18 и StAOS2_CB17, и их производными. Генотип по положениям HT 691/692 в виде G/G и A/C соответственно соответствует G и T в АК 231 в кодируемых белках

Название аллеля	Генотип 691/692 (АК 231)	Нормализованная удельная активность StAOS2 Исследование 1 (мкМ/мин/мг белка)	Нормализованная удельная активность StAOS2 Исследование 2 (мкМ/мин/мг белка)	Средняя удельная активность StAOS2 (мкМ/мин/мг белка)	Кратность изменения (по сравнению с аллелем дикого типа)	Процент
StAOS2_CB18	GG (G)	14,55	9,66	12,11		
StAOS2_CB18_G231T	AC (T)	17,73	13,19	15,46	1,3x	30%
StAOS2_CB17	GG (G)	7,64*	5,83	6,74		
StAOS2_CB17_G231T	AC (T)	16,88*	12,8	14,84	2,2x	120%

Как показано в табл. 3, при сравнении значений удельной активности изогенных белков, отличающихся только в положении АК 231, превращение генотипа по положениям HT 691/692 аллелей гена StAOS2 из G/G в A/C приводит к повышению удельной активности кодируемых белков.

Дополнительная оценка влияния аминокислотного профиля в положениях 231 и 328 в белке, кодируемом StAOS2_CB18, показывает, что данная комбинация состава аминокислот в этих двух положениях повышает удельную активность белка AOS2. Данные приведены в табл. 4.

Таблица 4. Значения удельной активности белков, кодируемых аллелем StAOS2_CB18 и его производными, отличающихся в положениях АК 231 и 328

	АК 231	АК 328	Удельная активность AOS2 Исследование 1 (мкМ/мин/мг)	Удельная активность AOS2 Исследование 2 (мкМ/мин/мг)	Средняя удельная активность AOS2 (мкМ/мин/мг)
StAOS2_CB 18_L328V	G	V	9,147982	9,982926	9,565454
StAOS2_CB 18_G231T_L 328V	T	V	6,738131	6,950514	6,844323
StAOS2_CB 18	G	L	7,355882	9,447077	8,40148
StAOS2_CB 18_G231T	T	L	9,190796	10,25108	9,72094

Изменение аминокислотного (АК) профиля белка AOS2, кодируемого аллелем StAOS2_CB18, в положении АК 328 с L на V (StAOS2_CB 1_L328V) повышало активность в случае комбинации с G в положении АК 231, но снижало активность в случае комбинации с T в положении АК 231 (StAOS2_CB18_G231_L328V). Эти данные показывают, что переход G231T в случае комбинации с мутацией L328V приводит к снижению удельной активности белка AOS2, и указывают на то, что взаимодействие указанных АК профилей в этих двух положениях влияет на активность белка AOS2. Анализы активности *in vitro* также использовали для оценки влияния мутации D76N в StAOS2_CB19. StAOS2_CB19 подвергали SDM с получением аллеля StAOS2_CB19_D76N с превращением 76-го остатка в белке AOS2 в аспарагин (N) из аспарагиновой кислоты (D). Их оценивали на предмет различий в удельной активности с использованием способов, описанных выше. Данные, полученные в результате трех независимых исследований, показали, что мутация D76N приводила к приблизительно 30% снижению активности фермента.

Аллели с большей каталитической активностью выбирали для анализов *in planta*.

Получение характеристик биохимической активности аллелей AOS2 (*in vivo*).

Для оценки гипотезы, что те белки AOS2, которые обладают большей биохимической активностью *in vitro*, будут также демонстрировать большую биохимическую активность *in planta*, аллели AOS2, которые демонстрировали большую удельную активность, клонировали в растительный бинарный вектор под контролем конститутивного или *Arabidopsis* промотора AOS2. С использованием способа *Agrobacterium tumefaciens*-опосредуемой трансформации данные конструкции превращали в линию растения CS6149 *Arabidopsis thaliana* с разрушенным геном AOS2 (TAIR, <http://www.arabidopsis.org/>) с помощью разработанных способов (Bent et al. (2000) *Plant Physiol*, vol. 124, p. 1540). Трансформанты идентифицировали путем подходящего отбора (в зависимости от селектируемого маркера, присутствующего в бинарном векторе - т.е. канамицина для гена *nptII* в качестве селектируемого маркера), с помощью молекулярных способов, а также способности введенных генов AOS2 дополнять AOS2-дефицитный фенотип аномального развития опыления/стручка вследствие мужской стерильности, вызванной отсутствием функционального гена AOS2. Дополненные геном AOS2 линии растения оценивали на предмет уровней ЖК и/или OPDA в основных и индуцирующих условиях с использованием разработанных способов (Chebab et al. (2008), *PLoS ONE*, vol 3: p.e1904; Schmelz et al. (2003) *Plant Physiol*, vol 133: p 295; Engelberth et al. (2003) *Anal. Biochem.*, vol. 312, p 242). В качестве альтернативы, дополненные линии использовали для анализов заболеваний растений с использованием патогенов для *Arabidopsis*, таких как *Erwinia carotovora* или *ssp. carotovora*, или *Hyaloperonospora arabidopsidis*, и/или других для проверки гипотезы, что более высокие уровни ЖК или более высокая каталитическая активность AOS2 приводит к повышенной устойчивости и/или толерантности к патогенам.

Для оценки влияния АК полиморфизмов в белке AOS2 на накопление жасмоновой кислоты (ЖК) *in planta*, два аллеля культурного сорта картофеля Bintje, StAOS2_CB18_G231T, регулируемые промотором AtAOS2 *Arabidopsis thaliana*, использовали для дополнения нулевого мутантного фенотипа мутантных по *aos2* растений *A.thaliana*. Полученные трансгенные линии развивали до T3-поколения с получением гомозигот, и полученные растения подвергали исследованиям для количественного определения ЖК в соответствии с описанными способами (Chebab et al. (2008), *PLoS ONE*, vol 3: p.e1904; Schmelz et al. (2003) *Plant Physiol*, vol 133: p 295; Engelberth et al. (2003) *Anal. Biochem.*, vol. 312, p 242). Результаты представлены в табл. 5.

Таблица 5. Схема накопления ЖК в трансгенных линиях *Arabidopsis thaliana*, содержащих аллели StAOS2_CB19 или StAOS2_Cb18_G231T

Аллель StAOS2	Линия растения	Среднее количество ЖК	Стандартная ошибка
StAOS2_CB19	1001-13-6	32,34	4,25
	1001-14-6	29,94	5,69
	1001-14-7	59,91	1,96
	1001-19-4	107,21	22,59
	1001-4-6	16,04	1,63
	1001-9-1	20,48	7,47
StAOS2_CB18_G231T	1003-10-8	20,90	6,26
	1003-16-6	84,20	24,58
	1003-17-1	97,60	18,37
	1003-17-2	81,08	1,81
	1003-4-4	95,50	3,61
	1003-7-9	67,66	30,93
	aos2	0,16	0,02
	Col-0	74,17	7,53

Показанные средние количества ЖК представляют собой уровни ЖК, присутствующие в ткани листьев *Arabidopsis* при основных уровнях экспрессии, в нг на грамм массы сырой ткани. Показанные результаты представляют собой средние значения двух повторных образцов, содержащих несколько листьев.

Данные эксперименты показали, что, в целом, трансгенные линии *A.thaliana*, содержащие StAOS2_CB18_G231T с АК профилем Т и L в положениях АК 231 и 328 соответственно, накапливали более высокий уровень ЖК (в среднем 44,32 нг ЖК/г массы свежей ткани), чем те, которые содержали StAOS2_CB19 с АК профилем Т и V (в среднем 74,45 нг ЖК/г массы свежей ткани) в указанных положениях соответственно. Эти данные согласуются с данными, представленными в табл. 3, что показывает, что взаимодействие между АК 231 и 328 в белке AOS2 играет роль в модуляции активности белка AOS2. Эти данные также подтверждают полученные *in vitro* данные *in planta*, описанные в настоящем документе, что указывает на то, что положения 231 и 328 в белке AOS2 играют роль в модуляции уровней ЖК *in planta*.

Для оценки влияния генотипа StAOS2 и являющегося результатом АК профиля белка AOS2 на толерантность к заболеванию, трансгенные растения *A.thaliana*, содержащие аллели StAOS2, StAOS2_CB18_G231T и StAOS2_CB19, культурного сорта картофеля Bintje, инокулировали *Erwinia carotovora* ssp. *carotovora* (Ecc) в количестве 5×10⁴ КОЕ/мл в соответствии с разработанными способами (Kariola et al., (2003) *Arabidopsis*, 16: MPMI, 179-187). В различные моменты времени после инокуляции брали образцы листьев и количественно определяли бактериальный титр. Рост бактерий был значительно меньше в трансгенных растениях *A.Thaliana*, содержащих аллель StAOS2_CB18_G231T, чем в тех, которые содержали аллель StAOS2_CB19.

Оценка влияния профиля АК 231 на толерантность картофеля к *Phytophthora infestans*.

Для соотнесения функционального различия с отличиями генотипов в аллелях гена StAOS2 и проверки гипотезы, что аллели гена StAOS2 с A/C в НТ 691/692 обеспечивают повышенную толерантность по сравнению с аллелями, содержащими G/G в данных положениях, два варианта аллеля StAOS2, StAOS2_CB18 и StAOS2_CB18_G231T, с G/G и A/C в положениях НТ 691/692 соответственно, подвергали сверхэкспрессии в картофеле под контролем промотора 35S. Некоторые из полученных линий тестировали на предмет толерантности к *Phytophthora infestans* с использованием стандартного анализа отделенного от стебля листа. Вкратце, для каждого тестируемого аллеля листья приблизительно шести независимых 4-8-недельных трансгенных растений, представляющих собой картофель, выращенных в почве, отделяли от стебля и инокулировали 300 спорами в 4 местах на абаксиальной стороне листа. Листья выдерживали в темноте в течение 24 ч после инокуляции, а затем инкубировали по 12 ч в темноте и при свете при 18°C в течение 8 дней. Эксперимент повторяли с одинаковыми результатами с использованием независимых анализов отделенных от стебля листьев. Тогда как в листьях растений со сверхэкспрессией StAOS2_CB18 развивались поражения, схожие с поражениями у растений, представляющих собой картофель Bintje, дикого типа, и контрольных трансгенных растений с "пустым" вектором, листья трансген-

ных растений с StAOS2_CB18_G231T демонстрировали заметное снижение развития или отсутствие развития поражений. Следовательно, это подтверждает, что сверхэкспрессия аллеля гена StAOS2 с генотипом А/С в положении HT 691/692 обуславливает повышенную толерантность к *Phytophthora infestans* у растений, представляющих собой картофель.

Подобным образом, эти две генетические конструкции также подвергали экспрессии в растениях, представляющих собой картофель, под контролем нативного промотора гена StAOS2. Культурный сорт картофеля Bintje представлял собой родительскую линию для трансгенных растений, тогда как Bintje_rJHoon представлял собой контрольную трансгенную линию, несущую только вектор. Полученные линии растений также подвергали инфицированию *Phytophthora infestans* с использованием стандартного анализа отделенного от стебля листа (описанного в настоящем документе). Аналогично результатам, полученными для растений со сверхэкспрессией трансгена, тогда как в листьях растений со сверхэкспрессией StAOS2_CB18 развивались поражения, схожие с поражениями у контрольных трансгенных растений с "пустым" вектором, листья растений с StAOS2_CB1_G231T демонстрировали заметное снижение развития или отсутствие развития поражений.

Опосредуемое RTDS™ преобразование аллелей AOS2.

Для преобразования представляющих интерес аллелей AOS2 по технологии RTDS™, GRON AOS2 доставляли в протопласты растений (т.е. через ПЭГ-опосредуемое поглощение нуклеиновых кислот, путем электропорации и т.д.), содержащие конкретное изменение в представляющем интерес целевом остатке нуклеиновой кислоты. Например, для осуществления желаемых преобразований А/С в положении 691/692 в гене AOS2 соответственно GRON содержал последовательность, идентичную последовательности, расположенной выше (upstream) и ниже (downstream) положений 691/692 целевого аллеля AOS2, но с АС в положениях 691/692. Клетки, подвергнутые воздействию GRON, превращали в каллюсы с использованием разработанных способов.

Отбор растений/каллюсов с желаемыми изменениями генотипа.

Растения/каллюсы с желаемыми изменениями отбирали путем отбора с использованием заражения патогеном (в патосистеме картофель-фитофтороз заражение патогеном осуществляют путем введения спорангиев или зооспор *Phytophthora*). В качестве альтернативы, растения/каллюсы с желаемыми изменениями выбирали на основе способов без отбора, таких как секвенирование материала каллюса/растительного материала, например опосредуемая праймером специфическая амплификация желаемых мишеней для идентификации тех, которые обладают желаемыми изменениями.

Оценка и применение нескольких циклов RTDS.

После идентификации растительного материала с желаемыми изменениями в гене AOS2 повторяли генотипический анализ локуса гена AOS2 для полной оценки природы разнообразия аллелей AOS2. Если аллели "чувствительного" или "промежуточного" типа по-прежнему имели место, данные растения/каллюсы снова подвергали манипуляциям RTDS™ для получения желаемых изменений в аллеле. При необходимости, такие повторные циклы RTDS™ и отбора повторяли по мере необходимости пока не получали желаемый генотип в локусе/локусах AOS2.

Окончательная оценка культурных сортов с желаемыми изменениями.

После идентификации каллюсов с целевыми изменениями из их регенерировали растения. Такие растения подвергали оценкам с использованием анализов патогенов, оценки уровней ЖК/OPDA, анализов экспрессии белка. Для этого растение дикого типа использовали в качестве контроля для оценки степени предполагаемых изменений, таких как более высокая устойчивость к патогену, более высокие уровни ЖК/OPDA в растениях, содержащих желаемые преобразования.

Пример 2. Идентификация новых мутаций гена AOS2, усиливающих активность AOS2, и функциональный анализ in planta.

Получение новых аллелей гена StAOS2.

Для обнаружения тех аминокислот, которые могут повышать каталитическую активность или стабильность белка AOS2, которые не наблюдаются в природе, или тех аминокислот, которые не обнаруживаются путем таким анализов генотипирования (см. выше), предпринимали попытки проведения неспецифического мутагенеза или более направленные попытки проведения направленного мутагенеза конкретных целевых остатков белка AOS2 с использованием допускающей ошибки ПЦР или сайт-направленного мутагенеза (SDM). Для сайт-направленного мутагенеза целевые сайты могли представлять собой сайты в гене AOS2, идентифицированные в результате попыток генотипирования, описанного выше и в табл. 1 (например, N76D и T495K), другие сайты, такие как сайты, которые, по прогнозам, расположены вблизи активного центра фермента, которые могут влиять на связывание субстрата или каталитическую активность, или другие сайты, которые могут влиять на каталитическую активность на растении.

Для этого использовали плазмидную ДНК конструкции, содержащей эталонный ген, такой как представленный последовательностью SEQ ID NO: 2, и подвергали мутагенезу с использованием разработанных способов (набор Diversify Random PCR mutagenesis Kit, Clontech, Маунтин-Вью, Калифорния; ссылка на допускающую ошибки ПЦР; набор QuikChange XL Site-Directed Mutagenesis Kit; Stratagene,

Сан-Диего, Калифорния). Мутированные клоны отбирали и подвергали анализу последовательностей с идентификацией мутаций, и те, которые представляли интерес, отбирали для гетерологичной экспрессии белка с использованием системы экспрессии pQE30 от Qiagen Inc., Валенсия, Калифорния (см. ниже).

В качестве альтернативы, библиотеку таких подвергнутых мутагенезу конструкций клонировали в бинарный вектор и трансформировали в протопласты растений, и трансформанты превращали в каллюсы и из них регенерировали растения. Полученные каллюсы подвергали количественному определению уровней ЖК/OPDA с помощью разработанных способов (см., например, Chebab et al., (2008), PLoS ONE, vol 3: p.e1904; Schmelz (2003) Plant Physiol, vol 133: p 295; Engelberth et al. (2003) Anal. Biochem, vol. 312, p 242), и толерантность данных линий оценивали с использованием представляющего интерес патогена (например, *Phytophthora infestans*).

Пример 3. Идентификация новых мутаций гена AOS2, усиливающих активность AOS2, и комплементационный анализ в *Arabidopsis*.

Варианты генов AOS2, полученные посредством анализов генотипирования или процедур мутагенеза, описанных выше, трансформировали в линию CS6149 *Arabidopsis thaliana* с мутантным *aos2* (TAIR, <http://www.arabidopsis.org/>), и представляющие интерес аллели AOS2 отбирали по уровням ЖК/OPDA или на основе анализов патогенов, описанных выше.

Хотя настоящее изобретение описано и проиллюстрировано на примерах достаточно подробно, для специалиста в данной области техники очевидны различные альтернативы, модификации и усовершенствования его получения и применения, находящиеся в пределах сущности и объема настоящего изобретения. Примеры, приведенные в настоящем описании, представляют предпочтительные варианты реализации, являются типичными и не ограничивают объем настоящего изобретения. Модификации и другие виды применения будут понятны специалисту в данной области техники. Данные модификации включены в сущность настоящего изобретения и определяются объемом формулы изобретения.

Для специалиста в данной области техники очевидно, что могут быть осуществлены различные изменения и модификации настоящего изобретения, описанного в настоящем документе, в пределах объема и сущности настоящего изобретения. Все патенты и публикации, упомянутые в настоящем описании, указывают на уровень специалиста в данной области техники, к которой относится настоящее изобретение. Содержание всех патентов и публикаций включено в настоящее описание посредством ссылки так же, как если бы содержание каждой индивидуальной публикации было специально включено отдельно.

Настоящее изобретение, наглядно описанное в настоящем документе, подходящим образом может быть реализовано в отсутствие какого-либо элемента или элементов, ограничения или ограничений, которые, в частности, не указаны в настоящем документе. Таким образом, например, в каждом случае в настоящем описании любой из терминов "содержащий", "по существу состоящий из" и "состоящий из" может быть заменен на любой из указанных двух других терминов. Употребляемые термины и выражения используются в качестве описывающих и не ограничивающих терминов, и использование таких терминов и выражений не исключает любые эквиваленты показанных и описанных признаков или их частей, и понятно, что различные модификации возможны в пределах объема заявленного изобретения. Таким образом, следует понимать, что настоящее изобретение специально описано с помощью предпочтительных вариантов реализации и возможных признаков, специалист в данной области техники может прибегнуть к модификации и вариации концепций, указанных в настоящем описании, и что такие модификации и вариации считаются входящими в объем данного изобретения, определяемый прилагаемой формулой изобретения.

Другие варианты реализации изложены в приведенной ниже формуле изобретения.

ФОРМУЛА ИЗОБРЕТЕНИЯ

1. Способ получения нетрансгенной растительной клетки, содержащей мутированный ген AOS2, включающий введение в растительную клетку олигонуклеосложения репарации генов (GRON) с целевой мутацией в гене алленоксидсинтазы (AOS2) с получением растительной клетки, содержащей ген AOS2, который экспрессирует белок AOS2, содержащий замену G/T в положении аминокислоты, соответствующем G231 последовательности SEQ ID NO: 5, причем указанная мутация G/T кодируется кодоном АСТ.

2. Способ по п.1, отличающийся тем, что указанная нетрансгенная растительная клетка представляет собой клетку растения, выбранного из группы, состоящей из подсолнечника, сахарной свеклы, кукурузы, хлопчатника, пшеницы, ржи, овса, риса, канолы, фруктов, овощей, ячменя, сорго, манго, персика, яблока, груши, клубники, банана, дыни, моркови, латука, лука репчатого, видов сои, сахарного тростника, гороха, конских бобов, тополя, винограда, цитруса, люцерны, газонных и кормовых трав, льна, масличной культуры, огурца, ипомеи, бальзамина, баклажана, календулы, лотоса, капусты, маргаритки, гвоздики, тюльпана, касатика, лилии и растений, образующих орехи.

3. Способ по п.2, отличающийся тем, что указанная нетрансгенная растительная клетка представляет собой клетку вида растения, выбранного из группы, состоящей из картофеля, томата, сои культурной, перца и табака.

4. Способ по п.3, отличающийся тем, что указанная нетрансгенная растительная клетка представляет собой растительную клетку вида *Solanum tuberosum*.

5. Способ по п.4, отличающийся тем, что указанная нетрансгенная растительная клетка относится к сорту картофеля, выбранному из группы, состоящей из Anya, Arran Victory, Atlantic, Belle de Fontenay, BF-15, Bintje, Cabritas, Camota, Chelina, Chiloé, Cielo, Clavela Blanca, Désirée, Fianna, Fingerling, Flava, Fontana, Golden Wonder, Innovator, Jersey Royal, Kerr's Pink, Kestrel, King Edward, Kipfler, Lady Balfour, Maris Piper, Nicola, Pachacoña, Pink Eye, Pink Fir Apple, Primura, Red Norland, Red Pontiac, Rooster, Russet Burbank, Russet Norkotah, Shepody, Spunta, Vivaldi, Yukon Gold, Nyayo, Mukori, Roslin Tana, Kerr's Pink/Meru, Golof, Kinongo, Ngure, Kenya Baraka, Maritta, Kihoro, Americar, Roslin Bvumbwe, Njine, Roslin Gucha, Arka, Anett, Pimpernel, B53 (Roslin Eburu), Patrones, Robijn, Roslin Chania, Urgentia, Feldeslohn, Kenya Akiba, Mirka и Roslin Sasamua.

6. Способ получения нетрансгенного устойчивого к патогену растения, включающий идентификацию растительной клетки, полученной способом по п.1, демонстрирующей по существу нормальный рост и нормальную каталитическую активность AOS2 по сравнению с соответствующей растительной клеткой дикого типа, в присутствии патогена; и регенерацию нетрансгенного устойчивого к патогену растения, содержащего мутированный ген AOS2, из указанной растительной клетки.

7. Способ по п.6, отличающийся тем, что патоген представляет собой один или более видов, выбранных из группы, состоящей из видов бактерий, грибов, вирусов, прионов и микоплазм.

8. Способ по п.7, отличающийся тем, что вид патогена представляет собой один или более видов, выбранных из группы, состоящей из *Phytophthora infestans*, *Fusarium* spp., *Botrytis* spp., *Alternaria* spp., *Pythium* spp., *Personospora* spp., *Cladosporium* spp., *Erysiphe* spp., *Aspergillus* spp., *Puccinia* spp., *Blumeria* spp. и/или *Trichoderma* spp., *Xanthomonas* (например, *Xanthomonas axonopodis* pv. *aurantifolii*, *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*, *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*), *Pseudomonas* (*Pseudomonas syringae* pv. *tomato*, *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*, *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*), *Erwinia* (например, *Erwinia carotovora* subsp. *atroseptica*), *Ralstonia* (например, *Ralstonia solanacearum*), *Clavibacter michiganensis*, *Xylella fastidiosa*, вируса мозаики соевых бобов, вируса кольцевой пятнистости табака, вируса полосатости табака, вируса бронзовости томата и других.

9. Способ по п.7, отличающийся тем, что указанное нетрансгенное растение выбрано из группы, состоящей из подсолнечника, сахарной свеклы, кукурузы, хлопчатника, пшеницы, ржи, овса, риса, канолы, фруктов, овощей, ячменя, сорго, манго, персика, яблока, груши, клубники, банана, дыни, моркови, латука, лука репчатого, видов сои, таких как соя культурная, сахарного тростника, гороха, конских бобов, тополя, винограда, цитруса, люцерны, газонных и кормовых трав, льна, масличной культуры, огурца, ипомеи, бальзамина, баклажана, календулы, лотоса, капусты, маргаритки, гвоздики, тюльпана, касатика, лилии, картофеля, томата, перца, табака и растений, образующих орехи.

10. Способ по п.9, отличающийся тем, что указанное нетрансгенное растение представляет собой вид, выбранный из группы, состоящей из картофеля, томата, сои культурной, перца и табака.

11. Способ по п.10, отличающийся тем, что указанное нетрансгенное растение относится к виду *Solanum tuberosum*.

12. Способ по п.11, отличающийся тем, что указанное нетрансгенное растение относится к сорту картофеля, выбранному из группы, состоящей из Anya, Arran Victory, Atlantic, Belle de Fontenay, BF-15, Bintje, Cabritas, Camota, Chelina, Chiloé, Cielo, Clavela Blanca, Désirée, Fianna, Fingerling, Flava, Fontana, Golden Wonder, Innovator, Jersey Royal, Kerr's Pink, Kestrel, King Edward, Kipfler, Lady Balfour, Maris Piper, Nicola, Pachacoña, Pink Eye, Pink Fir Apple, Primura, Red Norland, Red Pontiac, Rooster, Russet Burbank, Russet Norkotah, Shepody, Spunta, Vivaldi, Yukon Gold, Nyayo, Mukori, Roslin Tana, Kerr's Pink/Meru, Golof, Kinongo, Ngure, Kenya Baraka, Maritta, Kihoro, Americar, Roslin Bvumbwe, Njine, Roslin Gucha, Arka, Anett, Pimpernel, B53 (Roslin Eburu), Patrones, Robijn, Roslin Chania, Urgentia, Feldeslohn, Kenya Akiba, Mirka и Roslin Sasamua.

13. Способ получения нетрансгенного растения с оценкой среднеранней зрелости, включающий идентификацию растительной клетки, полученной способом по п.1, демонстрирующей по существу нормальный рост и нормальную каталитическую активность AOS2 по сравнению с соответствующей растительной клеткой дикого типа растения со среднеранней зрелостью; и регенерацию нетрансгенного растения со среднеранней зрелостью, содержащего мутированный ген AOS2, из указанной растительной клетки.

14. Способ по п.13, отличающийся тем, что указанное нетрансгенное растение выбрано из группы, состоящей из подсолнечника, сахарной свеклы, кукурузы, хлопчатника, пшеницы, ржи, овса, риса, канолы, фруктов, овощей, ячменя, сорго, манго, персика, яблока, груши, клубники, банана, дыни, моркови, латука, лука репчатого, видов сои, таких как соя культурная, сахарного тростника, гороха, конских бобов, тополя, винограда, цитруса, люцерны, газонных и кормовых трав, льна, масличной культуры, огурца, ипомеи, бальзамина, баклажана, календулы, лотоса, капусты, маргаритки, гвоздики, тюльпана, касатика, лилии и растений, образующих орехи.

15. Способ по п.14, отличающийся тем, что указанное нетрансгенное растение представляет собой вид, выбранный из группы, состоящей из картофеля, томата, сои, перца и табака.

16. Способ по п.15, отличающийся тем, что указанное нетрансгенное растение относится к виду *So-*

lanum tuberosum.

17. Способ по п.16, отличающийся тем, что указанное нетрансгенное растение относится к сорту картофеля, выбранному из группы, состоящей из Anya, Arran Victory, Atlantic, Belle de Fontenay, BF-15, Bintje, Cabritas, Camota, Chelina, Chiloé, Cielo, Clavela Blanca, Désirée, Fianna, Fingerling, Flava, Fontana, Golden Wonder, Innovator, Jersey Royal, Kerr's Pink, Kestrel, King Edward, Kipfler, Lady Balfour, Maris Piper, Nicola, Pachacoña, Pink Eye, Pink Fir Apple, Primura, Red Norland, Red Pontiac, Rooster, Russet Burbank, Russet Norkotah, Shepody, Spunta, Vivaldi, Yukon Gold, Nyayo, Mukori, Roslin Tana, Kerr's Pink/Meru, Golof, Kinongo, Ngure, Kenya Baraka, Maritta, Kihoro, Americar, Roslin Bvumbwe, Njine, Roslin Gucha, Arka, Anett, Pimpernel, B53 (Roslin Eburu), Patrones, Robijn, Roslin Chania, Urgentia, Feldeslohn, Kenya Akiba, Mirka и Roslin Sasamua.

```

1  MALTSSFSLP  LPSLHQQFSP  KYSTFRPIIV  SLSEKPTIVV  TQPTKLPTRT  IPGDYGLPGI
61  GPWKDRLDYF  YNQGKDEFFE  SRVVKYKSTI  FRTNMPPGPF  ISSNPKVIVL  LDGKSFPVLF
121 DVSKVEKKDL  FTGIYMPSTE  LTGGYRVLSY  LDPSEPNHEK  LKKLMFFLLS  SRRDHVIPKF
181 HETYTEFFET  LDKEMAEEKGT  AGLNSGNDQA  AFNFLARSLF  GVNPEVETKL  TDGPTLIGKW
241 VLLQLHPVLT  LGLPKFLDDL  ILHTFRLPPF  LVKKDYQRLY  DEFFYTNASL  FAEAELGIS
301 KEEACHNLLF  ATCFNSFGGM  KIFFPNMLKS  IAKAGVEVHT  RLANEIRSEV  KSAGGKITMS
361 AMEKMLPKS  VVYEALRVDP  PVASQYGRAK  QDLKIESHDA  VFEVKKGEML  FGYQPFATKD
421 PKIFDRPEEF  VADRFVGEGE  KLLKYVLWSN  GPETESPTVG  NKQCAGKDFV  VMVSRFLVTE
481 FFLRYDTFNV  DVGKSALGAS  ITTISLKKA

```

Фиг. 1. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2 (AOS2) *Solanum tuberosum*, аллель AOS2-1 (StAOS2-1) (номер доступа GB ABD15173)

```

1  ATGGCATTAA  CTTCACTTTT  TTCTCTTCCT  CTTCTTCTCT  TTCACCAACA  ATTTCCATCA
61  AAATACTCCA  CATTTCGTCC  TATTATTGTT  TCTTTATCGG  AAAAGCCAAC  AATCGTGGTA
121 ACCCAACCTA  CAAAATTACC  TACTAGGACA  ATACCTGGCG  ACTATGGGTT  GCCGGGTATT
181 GGTCCATGGA  AAGATAGGCT  TGATTACTTT  TACAATCAAG  GGAAAGACGA  ATTTTTCGAA
241 TCAAGAGTAG  TGAATAACAA  ATCAACTATA  TTCAGAACGA  ACATGCCACC  GGGACCATTG
301 ATTTCTTTCT  ACCCGAAGGT  TATTGTTTTG  CTCGACGGCA  AGAGTTTCCC  AGTCCTTTTC
361 GATGTTTTGA  AAGTCGAAAA  AAAGGACCTC  TTCACCGGAA  CTTACATGCC  GTCGACTGAA
421 CTCACCGGTG  GTTACCGTGT  TCTTCTTTAT  CTTGACCCAT  CTGAACCAAA  CCATGAAAAA
481 TTGAAAAAAT  TGAITTTCTT  CCTTCTTTCT  TCTCTGCTGT  ATCAGCTTAT  ACCCAAATTC
541 CATGAAACTT  ATACAGAGTT  TTTTGAAACC  CTAGATAAGG  AAATGGCGGA  AAAAGGTACA
601 GCTGGTTTAA  ACTCCGGCAA  TGATCAAGCT  GCGTTTAAAT  TCTTAGCTAG  ATCGTTGTTC
661 GGAGTTAACC  CAGTTGAAAC  TAAACTCGGA  ACTGATGGTC  CGACATTGAT  CGGAAAATGG
721 GTTTTGCTTC  AGCTTCATCC  TGTACTCACT  CTCGGTCTTC  CGAAGTTTCT  AGACGACTTA
781 ATCTCCATA  CTTTCCGGTT  ACCTCCGTTT  CTGGTGAAGA  AAGATTACCA  GAGACTTTAC
841 GATTCTTTT  ACACCAACTC  CGCCAGTTTA  TTCGCCGAAG  CTGAAAACT  CGGCATTTCA
901 AAAGAAGAAG  CTTGTCTATA  TCTTCTCTTC  GCTACTTGCT  TCAATTCTT  CGGCGGGATG
961 AAGATTTTCT  TCCCGAATAT  GCTGAAATCG  ATAGCGAAAG  CAGGGGTGGA  GGTCCATACC
1021 CGTTTAGCAA  ACGAGATCCG  ATCGGAAGTA  AAATCCGCTG  GCGGGAAGAT  CACGATGTCT
1081 GCGATGGAGA  AAATGCCGTT  AATGAAATCA  GTAGTTTATG  AAGCTTTGCG  AGTTGATCCT
1141 CCGGTAGCTT  CACAATACGG  AAGAGCCAAA  CAGGACCTTA  AGATCGAATC  ACACGACGCC
1201 GTTTTCGAGG  TGAAAAAAGG  TGAATGCTA  TTCGGGTACC  AACCATTTCG  AACGAAGGAT
1261 CGGAAAATTT  TTGACCGGCC  GGAAGAGTTC  GTCGCCGATC  GGTTCTGTCG  AGAAGGAGAA
1321 AAGTTATTGA  AATATGTATT  ATGGTCTAAT  GGACCGGAAA  CGGAAAGTCC  AACAGTGGGG
1381 AATAAACAGT  GTGCTGGCAA  AGATTTTGTA  GTGATGGTTT  CGAGGTTATT  CGTAACGGAG
1441 TTTTCTCTCC  GTTACGATAC  ATCAACGTC  GACGTTGGTA  AGTCGGCGTT  GGGGGCTTCA
1501 ATTACTATAA  CTTCTTTGAA  AAAAGCTTAG

```

Фиг. 2. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2 (AOS2) *Solanum tuberosum*, аллель AOS2-1 (StAOS2-1) (номер доступа GB DQ369736)

```

1  MALTSSFSLP  LPSLHQQFSP  KYSTFRPIIV  SLSEKPTIVV  TQPTKFPTRT  IPGDYGLPGI
61  GPWKDRLDYF  YNQGKDEFFE  SRVVKYKSTI  FRTNMPPGPF  ISSNPKVIVL  LDGKSFPVLF
121 DVSKVEKKDL  FTGIYMPSTE  LTGGYRVLSY  LDPSEPNHEK  LKKLMFFLLS  SRRDHVIPKF
181 HETYTEFFET  LDKEMAEEKGT  AGLNSGNDQA  AFNFLARSLF  GVNPEVETKL  TDGPTLIGKW
241 VLLQLHPVLT  LGLPKVLDL  ILHTFRLPPF  LVKKDYQRLY  DEFFYTNASL  FAEAELGIS
301 KEEACHNLLF  ATCFNSFGGM  KIFFPNMLKS  IAKAGVEVHT  RLANEIRSEV  KSAGGKITMS
361 AMEKMLPKS  VVYEALRVDP  PVASQYGRAK  QDLKIESHDA  VFEVKKGEML  FGYQPFATKD
421 PKIFDRPEEF  VADRFVGEGE  KLLKYVLWSN  GPETESPTVG  NKQCAGKDFV  VMVSRFLVTE
481 FFLRYDTFNV  DVGKSALGAS  ITTISLKKA

```

Фиг. 3. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2 (AOS2) *Solanum tuberosum*, аллель AOS2-6 (StAOS2-6) (номер доступа GB ABD15174)

```

1 ATGGCATTAA CTTCATCTTT TTCTCTTCCT CTTCCTTCTC TTCACCAACA ATTTCCATCA
61 AAATACTCCA CATTTTCGTCC TATTATTGTT TCTTTATCGG AAAAGCCAAC AATCGTGGTA
121 ACCCAACCTA CAAAATTTCC TACTAGGACA ATACCTGGCG ACTATGGGTT GCCGGGIATT
181 GGTCCATGGA AAGATAGGCT TGATTACTTT TACAATCAAG GGAAGACGA ATTTTTCGAA
241 TCAAGAGTAG TGAATAACAA ATCAACTATA TTCAGAACGA ACATGCCACC GGGACCATTC
301 ATTTCTTCTA ACCCGAAGGT TATTGTTTTG CTCGACGGCA AGAGTTTCCC AGTCTTTTTC
361 GATGTTTCGA AAGTCGAAAA AAAGGACCTC TTCACCGGAA CTTACATGCC GTCGACTGAA
421 CTCACCGGTG GTTACCGTGT TCTTTCTTAT CTTGACCCAT CTGAACCAAA CCATGAAAAA
481 TTGAAAAAAT TGAITGTTCT CTTCTTTTCT TCTCGTCGTG ATCAGCTTAT ACCCAAAATTC
541 CATGAAACTT ATACAGAGTT TTTTGAAACC CTAGATAAGG AAATGGCGGA TAAAGGTACA
601 GCTGGTTTAA ACTCCGGCAA TGATCAAGCT GCGTTTAATT TCTTAGCTAG ATCGTTGTTC
661 GGAGTTAACC CAGTTGAAAC TAAACTCGGA ACTGATGGTC CGACATTGAT CGGAAAATGG
721 GTTTTGCTTC AGCTTCATCC TGTACTCACT CTCGGTCTTC CGAAAGTTCT AGACGACTTA
781 ATCCTCCATA CTTTCCGGTT ACCTCCGTTT CTGGTGAAAG AAGATTACCA GAGACTTTAC
841 GATTTCTTTT ACACCAACTC CGCCAGTTTA TTCGCCGAAG CTGAAAAACT CGGCATTTC
901 AAAGAAGAAG CTTGTCATAA TCTTCTCTTC GCTACTTGCT TCAATTCTTT CGGCGGGATG
961 AAGATTTTCT TCCCGAATAT GCTGAAATCG ATAGCGAAAG CAGGAGTGGA GGTCCATACC
1021 CGTTTAGCAA ACGAGATCCG ATCGGAAGTA AAATCCGCTG CGCGGAAGAT GACGATGTGC
1081 GCGATGGAGA AAATGCCGTT AATGAAATCA GTAGTTTATG AAGCGTTGCG AGTTGATCCT
1141 CCGGTAGCTT CACAATACGG AAGAGCCAAA CAGGACCTTA AGATCGAATC ACACGACGCC
1201 GTTTTCGAGG TGAAAAAAGG TGAAATGCTA TTCGGGTACC AACCATTTCG AACGAAGGAT
1261 CCGAAAAATT TTGACCGGCC GGAAGAGTTC GTCGCCGATC GGTTCGTTCG AGAAGGAGAA
1321 AAGTTATTGA AATATGTATT ATGTTCTAAT GGACCGGAAA CGGAAAGTCC AACAGTGGGG
1381 AATAACAGT GTGCTGGCAA AGATTITGTA GTGATGGTTT CGAGGTTATT CGTAACGGAG
1441 TTTTTTCTC GTTACGATAC ATTCACGTC GACGTTGGTA AGTCGGCGTT GGGGGCTTCA
1501 ATTACTATAA CTTCTTTGAA AAAAGCTTAG

```

Фиг. 4. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2 (AOS2) *Solanum tuberosum*, аллель AOS2-6 (StAOS2-6) (номер доступа GB DQ369737)

```

1 MALTSSFSFLP LPSLHQQFSP KYSTFRPIIA SLSEKPIIVV TQPTKLPTRT MFGDYGLPGI
61 GPWKDRLDYF YNQGKNEFFE SRVVKYKSTI FRTNMPPGPF ISSNPKVIVL LDGKSPFVLF
121 DVSKVEKKDL FTGYMPSTE LTGGYRVLSY LDPSEPNHEK LKKLMFFLLS SRRDHVIPKF
181 HETYTELFET LDKEMAERGT AGLNSGNDQA AFNFLARSLF GVNPEAKLG TDGPTLIGKW
241 VLLQLHPVLT LGLPKFLDDL ILHTFRLPFF LVKKDYQRLY DFFYTNSANL FVEAEKLGIS
301 KEEACHNLLF ATCFNSFGGM KIFFPNMMKS IAKAGVEVHT RLANEIRSEV KSAGGKIIMS
361 AMEKHPLMKS VVYEALRVDP PVASQYGRAK QDLKIESHDA VFEVKKGEML FGYQPFATKD
421 PKIFDRPEEL VADRFVGEEG EKLLKYVLWS NGPETESPTV GNKQCAGKDF VVMVSRLEFVV
481 EFFLRYDTFN VDVGTSALGA SITITSLKKA

```

Фиг. 5. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2 (AOS2) *Solanum tuberosum*, аллель AOS2-7 (StAOS2-7) (номер доступа GB ABD15175)

```

1 ATGGCATTAA CTTCATCTTT TTCTCTTCCT CTTCCTTCTC TTCACCAACA ATTTCCATCA
61 AAATACTCCA CATTTTCGTCC TATTATTGCT TCGTTATCCG AAAAACC AATCGTGGTA
121 ACCCAACCTA CAAAATACC TACCAGGACA ATGCCCGGCG ACTATGGGTT ACCGGGIATT
181 GGTCCATGGA AAGATAGGCT TGATTACTTT TACAATCAAG GCAAAAACGA ATTTTTCGAA
241 TCAAGAGTAG TGAATAACAA ATCAACTATA TTCAGAACGA ACATGCCACC GGGACCATTC
301 ATTTCTTCTA ACCCGAAGGT TATTGTTTTG CTCGACGGCA AGAGTTTCCC AGTCTTTTTC
361 GATGTTTCGA AAGTCGAAAA AAAGGACCTC TTCACTGGAA CTTACATGCC GTCGACTGAA
421 CTCACCGGTG GTTACCGTGT TCTTTCTTAT CTTGACCCAT CTGAACCAAA CCATGAAAAA
481 TTGAAAAAAT TGAITGTTCT CTTCTTTTCT TCTCGTCGTG ATCAGCTTAT ACCCAAAATTC
541 CATGAAACTT ATACAGAGTT GTTTGAAACC CTAGATAAGG AAATGGCGGA AAAAGGTACA
601 GCTGGTTTAA ACTCCGGCAA TGATCAAGCT GCGTTTAATT TCTTAGCTAG ATCGTTGTTC
661 GGAGTTAACC CAGTTGAAGC TAAACTCGGA ACTGATGGTC CGACATTGAT CGGAAAATGG
721 GTTTTGCTTC AGCTTCATCC TGTGCTTACT CTCGGTCTTC CGAAGTTTCT AGACGACTTA
781 ATCCTCCATA CTTTCCGGTT ACCTCCGTTT CTGGTGAAAA AAGATTACCA GAGACTTTAC
841 GATTTCTTTT ACACCAATTC CGCCAAATTA TTCGTCGAAG CTGAAAAACT CGGCATTTC
901 AAAGAAGAAG CTTGTCATAA TCTTCTCTTC GCTACTTGCT TCAATTCTTT CGGCGGGATG
961 AAGATTTTCT TCCCGAATAT GATGAAATCG ATAGCGAAAG CAGGGGTGGA GGTCCATACC
1021 CGTTTAGCAA ACGAGATCCG ATCGGAAGTA AAATCCGCCG CGCGGAAGAT CACGATGTGC
1081 GCGATGGAGA AAATGCCGTT AATGAAATCA GTAGTATATG AAGCTTTACG AGTTGATCCT
1141 CCGGTAGCTT CACAATACGG AAGAGCCAAA CAGGACCTTA AGATCGAATC ACACGACGCC
1201 GTTTTCGAGG TGAAAAAAGG TGAAATGCTA TTCGGGTACC AACCATTTCG AACGAAGGAT
1261 CCGAAAAATT TTGACCGACC GGAAGAGCTC GTCGCCGATC GGTTCGTTCG AGAAGAAGAA
1321 GAAAGATTAT TGAATATGT ATTATGGTCT AATGGACCGG AAACGGAAAG TCCGACAGTG
1381 GGAATAAAC AGTGTGCTGG AAAAGATTTT GTAGTGATGG TTTGAGGTTT ATTCGTAGTG
1441 GAGTTTTTTC TCCGTTACGA TACATTCAAC GTCGACGTTG GTACGTCGGC GTTGGGGGCT
1501 TCAATTACTA TAACTTCTTT GAAAAAGCT TAG

```

Фиг. 6. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2 (AOS2) *Solanum tuberosum*, аллель AOS2-7 (StAOS2-7) (номер доступа GE DQ369738)

```

1  MALTSFFSLP LPSLHQQFPS KYSTFRPIIV SLSEKPTIVV TQPTKLPVRT IPGDYGLPGI
61  GPWKDRLDYF YNQGKNEFFE SRVVKYKSTI FRTNMPPGPF ISSNPKVIVL LDGKSFPVLF
121 DVSKEVEKDL FTGYMPSTE LTGGYRVLSY LDPSEPNHEK LKKLMFFLLS SRRDHVIPKF
181 HETYTEFFET LDKEMAEEKGK AGLNSGNDQA AFNFLARSLF GVNVPVETKLG IDGPTILIGKW
241 VLLQLHPVLT LGLPKFLDDL ILHAFRLPPL LVKKDYQRLY DFFYTNANL FVEAEKLGIS
301 KEEACHNLLF ATCFNSFGGM KIFFPNMMKS IAKAGVEVHT RLANEIRSEV KSAGGKITMS
361 AMEKMLPKS VVYEALRVDP PVASQYGRAK QDLKIESHDA VFEVKKGEML FGYQPFATKD
421 PKFFDRPEEF VADRFVGEEG EKLLKYVLWS NGPETESPTV GNKQCAGKDF VVMVSRLEVT
481 EFFLRYDTFN VDVGTSALGA SITITSLKKA

```

Фиг. 7. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2 (AOS2) *Solanum tuberosum*, аллель AOS2-8 (StAOS2-8) (номер доступа GB ABD15176)

```

1  ATGGCTTTAA CTTCATTTTT TTCCTTCTCT CTCCTTCTCT TTCACCAACA ATTTCATCA
61  AAATACTCTA CATTTCTGTC TATTATTGTT TCTTTGTCCG AAAAACCAC AATCGTGGTA
121 ACCCAACCTA CAAAATTACC TGTCAGGACA ATACCCGGCG ACTATGGGTT GCCGGGTATT
181 GGTCCATGGA AAGATAGGCT TGATTACTTT TACAATCAAG GCAAAAACGA ATTTTTCGAA
241 TCAAGAGTAG TGAAATACAA ATCAACTATA TTCAGAACTA ACATGCCACC GGGACCATT
301 ATTTCTTCTA ACCCGAAGGT TATTGTTTTG CTCGACGGCA AGAGTTTCCC AGTCCTTTTC
361 GATGTTTTCA AAGTCGAAAA AAAGGACCTC TTCACCGGAA CTTACATGCC GTCGACTGAA
421 CTCACCGGTG GTTATCGTGT TCTTTCTTAT CTTGACCCAT CTGAACCAAA CCAATGAAAA
481 TTGAAAAAAT TGAIGTICTT CTTCTTTCT TCTCGTCTGT ATCAGCTTAT ACCCAAATTC
541 CATGAACTT ATACAGAGTT TTTTGAAACC CTAGATAAGG AAATGGCGGA AAAAGGTAAA
601 GCTGGTTTAA ACTCTGGCAA TGAICAGCT GCGTTTAATT TCTTAGCTAG ATCGTTGTTT
661 GGAGTTAACC CAGTTGAAAC TAACTCGGA ATTGATGGTC CGACATTGAT CGGAAAATGG
721 GTTTTGCTTC AGCTTCATCC TGTACTCACT CTCGGTCTTC CGAAGTTTCT AGATGACTTA
781 ATCTCCCATG CTTCCCGGTT ACCTCCGCTT CTGGTGAAGA AAGATTACCA GAGACTTTAC
841 GATTTCTTTT ACACCAACTC CGCCAATTTA TTCGTCGAAG CTGAAAAACT CGGCATTTCT
901 AAAGAAGAAG CTTGTCATAA TCTTCTCTTC GCTACTTGCT TCAATTCCTT CGGCGGGAIG
961 AAGATTTCT TCCGAATAT GATGAAATCG ATAGCGAAAG CAGGGGTGGA GGTCCATACC
1021 CGTTTAGCAA ACGAGATCCG ATCGGAAGTA AAATCCGCCG GCGGGAAGAT CACGATGTCG
1081 GCGATGGAGA AAATGCCGCT AATGAAATCA GTAGTATATG AAGCTTTACG AGTTGATCCT
1141 CCGGTAGCTT CACAATACGG AAGAGCCAAA CAGGACCTTA AGATCGAATC ACACGACGCC
1201 GTTTTCGAGG TGAAAAAAGG TGAATGCTA TTCGGGTACC AACCATTTCG AACGAAGGAT
1261 CCGAAATTTT TTGACCGGCC GGAAGAGTTC GTCGCCGATC GGTTCGTCGG AGAAGAAGGA
1321 GAAAAGTTAT TGAAATACGT ATTATGGTCT AATGGACCGG AAACGGAAAG TCCGACAGTG
1381 GGGAAATAAC AGTGTGCTGG AAAAGATTTT GTAGTGATGG TTTCGAGGTT ATTCGTAACG
1441 GAGTTTTTTC TCGTTACGA TACATTCAT GTCGACGTTG GTACGTCGGC ATTGGGGGCT
1501 TCAATTACTA TAACTTCTT GAAAAAAGCT TAA

```

Фиг. 8. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2 (AOS2) *Solanum tuberosum*, аллель AOS2-8 (StAOS2-8) (номер доступа GB DQ369739)

```

1  MALTSFFSLP LPSLHQQFPS KYSTFRPIIV SLSEKPTIVV TQPTKLPVRT IPGDYGLPGI
61  GPWKDRLDYF YNQGKNEFFE SRVVKYKSTI FRTNMPPGPF ISSNPKVIVL LDGKSFPVLF
121 DVSKEVEKDL FTGYMPSTE LTGGYRVLSY LDPSEPNHEK LKKLMFFLLS SRRDHVIPKF
181 HETYTEFFET LDKEMAEEKGK AGLNSGNDQA AFNFLARSLF GVNVPVETKLG IDGPTILIGKW
241 VLLQLHPVLT LGLPKFLDDL ILHAFRLPPL LVKKDYQRLY DFFYTNANL FVEAEKLGIS
301 KEEACHNLLF ATCFNSFGGM KIFFPNMMKS IAKAGVEVHT RLANEIRSEV KSAGGKITMS
361 AMEKMLPKS VVYEALRVDP PVASQYGRAK QDLTIESHDA VFEVKKGEML FGYQPFATKD
421 PKIFDRPEEF VADRFVGEEG EKLLKYVLWS NGPETESPTV GNKQCAGKDF VVMVSRLEVT
481 EFFLRYDTFN VDVGTSALGA SITITSLKKA

```

Фиг. 9. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2 (AOS2) *Solanum tuberosum*, аллель AOS2-12 (StAOS2-12) (номер доступа GB ABD15172)

MALTSSFSLPLPSLHQPPSKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTOPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRLDYFYNQGK
DEFFESRVVKYKSTIFRTNMPPGPFISSNPKVIVLLDGKSPVLFVSKVEKKDLFTGYMPS TELTGGYRVLSY
LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVTPKFHETYTEFFETLDEKEMAEKGTAGLNSGNDQAAFNFLARSLFGVNPV
ETKLGGDGPLTIGKVVLLQLHPVLTGLGPKFLDDLIHLHTRLPPLVKKDYQRLYDFFYTNSAGLFAEAELGIS
KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMVLTSIAKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKITMSAMEKMLMKSVVYEA
LRVDPPEVASYGRAKQCKLIESDHAVEVKEGMEFLGYQPTAKDPKIFDRPEEIVADRFVGEEGEKLLKYVLWS
NRPETESPVGNKQACQKDEVMVSRLEVTETFLRYDTFNVVDGKSLGASITITSLKKA

ATGGCATTAAC TTCATCTTTTCTCTTCTCTTCC TTCTCTTACCAACAATTTCCATCAAAATACTCTACATT
CGTCCTATTATCGTTTCTTATCCGAAAAACCAACAICGTGGTAACCCAACCTACAAAATACCTACCAGGACA
ATACCCGGCGACTATGGGTTGCCGGGTATTGGTCCATGSAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAAGGAAA
GACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTGAAATCAAAATCAACTATATTTCAGAACGAACATGCCACCGGGACCATT
ATTTCTTCTAACCCGAAGGTCATTGTTTGGCTCGACGGCAAGAGTTTCCCAGTCCTTTTCGATGTTTTCGAAAGTC
GAAAAAAGACGACTCTTTCACCGGAACTTATATGCGGTCGACTGAACCTACCGGTGGTTACCGTGTTCTTCTTAT
CTTGACCATCTGAACCAAAACCTGAAAAAATTGAAAAATTTGATGTTCTTCTCTTCTTCTTCCGTCGTGATCAC
GTTATACCCAAATTTCCATGAACTTATACAGAGTTT TTTTGAAACCCCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTTCGGAGTTAACCCAGTT
GAACTAAACTCGGAGGTGATGGTCCGACATTGATCGGAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCCTGTGCTCACT
CTCGGTCTTCCGAAGTTCTTAGACGACTTAATCTCTCCATACTTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
TACCAGAGACTTTACGATTTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCAAGCTGAAAACTCGGCATTTCA
AAGAAGAAGCTTGTCTATAATCTTCTCTGCTACTTGTCTCAATCTCTTCGGCGGATGAAGATTTTCTCCCG
AATATGCTGAAATCGATAGCGAAAGCAGGGGTGGAGGTCATACCCGTTTAGCAACAGAGATCCGATCGGAAGTA
AAATCCGCCCGCGGGAAGATCACGATGTCGGCTATGGAGAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTATATGAAGCT
TTGCGAGTTGATCTCTCCGGTAGCTTCACAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
GTTTTCGAGGTGAAAAAAGGTGAAATGCTATTCCGGGTACCAACCATTTCGAACGAAGGATCCGAAAATTTTGAC
CGSCCGGAAGAGTTCTGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAGAAGGAGAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
AATGGACCGGAAACGGAAAGTCCGACAGTGGGGAATAAACAGTGTGCTGGCAAAGATTTTGTAAGTGATGGTTTCG
AGGTATTTCGATAACGGAGTTT TTTCTCCGTTACGATACATTCAACGTCGACGTGGTAAGTCGGCGTTGGGGCT
TCAATTACTATAACTTCTTTGAAAAAAGCTTAG

- 63 -

MALTSSFSLPLRLSLHQFPSPKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRLDYFYNQK
 DEFFESRVVYKSTIFRTNMPGPFISSNPKVIVLLDGKSFVLFVSKVEKKDLFTGTYPSTELTGGYRVLSY
 LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVVPKFHETYTEFFETLDKEMAEGTAGLNSGNDQAAFNFLARSLFGVNPV
 ETKLGGDGPTLIGKWLQLHPVLTGLPKFLDDLLHTFRLPPLVKKDYQRLYDFFYTNANLFEAEKLGIS
 KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMMKSIKAGVDLHTRLANEIRSEVKSAGGKITMSAMEKMLPKSVVYEA
 LRVDPFVASQYGRAKQDLKIESHDAVFEVKKCEMLFGYQPFATKDPKIFDRPEEFVADRFVGEEGEKLKLYVLWS
 NGPETESPTVGNKQKAGKDFVVMVSRFLVTEFFFLRYDTFNVDVGKSALGASITITSLKKA

Фиг. 13. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB2

ATGGCATTAACTTCATCTTTTTCTCTTCCCTCTTCTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCCACATTT
 CGTCTTATTATTGTTTCTTTATCGGAAAAGCCAACAATCGTGGTAACCCAACTACAAAATTACCTACCAGGACA
 ATACCCGGCGACTATGGGTTGCCGGGTATTGGTCCATGGAAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAAGGGAAA
 GACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTGAAATACAAATCAACTATATTCAGAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
 ATTTCTTCTAACCCGAAGGTCATTGTTTTGCTCGACGGCAAGAGTTTCCAGTCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
 GAAAAAAGGACCTCTTCACCGGAACCTATATGCGCTCGACTGAACTCACCGGTGGTTACCGTGTCTTTCTTAT
 CTTGACCCATCTGAACCAAAACCATGAAAAATTGAAAAAATTGATGTTCTTCTTCTTTCTTCCCGTCGTGATCAC
 GTTATACCCAAATTCATGAACTTATACAGAGTTTTTTGAAACCCATAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
 GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTCCGAGTTAATCCAGTT
 GAACTAAACTCGGAGGTGATGGTCCGACATTGATCGGAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCTGTGCTCACT
 CTCGGTCTTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAATCCTCCATACTTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
 TACCAGAGACTTTACGATTCTTTTACACCAACTCCGCCAATTTATTCGTCGAAGCTGAAAAACTCGGCATTCT
 AAAGAAGAAGCTTGTCTAATCTTCTCTTCGCTACTTGCTTCAATTCCTTCGGCGGGAIGAAGATTTCTTCCCG
 AATATGATGAAATCGATAGCGAAAGCAGGGGTGGATCTCCATACCCGTTTAGCAACGAGATCCGATCGGAAGTA
 AAATCCGCCGGCGGGAAGATCACGATGTCGGCGATGGAGAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
 TTACGAGTTGATCTCCGGTAGCTTCACAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
 GTTTTCGAGGTGAAAAAATGTGAAATGCTATTCGGGTACCAACCATTTGCAACGAAGGATCCGAAAAATTTTGAC
 CGGCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAGAAGGAGAAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
 AATGGACCGGAACGGAAGTCCGACAGTGGGAATAAACAGTGTGCTGGCAAGATTTTGTAGTGATGGTTTCG
 AGGTTATTCGTAACGGAGTTTTTTCTCCGTTACGATACATTCAACGTCGACGTTGGTAAGTCGGCGTTGGGGGCT
 TCAATTACTATAACTTCTTTGAAAAAAGCTTAG

Фиг. 14. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB2

MALTSSFSLPLRLSLHQFPSPKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRLDYFYNQK
 DEFFESRVVYKSTIFRTNMPGPFISSNPKVIVLLDGKSFVLFVSKVEKKDLFTGTYPSTELTGGYRVLSY
 LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVVPKFHETYTEFFETLDKEMAEGTAGLNSGNDQAAFNFLARSLFGVNPV
 ETKLGGDGPTLIGKWLQLHPVLTGLPKFLDDLLHTFRLPPLVKKDYQRLYDFFYTNANLFEAEKLGIS
 KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMMKSIKAGVDLHTRLANEIRSEVKSAGGKITMSAMEKMLPKSVVYEA
 LRVDPFVASQYGRAKQDLKIESHDAVFEVKKCEMLFGYQPFATKDPKIFDRPEEFVADRFVGEEGEKLKLYVLWS
 NGPETESPTVGNKQKAGKDFVVMVSRFLVTEFFFLRYDTFNVDVGKSALGASITITSLKKA

Фиг. 15. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB3

ATGGCATTAACTTCATCTTTTTCTCTTCCCTCTTCTTCTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCTACATTT
 CGTCTTATTATTGTTTCTTTATCGGAAAAGCCAACAATCGTGGTAACCCAACTACAAAATTACCTACCAGGACA
 ATACCCGGCGACTATGGGTTGCCGGGTATTGGTCCATGGAAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAAGGGAAA
 GACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTGAAATACAAATCAACTATATTCAGAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
 ATTTCTTCTAACCCGAAGGTCATTGTTTTGCTCGACGGCAAGAGTTTCCAGTCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
 GAAAAAAGGACCTCTTCACCGGAACCTATATGCGCTCGACTGAACTCACCGGTGGTTACCGTGTCTTTCTTAT
 CTTGACCCATCTGAACCAAAACCATGAAAAATTGAAAAAATTGATGTTCTTCTTCTTTCTTCCCGTCGTGATCAC
 GTTATACCCAAATTCATGAACTTATACAGAGTTTTTTGAAACCCATAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
 GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTCCGAGTTAATCCAGTT
 GAACTAAACTCGGAGGTGATGGTCCGACATTGATCGGAAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCTGTGCTCACT
 CTCGGTCTTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAATCCTCCATACTTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
 TACCAGAGACTTTACGATTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCGAAGCTGAAAAACTCGGCATTCTCA
 AAAGAAGAAGCTTGTCTAATCTTCTCTTCGCTACTTGCTTCAATTCCTTCGGCGGGAIGAAGATTTCTTCCCG
 AATATGATGAAATCGATAGCGAAAGCAGGGGTGGATCTCCATACCCGTTTAGCAACGAGATCCGATCGGAAGTA
 AAATCCGCCGGCGGGAAGATCACGATGTCGGCGATGGAGAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
 TTACGAGTTGATCTCCGGTAGCTTCACAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
 GTTTTCGAGGTGAAAAAATGTGAAATGCTATTCGGGTACCAACCATTTGCAACGAAGGATCCGAAAAATTTTGAC
 CGGCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAGAAGGAGAAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
 AATGGACCGGAACGGAAGTCCGACAGTGGGAATAAACAGTGTGCTGGCAAGATTTTGTAGTGATGGTTTCG
 AGGTTATTCGTAACGGAGTTTTTTCTCCGTTACGATACATTCAACGTCGACGTTGGTAAGTCGGCGTTGGGGGCT
 TCAATTACTATAACTTCTTTGAAAAAAGCTTAG

Фиг. 16. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB3

ATGGCATTAACCTTCATCTTTTTCTCTTCCCTCTTCTGTTCTCTTCAACCAACAATTTCCATCAAAATACTCCACATT
 CGTCCATTATTGTTTCTTTATCGGAAAAGCCAAACATCGTGGTAACCCAACCTACAAAATTACCTACCAGGACA
 ATACCCGGCGACTATGGGTGCGGGTATTGGTCCATGGAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAAGGGAAA
 GACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTGAAATACAAATCAACTATATTTCAGAACGAACATGCCACGGGACCATTC
 ATTCTTTTAAACCGAAGGTCATTGTTTGTCTGACGGCAAGAGTTTCCGAGTCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
 GAAAAAAGGACCTCTTACCSCGAACCTATATGCGCTGCAGTGAAGTCAACCGGTGGTATACCGTGTTCTTTCTTAT
 CTTGACCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAAATTGATGTTCTTCTTCTTTCTTCCGCTCGTGATCAC
 GTTATACCCAAATTTCCATGAAACTTATACAGAGTTTTTTGAAACCCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
 GCTGGTTTAAACTCCCGGAATGATCAAGCTGCGTTTAAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTTCGGAGTTAACCCAGTT
 GAAACTAAACTCGGAGGTGATGCTCGGCATGATCGGAAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCCTGTCTCACT
 CTCGGTCTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAATCCTCCATACCTTCGGTTTACCCTCGGTTCTGGTGAAGAAAGAT
 TACCAGAGACTTTACGATTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTTATTGCGCGAAGCTGAAAAACTCGGCATTTC
 AAAGAAGAAGCTTGTCTAATCTTTCTCTTCGCTTACITGCTTCAATTCCTTCGGCGGGATGAAGATTTTCTTCCCG
 AATATGCTGAATTCGATCGAAAGCAGGGGTGGAGTCCATACCCGTTTAGCAAACGAGATCCGATCGGAAGTA
 AAATCGCCGGCGGGAAGATCAGCAIGTCGGCTATGGAGAAAAATCCGCTTAATGAAATCAGTAGTATATGAAGCT
 TTGCGAGTTGATCTCTCCGGTAGCTTACAAATACGGAAGAGCCAAACGAGGACTTAAGATTCGAATCACACGACGCC
 GTTTTCGAGGTGAAAAAAGGTGAAATGCTATTTCGGGTACCAACCATTTCGACGAAGGATCCGAAAAATTTTGAC
 CGCCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTCTGTCGGAGAAGAAGGAGAAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
 AATGGACCGGAACGGAAGTCCGACAGTGGGGAATAACAGTGTGCTGGCAAGAGATTTTGTAGTGATGGTTTCG
 AGGTTATCTATAACGGAGTTTTTTCTCCGTTACGATACATTAACGTCGACGTTTGGTAGTTCGCGCTTGGGGGT
 TCAATTACTGTAATCTTCTTTGAAAAAGCTTAG

MALTSSFSPLPLPSLHQQFPSPKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRLDYFYNQGK
NEFFESRVVKYKSTIFRTFNMPGPFISSNPKFVILLDGKSFVLFVDSKVEKKOLFDTGTYPMS TELTGGYRVLSY
LDPSENGHEKLKMLTFEFLSSRDHVPKPFHVIYTEFFETLKDMEAEGKTAGLNSGNDQAAFNFLARSLGGVNPV
ETFLGGDPTLTIGKWVLLQLHPVLTGLGPKFLDDLIHTFRPLPPFLVKDYQRLYDFPYTNSASLFAEAELGIGS
KEEAACHNLFATCFNSFGGKMFIFPHMLKSIKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKITSAMEKMLMKSVVYEA
LRVDPPVASQYGRAKQDLKIESHDVAFVKKKGEMLFVGYQPFATDKPFIIDRPEEFVADRFBVEEGEKLKLYVLWS
NGPETESPVTGNKOCAGKDFVVMVSRLEVFTEFLRYDTFNVVDGKSGALGASITISLKA

ATGGCATTAACCTTCATCTTTTCTCTTCCCTCTTCCCTTCTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCTACATTT
CGTCCTATTATCGTTTCTTTATCCGAAAAACCAACAATCGTGGTAACCCCAACCTACAAAATTACCTACCAGGACA
ATACCCGGCGCACTATTGGGTTGCGGGTATTGGTCCATGGAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATTACGGGCAAA
AACGAATTTTTCCAATCAAGAGTAGTAAAAACAACAACTAATTCAGAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
ATTCTTCTAACCCGAAGTTATTGTTTGTCTGACGGCAAGAGTTTCCAGTCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
GAAAAAAGGACCTCTTTCACCGGAACCTTACATGCCGTGCACTGAACCTACCGGTGGTTACCGTGTCTTTCTTAT
CTTGACCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAATTGATGTTCTTCTCTTTCTCTCCGTCGTGATCAC
GTATACCCAAATTCATGAACCTTATACAGAGTTTTTGAACCCATAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
GCTGGTTTTAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTTCGGAGTTAACCCAGTT
GAAACTAACTCGGAGTGATGGTCGCACATTGATCGGAAATGGTTTTGCTTCAGCTTCGACTCTGTCTCAT
CTCGGTCCTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAATCTCCATCTTTCCGGTTACCTCCGTTTCGGTGAAGAAAGAT
TACCAGAGACTTTACGATTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCCGCCAAGCTGAAAACTCGGCATTTCA
AAGAAGAAGCTTGTCTAATCTTATCTTCGCTACTTGTCTCAATTCCTTCGGCGGGATGAAGATTTCTTCCCG
AATATGCTGAATTCGATCGGAAGACGAGGGGTGGAGTCCATACCCGTTTAGCAAAAGAGATCCGATCGGAAGTA
AAATCCGCTGGCGGAAGATCAGAGTTCGGCGATGGAGAAATCCGTTAATGAATCAGTAGTTTATGAAGCT
TTACGAGTGTATCTCCGGTAGCTTCAACATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATTCGAATCACACAGCGCC
GTTTTCGAGGTGAAAAAGGTGAAATGCTATTCCGGGTACCAACCATTTCGCAACGAAGGATCCGAAAAATTTTGAC
CGGCCGAAGAGTTCTGTCGCCGATCGGTTCTGTCGGAGAAGAAGGAGAAAAAGTTATTGAAATATGTTATTGGTCT
AATGGACCGGAACGGAAGTCCGACAGTGGGCAATAACAGTGTGCTGGCAAGAGTTTTGTAGTGATGTTTCG
AGGTTATCTGTAACCGGAGTTTTTTCTCCGTTACGATACATTCAACGTCGACGTTGGTAAGTCGGCGTTGGGGCT
TCAATTACTATAACTTCTTTGAAAAAGCCTTAG

- 65 -

MALTSSFSPLPLSLHQQPPSKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTOPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRLDYFYNQK
NEFFESRVVYKSTIFRTNMPPGPFISSNPKVIVLLDGGKSFVLFVDSKVEKKDLFTGTYPMPSTELTGGYRVLSY
LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVIFKPHETYTEFFETLDKEMAEKGTAGLNSGNDQAAFNFLARSLFGVNPV
ETKLGDDGPTLIGKWVLLQLHPVLTGLPKFLDDLLHFTFLPFLVKKDYQRLYDFYTNASLFAEAELGIS
KEEACHNLIFATCFNSFGGMKIFFPNMLKSIKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKITMSAMEKMPLMKSVVYEA
LRVDPPVASQYGRAKQDLKIESHDAVFVKKGEMLFGYQPFATKDPKIFDRPEEFVADRFVGEEGEKLLKYVLWS
NGPETESPTVGNKQKAGKDFVVMVSRLEFVTEFFLRYDTFHVVDVKSALGASITITSLKKA

Фиг. 21. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
(AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB6

ATGGCATTAACTTCATCTTTTTCTCTTCCCTCTTCTTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCTACATTT
CGTCTTATTATCGTTTCTTTATCCGAAAAACCAACAATCGTGGTAACCCAACTACAAAATTACCTACCAGGACA
ATACCCGGCGACTATGGGTTGCCGGGTATTGGTCCATGGAAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAGGGCAAA
AACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTAAAAATACAAATCAACTATATTGAGAACGAACATGCCACCGGACCATTC
ATTCTTCTAACC CGAAGGTTATTGTTTTGCTCGACGGCAAGAGTTTCCAGTCCCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
GAAAAAAGGACCTCTTCACCGGAACCTACATGCCGTGCACTGAACTCACCGGTGGTTACCGTGTTCTTTCTTAT
CTTGACCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAATTGATGTTCTTCTTCTTCTTCTCCCGTCGTGATCAC
GTTATACCCAAATTCATGAACTTATACAGAGTTTTTTGAAACCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTTCGGAGTTAACCCAGTT
GAAACTAAACTCGGAGGTGATGGTCCGACATTGATCGGAAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCTGTCTCACT
CTCGGTCTTCCGAAGTTCTTAGACGACTTAATCTCTCCATACTTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
TACCAGAGACTTTACGATTTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTTCGCCGAAGCTGAAAAACTCGGCATTTCA
AAAGAAGAAGCTTGTCAATCTTATCTTCGCTACTTGCTTCAATTCCTTCGGCGGGAAGAAGATTTTCTTCCCG
AATATGCTGAAATCGATAGCGAAAGCAGGGGTGGAGGTCCATACCCGTTTAGCAACGAGATCCGATCGGAAGTA
AAATCCGCTGGCGGGAAGATCAGCATGTCGGCGATGGAGAAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
TTACGAGTTGATCTCCGGTAGCTTCACAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
GTTTTCGAGGTGAAAAAGGTGAAATGCTATTCCGGGTACCAACCATTTGCAACGAAGGATCCGAAAAATTTTGAC
CGGCCGGAAGAGTTTCGTGCGCGATCGGTTTCGTGCGGAGAAGAAGGAGAAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
AATGGACCGGAAACGGAAGTCCGACAGTGGGGAATAAACAGTGTGCTGGCAAGATTTTGTAGTGATGGTTTCG
AGGTTATTTCGTAACGAGTTTTTTCTCCGTTACGATACATTCAACGTCGACGTTGATAAGTCCGCGTTGGGGGCT
TCAATTACTATAACTTCTTTGAAAAAGCTTAG

Фиг. 22. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
(AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB6

MALTSSFSPLPLSLHQQPPSKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTOPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRLDYFYNQK
NEFFESRVVYKSTIFRTNMPPGPFISSNPNVIVLLDGGKSFVLFVDSKVEKKDLFTGTYPMPSTELTGGYRVLSY
LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVIFKPHETYTEFFETLDKEMAEKGTAGLNSGNDQAAFNFLARSLFGVNPV
ETKLGDDGPTLIGKWVLLQLHPVLTGLPKFLDDLLHFTFLPFLVKKDYQRLYDFYTNASLFAEAELGIS
KEEACHNLIFATCFNSFGGLKIFFPNMLKSIKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKITMSAMEKMPLMKSVVYEA
LRVDPPVASQYGRAKQDLKIESHDAVFVKKGEMLFGYQPFATKDPKIFDRPEEFVADRFVGEEGEKLLKYVLWS
NGPETESPTVGNKQKAGKDFVVMVSRLEFVTEFFLRYDTFHVVDVKSALGASITITSLKKA

Фиг. 23. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
(AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB7

ATGGCATTAACTTCATCTTTTTCTCTTCCCTCTTCTTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCTACATTT
CGTCTTATTATCGTTTCTTTATCCGAAAAACCAACAATCGTGGTAACCCAACTACAAAATTACCTACCAGGACA
ATACCCGGCGACTATGGGTTGCCGGGTATTGGTCCATGGAAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAGGGCAAA
AACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTAAAAATACAAATCAACTATATTGAGAACGAACATGCCACCGGACCATTC
ATTCTTCTAACC CGAATGTTATTGTTTTGCTCGACGGCAAGAGTTTCCAGTCCCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
GAAAAAAGGACCTCTTCACCGGAACCTACATGCCGTGCACTGAACTCACCGGTGGTTACCGTGTTCTTTCTTAT
CTTGATCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAATTGATGTTCTTCTTCTTCTTCTTCTCGACGTGATCAC
GTTATACCCAAATTCATGAACTTATACAGAGTTTTTTGAAACCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTTCGGAGTTAACCCAGTT
GAAACTAAACTCGGAACGTGATGGTCCGACATTGATCGGAAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCTGTCTCACT
CTCGGTCTTCCGAAGTTCTTAGACGACTTAATCTCTCCATACTTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
TACCAGAGACTTTACGATTTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTTCGCCGAAGCTGAAAAACTCGGCATTTCA
AAAGAAGAAGCTTGTCAATCTTATCTTCGCTACTTGCTTCAATTCCTTCGGCGGGAAGAAGATTTTCTTCCCG
AATATGCTGAAATCGATAGCGAAAGCAGGGGTGGAGGTCCATACCCGTTTAGCAACGAGATCCGATCGGAAGTA
AAATCCGCTGGCGGGAAGATCAGCATGTCGGCGATGGAGAAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
TTACGAGTTGATCTCCGGTAGCTTCACAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
GTTTTCGAGGTGAAAAAGGTGAAATGCTATTCCGGGTACCAACCATTTGCAACGAAGGATCCGAAAAATTTTGAC
CGGCCGGAAGAGTTTCGTGCGCGATCGGTTTCGTGCGGAGAAGAAGGAGAAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
AATGGACCGGAAACGGAAGTCCGACAGTGGGGAATAAACAGTGTGCTGGCAAGATTTTGTAGTGATGGTTTCG
AGGTTATTTCGTAACGAGTTTTTTCTCCGTTACGATACATTCAACGTCGACGTTGATAAGTCCGCGTTGGGGGCT
TCAATTACTATAACTTCTTTGAAAAAGCTTAG

Фиг. 24. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
(AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB7

MALTSSFSLPLPSLHQFPSPKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRLDYFYNOGK
 DEFFESRVVVKYSTIFRTNMPPGPFISSNPKVIVLLDGKSFVPVLEFVSKVEKKDLFTGYMPSSTELTGGYRVLSY
 LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVVPKFKHETYTEFFETLDKEMAEGKTAGLNSGNDQAAFNFLARSLFGVNPV
 ETKLGTDGPTLIGKWLVLQLHPVLTGLPKFLDDLILHTRLPPLFVKKDYQRLYDFFYTNASLFAEAEKLGIS
 KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMLKSIKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKITMSAMEKMLPKSVVYEA
 LRVDPFVASQYGRAKQDLKIESHDAVFVKKGEMLFGYQPFATKDPKIFDRPEEFVADRFVGEKEKLLKYVLWSN
 GPETESPTVGNKQKQAGKDFVVMVSRFLVTEFFFLRYDTFNVDVGKSALGASITITSLKKA

Фиг. 25. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB8

ATGGCATTAACTTCATCTTTTTCTCTTCCCTCTTCCCTCTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCTACATTT
 CGTCCCTATTATCGTTTCTTTATCCGAAAAACCAACAATCGTGGTAACCCCAACCTACAAAAATTACCTACCAGGACA
 ATACCCGGCGACTATGGGTTGCCGGGTATTGGTCCATGGAAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAAGGCAAA
 AACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTGAAATACAAATCAACTATATTCAGAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
 ATTTCTCTTAACCCGAATGTTATTGTTTTGCTCGACGGCAAGAGTTTCCAGTCCCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
 GAAAAAAGGACCTCTTCACCGGAACCTTACATGCCGTCGACTGAACCTCACC GGTTGGTTACCGTGTCTTTCTTAT
 CTTGATCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAAATTGATGTTCTTCCCTCTTTCTTCTCGACGTGATCAC
 GTTATACCCAAATTCATGAAACTTATACAGAGTTTTTCGAAACCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
 GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTCCGGAGTTAACCCAGTT
 GAAACTAAACTCGGAACCTGATGGTCCGACATTGATCGGAAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCTGTACTCACT
 CTTGGTCTTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAACTCTCCATACCTTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
 TACCAGAGACTTTACGATTTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCGAAGCTGAAAAACTCGGCATTTCA
 AAAGAAGAAAGCTTTGTCATAATCTTCTCTTCCGCTACTTGGCTTCAATTCCTTCGGCGGGATGAAGATTTCTTCCCG
 AATATGCTGAAATCGATAGCGAAAGCAGGGGTGGAGGTCCATACCCGTTTAGCAAACGAGATCCGATCGGAAGTA
 AAATCCGCTGGCGGGAAGATCAGGATGTCGGCGATGGAGAAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
 TTACGAGTTGATCTCCCGTAGCTTCACAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
 GTTTTCGAGGTGAAAAAAGGTGAAATGCTATTCCGGTACCAACCATTTTGCAACGAAGGATCCGAAATTTTTCGAC
 CGGCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAGAAGGAGAAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
 AATGGACCGGAAACCGGAAAGTCCGACAGTGGGGAATAACACAGTGTGCTGGCAAAGATTTTGTAGTGATGGTTTCG
 AGGTTATTCGTAACGGAGTTTTTCTCCGTTACGATACATTCAACGTCGACGTTGGTAAGTCGGCGTTGGGGGCT
 TCAATTACTATAACTTCTTTGAAAAAAGCTTAG

Фиг. 26. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB8

MALTSSFSLPLPSLHQFPSPKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRLDYFYNOGK
 DEFFESRVVVKYSTIFRTNMPPGPFISSNPKVIVLLDGKSFVPVLEFVSKVEKKDLFTGYMPSSTELTGGYRVLSY
 LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVVPKFKHETYTEFFETLDKEMAEGKTAGLNSGNDQAAFNFLARSLFGVNPV
 ETKLGTDGPTLIGKWLVLQLHPVLTGLPKFLDDLILHTRLPPLFVKKDYQRLYDFFYTNASLFAEAEKLGIS
 KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMVKSIKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKITMSAMEKMLPKSVVYEA
 LRVDPFVASQYGRAKQDLKIESHDAVFVKKGEMLFGYQPFATKDPKFFDRPEEFVADRFVGEKEKLLKYVLWSN
 NGPETESPTVGNKQKQAGKDFVVMVSRFLVTEFFFLRYDTFNVDVGKSALGASITITSLKKA

Фиг. 27. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB9

ATGGCATTAACTTCATCTTTTTCTCTTCCCTCTTCCCTCTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCCACATTT
 CGTCCCTATTATGTTTCTTTATCCGAAAAACCAACAATCGTGGTAACCCCAACCTACAAAAATTACCTATCAGGACA
 ATACCCGGCGACTATGGGTTGCCGGGTATTGGTCCATGGAAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAAGGGA
 GACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTGAAATACAAATCAACTATATTCAGAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
 ATTTCTCTTAACCCGAAGGTTATTGTTTTGCTCGACGGCAAGAGTTTCCAGTCCCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
 GAAAAAAGGACCTCTTCACCGGAACCTTACATGCCGTCGACTGAACCTCACC GGTTGGTTACCGTGTCTTTCTTAT
 CTTGACCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAAATTGATGTTCTTCCCTCTTTCTTCCCGTCTGATCAC
 GTTATACCCAAATTCATGAAACTTATACAGAGTTTTTGAACCCCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
 GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTCCGGAGTTAACCCAGTT
 GAAACTAAACTCGGAACCTGATGGTCCGACATTGATCGGAAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCTGTACTCACT
 CTCGGTCTTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAACTCTCCATACCTTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
 TACCAGAGACTTTACGATTTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCGAAGCTGAAAAACTCGGCATTTCT
 AAAGAAGAAAGCTTTGTCATAATCTTCTCTTCGCTACTTGGCTTCAATTCCTTCGGCGGGATGAAGATTTCTTCCCG
 AATATGGTGAATCGATAGCAAAGCAGGGGTGGAGGTCCATACCCGTTTAGCAAACGAGATCCGATCGGAAGTA
 AAATCCGCCGGCGGGAAGATCAGGATGTCGGCGATGGAGAAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
 TTACGAGTTGATCTCCAGTAGCTTCACAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
 GTTTTCGAGGTGAAAAAAGGTGAAATGCTATTCCGGTACCAACCATTTTGCAACGAAGGATCCGAAATTTTTCGAC
 CGGCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAGAAGGAGAAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
 AATGGACCGGAAACCGGAAAGTCCGACAGTGGGGAATAACACAGTGTGCTGGCAAAGATTTTGTAGTGATGGTTTCG
 AGGTTATTCGTAACGGAGTTTTTCTCCGTTACGATACATTCAACGTCGACGTTGGTAAGTCGGCGTTGGGGGCT
 TCAATTACTATAACTTCTTTGAAAAAAGCTTAG

Фиг. 28. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB9

MALTSSPFLPLPSLHQFPSPKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRLDYFYNQGK
NEFFESRVVKYKSTIFRTNMPGPFISSNPKVIVLLDGKSFVLFVDSKVEKKDLFTGTYPMPSTELTGGYRVLSY
LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVVPKFHETYTEFFETLDKEMAEKGTAGLNSGNDQAAPNFLARSLFGVNPV
ETKLGGDGPTLIGKMWLLQLHPVLTGLPKFLDDLLHFTLRPLPFLVKKDYQRLYDFFYTNASLFAEAEKLGIS
KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMLKSIKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKI TMSAMEKMLPKSVVYEA
LRVDPFVASQYGRAKQDLKIESHDAVFEVKKGEMLFGYQPFATKDPKIFDRPEEFVADRFVGEKELLLKYVLWSN
GPETESPTVGNKQCAGKDFVVMVSRFLVTEFFFLRYDTFNVDVGKSALGASITITSLKKA

Фиг. 29. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
(AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB10

ATGGCATTAACTTCATCTTTTTCTCTTCCCTCTTCCCTCTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCTACATTT
CGTCCTATTATCGTTTCTTTATCCGAAAAACCAACAATCGTGGTAACCCAACTACAAAATTACCTACCAGGACA
ATACCCGGCGACTATGGGTTGCCGGGTATGGTCCATGGAAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAGGGCAAA
AACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTAAATACAAATCAACTATATTCAGAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
ATTCTCTTAACCCGAAGGTTATTGTTTTGCTCGACGGCAAGAGTTTCCAGTCCCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
GAAAAAAGGACCTCTTACCCGGAACCTTACATGCCGTGCACTGAACTCACCCTGGTTACCGTGTCTTTCTTAT
CTTGACCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAAATTGATGTTCTTCTCTCTTCCCTCCCGTCTGATCAC
GTTATACCCAAATTCATGAACTTATACAGAGTTTTTTGAAACCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTTAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTTCGGAGTTAACCCAGTT
GAAACTAAACTCCGAGGTGATGGTCCGACATTGATCGGAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCTGTCTCACT
CTCGGTCTTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAATCTCCATACCTTTCCGTTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
TACCGAGACTTTTACGATTTCCTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCGAAGCTGAAAAACTCCGCATTTCA
AAAGAAGAAGCTTGTCAATACTTCTCTTCTGCTACTTGCTTCAATTCCTTCGGCGGGAAGAAGATTTCTTCCCG
AATATGCTGAAATCGATAGCGAAAGCAGGGGTGGAGGTCCATACCCGTTTAGCAAACGAGATCCGATCGGAAGTA
AAATCCGCTGGCGGAAGATCACGATGTCGCGCATGGAGAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
TTACGAGTTGATCTCCGGTAGCTTACAAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
GTTTTCGAGGTGAAAAAAGGTGAAATGCTATTCGGGTACCAACCATTTGCAACGAAGGATCCGAAAAATTTTGAC
CGGCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAGGAGAAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCTAAT
GGACCGGAAACGGAAGTCCAAACAGTGGGGAATAAACAGTGTGCTGGCAAAGATTTTGTAGTGATGGTTTCGAGG
TTATTCGTAACGGAGTTTTTTCTCCGTTACGATACATTCACAGTTCGACGTTGGTAAGTCCGCGTTGGGGGCTTCA
ATTACTATAACTTCTTTGAAAAAGCTTAG

Фиг. 30. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
(AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB10

MALTSSPFLPLPSLHQFPSPKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRLDYFYNQGK
NEFFESRVVKYKSTIFRTNMPGPFISSNPKVIVLLDGKSFVLFVDSKVEKKDLFTGTYPMPSTELTGGYRVLSY
LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVVPKFHETYTEFFETLDKEMAEKGTAGLNSGNDQAAPNFLARSLFGVNPV
ETKLGGDGPTLIGKMWLLQLHPVLTGLPKFLDDLLHFTLRPLPFLVKKDYQRLYDFFYTNASLFAEAEKLGIS
KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMLKSIKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKI TMSAMEKMLPKSVVYEA
LRVDPFVASQYGRAKQDLKIESHDAVFEVKKGEMLFGYQPFATKDPKIFDRPEEFVADRFVGEKELLLKYVLWSN
GPETESPTVGNKQCAGKDFVVMVSRFLVTEFFFLRYDTFNVDVGKSALGASITITSLKKA

Фиг. 31. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
(AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB11

ATGGCATTAACTTCATCTTTTTCTCTTCCCTCTTCCCTCTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCTACATTT
CGTCCTATTATCGTTTCTTTATCCGAAAAACCAACAATCGTGGTAACCCAACTACAAAATTACCTACCAGGACA
ATACCCGGCGACTATGGGTTGCCGGGTATGGTCCATGGAAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAGGGCAAA
AACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTAAATACAAATCAACTATATTCAGAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
ATTCTCTTAACCCGAAGGTTATTGTTTTGCTCGACGGCAAGAGTTTCCAGTCCCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
GAAAAAAGGACCTCTTACCCGGAACCTTACATGCCGTGCACTGAACTCACCCTGGTTACCGTGTCTTTCTTAT
CTTGACCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAAATTGATGTTCTTCTCTCTTCTCTCTGCTGATCAC
GTTATACCCAAATTCATGAACTTATACAGAGTTTTTTGAAACCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTTAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTTCGGAGTTAACCCAGTT
GAAACTAACTCCGGAACCTGATGGTCCGACATTGATCGGAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCTGTACTACT
CTCGGTCTTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAATCTCCATACCTTTCCGTTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
TACCAGAGACTTTTACGATTTCCTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCGAAGCTGAAAAACTCGGCATTTCA
AAAGAAGAAGCTTGTCAATACTTCTCTTCTGCTACTTGCTTCAATTCCTTCGGCGGGAAGAAGATTTCTTCCCG
AATATGCTGAAATCGATAGCGAAAGCAGGGGTGGAGGTCCATACCCGTTTAGCAAACGAGATCCGATCGGAAGTA
AAATCCGCTGGCGGAAGATCACGATGTCGCGCATGGAGAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
TTACGAGTTGATCTCCGGTAGCTTACAAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
GTTTTCGAGGTGAAAAAAGGTGAAATGCTATTCGGGTACCAACCATTTGCAACGAAGGATCCGAAAAATTTTGAC
CGGCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAGGAGAAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCTAAT
GGACCGGAAACGGAAGTCCAAACAGTGGGGAATAAACAGTGTGCTGGCAAAGATTTTGTAGTGATGGTTTCGAGG
TTATTCGTAACGGAGTTTTTTCTCCGTTACGATACATTCACAGTTCGACGTTGATAAGTCCGCGTTGGGGGCTTCA
ATTACTATAACTTCTTTGAAAAAGCTTAG

Фиг. 32. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
(AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB11

MALTSSFSPLPLSLHQQFPFSKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRLDYFYNOQK
 DEFFESRVVVKYKSTIFRTNMPPGPFISSNPKVIVLLDGKSFVFLFVSVKVEKKDLFTGTYPSTELTGGYRVLSY
 LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVIPKFHETYTEFFETLDKEMAEKGTAGLNSGNDQAAFNFLARSLFGVNPV
 ETKLGTGPTLIGKWVLLQLHPVLTGLPKFLDDLILHTFRLPPFLVKKDYQRLYDFFYTNSASLFAEAEKLGIS
 KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMVKSIKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKITMSAMEKMLPKMSVVYEA
 LRVDPLVASQYGRAKQDLKIESHDAVFVKKGEMLFGYQPFATKDPKFFDRPEEFVADRFVGEGERLLKYVLWS
 NGPETESPTVGNKQCAGKDFVVMVSRFLVTEFFFLRYDTFNVDVGKSALGASITITSLKKA

Фиг. 33. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB12

ATGGCATTAACTTCATCTTTTTCTCTTCCCTCTTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCCACATTT
 CGTCTATTATTGTTTCTTTATCGGAAAAGCCAACAATCGTGGTAACCCAACCTACAAAATTACCTACTAGGACA
 ATACCCGGCGACTATGGGTTGCGGGGTATGGTCCATGGAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAAATCAAGGGAAA
 GACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTGAAATACAAATCAACTATATTCAGAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
 ATTCTCTTAACCCGAAGGTTATTGTTTTGCTCGACGGCAAGAGTTTCCAGTCCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
 GAAAAAAGGACCTCTTACCCGGAACCTTACATGCCGTGCACTGAACCTACCCGGTGGTTACCGTGTCTTCTTAT
 CTTGACCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAATTGATGTTCTTCTTCTTCTCTCGTCGTGATCAC
 GTTATACCCAAATTCATGAACTTATACAGAGTTTTTGAACCCCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
 GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTCCGGAGTTAACCCAGTT
 GAACTAAACTCGGAACCTGATGGTCCGACATTGATCGGAAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCCTGTACTCACT
 CTCGGTCTTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAATCCTCCATACCTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
 TACCAGAGACTTTACGATTTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCGAAGCTGAAAAACTCGGCATTTC
 AAAGAAGAAGCTTGTCATAATCTTCTCTTCGCTACTTGCTTCAATTCCTTCGGCGGGATGAAGATTTCTTCCCG
 AATATGGTGAAATCGATAGCAAAAGCAGGGGTGGAGGTCCATACCCGTTTAGCAACGAGATCCGATCGGAAGTA
 AAATCCGCCCGCGGGAAGATCAGGATGTCGGCGATGGAGAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
 TTACGAGTTGATCCTCCAGTAGCTTACAAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
 GTTTTCGAGGTGAAAAAGGTGAAATGCTATTCCGGGTACCAACCATTTGCAACGAAGGATCCGAAATTTTTCGAC
 CGGCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAGAGGAGAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
 AATGGACCGGAAACGGAAAGTCCGACAGTGGGGAATAAACAGTGTGCTGGCAAAGATTTTGTAGTGATGGTTTCG
 AGGTTATTTCGTAACGGAGTTTTTCTCCGTTACGATACATTCACGTCGACGTTGGTAAGTCGGCGTTGGGGGCT
 TCAATTACTATAACTTCTTTGAAAAAGCTTAG

Фиг. 34. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB12

MALTSSFSPLPLSLHQQFPFSKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRLDYFYNOQK
 DEFFESRVVVKYKSTIFRTNMPPGPFISSNPKVIVLLDGKSFVFLFVSVKVEKKDLFTGTYPSTELTGGYRVLSY
 LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVIPKFHETYTEFFETLDKEMAEKGTAGLNSGNDQAAFNFLARSLFGVNPV
 ETKLGTGPTLIGKWVLLQLHPVLTGLPKFLDDLILHTFRLPPFLVKKDYQRLYDFFYTNSASLFAEAEKLGIS
 KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMLKSIKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKITMSAMEKMLPKMSVVYEA
 LRVDPLVASQYGRAKQDLKIESHDAVFVKKGEMLFGYQPFATKDPKIFDRPEEFVADRFVGEGERLLKYVLWSN
 GPETESPTVGNKQCAGKDFVVMVSRFLVTEFFFLRYDTFNVDVGKSALGASITITSLKKA

Фиг. 35. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB13

ATGGCATTAACTTCATCTTTTTCTCTTCCCTCTTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCCACATTT
 CGTCTATTATTGTTTCTTTATCGGAAAAGCCAACAATCGTGGTAACCCAACCTACAAAATTACCTACTAGGACA
 ATACCCGGCGACTATGGGTTGCGGGGTATGGTCCATGGAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAAATCAAGGGAAA
 GACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTGAAATACAAATCAACTATATTCAGAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
 ATTCTCTTAACCCGAAGGTTATTGTTTTGCTCGACGGCAAGAGTTTCCAGTCCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
 GAAAAAAGGACCTCTTACCCGGAACCTTACATGCCGTGCACTGAACCTACCCGGTGGTTACCGTGTCTTCTTAT
 CTTGACCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAATTGATGTTCTTCTTCTTCTCTCGTCGTGATCAT
 GTTATACCCAAATTCATGAACTTATACAGAGTTTTTGAACCCCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
 GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTCCGGAGTTAACCCAGTT
 GAACTAAACTCGGAACCTGATGGTCCACATTTGATCGGAAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCCTGTACTCACT
 CTCGGTCTTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAATCCTCCATACCTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
 TACCAGAGACTTTACGATTTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCGAAGCTGAAAAACTCGGCATTTC
 AAAGAAGAAGCTTGTCATAATCTTCTCTTCGCTACTTGCTTCAATTCCTTCGGCGGGATGAAGATTTTCTTCCCG
 AATATGCTGAAATCGATAGCGAAAGCAGGGGTGGAGTCCATACCCGTTTAGCAACGAGATCCGATCGGAAGTA
 AAATCCGCTGGCGGGAAGATCAGGATGTCGGCGATGGAGAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
 TTACGAGTTGATCCTCTGGTAGCTTACAAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
 GTTTTCGAGGTGAAAAAGGTGAAATGCTATTCCGGGTACCAACCATTTGCAACGAAGGATCCGAAATTTTTCGAC
 CGGCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAGGAGAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCTAAT
 GGACCGGAAACGGAAAGTCCACAGTGGGGAATAAACAGTGTGCTGGCAAAGATTTTGTAGTGATGGTTTCGAGG
 TTATTTCGTAACGGAGTTTTTCTCCGTTACGATACATTCACGTCGACGTTGGTAAGTCGGCGTTGGGGGCTTCA
 ATTACTATAACTTCTTTGAAAAAGCTTAG

Фиг. 36. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB13

MALTSSFSPLPLPSLHQFPSPKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRDLDFYFNOGK
 DEFFESRVVKYKSTIFRTNMPPGPFISSNPKVIVLLDGKSFVFLFDVSKVEKKDLFTGTYPSTELTGGYRVLSY
 LDPSEPNEHKLKLMFFLLSSRRDHVVPKFHETYTEFFETLDKEMAEKGTAGLNSGNDQAAFNFLARSLFGVNPV
 ETKLGTGPTLTIGKWLVLQHPVLTGLPKFLDDLILHTFRLPPFLVKKDYQRLYDFFYTNSASLFAEAEKLGIS
 KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMLKSIKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKITMSAMEKMPLMKSVVYEA
 LRVDPFVASQYGRAKQDLKIESHDAVFEVKKGEMLFYQPFATKDPKIFDRPEEFVADRFVGEKEKLLKYVLWSN
 GPETESPTVGNKQCAGKDFVVMVSRFLVTEFFFLRYDTFNVDVGKSALGASITITSLKKA

Фиг. 37. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB14

ATGGCATTAACTTCATCTTTTTCTCTTCCCTCTTCTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCCACATTT
 CGTCCTATTATTGTTTCTTTATCGGAAAAGCCAACAATCGTGGTAACCCAACCTACAAAATTACCTACTAGGACA
 ATACCCGGCGACTATGGGTTGCCGGGTATTGGTCCATGGAAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAAGGGAAA
 GACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTGAAATACAAATCAACTATATTAGAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
 ATTCTTCTAACCCGAAGGTTATTGTTTTCGTCGACGGCAAGAGTTTCCAGTCCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
 GAAAAAAGGACCTCTTACCCGGAACCTACATGCCGTCGACTGAACCTACCCGGTGGTTACCGTGTCTTCTTAT
 CTTGACCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAATTGATGTTCTTCTCTTCTTCTCTCGTCGTGATCAT
 GTTATACCCAAATTCATGAAACTTATACAGAGTTTTTTGAAACCCCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
 GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTGCGGAGTTAACCCAGTT
 GAAACTAAACTCGGAACCTGATGGTCCACATTGATCGGAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCCTGTACTCACT
 CTCGGTCTTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAATCCTCCATACCTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
 TACCAGAGACTTTACGATTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCGAAGCTGAAAAACTCGGCATTTCA
 AAAGAAGAAGCTTTGTCATAATCTTCTCTTCGCTACTTTGCTTCAATTCCTTCGGCGGGATGAAGATTTTCTTCCG
 AATATGCTGAATCGATAGCGAAAGCAGGGGTGGAGGTCCATACCCGTTTAGCAAACGAGATCCGATCGGAAGTA
 AAATCCGCTGGCGGGAAGATCACGATGTCGGCGATGGAGAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
 TTACGAGTTGATCTCTCCGGTAGCTTCACAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
 GTTTTCGAGGTGAAAAAGGTGAAATGCTATTCCGGTACCAACCATTTGCAACGAAGGATCCGAAAATTTTTCGAC
 CGGCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAGGAGAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCTAAT
 GGACCGGAACCGGAAAGTCCAAACAGTGGGGAATAAACAGTGTGCTGGCAAAGATTTTGTAGTGATGGTTTCGAGG
 TTATTCGTAACGGAGTTTTTTCTCCGTTACGATACATTCAACGTCGACGTTGGTAAGTCGGCGTTGGGGGCTTCA
 ATTACTATAACTTCTTTGAAAAAGCTTAG

Фиг. 38. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB14

MALTSSFSPLPLPSLHQFPSPKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRDLDFYFNOGK
 DEFFESRVVKYKSTIFRTNMPPGPFISSNPKVIVLLDGKSFVFLFDVSKVEKKDLFTGTYPSTELTGGYRVLSY
 LDPSEPNEHKLKLMFFLLSSRRDHVVPKFHETYTEFFETLDKEMAEKGTAGLNSGNDQAAFNFLARSLFGVNPV
 ETKLGTGPTLTIGKWLVLQHPVLTGLPKFLDDLILHTFRLPPFLVKKDYQRLYDFFYTNSASLFAEAEKLGIS
 KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMLKSIKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKITMSAMEKMPLMKSVVYEA
 LRVDPFVASQYGRAKQDLKIESHDAVFEVKKGEMLFYQPFATKDPKIFDRPEEFVADRFVGEKEKLLKYVLWSN
 NGPETESPTVGNKQCASKDFVVMVSRFLVTEFFFLRYDTFNVDVGKSALGASITITSLKKA

Фиг. 39. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB15

ATGGCATTAACTTCATCTTTTTCTCTTCCCTCTTCTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCCACATTT
 CGTCCTATTATTGTTTCTTTATCGGAAAAGCCAACAATCGTGGTAACCCAACCTACAAAATTACCTACTAGGACA
 ATACCCGGCGACTATGGGTTGCCGGGTATTGGTCCATGGAAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAAGGGAAA
 GACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTGAAATACAAATCAACTATATTAGAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
 ATTCTTCTAACCCGAAGGTTATTGTTTTCGTCGATGGCAAGAGTTTCCAGTCCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
 GAAAAAAGGACCTCTTACCCGGAACCTACATGCCGTCGACTGAACCTACCCGGTGGTTACCGTGTCTTCTTAT
 CTTGACCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAATTGATGTTCTTCTCTTCTTCTCTCGACGTGATCAC
 GTTATACCCAAATTCATGAAACTTATACAGAGTTTTTTGAAACCCCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
 GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTGCGGAGTTAACCCAGTT
 GAAACTAAACTCGGAACCTGATGGTCCGACATTGATCGGAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCCTGTACTCACT
 CTCGGTCTTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAATCCTCCATACCTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
 TACCAGAGACTTTACGATTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCGAAGCTGAAAAACTCGGCATTTCA
 AAAGAAGAAGCTTTGTCATAATCTTCTCTTCGCTACTTTGCTTCAATTCCTTCGGCGGGATGAAGATTTTCTTCCG
 AATATGCTGAATCGATAGCGAAAGCAGGGGTGGAGTCCATACCCGTTTAGCAAACGAGATCCGATCGGAAGTA
 AAATCCGCTGGCGGGAAGATCACGATGTCGGCGATGGAGAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
 TTACGAGTTGATCTCTCCGGTAGCTTCACAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
 GTTTTCGAGGTGAAAAAGGTGAAATGCTATTCCGGTACCAACCATTTGCAACGAAGGATCCGAAAATTTTTCGAC
 CGGCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAGGAGAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
 AATGGACCGGAAACCGGAAAGTCCGACAGTGGGGAATAAACAGTGTGCTAGCAAAGATTTTGTAGTAGTGGTTTCG
 AGGTTATTTCGTAACGGAGTTTTTTCTCCGTTACGATACATTCAACGTCGACGTTGGTAAGTCGGCGTTGGGGGCT
 TCAATTACTATAACTTCTTTGAAAAAGCTTAG

Фиг. 40. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB15

MALTSSPSLPLPSLHQFPSPKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRLDYFYNQGK
 DEFFESRVVVKYKSTIFRTNMPGPFISSNPKVIVLLDGKSPVLFVDSKVEKKDLFTGTYPSTELTGGYRVLSY
 LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVIPKFHETYTEFFETLDKEMAEKGTAGLNSGNDQAAFNPLARSLEFVNVPV
 ETKLGGDGPTLIGKWLVLQHPVLTGLPKFLDLDLILHTFRLPFPFLVKDYQRLYDFFYTNSASLFAEAEKLGIS
 KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMLKSIKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKI TMSAMEKMLPMKSVVYEA
 LRVDPPVASQYGRAKQDLKIESHDAVFEVKKGEMLFGYQPFATKDPKIFDRPEEFVADRFVGEEGEKLKYLWLS
 NGPETESPTVGNKQKAGKDFVVMVSRFLVTEFFFLRYDTFNVVDVGSALGASITITSLKKA

Фиг. 41. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB16

ATGGCATTAACCTCATCTTTTTCTCTTCTCTCTCTCTCTCTCACCACAAATTTCCATCAAAATACTCCACATTT
 CGTCTCTATTATTGTTCTTTATCGGAAAAACCAACAATCGTGGTAACCCCAACCTACAAAATTACCTACCAGGACA
 ATACCCGGCGACTATGGGTTCGCGGGTATTGGTCCATGGAAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAAGGGAAA
 GACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTGAAATACAACTCACTATATTGAAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
 ATTCTCTTAACCCGAAGGTTATTGTTTTGCTCGATGGCAAGAGTTTCCAGTCTCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
 GAAAAAAGGACCTCTTACCCGGAACCTACATGCCGTCGACTGAACTCACC GGIGGTTACCGTGTCTTTCTTAT
 CTTGACCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAATTGATGTTCTTCTCTCTCTCGACGTGATCAC
 GTTATACCCAAATTCATGAACTTATACAGAGTTTTTTGAAACCCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
 GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTCCGGAGTTAACCAGTT
 GAACTAAACTCCGAACTGATGGTCCGACATTGATCGGAAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCTGTACTCACT
 CTCGGTCTTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAATCCTCCATACTTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
 TACCAGAGACTTTACGATTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCGAAGCTGAAAAACTCCGCATTTC
 AAAGAAGAAGCTTTGTCATAATCTTCTCTTCGCTACTTGCTTCAATTCCTTCGGCGGGAIGAAGATTTTCTTCCCG
 AATATGCTGAAATCGATAGCGAAAGCAGGGGTGGAGGTCCATACCCGTTTAGCAAAACGAGATCCGATCGGAAGTA
 AAATCCGCTGGCGGGAAGATCACGATGTCGGCGATGGAGAAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
 TTACGAGTTGATCTCCGGTAGCTTACAAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
 GTTTTCGAGGTGAAAAAAGGTGAAATGCTATTCCGGTACCAACCATTTGCAACGAAGGATCCGAAAAATTTTGAC
 CGGCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAGAAGGAGAAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
 AATGGACCGGAAACGGAAGTCCGACAGTGGGGAATAAACAGTGTGCTGGCAAGAGATTTTGATGATGATGTTTCG
 AGGTTATTTCGTAACGGAGTTTTTTCTCCGTTACGATACATTCAACGTCGACGTTGGTAAGTCGGCGTTGGGGGCT
 TCAATTACTATAACTTCTTTGAAAAAGCTTAG

Фиг. 42. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB16

MALTSSPSLPLPSLHQFPSPKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPWKDRLDYFYNQGK
 NEFFESRVVVKYKSTIFRTNMPGPFISSNPKVIVLLDGKSPVLFVDSKVEKKDLFTGTYPSTELTGGYRVLSY
 LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVIPKFHETYTEFFETLDKEMAEKGTAGLNSGNDQAAFNPLARSLEFVNVPV
 ETKLGGDGPTLIGKWLVLQHPVLTGLPKFLDLDLILHTFRLPFPFLVKDYQRLYDFFYTNSASLFAEAEKLGIS
 KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMLKSIKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKI TMSAMEKMLPMKSVVYEA
 LRVDPPVASQYGRAKQDLKIESHDAVFEVKKGEMLFGYQPFATKDPKIFDRPEEFVADRFVGEEGEKLKYLWLS
 NGPETESPTVGNKQKAGKDFVVMVSRFLVTEFFFLRYDTFNVVDVGSALGASITITSLKKA

Фиг. 43. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB17

ATGGCATTAACCTCATCTTTTTCTCTTCTCTCTCTCTCTCTCACCACAAATTTCCATCAAAATACTCTACATTT
 CGTCTCTATTATCGTTTCTTTATCCGAAAAACCAACAATCGTGGTAACCCCAACCTACAAAATTACCTACCAGGACA
 ATACCCGGCGACTATGGGTTCGCGGGTATTGGTCCATGGAAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAGGGCAAA
 AACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTAAATACAACTCACTATATTGAAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
 ATTCTCTTAACCCGAAGGTTATTGTTTTGCTCGACGGCAAGAGTTTCCAGTCTCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
 GAAAAAAGGACCTCTTACCCGGAACCTACATGCCGTCGACTGAACTCACC GGIGGTTACCGTGTCTTTCTTAT
 CTTGACCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAATTGATGTTCTTCTCTCTCTCTCCGTCGTGATCAC
 GTTATACCCAAATTCATGAACTTATACAGAGTTTTTTGAAACCCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTACA
 GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTCCGGAGTTAACCAGTT
 GAACTAAACTCCGAGGTGATGGTCCGACATTGATCGGAAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCTGTGCTCACT
 CTCGGTCTTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAATCCTCCATACTTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
 TACCAGAGACTTTACGATTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCGAAGCTGAAAAACTCCGCATTTC
 AAAGAAGAAGCTTTGTCATAATCTTATCTTCGCTACTTGCTTCAATTCCTTCGGCGGGAIGAAGATTTTCTCCCG
 AATATGCTGAAATCGATAGCGAAAGCAGGGGTGGAGTCCATACCCGTTTAGCAAAACGAGATCCGATCGGAAGTA
 AAATCCGCTGGCGGGAAGATCACGATGTCGGCGATGGAGAAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
 TTACGAGTTGATCTCCGGTAGCTTACAAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
 GTTTTCGAGGTGAAAAAAGGTGAAATGCTATTCCGGTACCAACCATTTGCAACGAAGGATCCGAAAAATTTTGAC
 CGGCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAGAAGGAGAAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
 AATGGACCGGAAACGGAAGTCCGACAGTGGGGAATAAACAGTGTGCTGGCAAGAGATTTTGATGATGATGTTTCG
 AGGTTATTTCGTAACGGAGTTTTTTCTCCGTTACGATACATTCAACGTCGACGTTGATAAGTCGGCGTTGGGGGCT
 TCAATTACTATAACTTCTTTGAAAAAGCTTAG

Фиг. 44. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB17

MALTSSPSLPLPSLHQFPFSKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPNKDRLDYFYNQGK
 DEFFESRVVVKYKSTIFRTNMPPGPFISSNPKVIVLLDGKSFVFLFVSKVEKKDLFTGYMPSTELTGGYRVLSY
 LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVIPKFHETYTEFFETLDKEMAEGTAGLNSGNDQAAFNFLARSLFGVNPV
 ETKLGGDGPFTLIGKWVLLQLHPVLTGLPKFLDDLILHTFRLPFFLVKKDYQRLYDFFYTNSASLFAEAEKLGIS
 KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMLKSIKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKITMSAMEKMLPKSVVYEA
 LRVDPPVASQYGRAKQDLKIESHDAVFEVKKGEMLFGYQPFATKDPKIFDRPEEFVADRFVGEEGEKLLKYVLWS
 NGPETESPTVGNKQCAGKDFVVMVSRFLVTEFFLRYDTFNVVDVGKSALGASITITSLKKA

Фиг. 45. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB18

ATGGCATTAACTTCATCTTTTTCTCTTCTCTCTCTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCTACATTT
 CGTCTATTATCGTTTCTTTATCCGAAAAACCAACAATCGTGGTAACCCAACCTACAAAATTACCTACCAGGACA
 ATACCCGGCGACTATGGGTTGCCGGGTATGGTCCATGGAAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAAGGGAAA
 GACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTGAAATACAAATCAACTATATTAGAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
 ATTCTTCTAACCCGAAGGICATTGTTTGGCTCGACGGCAAGAGTTTCCAGTCCCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
 GAAAAAAGGACCTCTTCCCGGAACITATATGCCGTCGACTGAACCTACCGGTGGTTACCGTGTCTTCTTAT
 CTTGACCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAAATTGATGTTCTTCTCTCTTCTTCTCCCGTCGATCAC
 GTTATACCCAAATTCATGAACTTATACAGAGTTTTTTGAAACCCATAGATAAGGAAATGGCGAAAAAGGTACA
 GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTCCGGAGTTAAACCCAGTT
 GAACTAAACTCCGAGGTGATGGTCCGACATTGATCGGAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCTGTCTCACT
 CTCGGTCTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAATCTCCATCACTTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
 TACCAGAGACTTTACGATTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCGAAGCTGAAAAACTCGGCATTTTCA
 AAAGAAGAAGCTTGTCATAATCTTCTCTTCGCTACTTGCTTCAATTCCTTCGGCGGGAIGAAGATTTTCTTCCCG
 AATATGCTGAAATCGATAGCGAAAGCAGGGGTGGAGGTCCATACCCGTTTAGCAAACGAGATCCGATCGGAAGTA
 AATCCGCCCGCGGGAAGATCACGATGTCGGCTATGGAGAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTATATGAAGCT
 TTGCGAGTTGATCTCTCCGTTAGCTTCACAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
 GTTTTCGAGGTGAAAAAAGGTGAAATGCTATTCCGGTACCAACCATTTGCAACGAAGGATCCGAAAAATTTTGAC
 CGGCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAGAAGGAGAAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
 AATGGACCGGAAACGGAAGTCCGACAGTGGGGAATAAACAGTGTGCTGGCAAAGATTTTGTAGTGATGGTTTCG
 AGGTTATTTCGTAACGGAGTTTTTTCTCCGTTACGATACATTCAACGTCGACGTTGGTAAGTCCGCGTTGGGGGCT
 TCAATTACTATAACTTCTTTGAAAAAGCTTAG

Фиг. 46. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB18

MALTSSPSLPLPSLHQFPFSKYSTFRPIIVSLSEKPTIVVTQPTKLPTRTIPGDYGLPGIGPNKDRLDYFYNQGK
 DEFFESRVVVKYKSTIFRTNMPPGPFISSNPKVIVLLDGKSFVFLFVSKVEKKDLFTGYMPSTELTGGYRVLSY
 LDPSEPNHEKLLKLMFFLLSSRRDHVIPKFHETYTEFFETLDKEMAEGTAGLNSGNDQAAFNFLARSLFGVNPV
 ETKLGGDGPFTLIGKWVLLQLHPVLTGLPKFLDDLILHTFRLPFFLVKKDYQRLYDFFYTNSASLFAEAEKLGIS
 KEEACHNLLFATCFNSFGGMKIFFPNMVKSIAKAGVEVHTRLANEIRSEVKSAGGKITMSAMEKMLPKSVVYEA
 LRVDPPVASQYGRAKQDLKIESHDAVFEVKKGEMLFGYQPFATKDPKFFDRPEEFVADRFVGEEGEKLLKYVLWS
 NGPETESPTVGNKQCAGKDFVVMVSRFLVTEFFLRYDTFNVVDVGKSALGASITITSLKKA

Фиг. 47. Аминокислотная последовательность для гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB19

ATGGCATTAACTTCATCTTTTTCTCTTCTCTCTCTTCCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCCACATTT
 CGTCTATTATGTTTCTTTATCCGAAAAACCAACAATCGTGGTAACCCAACCTACAAAATTACCTATCAGGACA
 ATACCCGGCGACTATGGGTTGCCGGGTATGGTCCATGGAAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAAGGGAAA
 GACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTGAAATACAAATCAACTATATTAGAACGAACATGCCACCGGGACCATTC
 ATTCTTCTAACCCGAAGGTTATTGTTTGGCTCGACGGCAAGAGTTTCCAGTCCCTTTTCGATGTTTCGAAAGTC
 GAAAAAAGGACCTCTTCCCGGAACITACATGCCGTCGACTGAACCTACCGGTGGTTACCGTGTCTTCTTAT
 CTTGACCCATCTGAACCAACCATGAAAAATTGAAAAAATTGATGTTCTTCTCTCTTCTTCTCCCGTCGATCAC
 GTTATACCCAAATTCATGAACTTATACAGAGTTTTTTGAAACCCATAGATAAGGAAATGGCGAAAAAGGTACA
 GCTGGTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTCCGGAGTTAAACCCAGTT
 GAACTAAACTCCGAAGTATGATGGTCCGACATTGATCGGAAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCTGTACTCACT
 CTCGGTCTTCCGAAGTTTCTAGACGACTTAATCTCCATCACTTTCCGGTTACCTCCGTTTCTGGTGAAGAAAGAT
 TACCAGAGACTTTACGATTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCGAAGCTGAAAAACTCGGCATTTTCT
 AAAGAAGAAGCTTGTCATAATCTTCTCTTCGCTACTTGCTTCAATTCCTTCGGCGGGAIGAAGATTTTCTTCCCG
 AATATGGTGAATCGATAGCAAAGCAGGGGTGGAGGTCCATACCCGTTTAGCAAACGAGATCCGATCGGAAGTA
 AATCCCGCCGGCGGGAAGATCACGATGTCGGGATGGAGAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
 TTACGAGTTGATCTCTCCAGTAGCTTCACAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
 GTTTTCGAGGTGAAAAAAGGTGAAATGCTATTCCGGTACCAACCATTTGCAACGAAGGATCCGAAATTTTTCGAC
 CGGCCGGAAGAGTTTCGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAGAAGGAGAAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
 AATGGACCGGAAACGGAAGTCCGACAGTGGGGAATAAACAGTGTGCTGGCAAAGATTTTGTAGTGATGGTTTCG
 AGGTTATTTCGTAACGGAGTTTTTTCTCCGTTACGATACATTCAACGTCGACGTTGGTAAGTCCGCGTTGGGGGCT
 TCAATTACTATAACTTCTTTGAAAAAGCTTAG

Фиг. 48. Последовательность нуклеиновой кислоты гена алленоксидсинтазы 2
 (AOS2) *Solanum tuberosum*, StAOS2_CB19

ATGGCATTAACTTCATCTTTTCTCTTCTCTTCC TTCTCTTCACCAACAATTTCCATCAAAATACTCCACATT
CGTCTATTATTGTTTCTTTATCCGAAAAACCAACATCGTGGTAACCCAACCTACAAAATTACCTATCAGGACA
ATACCCGGCGACTATGGGTTGCCGGGTATTGGTCCATGGAAGATAGGCTTGATTACTTTTACAATCAAGGGAAA
GACGAATTTTTCGAATCAAGAGTAGTGAAATACAAATCAACTATATTTCAGAACGAACATGCCACCGGGACCATT
ATTCTTCTIAACCCGAAGGTATTGTTTTCGCTCGACGACAAGAGTTTCCCAGTGCTTTTCGATGTTTTCGAAAGTC
GAAAAAAGGACTCTTTCACCGGAATCTACATGCCCCTCGACTGAATCACCCTGGTGTACCGTGTTCTTTCITAT
CTTGACCCTCTGCAACCAACCATGAAAAATTGAAAAATTGATGTTCTTCTCTCTTCTTCCCTCGGCTGATAC
GTTATACCCAAATTCCATGAAACTTATACAGAGTTTTCGAAACCCCTAGATAAGGAAATGGCGGAAAAAGGTAC
GCTGGTTTTAAACTCCGGCAATGATCAAGCTGCGTTTAATTTCTTAGCTAGATCGTTGTTTCGGAGTTAACCCAGTT
GAACTAAACTCGGAAGTGTATGCTCGGACATGATCGGAAAATGGGTTTTGCTTCAGCTTCATCTGTACTCACT
CTCGGTCTTCCGAAGTTCTAGACGACTTAATCCTCCATCTTTCGGGTACCTCGTTTCGGTGAAGAAAGAT
TACGAGAGACTTTACGATTTCTTTTACACCAACTCCGCCAGTTTATTCGCCGAAGCTGAAAACTCGGCATTTCT
AAAGAAGAAGCTTGTCATAATCTTCTCTGCTACTTGCTTCAATCTCTTCGGCGGATGAAGATTTTCTCCCG
AATATGGTGAATCGATAGCAAAAGCAGGGGTGAGGTTCCATACCCGTTTAGCAACAGGATCCGATCGGAAGTA
AAATCCGCCGGCGGAAGATCACGATGTCGGCGATGGAGAAAATGCCGTTAATGAAATCAGTAGTTTATGAAGCT
TTACGAGTTGATCCTCCAGTAGCTTCACAATACGGAAGAGCCAAACAGGACCTTAAGATCGAATCACACGACGCC
GTTTTCGAGGTGAAAAAAGGTGAAATGCTATTTCGGGTACCAACCATTTCGCAACGAAGGATCCGAAATTTTTCGAC
CGGCCGGAAGAGTTCTGTCGCCGATCGGTTTCGTCGGAGAAAGGAGAGAAAAGTTATTGAAATATGTATTATGGTCT
AATGGACCGGAAACGGAAGTCCGACAGTGGGGAAATAACAGTGTGCTGGCAAAGATTTTGTAGTGATGTTTCG
AGGTTATCTGTAACCGGAGTTTTCCTCGGTACGATACGATTCACAGCTCGACGTTGGTAAGTCGGCGTTGGGGGT
TCAATTACTATAACTCTTTTGA AAAAGCTTAG



Россия, 109012, Москва, Малый Черкасский пер., 2