

(19)



**Евразийское
патентное
ведомство**

(21) **202291058** (13) **A1**

(12) **ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ЕВРАЗИЙСКОЙ ЗАЯВКЕ**

(43) Дата публикации заявки
2022.06.28

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

(22) Дата подачи заявки
2020.10.16

(54) **ПОВЫШЕННАЯ УСТОЙЧИВОСТЬ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ КУЛЬТУР
К БОЛЕЗНЯМ, ДОСТИГАЕМАЯ ПОСРЕДСТВОМ ДАУНРЕГУЛЯЦИИ ГЕНОВ-
РЕПРЕССОРОВ**

(31) 62/916,578

(32) 2019.10.17

(33) US

(86) PCT/EP2020/079174

(87) WO 2021/074367 2021.04.22

(71) Заявитель:

КВС ЗААТ СЕ & КО. КГАА (DE)

(72) Изобретатель:

Стирнвейс Даниэль Фабиан, Штал
Дитмар, Фишер Юрс Конрад (DE),
Селонж Кристофер (US)

(74) Представитель:

Зуйков С.А. (RU)

(57) Изобретение относится к растениям, имеющим повышенную устойчивость или толерантность к патогенам. Такие растения имеют сниженный уровень экспрессии CPL1 и/или ERF922. Настоящее изобретение также относится к способам продуцирования таких растений, а также к способам идентификации таких растений.

A1

202291058

202291058

A1

ПОВЫШЕННАЯ УСТОЙЧИВОСТЬ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ КУЛЬТУР К БОЛЕЗНЯМ, ДОСТИГАЕМАЯ ПОСРЕДСТВОМ ДАУНРЕГУЛЯЦИИ ГЕНОВ-РЕПРЕССОРОВ

ОБЛАСТЬ ТЕХНИКИ, К КОТОРОЙ ОТНОСИТСЯ ИЗОБРЕТЕНИЕ

Настоящее изобретение относится к растениям, имеющим повышенную устойчивость или толерантность к патогенам. Настоящее изобретение также относится к способам продуцирования таких растений, а также к способам идентификации таких растений.

ПРЕДПОСЫЛКИ СОЗДАНИЯ ИЗОБРЕТЕНИЯ

Растения обладают высокоэффективной двухуровневой врожденной иммунной системой, которая делает их устойчивыми к большинству патогенных микроорганизмов (Джонс и Дангл, 2006, «Иммунная система растений», Nature, 444(7117):323-329).

Первый уровень защиты основан на распознавании эволюционно консервативных молекулярных паттернов, ассоциированных с патогенами или микроорганизмами (РАМР или МАМР), посредством так называемых паттерн-распознающих рецепторов (PRR).

РАМР или МАМР представляют собой инвариантные структуры, широко распространенные среди таксонов микроорганизмов, и они играют важную роль в физиологии микроорганизмов. Было установлено, что только очень специфичная группа молекул функционирует как РАМР. Также было установлено, что консервативные молекулы из нематод могут выработать у растений защиту и устойчивость к патогенам. Соответственно, такие молекулы были определены как молекулярные паттерны, ассоциированные с нематодами (НАМР). Помимо молекулярных паттернов, происходящих из патогена, растения также могут распознавать молекулярные паттерны, ассоциированные с разрушением клеточной стенки или повреждением клетки, так называемые молекулярные паттерны, ассоциированные с опасностью/повреждением (DAMP).

PRR обычно представляют собой рецепторы плазматической мембраны, которые зачастую связаны с внутриклеточными киназными доменами, или им требуется ко-рецептор для обеспечения сигнальной функции (Дангл и соавт., 2013, «Поворот иммунной системы растений от рассеяния к разворачиванию», Science, 341(6147):746-751). В зависимости от наличия домена сигнальной трансдукции, PRR растений классифицируются либо как рецептор-подобные киназы (RLK), либо как рецептор-подобные белки (RLP). Распознавание РАМР, МАМР, НАМР или DAMP в апопласте посредством паттерн-распознающих рецепторов (PRR) инициирует сложные сигнальные

каскады, приводящие к иммунитету, индуцируемому PRR (PTI). Адаптированные патогены могут быть способны подавлять первый уровень защиты посредством секреции эффекторных белков, которые мешают сигнализации (Джонс и Дангл, 2006).

Второй уровень защиты растений, иммунитет, индуцируемый эффекторами (ETI), основан на специфическом распознавании эффекторов генами устойчивости к болезни (Джонс и Дангл, 2006). Это распознавание приводит к сильному защитному ответу, который зачастую ассоциируется с локальной запрограммированной гибелью клеток, реакцией гиперчувствительности. Поскольку эффекторы зачастую являются видоспецифичными или изолятспецифичными, этот второй уровень иммунитета эффективен только в отношении изолятов, несущих распознанный эффектор, который в этом случае называется геном авирулентности.

Способен ли потенциальный патоген преодолеть первый уровень защиты, PTI и эффективно размножиться, зависит от его внутренней способности подавлять PTI-ответы растения. Но это также зависит и от способности растений эффективно и быстро индуцировать и, при необходимости, поддерживать защитные ответы выше определенного порога для эффективной устойчивости (Джонс и Дангл, 2006).

PTI-ответы обычно консервативны и включают активацию митоген-активируемых протеинкиназ (MAPK), генерацию активных форм кислорода, активацию сигнальных путей салициловой кислоты (SA) и жасмоновой кислоты (JA) и повышенную экспрессию защитных генов растения, таких как белки, связанные с патогенезом. Активацию транскрипции обычно можно измерить в течение нескольких минут или часов после заражения, и она снижается после эффективного защитного ответа.

Транскрипция генов, кодирующих белок, у эукариот регулируется сложным образом РНК-полимеразой II (РНКП II), общими факторами транскрипции, медиаторами и геноспецифическими факторами транскрипции. Мультисубъединичная РНКП II является эволюционно консервативной от дрожжей до человека. Ее самая большая субъединица Rpb1 содержит карбоксиконцевой домен (CTD), состоящий из консервативных гептапептидных повторов с консенсусной последовательностью Y1S2P3T4S5P6S7 (Буратовски, 2009, «Прохождение через цикл CTD РНК-полимеразы II», *Mol Cell*, 36(4):541-546). Комбинаторную сложность посттрансляционных модификаций CTD составляет «CTD-код», который «считывается» CTD-связывающими белками для регулирования цикла транскрипции, модификации структуры хроматина и модуляции кэпирования, сплайсинга и полиаденилирования РНК. В частности, CTD подвергается воздействию событий фосфорилирования и дефосфорилирования серина, регулируемых различными CTD-киназами, зачастую членами циклинзависимых киназ (CDK), и

фосфатазами во время инициации, элонгации и терминации транскрипции. Взаимодействие между различными CTD-киназами и фосфатазами обеспечивает средство связи и координации специфических стадий транскрипции путем рекрутирования других факторов, необходимых для правильной экспрессии генов.

У *Arabidopsis* (Арадопсис - Резуховидка Таля) имеется пять членов семейства CTD-фосфатазоподобных белков (CPL1-5) (Фукудоме и соавт., 2014, «CPL4 *Arabidopsis* является важной фосфатазой С-концевого домена, которая подавляет ответы на ксенобиотический стресс», *Plant J*, 80(1):27-39). Было показано, что они отдают предпочтение различным фосфорилированным серинам в гептапептидных повторах, и что они вовлечены в различные биологические процессы.

AtCPL1 *Arabidopsis* является отрицательным регулятором экспрессии гена, отвечающего на стресс при различных абиотических стрессах (холод, абсцизовая кислота (АВА), обработка солью и дефицит железа) (Койва и соавт., 2002, «Члены семейства фосфатазоподобных белков с С-концевыми доменами (AtCPL) дифференциально регулируют сигнализирование абиотического стресса, рост и развитие у *Arabidopsis thaliana*», *PNAS*, 99(16):10893-10898; Аксой и соавт., 2013 «Утрата функции фосфатазоподобного белка 1 с С-концевым доменом у *Arabidopsis* активирует ответы на дефицит железа на уровне транскрипции», *Plant Physiol*, 161(1):330345), и он отрицательно регулирует гены индуцированного раной биосинтеза JA. За последнее время Тэтчер и соавт. показали (2018, «Фосфатазоподобный белок 1 (CPL1) с карбоксиконцевым доменом (CTD) РНК-полимеразы II представляет собой ген чувствительности к биотическому стрессу», *Sci Rep*, 8:13454), что полный нокаут AtCPL1 у *Arabidopsis* приводит к повышенной устойчивости к некротрофным патогенным грибам *Fusarium oxysporum* и *Alternaria brassicicola*, и к снижению развития симптомов при заражении тлей (*Myzus persicae*). Кроме того, показана задержка цветения у мутантов AtCPL1 *Arabidopsis* с ранними стоп-кодонами (полный нокаут AtCPL1).

Растения с даунрегуляцией AtCPL1 не были описаны Тэтчер и соавт. (*Sci Rep*; 2018). Влияние генов CPL на устойчивость к патогенам у других видов растений, кроме *Arabidopsis*, до сих пор не описано.

ERF922 представляет собой фактор ответа растения на этилен (ERF), подсемейство суперсемейства факторов транскрипции AP2/ERF/ факторов ответа на этилен (AP2/ERF) у растений. Мутанты ERF922 риса были созданы посредством инженерии CRISPR/Cas9, что привело к повышению устойчивости риса к пирикулярриозу (Ван и соавт., 2016, «Повышенная устойчивость риса к пирикулярриозу, достигаемая посредством CRISPR/Cas9-направленного мутагенеза гена OsERF922 фактора транскрипции ERF»,

PLoS ONE, 11(4):e0154027). В публикации показано, что опосредованная РНКi даунрегуляция ERF922 повышает устойчивость к патогенному грибу *Magnaporthae grisea* и действует как отрицательный регулятор защиты растений. OsERF922 представляет собой активатор транскрипции, который связывается с элементом GCC промоторов и индуцируется инфекцией *M. grisea*. OsERF922 даунрегулирует экспрессию генов, связанных с защитой, включая PR1 и P10.

КРАТКОЕ ИЗЛОЖЕНИЕ СУЩНОСТИ ИЗОБРЕТЕНИЯ

Настоящее изобретение относится к индукции или повышению устойчивости растений к патогенам, в частности, путем снижения или устранения уровня экспрессии отрицательных регуляторов защитных генов растений или генов устойчивости к заболеваниям. В конкретных вариантах осуществления, настоящее изобретение относится к способам индуцирования или повышения устойчивости к патогенам у растения путем снижения или устранения уровня экспрессии CPL1 и/или ERF922, или иного воздействия на активность или стабильность этих белков. Действительно, было установлено, что CPL1 и/или ERF922 представляют собой отрицательные регуляторы защиты растений, в частности, подходящие для способов по настоящему изобретению.

Авторы настоящего изобретения выявили ранее неизвестные гены CPL1 и ERF922 в различных экономически высокозначимых сельскохозяйственных культурах, включая кукурузу, пшеницу, ячмень, рожь, сорго, картофель, сою, свеклу.

Кроме того, у некоторых из этих сельскохозяйственных культур было выявлено несколько генов CPL1 и/или ERF922, в частности, несколько гомеологов и паралогов. Кроме того, было установлено, что некоторые из гомеологов/паралогов являются дифференциально экспрессируемыми. Присутствие таких гомеологов или паралогов – и особенно при дифференциальной экспрессии – очевидно добавляет много уровней сложности. Преимуществом, однако, является то, что наличие различных паралогов позволяет совершенствовать устойчивость к патогенам.

Авторы настоящего изобретения установили, что снижение экспрессии (или иное снижение функциональности) CPL1 и/или ERF922 – в частности, CPL1 – вместо полной отмены экспрессии обеспечивает преимущество, состоящее в повышенной устойчивости или толерантности к патогенам, без сопутствующих пороков роста или развития, таких как задержка роста в случае нокаута ERF922 или задержка цветения в случае нокаута CPL1.

Использование доминантно-отрицательных форм CPL1 и/или ERF922 – в частности, CPL1 – обеспечивает преимущество, состоящее в том, что это позволяет достичь вышеуказанных эффектов, особенно в случаях, когда присутствуют несколько

гомеологов и/или паралогах, поскольку единственная доминантно-отрицательная форма может одновременно подавить все гомеологи и паралоги.

Кроме того, авторы настоящего изобретения впервые продемонстрировали, что сниженная или устраненная экспрессия (или иное снижение, или устранение функциональности) CPL1 и/или ERF922 способна повысить устойчивость или толерантность к биотрофным и гемибитрофным патогенам (в частности, к грибам), которые действуют совершенно иным образом, чем некротрофные патогены.

Даунрегуляция отрицательных регуляторов защиты растений, таких как CPL1 и ERF922, повышает устойчивость растений к заболеваниям, вызванным патогенными грибами, бактериями, насекомыми и нематодами. Даунрегуляция может быть осуществлена, например, путем нарушения кодирующей последовательности посредством CRISPR/нуклеазы или Tilling, снижения транскрипции гена посредством РНКi, miРНК и путем создания менее функциональных аллелей, например, с помощью Tilling или CRISPR/нуклеазы.

Настоящее изобретение, в частности, охватывается любым одним или любой комбинацией, по меньшей мере, одного из приведенных ниже утверждений, пронумерованных от 1 до 73, с любым другим утверждением и/или вариантами осуществления настоящего изобретения.

1. Способ повышения устойчивости и/или толерантности к патогену у растения, части растения или популяции растений, содержащий снижение или устранение экспрессии, стабильности и/или активности белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922 у растения, части растения или популяции растений.

2. Способ по утверждению 1, при этом, ген CPL1 и/или ERF922 является мутированным.

3. Способ по утверждению 1 или 2, при этом, кодирующая последовательность и/или регуляторная последовательность гена CPL1 и/или ERF922 является мутированной.

4. Способ по любому из утверждений 1-3, при этом, экспрессия, стабильность и/или активность белка CPL1, и/или ERF922 снижается.

5. Способ по любому из утверждений 1-4, содержащий экспрессию мутированного белка CPL1 и/или ERF922.

6. Способ по утверждению 5, при этом, указанный мутированный ген CPL1 и/или ERF922 представляет собой точечную мутацию, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения приводящую к замещению аминокислоты в белке CPL1 и/или белке ERF922.

7. Способ по утверждению 5 или 6, при этом, указанный мутированный белок CPL1 и/или ERF922 представляет собой доминантно-отрицательный белок CPL1 и/или белок ERF922.

8. Способ по любому из утверждений 5-7, при этом, указанный мутированный белок CPL1 содержит мутацию в мотиве DXDXT.

9. Способ по любому из утверждений 5-8, при этом, указанный мутированный белок CPL1 содержит мутацию, соответствующую D128X в AtCPL4, при этом, X представляет собой аминокислоту, отличную от D.

10. Способ по любому из утверждений 5-9, при этом, указанный мутированный белок CPL1 содержит мутацию, соответствующую D128A в AtCPL4.

11. Способ по любому из утверждений 5-10, при этом, указанный мутированный белок CPL1 содержит мутацию в белке CPL1, соответствующую:

– D148X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D148A, когда указанное растение относится к роду *Zea* (Кукуруза), в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Zeamays* (Кукуруза обыкновенная);

– D149X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D148A, когда указанное растение относится к роду *Zea*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Zeamays*;

– D162X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D162A, когда указанное растение относится к роду *Beta* (Свекла), в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Beta vulgaris* (Свекла обыкновенная);

– D143X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D143A, когда указанное растение относится к роду *Solanum* (Паслен), в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Solanum tuberosum* (Паслен клубненосный – картофель);

– D141X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D141A, когда указанное растение относится к роду *Glycine* (Соя), в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Glycine max* (Соя культурная);

– D149X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D149A, когда указанное растение относится к роду *Triticum* (Пшеница), в

предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Triticum aestivum* (Пшеница мягкая);

– D147X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D147A, когда указанное растение относится к роду *Triticum*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Triticum aestivum*;

– D149X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D149A, когда указанное растение относится к роду *Sorghum* (Сорго), в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Sorghum bicolor* (Сорго двуцветное);

при этом, X представляет собой аминокислоту, отличную от D.

12. Способ по любому из утверждений 1-11, при этом, белок дикого типа CPL1 или ERF922 содержит последовательность, которая соответственно, по меньшей мере, на 95% идентична, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения по всей своей длине, последовательности, представленной любым из SEQ ID NO: 2-17 или 37-50, или которая кодируется последовательностью, которая, по меньшей мере, на 95% идентична, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения по всей своей длине, последовательности, представленной любым из SEQ ID NO: 19-34 или 52-65.

13. Способ по любому из утверждений 1-12, при этом, указанный патоген выбран из грибов, бактерий, вирусов, нематод и насекомых.

14. Способ по любому из утверждений 1-13, при этом, указанный патоген представляет собой биотрофный или гемибитрофный патоген.

15. Способ по любому из утверждений 1-14, при этом, указанное растение содержит, по меньшей мере, два гена CPL1 и/или ERF922.

16. Способ по любому из утверждений 1-15, при этом, указанное растение содержит, по меньшей мере, два гомеолога или паралога CPL1, и/или ERF922.

17. Способ по любому из утверждений 1-15, содержащий снижение или устранение экспрессии, стабильности и/или активности более одного белка CPL1, и/или более одного белка ERF922 в указанном растении.

18. Способ по любому из утверждений 15-17, при этом, указанные, по меньшей мере, два белка CPL1 дифференциально экспрессируются и/или, при этом, указанные, по меньшей мере, два белка ERF922 дифференциально экспрессируются.

19. Способ по любому из утверждений 1-18, при этом, указанное растение представляет собой сельскохозяйственную культуру.

20. Способ по любому из утверждений 1-19, при этом, указанное растение выбрано из семейства Злаковые.

21. Способ по любому из утверждений 1-20, при этом, указанное растение выбрано из подсемейства Мятликовые.

22. Способ по любому из утверждений 1-20, при этом, указанное растение выбрано из рода *Zea*, *Sorghum*, *Triticum*, *Hordeum* (Ячмень), *Secale* (Рожь), *Beta*, *Glycine* или *Solanum*.

23. Способ по любому из утверждений 1-20, при этом, указанное растение выбрано из видов *Zeamays*, *Sorghum bicolor*, *Triticum aestivum*, *Hordeum vulgare* (Ячмень обыкновенный), *Secale cereale* (Рожь культурная), *Beta vulgaris*, *Glycine max* или *Solanum tuberosum*.

24. Способ по любому из утверждений 1-23, при этом, у указанного белка и/или гена CPL1, и/или ERF922 экспрессия, стабильность и/или активность снижена или устранена путем нокаута гена CPL1 и/или ERF922, или нокаута указанного белка CPL1, и/или ERF922.

25. Способ по любому из утверждений 1-24, при этом, у указанного белка и/или гена CPL1, и/или ERF922 экспрессия, стабильность и/или активность снижена или устранена путем мутагенеза, РНКi или редактирования генов.

26. Способ по любому из утверждений 1-24, при этом, способ содержит (рекомбинантно или трансгенно) введение или интрогрессирование в геном растения или часть растения мутации в гене CPL1 и/или ERF922, или нуклеотидной последовательности гена, кодирующего CPL1 и/или ERF922, имеющего мутацию, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения мутацию, приводящую к сниженной или устраненной экспрессии мРНК гена и/или белка CPL1, и/или ERF922, мутации, приводящей к тому, что белок CPL1 и/или ERF922 имеет сниженную или устраненную активность при трансляции, или мутации, приводящей к тому, что белок CPL1 и/или ERF922 имеет сниженную стабильность.

27. Способ по любому из утверждений 1-26, при этом, способ содержит

(а) (рекомбинантно или трансгенно) введение или интрогрессирование в растение или часть растения нуклеотидной последовательности (эндогенного (дикого типа)) гена, кодирующего CPL1 и/или ERF922, мутации, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения мутации, приводящей к сниженной или устраненной экспрессии (эндогенной (по всей длине)) мРНК гена, и/или (эндогенного (по всей длине)) белка CPL1 и/или ERF922, мутации, приводящей к получению белка CPL1 и/или ERF922, имеющего сниженную активность при трансляции, или мутации, приводящей к получению белка CPL1 и/или ERF922, имеющего сниженную стабильность;

(b) (рекомбинантно или трансгенно) введение или интрогрессирование в растение или часть растения молекулы РНКi, направленной, на нуклеотидную последовательность, кодирующую белок CPL1 и/или ERF922, нацеливающейся или гибридизирующейся с ней, или полинуклеотидной последовательности, кодирующей молекулу РНКi, направленной на нуклеотидную последовательность, кодирующую белок CPL1 и/или ERF922, нацеливающейся или гибридизирующейся с ней, или

(c) (рекомбинантно или трансгенно) введение или интрогрессирование в растение или часть растения РНК-специфической или ДНК-специфической системы CRISPR/Cas, направленной на нуклеотидную последовательность, кодирующую белок CPL1 и/или ERF922, или нацеливающейся на нее, или, по меньшей мере, одной полинуклеотидной последовательности, кодирующей указанную РНК-специфическую систему CRISPR/Cas, или

(d) (рекомбинантно или трансгенно) введение или интрогрессирование в растение или часть растения химического соединения или антитела, изменяющего активность белка CPL1 и/или ERF922 при взаимодействии с указанным CPL1 и/или ERF922.

(e) (рекомбинантно или трансгенно) введение или интрогрессирование в растение или часть растения доминантно-отрицательного белка CPL1 и/или ERF922, или, по меньшей мере, одной нуклеиновой кислоты, кодирующей доминантно-отрицательный белок CPL1 и/или ERF922.

(f) необязательно, регенерирование растения из части растения по любому из пунктов (a)-(d).

28. Способ по любому из утверждений 1-27, при этом, указанное растение является трансгенным.

29. Растение, часть растения или популяция растений, получаемые способом по любому из утверждений 1-28, или их потомство.

30. Растение, часть растения или популяция растений, имеющая сниженную или устраненную экспрессию, стабильность и/или активность белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922, по сравнению с экспрессией, стабильностью и/или активностью у растения, части растения или популяции растений того же вида без сниженной или устраненной экспрессии, стабильности и/или активности белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922.

31. Растение, часть растения или популяция растений по утверждению 29 или 30, которая подвергнута мутагенизации.

32. Растение, часть растения или популяция растений по любому из утверждений 29-31, которая является трансгенной или генетически отредактированной.

33. Часть растения по любому из утверждений 1-32, которая представляет собой клетку, ткань, орган, плод или семя.

34. Растение, часть растения или популяция растений по любому из утверждений 29-33, при этом, указанное растение представляет собой сельскохозяйственную культуру.

35. Растение, часть растения или популяция растений по любому из утверждений 29-34, при этом, указанное растение выбрано из семейства Злаковые.

36. Растение, часть растения или популяция растений по любому из утверждений 29-35, при этом, указанное растение выбрано из подсемейства Мятликовые.

37. Растение, часть растения или популяция растений по любому из утверждений 29-34, при этом, указанное растение выбрано из рода *Zea*, *Sorghum*, *Triticum*, *Hordeum*, *Secale*, *Beta*, *Glycine* или *Solanum*.

38. Растение, часть растения или популяция растений по любому из утверждений 29-34, при этом, указанное растение выбрано из видов *Zeamays*, *Sorghum bicolor*, *Triticum aestivum*, *Hordeum vulgare*, *Secale cereale*, *Beta vulgaris*, *Glycine max* или *Solanum tuberosum*.

39. (Выделенная) полинуклеиновая кислота, содержащая последовательность, которая, по меньшей мере, на 90% идентична, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения по всей своей длине, последовательности, представленной любым из SEQ ID NO: 19-34 или 52-65; или которая кодирует полипептид, который, по меньшей мере, на 90% идентичен, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения по всей своей длине, последовательности, представленной любым из SEQ ID NO: 2-17, 80-87 или 37-50.

40. (Выделенная) полинуклеиновая кислота, специфически гибридизующаяся с полинуклеиновой кислотой по утверждению 39, ее комплементом или обратным комплементом.

41. (Выделенная) полинуклеиновая кислота по утверждению 40, при этом, указанная полинуклеиновая кислота представляет собой праймер или зонд.

42. (Выделенная) полинуклеиновая кислота по утверждения 40, при этом, указанная полинуклеиновая кислота представляет собой полинуклеиновую кислоту РНКi, siРНК или shРНК.

43. (Выделенная) полинуклеиновая кислота по утверждению 40, при этом, указанная полинуклеиновая кислота представляет собой направляющую РНК.

44. Способ создания растения или части растения, содержащий (а) предложение первого растения по любому из утверждений 29-38, (b) скрещивание указанного первого

растения со вторым растением, (с) отбор потомства, имеющего сниженную или устраненную экспрессию, стабильность и/или активность белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922, по сравнению с экспрессией, стабильностью и/или активностью у растения того же вида, и, необязательно, (d) сбор указанной части растения из указанного потомства.

45. Использование (выделенной) полинуклеиновой кислоты по любому из утверждений 39-43 для повышения устойчивости и/или толерантности к патогену у растения, части растения или популяции растений, или для создания растения, части растения или популяции растений по утверждениям 29-38.

46. Использование по утверждению 45, при этом, указанная (выделенная) полинуклеиновая кислота кодирует полипептид, который, по меньшей мере, на 90% идентичен, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения по всей своей длине, последовательности, представленной любым из SEQ ID NO: 80-87.

47. Растение, часть растения или популяция растений, содержащая полинуклеиновую кислоту по любому из утверждений 39-43.

48. Растение, часть растения или популяция растений по утверждению 47, при этом, указанное растение, часть растения или популяция растений является трансгенной.

49. Растение, часть растения или популяция растений по утверждению 47, при этом, указанное растение, часть растения или популяция растений рекомбинантно экспрессирует указанную полинуклеиновую кислоту.

50. Часть растения по любому из утверждений 47-49, которая представляет собой клетку, ткань, орган, плод или семя.

51. Способ контроля заражения патогенами у растения (популяции), содержащий

a) Предложение (a) растения (растений) по любому из утверждений 29-38 или 47-50, или выращивание из семян (a) растения (растений) по любому из утверждений 29-38 или 47-50,

b) Культивирование растения (растений) a) в условиях заражения патогеном.

52. Способ по утверждению 51, при этом, заражение патогеном снижено.

53. Способ по утверждению 51 или 52, при этом, симптомы патогена уменьшены.

54. Способ по любому из утверждений 51-53, при этом, указанные условия заражения патогеном содержат присутствие патогена.

55. Способ или использование по любому из утверждений 45-54, при этом, указанный патоген выбран из грибов, бактерий, вирусов, нематод и насекомых.

56. Способ или использование по любому из утверждений 45-55, при этом, указанный патоген представляет собой биотрофный или гембиотрофный патоген.

57. Использование способа по любому из утверждений 1-28 для повышения урожайности (потенциала) растения, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения в условиях заражения патогеном.

58. Использование по утверждению 52, при этом, урожайность представляет собой биомассу или урожайность семян.

59. Использование по утверждению 58, при этом, указанная биомасса представляет собой биомассу целого растения или биомассу части растения.

60. Использование по утверждению 59, при этом, указанная часть растения представляет собой ткань, орган, плод или семя.

61. Использование по утверждению 59 или 60, при этом, указанная часть растения представляет собой часть растения, пригодную для сбора.

62. Способ продуцирования кормов или продуктов питания со сниженным количеством грибковых или бактериальных токсинов, содержащий

А) контроль заражения патогенами у популяции растений посредством способа по любому из утверждений 51-56,

В) сбор растительного материала от популяции и С) получение кормов и продуктов питания из собранного растительного материала.

63. Корма или продукты питания со сниженным количеством грибковых или бактериальных токсинов, полученные способом по утверждению 62.

64. Способ или использование по любому из утверждений 45-63, при этом, указанное растение представляет собой сельскохозяйственную культуру.

65. Способ или использование по любому из утверждений 45-64, при этом, указанное растение выбрано из семейства Злаковые.

66. Способ или использование по любому из утверждений 45-65, при этом, указанное растение выбрано из подсемейства Мятликовые.

67. Способ или использование по любому из утверждений 45-66, при этом, указанное растение выбрано из рода *Zea*, *Sorghum*, *Triticum*, *Hordeum*, *Secale*, *Beta*, *Glycine* или *Solanum*.

68. Способ или использование по любому из утверждений 45-67, при этом, указанное растение выбрано из видов *Zeamays*, *Sorghum bicolor*, *Triticum aestivum*, *Hordeum vulgare*, *Secale cereale*, *Beta vulgaris*, *Glycine max* или *Solanum tuberosum*.

69. Способ идентификации растения, части растения или популяции растений, имеющей повышенную устойчивость и/или толерантность к патогену, содержащий

скрининг на наличие и/или идентификацию мутации, как определено в любом из утверждений 2-11.

71. Способ по утверждению 69, дополнительно содержащий этап отбора растения, части растения или популяции растений, имеющей мутацию, как определено в любом из утверждений 2-11.

72. Способ идентификации растения, части растения или популяции растений, имеющей повышенную устойчивость и/или толерантность к патогену, содержащий скрининг на наличие и/или идентификацию сниженной или устраненной экспрессии, активности и/или стабильности белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922 у растения, части растения или популяции растений.

73. Способ по утверждению 72, дополнительно содержащий этап отбора растения, части растения или популяции растений, имеющей сниженную или устраненную экспрессию, активность и/или стабильность CPL1 и/или ERF922.

КРАТКОЕ ОПИСАНИЕ ФИГУР

Фигура 1: Выравнивание последовательностей между различными последовательностями белка обнаруженных генов CPL1 и сравнение с последовательностью белка AtCPL1 Arabidopsis.

Фигура 2: Выравнивание последовательностей между различными кодирующими последовательностями обнаруженных генов CPL1 и сравнение с кодирующей последовательностью AtCPL1 Arabidopsis.

Фигура 3: Векторная карта плазмидной конструкции, использованной для трансформации кукурузы с целью сайленсинга генов ZmCPL1.

Фигура 4: Показатели заболеваемости листьев пшеницы, инфицированных *Zymoseptoria tritici*, после VIGS-опосредованной даунрегуляции TaCPL1.

Рисунок 5: Сравнение аминокислотных последовательностей ERF922-I и ERF922-II у различных сельскохозяйственных культур.

Фигура 6: Филограмма генов ERF922-I и ERF922-II различных сельскохозяйственных культур.

Фигура 7: Показатели заболеваемости листьев пшеницы, инфицированных *Zymoseptoria tritici*, после VIGS-опосредованной даунрегуляции TaERF922-I на хромосоме 3 (TaERF922-3A-I, TaERF922-3B-I, TAERF922-3D-I) и TaERF922-II на хромосоме 2 (TaERF922-2A-II, TaERF922-2B-II, TAERF922-2D-II).

Фигура 8: Показатели заболеваемости колосьев пшеницы, инфицированных *Fusarium graminearum*, после VIGS-опосредованной даунрегуляции TaERF922-I на

хромосоме 3 (TaERF922-3A-I, TaERF922-3B-I, TAERF922-3D-I) и TaERF922-II на хромосоме 2 (TaERF922-2A-II, TaERF922-2B-II, TAERF922-2D-II).

Фигура 9: Векторная карта плазмидной конструкции, использованной для трансформации кукурузы с целью сайленсинга генов ZmERF922.

ПОДРОБНОЕ ОПИСАНИЕ ВАРИАНТОВ ОСУЩЕСТВЛЕНИЯ ИЗОБРЕТЕНИЯ

Перед описанием системы и способа по настоящему изобретению, следует понимать, что настоящее изобретение не ограничивается описанными конкретными системами и способами или комбинациями, поскольку подразумевается, что такие системы, способы и комбинации могут, конечно, варьироваться. Также, следует понимать, что используемая в настоящем документе терминология не является ограничивающей, поскольку объем настоящего изобретения будет ограничен только прилагаемой формулой изобретения.

В контексте настоящего документа, формы единственного числа «а», «an» и «the» включают как единственное, так и множественное число, если иное не следует явно из контекста.

В контексте настоящего документа, термины «содержащий», «содержит» и «состоящий из» являются синонимами терминов «включающий», «включает» или «содержащий в себе», «содержит в себе» и включают варианты или являются многовариантными, и не исключают использование дополнительных, неперечисленных вариантов, элементов или этапов способа. Понятно, что термины «содержащий», «содержит» и «состоящий из», в контексте настоящего документа, содержат термины «состоящий из», «состоит» и «состоит из», а также термины «состоящий по существу из», «состоит по существу» и «состоит по существу из».

Перечисление диапазонов числовых значений по конечным точкам включает все числа и доли, включенные в соответствующие диапазоны, а также перечисленные конечные точки.

В контексте настоящего документа, термин «примерно» или «приблизительно», относящийся к измеряемому значению, в частности, к параметру, количеству, длительности по времени и тому подобному, предусматривает включение вариаций +/- 20% или менее, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения +/- 10% или менее, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения +/- 5% или менее, и в еще более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения +/- 1% или менее от указанного значения, в той мере, в какой такие вариации подходят для использования в раскрытом изобретении. Следует понимать,

что значение, к которому относится обстоятельство «примерно» или «приблизительно», само также определенным образом и преимущественно раскрыто.

Хотя термин «по меньшей мере, один», в частности, по меньшей мере, один вариант из группы вариантов ясен *per se*, посредством дальнейшего пояснения на примерах будет понятно, что этот термин охватывает, в частности, ссылку на любой один из указанных вариантов или на любые, по меньшей мере, два из указанных вариантов, в частности, например, на любые ≥ 3 , ≥ 4 , ≥ 5 , ≥ 6 или ≥ 7 и так далее из указанных вариантов, и вплоть до всех указанных вариантов.

Все ссылки, приведенные в настоящем описании, включены в настоящий документ посредством ссылки в полном объеме. В частности, идеи, содержащиеся во всех, определенным образом приведенных, ссылках настоящего документа, включены в него посредством ссылки.

Если не дано иное определение, то все термины, использованные в раскрытии настоящего изобретения, включая технические и научные термины, имеют значения, которые, как правило, понятны специалисту средней квалификации в данной области техники, к которой относится настоящее изобретение. Посредством дополнительных разъяснений, определения терминов включены для лучшего понимания идей настоящего изобретения.

Стандартные справочные издания, излагающие общие принципы технологии рекомбинантной ДНК, включают Молекулярное клонирование: Инструкция по проведению лабораторных работ, 2-е изд., т. 1-3, под ред. Сэмбрук и соавт., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Колд Спринг Харбор, Нью-Йорк, 1989; Текущие протоколы в молекулярной биологии, под ред. Осубель и соавт., Greene Publishing и Wiley-Interscience, Нью-Йорк, 1992 (с периодическими обновлениями) («Осубель и соавт. 1992»); серия «Методы в энзимологии» (Academic Press, Inc.); Иннис и соавт., Протоколы ПЦР: Руководство по методам и применению, Academic Press: Сан-Диего, 1990 год; ПЦР 2: Практический подход (М.Дж. Макферсон, Б.Д. Хеймс и Г.Р. Тейлор, под ред. (1995); Харлоу и Лейн, под ред. (1988) Антитела, Инструкция по проведению лабораторных работ; и Культура животных клеток (Р. Я. Фрешни, под ред. (1987). Общие принципы микробиологии изложены, например, в работе Дэвис, Б.Д. и соавт., Microbiology, 3-е изд., Harper & Row, издательство, Филадельфия, Пенсильвания (1980).

Различные аспекты настоящего изобретения определены более подробно в нижеследующих выдержках. Каждый аспект, определенный таким образом, можно комбинировать с любым другим аспектом или аспектами, если явно не указано обратное. В частности, любой признак, указанный как предпочтительный или имеющий

преимущество, можно комбинировать с любым другим признаком или признаками, указанными как предпочтительные или имеющие преимущество.

Ссылка, приводимая на протяжении всего данного описания на «один вариант осуществления настоящего изобретения» или «вариант осуществления настоящего изобретения» означает, что конкретный признак, структура или характеристика, описанная в связи с этим вариантом осуществления настоящего изобретения, включена, по меньшей мере, в один вариант осуществления настоящего изобретения. Таким образом, выражения «в одном варианте осуществления настоящего изобретения» или «в варианте осуществления настоящего изобретения», присутствующие в разных местах настоящего описания, необязательно все относятся к одному и тому же варианту осуществления настоящего изобретения, однако это может иметь место. Кроме того, конкретные признаки, структуры или характеристики можно комбинировать любым подходящим образом, как это было бы очевидно из настоящего раскрытия специалисту в данной области техники, по меньшей мере, в одном варианте осуществления настоящего изобретения. Кроме того, хотя некоторые варианты осуществления настоящего изобретения, описанные в настоящем документе, включают некоторые, но не другие признаки, включенные в другие варианты осуществления настоящего изобретения, предполагается, что комбинации признаков различных вариантов осуществления настоящего изобретения входят в объем настоящего изобретения и образуют различные варианты его осуществления, что было бы понятно специалистам в данной области техники. Например, в прилагаемой формуле изобретения, любой из заявленных вариантов осуществления настоящего изобретения может быть использован в любой комбинации.

В нижеследующем подробном описании настоящего изобретения приведена ссылка на сопроводительные чертежи, которые являются частью настоящего документа, и в которых для наглядности показаны только конкретные варианты осуществления настоящего изобретения, посредством которых настоящее изобретение может быть осуществлено. Следует понимать, что могут быть использованы и другие варианты осуществления настоящего изобретения, а структурные или логические изменения могут быть внесены, не выходя за рамки объема настоящего изобретения. Поэтому нижеследующее подробное описание вариантов осуществления настоящего изобретения не следует понимать в ограничивающем смысле, а объем настоящего изобретения определяется прилагаемой формулой изобретения.

Предпочтительные утверждения (признаки) и варианты осуществления настоящего изобретения изложены ниже. Каждое из утверждений и вариантов осуществления настоящего изобретения, определенных таким образом, можно комбинировать с любым

другим утверждением и/или вариантами осуществления настоящего изобретения, если явно не указано обратное. В частности, любой признак, указанный как предпочтительный или имеющий преимущество, можно комбинировать с любым другим признаком или признаками, или утверждениями, указанными как предпочтительные или имеющие преимущество.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу повышения устойчивости и/или толерантности к патогену, и/или повышения урожайности (потенциала) растения, части растения или популяции растений, содержащему снижение или устранение экспрессии, стабильности, и/или активности отрицательного регулятора гена защиты растения или гена устойчивости растения к патогену у растения, части растения или популяции растений.

В одном варианте осуществления настоящего изобретения, отрицательный регулятор представляет собой CPL1 и/или ERF922. Таким образом, в одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу повышения устойчивости и/или толерантности к патогену, и/или повышения урожайности (потенциала) растения, части растения или популяции растений, содержащему снижение или устранение экспрессии, стабильности, и/или активности белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922 у растения, части растения или популяции растений.

В конкретных вариантах осуществления, настоящее изобретение охватывает способ повышения устойчивости и/или толерантности к патогену, и/или повышения урожайности (потенциала) растения, части растения или популяции растений, содержащий снижение или устранение экспрессии, стабильности, и/или активности белка, и/или гена CPL1 у растения, части растения или популяции растений.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу повышения устойчивости и/или толерантности к патогену, и/или повышения урожайности (потенциала) растения, части растения или популяции растений, содержащему снижение или устранение экспрессии, стабильности, и/или активности белка, и/или гена ERF922 у растения, части растения или популяции растений.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу повышения устойчивости и/или толерантности к патогену, и/или повышения урожайности (потенциала) растения, части растения или популяции растений, содержащему снижение или устранение экспрессии, или активности белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922 у растения, части растения или популяции растений.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу повышения устойчивости и/или толерантности к патогену, и/или повышения урожайности

(потенциала) растения, части растения или популяции растений, содержащему снижению или устранение активности белка, и/или гена ERF922 у растения, части растения или популяции растений.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу повышения устойчивости и/или толерантности к патогену, и/или повышения урожайности (потенциала) растения, части растения или популяции растений, содержащему экспрессию доминантно-отрицательного белка и/или гена CPL1, и/или ERF922 у растения, части растения или популяции растений.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу повышения устойчивости и/или толерантности к патогену, и/или повышения урожайности (потенциала) растения, части растения или популяции растений, содержащему экспрессию доминантно-отрицательного белка и/или гена CPL1 у растения, части растения или популяции растений.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу повышения устойчивости и/или толерантности к патогену, и/или повышения урожайности (потенциала) растения, части растения или популяции растений, содержащему экспрессию доминантно-отрицательного белка и/или гена ERF922 у растения, части растения или популяции растений.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу создания или получения растения, части растения или популяции растений, содержащему снижение или устранение экспрессии, стабильности и/или активности отрицательного регулятора гена защиты растения или гена устойчивости растения к патогену, в частности, белка и/или гена CPL1, и/или ERF922 у растения, части растения или популяции растений.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу создания или получения растения, части растения или популяции растений, содержащему снижение или устранение экспрессии, стабильности и/или активности белка, и/или гена CPL1 у растения, части растения или популяции растений.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу создания или получения растения, части растения или популяции растений, содержащему снижение или устранение экспрессии, стабильности и/или активности белка, и/или гена ERF922 у растения, части растения или популяции растений.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу создания или получения растения, части растения или популяции растений, содержащему снижение или устранение экспрессии или активности белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922 у растения, части растения или популяции растений.

доминантно-отрицательного белка и/или гена CPL1, и/или ERF922 у растения, части растения или популяции растений.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу создания или получения растения, части растения или популяции растений, содержащему экспрессию доминантно-отрицательного белка и/или гена CPL1 у растения, части растения или популяции растений.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу создания или получения растения, части растения или популяции растений, содержащему экспрессию доминантно-отрицательного белка и/или гена ERF922 у растения, части растения или популяции растений.

Авторы настоящего изобретения констатировали, что в конкретных вариантах осуществления настоящего изобретения, растение будет содержать более одного гена CPL1 и/или ERF922. Таким образом, в некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, экспрессия, активность и/или стабильность, по меньшей мере, двух белков CPL1 и/или, по меньшей мере, двух белков ERF922 снижена или устранена.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, экспрессия, активность и/или стабильность, по меньшей мере, двух белков CPL1 и, по меньшей мере, двух белков ERF922 снижена или устранена.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, экспрессия, активность и/или стабильность, по меньшей мере, двух белков CPL1 снижена или устранена.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, экспрессия, активность и/или стабильность, по меньшей мере, двух белков ERF922 снижена или устранена.

По меньшей мере, одна мутация, по меньшей мере, в одном гене, кодирующем отрицательный регулятор гена защиты растения или гена устойчивости растения к патогену, может привести к сниженной или устраненной экспрессии указанного отрицательного регулятора, повышая или индуцируя устойчивость к патогенам, и/или урожайность указанного растения. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация в гене CPL1 и/или ERF922, или нуклеотидная последовательность гена, кодирующего CPL1 и/или ERF922, имеющий мутацию, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения мутацию, приводящую к сниженной или устраненной экспрессии мРНК гена, и/или белка CPL1, и/или ERF922, мутация, приводящая к сниженной или устраненной активности белка CPL1 и/или ERF922 при трансляции (включая доминантно-отрицательную мутацию), или мутация, приводящая к

получению белка CPL1 и/или ERF922, имеющего сниженную стабильность, введена (рекомбинантно или трансгенно) или интрогрессирована в геном растения или часть растения. Предусмотрены различные способы для обеспечения, по меньшей мере, одной мутации, по меньшей мере, в одном гене, кодирующем отрицательный регулятор гена защиты растения или гена устойчивости растения к патогену. Например, мутации могут быть введены посредством рекомбинантной технологии, или они могут быть введены путем интрогрессии из другого растения (несущего, по меньшей мере, одну предусмотренную мутацию).

В некоторых вариантах осуществления, способы по настоящему изобретению, описанные в настоящем документе, содержат:

(a) (рекомбинантно или трансгенно) введение или интрогрессирование в растение или часть растения нуклеотидной последовательности (эндогенного (дикого типа)) гена, кодирующего CPL1 и/или ERF922, мутации, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения мутации, приводящей к сниженной или устраненной экспрессии (эндогенной (по всей длине)) мРНК гена, и/или (эндогенного (по всей длине)) белка CPL1, и/или ERF922, мутации, приводящей к получения белка CPL1 и/или ERF922, имеющего сниженную активность при трансляции, или мутации, приводящей к получения белка CPL1 и/или ERF922, имеющего сниженную стабильность;

(b) (рекомбинантно или трансгенно) введение или интрогрессирование в растение или часть растения, по меньшей мере, одной молекулы РНКi, направленной на нуклеотидную последовательность, кодирующую CPL1, нацеливающейся или гибридирующей с ней, и/или нуклеотидной последовательности, кодирующей белок ERF922, или полинуклеотидной последовательности, кодирующей, по меньшей мере, одну молекулу РНКi, направленной на нуклеотидную последовательность, кодирующую CPL1, нацеливающейся или гибридирующей с ней, и/или нуклеотидной последовательности, кодирующей белок ERF922;

(c) (рекомбинантно или трансгенно) введение или интрогрессирование в растение или часть растения, по меньшей мере, одной РНК-специфической или ДНК-специфической системы CRISPR/Cas, направленной на нуклеотидную последовательность, кодирующую CPL1, или нацеливающейся на нее, и/или нуклеотидной последовательности, кодирующей белок ERF922, или, по меньшей мере, одной полинуклеотидной последовательности, кодирующей указанную РНК-специфическую или ДНК-специфическую систему CRISPR/Cas;

(d) (рекомбинантно или трансгенно) введение или интрогрессирование в растение или часть растения химического соединения или антитела (или полинуклеиновой

кислоты, кодирующей его), изменяющего активность белка CPL1 и/или ERF922 при взаимодействии с указанными CPL1 и/или ERF922; или

(е) (рекомбинантно или трансгенно) введение или интрогрессирование в растение или часть растения доминантно-отрицательного белка CPL1 и/или ERF922, или, по меньшей мере, одной нуклеиновой кислоты, кодирующей доминантно-отрицательный белок CPL1 и/или ERF922;

(f) необязательно, регенерирование растения из части растения по любому из пунктов (a)-(d).

Описанные в настоящем документе способы позволят получить растение, часть растения или популяцию растений, содержащую, по меньшей мере, одну мутацию, по меньшей мере, в одном гене, кодирующем отрицательный регулятор гена защиты растения или гена устойчивости растения к патогену, что приведет к сниженной или устраненной экспрессии указанного отрицательного регулятора в указанном растении, части растения или популяции растений, в результате чего будет повышена или индуцирована устойчивость к патогенам, и/или урожайность в указанном растении, части растения или популяции растений. Таким образом, настоящее изобретение предлагает растения, части растений и популяции растений, имеющие повышенную или индуцированную устойчивость к патогенам, и/или урожайность.

Таким образом, в одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, части растения или популяции растений, полученным любым из описанных выше способов. В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, полученному любым из описанных выше способов. В одном аспекте, настоящее изобретение относится к части растения, полученной любым из описанных выше способов. В одном аспекте, настоящее изобретение относится к популяции растений, полученной любым из описанных выше способов.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, части растения или популяции растений, имеющей сниженную или устраненную экспрессию, стабильность и/или активность белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922 (например, по сравнению с экспрессией, стабильностью и/или активностью у растения, части растения или популяции растений дикого типа того же вида (или линии, или генотипа), или у растения, части растения или популяции растений того же вида (или линии, или генотипа), которые не имеют сниженную или устраненную экспрессию, стабильность и/или активность белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, части растения или популяции растений, содержащей, по меньшей мере, одну полинуклеотидную последовательность гена, кодирующего CPL1 и/или ERF922, имеющего мутацию, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения мутацию, приводящую к сниженной или устраненной экспрессии мРНК и/или белка, или мутацию, приводящую к получению усеченного или нефункционального белка при трансляции.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, части растения или популяции растений, содержащей, по меньшей мере, одну нуклеотидную последовательность гена, кодирующего CPL1 и/или ERF922, имеющего сниженную или устраненную экспрессию мРНК, и/или белка.

Настоящее изобретение также предлагает растения, части растений и популяции растений, содержащие модифицированную последовательность, по меньшей мере, одного гена, кодирующего отрицательный регулятор гена защиты растения или гена устойчивости растения к патогену. В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, содержащему:

(a) нуклеотидную последовательность (эндогенного (дикого типа)) гена, кодирующего CPL1 и/или ERF922, мутацию, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения мутацию приводящую к сниженной или устраненной экспрессии (эндогенной (по всей длине)) мРНК гена, и/или (эндогенного (по всей длине)) белка CPL1, и/или ERF922, мутацию, приводящую к получению белка CPL1 и/или ERF922, имеющего сниженную активность при трансляции, или мутацию, приводящую к получению белка CPL1 и/или ERF922, имеющего сниженную стабильность;

(b) по меньшей мере, одну молекулу РНКi, направленной на нуклеотидную последовательность, кодирующую CPL1, нацеливающейся или гибридизирующейся с ней, и/или нуклеотидную последовательность, кодирующую белок ERF922, или полинуклеотидную последовательность, кодирующую, по меньшей мере, одну молекулу РНКi, направленной на нуклеотидную последовательность, кодирующую CPL1, нацеливающейся или гибридизирующейся с ней, и/или нуклеотидную последовательность, кодирующую белок ERF922;

(c) по меньшей мере, одну РНК-специфическую или ДНК-специфическую систему CRISPR/Cas, направленную на нуклеотидную последовательность, кодирующую CPL1, или нацеливающуюся на нее, и/или нуклеотидную последовательность, кодирующую белок ERF922, или, по меньшей мере, одну полинуклеотидную

последовательность, кодирующую указанную РНК-специфическую или ДНК-специфическую систему CRISPR/Cas;

(d) химическое соединение или антитело (или полинуклеиновую кислоту, кодирующую его), изменяющее активность белка CPL1 и/или ERF922 при взаимодействии с указанным CPL1 и/или ERF922; или

(e) доминантно-отрицательный белок CPL1 и/или ERF922, или, по меньшей мере, одну нуклеиновую кислоту, кодирующую доминантно-отрицательный белок CPL1 и/или ERF922.

В конкретных вариантах осуществления настоящего изобретения, предложены растения, содержащие нокаут и/или нокдаун, по меньшей мере, одного отрицательного регулятора гена устойчивости растения к патогену или гена защиты от патогена. В альтернативном варианте осуществления настоящего изобретения, мутация в отрицательном регуляторе представляет собой доминантно-отрицательную мутацию, вследствие чего продукт гена отрицательно влияет на функцию отрицательного регулятора дикого типа. В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, содержащему нокаутную мутацию CPL1 и/или ERF922. В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, содержащему нокаутную мутацию CPL1 и ERF922. В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, содержащему нокаутную мутацию CPL1. В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, содержащему нокаутную мутацию ERF922. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация является гомозиготной. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация является гетерозиготной.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, содержащему нокдаун-мутацию CPL1 и/или ERF922. В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, содержащему нокдаун-мутацию CPL1 и ERF922. В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, содержащему нокдаун-мутацию CPL1. В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, содержащему нокдаун-мутацию ERF922. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация является гомозиготной. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация является гетерозиготной.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, экспрессирующему доминантно-отрицательный белок CPL1 и/или ERF922. В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, экспрессирующему доминантно-отрицательный белок CPL1 и ERF922. В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению, экспрессирующему доминантно-отрицательный CPL1. В одном аспекте,

настоящее изобретение относится к растению, экспрессирующему доминантно-отрицательный белок ERF922. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация является гомозиготной. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация является гетерозиготной.

Термин «растение» включает целые растения, включая их потомков или потомство. Термин «часть растения» включает любую часть или производное растения, включая определенные ткани или структуры растения, растительные клетки, растительный протопласт, растительную клетку или культуру ткани, из которой можно регенерировать растения, каллусы растения, скопления растительных клеток и растительные клетки, находящиеся в интактном состоянии в растениях или частях растений, такие как семена, зерна, початки, плоды, цветки, семядоли, листья, стебли, почки, корни, корневые кончики, стерня и тому подобное. Части растения могут включать обработанные части растения или их производные, включая цветок, масла, экстракты и так далее. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, часть растения или производное, указанное в настоящем документе, представляет собой клетку, ткань или семя (или зерно). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, часть растения или его производное, указанное в настоящем документе, представляет собой семя (или зерно). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, часть растения представляет собой пригодную для сбора часть растения, такую как семена или зерна, плоды, корни, листья, стебли, цветки, клубни, луковицы, початки и так далее.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение представляет собой сельскохозяйственную культуру, например, товарную культуру или натуральную культуру, такую как продовольственная культура или непродовольственная культура, включая земледельческие, садоводческие, цветоводческие или технические культуры. Термин «сельскохозяйственная культура» имеет свое обычное значение, известное в данной области техники. В соответствии с дальнейшими разъяснениями, и без ограничений, сельскохозяйственная культура представляет собой растение, выращиваемое людьми для получения пищи и других ресурсов, и которое можно выращивать и собирать в широких масштабах для получения прибыли или для пропитания, обычно в условиях или среде сельского хозяйства.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение относится к семейству Злаковые. В контексте настоящего документа, термин «Злаковые» относится к семейству травы или Gramineae. В предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, Злаковые представляют собой злаки (или

злаковые травы), которые, в частности, культивируют ради съедобных компонентов, входящих в состав их зерна.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение относится к подсемейству Мятликовые. В контексте настоящего документа, термин «Мятликовые» относится к подсемейству Злаковые в семействе Злаковые. В предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, Мятликовые представляют собой злаки (или злаковые травы), которые, в частности, культивируют ради съедобных компонентов, входящих в состав их зерна. В некоторых вариантах осуществления, растение относится к роду *Zea*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Zeamays*. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение относится к роду *Sorghum*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Sorghum bicolor*. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение относится к роду *Triticum*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Triticum aestivum*. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение относится к роду *Hordeum*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Hordeum vulgare*. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение относится к роду *Secale*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Secale cereale*. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение относится к роду *Beta*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Beta vulgaris*. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение относится к роду *Glycine*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Glycine max*. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение относится к роду *Solanum*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Solanum tuberosum*. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение относится к роду *Oryza* (Рис), в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Oryza sativa* (Рис посевной).

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, часть растения представляет собой или содержит материал для размножения. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, часть растения или его производное не является (функциональным) материалом для размножения, таким как зародышевая плазма, семя или зародыш растения, или другой материал, из которого можно регенерировать растение. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, часть растения или его производное не содержит (функциональных) мужских и женских репродуктивных

органов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, часть растения или его производное является или содержит материал для размножения, но материал для размножения, который не используется или не может использоваться (больше) для получения или создания новых растений, например, материал для размножения, который был химическим, механическим или иным образом приведен в нефункциональное состояние, например, путем термической обработки, кислотной обработки, уплотнения, дробления, измельчения и так далее.

В контексте настоящего документа, термин «растительная популяция» может использоваться взаимозаменяемо с термином «популяцией растений». Популяция растений в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения содержит множество отдельных растений, например, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 10, например, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80 или 90, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 100, например, 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800 или 900, в еще более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 1 000, например, по меньшей мере, 10 000 или, по меньшей мере, 100 000.

В контексте настоящего документа, термины «повышенная толерантность к патогену» и «повышенная устойчивость к патогену» относятся к любому облегчению, снижению проявления, улучшению или к любой их комбинации любого симптома (например, повреждения или потери биомассы) инфекции, вызванной патогеном. Повышенная устойчивость или толерантность к патогену, как указано в настоящем документе, может также относиться к способности растения поддерживать, например, продуцирование биомассы (например, продуцирование пригодной для сбора биомассы, например, урожайности семян) после или во время заражения патогеном. Растение, растительная клетка или часть растения, устойчивая или толерантная к патогену, может относиться в настоящем документе к растению, растительной клетке или части растения, соответственно, имеющей повышенную устойчивость/толерантность к патогену, по сравнению с родительским растением, из которого они получены (и которое не имеет сниженную или устраненную экспрессию, стабильность и/или активность белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922). Устойчивость может относиться в настоящем документе к способности растения ограничивать размножение патогена. Толерантность в настоящем документе может относиться к способности растения снижать влияние инфекции на его приспособленность независимо от уровня размножения патогена. Способы определения устойчивости/толерантности к патогенам известны специалисту в данной области техники, например, визуальная оценка заражения патогенами или повреждений,

индуцированных патогенами, определение биомассы (урожайности) и так далее. В контексте настоящего документа, термины «повышенная толерантность к патогенам» и «повышенная устойчивость к патогенам» могут использоваться взаимозаменяемо с терминами «сниженная чувствительность» или «сниженная восприимчивость» к патогенам. Соответственно, растение, часть растения или популяция растений по настоящему изобретению, которая является более устойчивой или более толерантной к патогену, считается менее чувствительной к такому патогену. Термин «менее чувствительный» или «менее восприимчивый» в настоящем документе может рассматриваться как «более толерантный» или «более устойчивый». Аналогичным образом, термин «более толерантный» или «более устойчивый» может, наоборот, рассматриваться как «менее чувствительный» или «менее восприимчивый». Термин «более чувствительный» или «более восприимчивый», при использовании в настоящем документе, может, наоборот, рассматриваться как «менее толерантный» или «менее устойчивый». Аналогичным образом, термин «менее толерантный» или «менее устойчивый» может, наоборот, рассматриваться как «более чувствительный» или «более восприимчивый».

Растения, части растений или популяции растений, описанные в настоящем документе, имеющие повышенную устойчивость или толерантность к патогену, могут быть использованы для борьбы с заражением патогенами или патоген-индуцированной инфекцией. Соответственно, в одном аспекте, настоящее изобретение относится к использованию таких растений для борьбы с заражением патогенами или патоген-индуцированной инфекцией. В предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, с заражением патогенами или патоген-индуцированной инфекцией борются путем снижения интенсивности заражения патогенами или патоген-индуцированной инфекции, или уменьшения симптомов заражения патогенами или патоген-индуцированной инфекции на уровне растения, части растения или популяции растений так, как описано ниже.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, повышенная устойчивость или толерантность может проявляться в виде снижения интенсивности инфекции или заражения (например, количества патогенов (например, на площадь растения или на биомассу растения), размножения (скорости) или распространения (скорости)/распределение патогенов, а также скорости распространения патогенов, например, за определенное время в течение (роста) сезона) на уровне (субуровне) растения (например, конкретных клеток, органов или тканей, например, на уровне пригодных для сбора частей растения, например, листьев, стеблей, плодов или семян) или

на уровне популяции, например, в виде снижения, по меньшей мере, на 5%, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 10%, например, по меньшей мере, на 20%, по меньшей мере, на 30%, по меньшей мере, на 40%, по меньшей мере, на 50%, по меньшей мере, на 60%, по меньшей мере, на 70%, по меньшей мере, на 80%, по меньшей мере, на 90% или (примерно) на 100%. На уровне популяции, повышенная устойчивость или толерантность может проявляться как снижение интенсивности инфекции или заражения, как описано выше, но также, например, как снижение количества зараженных растений (или в виде их комбинации), например, как снижение, по меньшей мере, на 5%, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 10%, например, по меньшей мере, на 20%, по меньшей мере, на 30%, по меньшей мере, на 40%, по меньшей мере, на 50%, по меньшей мере, на 60%, по меньшей мере, на 70%, по меньшей мере, на 80%, по меньшей мере, на 90% или (примерно) на 100%. Следует понимать, что такое снижение интенсивности инфекции или заражения может проявляться в отношении эталонного растения (части растения) или популяции (например, соответствующего растения дикого типа не по настоящему изобретению).

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, повышенная устойчивость или толерантность может проявляться в виде снижения потери биомассы или урожайности в целом или конкретной (пригодной для сбора) части растения (например, количества или массы семян, или плодов), которое произошло вследствие или как следствие заражения патогеном. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, устойчивые или толерантные растения демонстрируют потерю в продуцировании биомассы (например, выраженной в г/день или кг/га, или кг/га/день, например, выраженной в сухом веществе, например, выраженной в процентах по массе) при заражении патогеном, которая, по меньшей мере, на 1%, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 2%, например, по меньшей мере, на 3%, по меньшей мере, на 4%, по меньшей мере, на 5%, например, по меньшей мере, на 10%, по меньшей мере, на 15% или, по меньшей мере, на 20% или более, ниже, чем у соответствующих контрольных растений, например, у растений, которые являются менее устойчивыми или толерантными, или у растений не по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, устойчивые или толерантные растения демонстрируют продуцирование биомассы (например, выраженной в г/день или кг/га, или кг/га/день, например, выраженной в сухом веществе, например, выраженной в процентах по массе) при заражении патогеном, которое, по меньшей мере, на 1%, в

предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 2%, например, по меньшей мере, на 3%, по меньшей мере, на 4%, по меньшей мере, на 5%, например, по меньшей мере, на 10%, по меньшей мере, на 15% или, по меньшей мере, на 20% или более, выше, чем у соответствующих контрольных растений, например у растений, которые являются менее устойчивыми или толерантными, или у растений не по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе.

В контексте настоящего документа, термин «потенциал урожайности» означает максимальное количество урожая, которое можно получить при сборе урожая.

Термин «патоген», в контексте настоящего документа, обычно относится к любому типу инфекционного агента, способного вызывать (инфекционное) заболевание, и включает, без ограничения, вирус, бактерию, простейшее, прион, вирион или грибок (включая дрожжи). Также паразиты, такие как насекомые или черви, а также паразитические растения или водоросли в целом охватываются термином «патоген» в контексте настоящего документа.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, патоген представляет собой биотрофный патоген. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, патоген представляет собой гембиотрофный патоген. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, патоген не является некротрофным патогеном.

Биотрофы получают энергию из живых клеток; они находятся на живых растениях или в них, могут иметь очень сложные требования к питательным веществам и не убивают растения-хозяев (быстро). В отличие от них, некротрофы получают энергию из убитых клеток; они быстро вторгаются в растительную ткань и убивают ее, а затем живут сапротрофно на мертвых останках. Гембиотрофы имеют начальный период биотрофии, за которым следует некротрофия.

В контексте настоящего документа, пониженные (белка и/или гена/мРНК) уровни экспрессии относятся к уровням экспрессии, пониженным, примерно, по меньшей мере, на 10%, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 30%, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 50%, например, по меньшей мере, на 20%, 40%, 60%, 80% или более, например, по меньшей мере, на 85%, по меньшей мере, на 90%, по меньшей мере, на 95% или более. Экспрессия (по существу) отсутствует или устранена, если уровни экспрессии снижены, по меньшей мере, на 80%, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 90%, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на

95%. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, экспрессия (по существу) отсутствует, если не удастся обнаружить белок и/или мРНК, в частности, дикого типа или нативный белок и/или мРНК. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, уровни экспрессии белка и/или гена/мРНК снижены на 20-80%, например, на 30-70% или на 40-60%, например, (примерно) на 50%, например, по сравнению с уровнем экспрессии у эталонного растения, которое может представлять собой растение дикого типа, или у растения, не содержащего мутированный CPL1, и/или ERF822, или любое из (генетических) событий, приводящих к снижению экспрессии, как описано в другом месте настоящего документа. Уровни экспрессии могут быть определены любыми средствами, известными в данной области техники, например, стандартными способами обнаружения, включая, например, (количественную) ПЦР, нозерн-блоттинг, вестерн-блоттинг, ELISA (твердофазный ИФА) и так далее.

Снижение уровней экспрессии может быть достигнуто в результате увеличенного оборота мРНК или белка, например, в результате увеличенного распада или пониженной стабильности. Снижение уровней экспрессии может быть достигнуто в результате сниженной скорости экспрессии или сниженной скорости транскрипции. Снижение уровней экспрессии может быть достигнуто в результате уменьшения числа копий (например, гетерозиготного дикого типа и мутантного CPL1, и/или ERF922).

В контексте настоящего документа, сниженная скорость экспрессии может означать скорость экспрессии нуклеотидной последовательности, сниженную более чем на 10%, 15%, 20%, 25% или 30%, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения более чем на 40%, 45%, 50%, 55%, 60% или 65%, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения более чем на 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 94%, 96% или 98%, по сравнению с указанным эталоном, таким как растение, не содержащее генетические или иные модификации по настоящему изобретению, как описано в другом месте настоящего документа, или с эталонным растением, таким как растение дикого типа. Однако это также может означать, что скорость экспрессии нуклеотидной последовательности снижена на 100%. Снижение скорости экспрессии в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения приводит к изменению фенотипа растения, у которого скорость экспрессии снижена.

В контексте настоящего документа, сниженная скорость транскрипции может означать скорость транскрипции нуклеотидной последовательности, сниженную более чем на 10%, 15%, 20%, 25% или 30%, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения более чем на 40%, 45%, 50%, 55%, 60% или 65%, в более

предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения более чем на 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 94%, 96% или 98%, по сравнению с указанным эталоном, таким как растение, не содержащее генетические или иные модификации по настоящему изобретению, как описано в другом месте настоящего документа, или с эталонным растением, таким как растение дикого типа. Однако это также может означать, что скорость транскрипции нуклеотидной последовательности снижена на 100%. Снижение скорости транскрипции в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения приводит к изменению фенотипа растения, у которого скорость транскрипции снижена.

В контексте настоящего документа, сниженная активность (белка) может относиться к активности, пониженной, примерно, по меньшей мере, на 10%, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 30%, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 50%, например, по меньшей мере, на 20%, 40%, 60%, 80% или более, например, по меньшей мере, на 85%, по меньшей мере, на 90%, по меньшей мере, на 95% или более. Активность (по существу) отсутствует или устранена, если активность снижена, по меньшей мере, на 80%, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 90%, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 95%. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, активность (по существу) отсутствует, если не удастся обнаружить активность, в частности, активность белка дикого типа или нативного белка. Уровни активности (белка) могут быть определены любыми средствами, известными в данной области техники, в зависимости от типа белка, такими как стандартные способы обнаружения, включая, например, ферментативные количественные анализы (для ферментов), транскрипционные количественные анализы (для факторов транскрипции), количественные анализы для анализа выхода фенотипа и так далее.

В контексте настоящего документа, сниженная стабильность может относиться к сниженной стабильности белка или сниженной стабильности РНК, например, мРНК. Стабильность белков или РНК может быть определена с помощью средств, известных в данной области техники, таких как определение периода полураспада белка/РНК. Сниженная стабильность белка или РНК в некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения означает снижение стабильности, примерно, по меньшей мере, на 10%, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 30%, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 50%, например, по меньшей мере, на 20%, 40%, 60%,

80% или более, например, по меньшей мере, на 85%, по меньшей мере, на 90%, по меньшей мере, на 95%. Сниженная стабильность белка или РНК в некоторых вариантах настоящего изобретения означает снижение периода полураспада, примерно, по меньшей мере, на 10%, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 30%, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 50%, например, по меньшей мере, на 20%, 40%, 60%, 80% или более, например, по меньшей мере, на 85%, по меньшей мере, на 90%, по меньшей мере, на 95%, например, двукратное, трехкратное, четырехкратное, пятикратное или более понижение периода полураспада. Стабильность может быть сравнена с эталоном, как определено выше.

Уровни экспрессии, стабильности или активности можно сравнивать между различными растениями (или частями растений), например, с растением (частью растения), у которого снижена экспрессия, стабильность или активность CLP1, и/или ERF922 по настоящему изобретению, и с эталонным растением (частью растения), например, с растением (частью растения) дикого типа. Уровни экспрессии, стабильности или активности можно сравнивать при различных условиях. Уровни экспрессии или активности можно сравнивать с заданным пороговым значением. Такой заранее определенный порог может, например, соответствовать уровням экспрессии, стабильности или активности в конкретном генотипе или при конкретных условиях.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, экспрессия, стабильность и/или активность белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922 снижена или устранена путем нокаута гена CPL1 и/или ERF922, или нокаута указанного белка CPL1 и/или ERF922, как описано в другом месте настоящего документа. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, экспрессия, стабильность и/или активность белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922 снижена или устранена путем мутагенеза, РНКi или редактирования генов, как описано в другом месте настоящего документа.

Следует понимать, что сниженная экспрессия, активность или стабильность в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения относится к сниженной экспрессии, активности или стабильности CPL1, или ERF922 дикого типа (функционального). Например, нокаут, вызванный геномной инсерцией или созданием преждевременного стоп-кодона, может привести к экспрессии усеченной мРНК/белка, уровни экспрессии которой/которого сходны с уровнями экспрессии немутированной мРНК/белка. Однако функциональность полученного белка была нарушена, поэтому экспрессия (и активность в данном случае) считается, таким образом, сниженной. Аналогичным образом, введение доминантно-отрицательного варианта белка может не

повлиять на экспрессию эндогенного белка дикого типа (функционального). Тем не менее, по меньшей мере, активность белка дикого типа (функционального) снижается в присутствии доминантно-отрицательного варианта.

В контексте настоящего документа, термин «доминантно-отрицательный» имеет обычное значение, известное в данной области техники. Посредством дополнительных разъяснений, и без ограничения, доминантно-отрицательный белок содержит мутацию, продукт гена которой отрицательно влияет на нормальный продукт гена дикого типа в той же клетке. Обычно это происходит, если продукт все еще может взаимодействовать с теми же элементами, что и продукт дикого типа, но блокирует некоторые аспекты его функции, например: мутация в факторе транскрипции, которая удаляет домен активации, но все еще содержит домен связывания ДНК (этот продукт может затем блокировать связывание фактора транскрипции дикого типа с сайтом ДНК, что приводит к снижению уровней активации гена); мутация в ферменте, которая отменяет каталитическую активность (этот продукт может затем блокировать продукт дикого типа путем связывания и, следовательно, титрования субстрата без каталитического преобразования); белок, который функционирует как димер (мутация, которая удаляет функциональный домен, но сохраняет домен димеризации, приведет к доминантно-отрицательному фенотипу, поскольку у некоторой фракции димеров белка будет отсутствовать один из функциональных доменов); и так далее.

Снижение экспрессии, активности и/или стабильности, как описано в настоящем документе, может быть конститутивным или условным, например, индуцибельным и/или тканеспецифическим (например, в репродуктивных органах). Средства для условной, например, индуцибельной или тканеспецифической манипуляции, хорошо известны в данной области техники.

В контексте настоящего документа, термин «полипептид» или «белок» (в настоящем документе оба термина используются взаимозаменяемо) означает пептид, белок или полипептид, который охватывает цепи аминокислоты заданной длины, при этом, аминокислотные остатки сцеплены ковалентными пептидными связями. Однако пептидомиметики таких белков/полипептидов, при этом, аминокислота (аминокислоты) и/или пептидная связь (связи) были заменены функциональными аналогами, также охватываются настоящим изобретением, а также, настоящее изобретение охватывает и другие аминокислоты, отличные от 20 аминокислот, кодируемых генами, например, селеноцистеин. Пептиды, олигопептиды и белки могут быть названы полипептидами. Термин «полипептид» также относится к модификациям полипептида, например, к гликозилированию, ацетилированию, фосфорилированию и тому подобному, и не

исключает их. Такие модификации хорошо описаны в базовой литературе и в более подробных монографиях, а также в научной литературе.

Замещения аминокислот охватывают изменения аминокислот, при которых аминокислота заменяется другим аминокислотным остатком природного происхождения. Такие замещения могут быть классифицированы, как «консервативные<1>», при которых аминокислотный остаток, содержащийся в белке дикого типа, заменяется другой аминокислотой природного происхождения с аналогичными характеристиками, например, Gly\leftrightarrowAla, Val\leftrightarrowIle\leftrightarrowLeu, Asp\leftrightarrowGlu, Lys\leftrightarrowArg, Asn\leftrightarrowGln или Phe\leftrightarrowTrp\leftrightarrowTyr. Замещения, охватываемые настоящим изобретением, также могут быть «неконсервативными», при которых аминокислотный остаток, присутствующий в белке дикого типа, замещается аминокислотой, имеющей другие свойства, например, аминокислотой природного происхождения из другой группы (например, замещение заряженной или гидрофобной аминокислоты аланином). Термин «аналогичные аминокислоты», в контексте настоящего документа, относится к аминокислотам, которые имеют аналогичные боковые цепи аминокислот, то есть, аминокислоты, которые имеют полярные, неполярные или практически нейтральные боковые цепи. Термин «неаналогичные аминокислоты», в контексте настоящего документа, относится к аминокислотам, которые имеют разные боковые цепи аминокислот, например, аминокислота с полярной боковой цепью не аналогична аминокислоте с неполярной боковой цепью. Полярные боковые цепи обычно имеют тенденцию находиться на поверхности белка, где они могут взаимодействовать с водной средой, находящейся в клетках («гидрофильные» аминокислоты). С другой стороны, «неполярные» аминокислоты имеют тенденцию находиться в центре белка, где они могут взаимодействовать с аналогичными неполярными соседями («гидрофобные» аминокислоты). Примерами аминокислот, имеющих полярные боковые цепи, являются аргинин, аспарагин, аспартат, цистеин, глутамин, глутамат, гистидин, лизин, серин и треонин (все они являются гидрофильными, за исключением цистеина, который является гидрофобным). Примерами аминокислот, имеющих неполярные боковые цепи, являются аланин, глицин, изолейцин, лейцин, метионин, фенилаланин, пролин и триптофан (все они являются гидрофобными, за исключением глицина, который является нейтральным).

Термин «ген», в контексте настоящего документа, относится к полимерной форме нуклеотидов любой длины, либо к рибонуклеотидам, либо дезоксирибонуклеотидам. Данный термин включает двух- и одноцепочечную ДНК и РНК. Он также включает известные типы модификаций, например, метилирование, «кэпы», замещения, по меньшей мере, одного нуклеотида природного происхождения аналогом. В

предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, ген содержит кодирующую последовательность, кодирующую полипептид, определенный в настоящем документе. Термин «кодирующая последовательность» означает нуклеотидную последовательность, которая транскрибируется в мРНК и/или транслируется в полипептид, когда она помещается или находится под контролем соответствующих регуляторных последовательностей. Границы кодирующей последовательности определяются стартовым кодоном трансляции на 5'-конце и стоп-кодоном трансляции на 3'-конце. Кодирующая последовательность может включать, но этим не ограничивается, мРНК, сДНК, последовательности рекомбинантных нуклеиновых кислот или геномную ДНК, однако, при определенных обстоятельствах, могут присутствовать и интроны.

В контексте настоящего документа, термин «эндогенный» относится к гену или аллелю, который присутствует в своем природном местоположении в геноме. Термин «эндогенный» можно использовать взаимозаменяемо с термином «нативный». Это, однако, не исключает наличия, по меньшей мере, одного отличия нуклеиновой кислоты от аллеля дикого типа. В конкретных вариантах осуществления настоящего изобретения, количество отличий от аллеля дикого типа может ограничено до менее 9, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения до менее 6, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения до менее 3 отличий по нуклеотидам. В частности, отличие от последовательности дикого типа может быть только по одному нуклеотиду. В предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, эндогенный аллель кодирует модифицированный белок, имеющий менее 9, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения менее 6, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения менее 3 и в еще более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения только одно отличие аминокислоты от белка дикого типа. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, эндогенный ген или аллель представляет собой ген или аллель дикого типа. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, эндогенный ген является мутагенизированным, как описано в другом месте настоящего документа. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, экспрессия, активность и/или стабильность эндогенного гена является модифицированной, как описано в другом месте настоящего документа.

В контексте настоящего документа, термин «гомозигота» относится к отдельной клетке или растению, имеющему одинаковые аллели, по меньшей мере, в одном локусе или во всех локусах. Когда этот термин используется по отношению к специфическому локусу или гену, это означает, что, по меньшей мере, этот локус или ген имеет

одинаковые аллели. В контексте настоящего документа, термин «гомозиготный» означает генетическое состояние, при котором идентичные аллели находятся в соответствующих локусах на гомологичных хромосомах. В контексте настоящего документа, термин «гетерозигота» относится к отдельной клетке или растению, имеющему различные аллели, по меньшей мере, в одном или во всех локусах. Когда этот термин используется по отношению к специфическому локусу или гену, это означает, что, по меньшей мере, тот локус или ген имеет разные аллели. В контексте настоящего документа, термин «гетерозиготный» означает генетическое состояние, при котором разные аллели находятся в соответствующих локусах на гомологичных хромосомах. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, ген CPL1 и/или ERF922, как описано в настоящем документе, является гомозиготным (например, мутированный CPL1 и/или ERF922 на всех гомологичных или гомеологичных хромосомах). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, ген CPL1 и/или ERF922, как описано в настоящем документе, является гетерозиготным (например, (по меньшей мере) один мутированный CPL1 и/или ERF922, и (по меньшей мере) один CPL1, и/или ERF922 дикого типа на гомологичных или гомеологичных хромосомах).

Термин «полиморфизм» означает изменчивость в ДНК между, по меньшей мере, двумя индивидуумами в пределах популяции. Частота полиморфизма в популяции, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, составляет, по меньшей мере, 1 %. Подходящий полиморфизм может включать однонуклеотидный полиморфизм (SNP), простые повторяющиеся последовательности (SSR) или полиморфизм инсерции/делеции, также называемый в настоящем документе «инделом». Термин «индел» относится к инсерции или делеции, при этом, одна линия может быть обозначена как имеющая вставленный нуклеотид или фрагмент ДНК относительно второй линии, или вторая линия может быть обозначена как имеющая удаленный нуклеотид или фрагмент ДНК относительно первой линии.

Термин «последовательность», в контексте настоящего документа, относится к нуклеотидной последовательности (последовательностям), полинуклеотиду (полинуклеотидам), последовательности (последовательностям) нуклеиновой кислоты, нуклеиновой кислоте (кислотам), молекуле нуклеиновой кислоты, пептидам, полипептидам и белкам, в зависимости от контекста, в котором используется термин «последовательность». Термины «нуклеотидная последовательность (последовательности)», «полинуклеотид (полинуклеотиды)», «последовательность (последовательности) нуклеиновой кислоты», «нуклеиновая кислота (кислоты)», «молекула нуклеиновой кислоты» используются в настоящем документе взаимозаменяемо

и относятся к нуклеотидам, либо к рибонуклеотидам, либо к дезоксирибонуклеотидам, либо к их комбинации, в полимерной неразветвленной форме любой длины. Последовательности нуклеиновой кислоты включают ДНК, сДНК, геномную ДНК, РНК, синтетические формы и смешанные полимеры, как смысловые, так и антисмысловые цепи, или могут содержать неприродные, или дериватизированные нуклеотидные основания, что будет вполне понятно специалистам в данной области техники.

В контексте настоящего документа, термин «идентичность последовательностей» относится к степени идентичности между любой данной последовательностью нуклеиновой кислоты и последовательностью нуклеиновой кислоты-мишенью. Процент идентичности последовательностей вычисляют путем определения количества совпадающих положений в выровненных последовательностях нуклеиновой кислоты, деления количества совпадающих положений на общее количество выровненных нуклеотидов и умножения на 100. Совпадающее положение означает положение, когда идентичные нуклеотиды встречаются в одном и том же положении в выровненных последовательностях нуклеиновой кислоты. Процент идентичности последовательностей также может быть определен для любой аминокислотной последовательности. Для определения процента идентичности последовательностей, последовательность нуклеиновой кислоты-мишень или аминокислотную последовательность сравнивают с идентифицированной последовательностью нуклеиновой кислоты или аминокислотной последовательностью с использованием программы BLAST 2 Sequences (Последовательности) (B12seq) из автономной версии BLASTZ, содержащей BLASTN и BLASTP. Эту автономную версию BLASTZ можно приобрести на веб-сайте компании Fish & Richardson (Всемирная сеть по адресу fr.com/blast) или на веб-сайте Национального центра биотехнологической информации правительства США (Всемирная сеть по адресу ncbi.nlm.nih.gov). Инструкции, объясняющие, как пользоваться программой B12seq, можно найти в сопроводительном файле «readme» программы BLASTZ. B12seq выполняет сравнение двух последовательностей с использованием алгоритма BLASTN или BLASTP.

BLASTN используется для сравнения последовательностей нуклеиновой кислоты, а BLASTP используется для сравнения аминокислотных последовательностей. Для сравнения двух последовательностей нуклеиновых кислот, параметры устанавливаются следующим образом: -i устанавливается в файл, содержащий первую последовательность нуклеиновой кислоты, подлежащую сравнению (например, C:\seq 1 .txt); -j устанавливается в файл, содержащий вторую последовательность нуклеиновой кислоты, подлежащую сравнению (например, C:\seq2.txt); -p устанавливается в blastn; -o устанавливается в файл с любым желаемым именем (например, C:\output.txt); -q

устанавливается на - 1 ; -г устанавливается на 2; а для всех остальных параметров остаются их значения, установленные по умолчанию. Следующая команда будет генерировать выходной файл, содержащий сравнение двух последовательностей: C:\B12seq -i c:\seq1 .txt -j c:\seq2.txt -p blastn -o c:\output.txt -q - 1 -r 2. Если последовательность-мишень имеет гомологию с каким-либо участком идентифицированной последовательности, то указанный выходной файл будет представлять те области гомологии как выровненные последовательности. Если последовательность-мишень не имеет гомологию с каким-либо участком идентифицированной последовательности, то указанный выходной файл не будет представлять те области гомологии как выровненные последовательности. После выравнивания, определяют длину путем подсчета количества последовательных нуклеотидов из последовательности-мишени, представленной в выравнивании с последовательностью из идентифицированной последовательности, начиная с любого совпадающего положения и заканчивая любым другим совпадающим положением. Совпадающее положение представляет собой любое положение, в котором идентичный нуклеотид представлен как в последовательности-мишени, так и в идентифицированной последовательности. Гэпы, представленные в последовательности-мишени, не учитываются, поскольку гэпы не являются нуклеотидами. Аналогичным образом, гэпы, представленные в идентифицированной последовательности, не учитываются, поскольку учитываются нуклеотиды последовательности-мишени, а не нуклеотиды из идентифицированной последовательности. Процент идентичности по конкретной длине определяют путем подсчета количества совпадающих положений по этой длине и деления этого количества на длину, а затем умножения полученного значения на 100. Например, если (i) последовательность нуклеиновой кислоты-мишень с 500 основаниями сравнивают с рассматриваемой последовательностью нуклеиновой кислоты, (ii) программа B12seq представляет 200 оснований из последовательности-мишени, выровненной с областью рассматриваемой последовательности, где первое и последнее основания этой области из 200 оснований совпадают, и (iii) количество совпадений по этим 200 выровненным основаниям равно 180, то последовательность нуклеиновой кислоты-мишень с 500 основаниями имеет длину 200, а идентичность последовательностей по этой длине составляет 90% (то есть, $180 / 200 \times 100 = 90$). Следует понимать, что каждая из различных областей в пределах одиночной последовательности нуклеиновой кислоты-мишени, выровненной с идентифицированной последовательностью, может иметь свой собственный процент идентичности. Следует отметить, что значение процента идентичности округляют до ближайшей десятой доли. Например, 78,11, 78,12, 78,13 и

78,14 округляют до 78,1, а 78,15, 78,16, 78,17, 78,18 и 78,19 округляют до 78,2. Также следует отметить, что значение длины всегда будет целым числом.

Под термином «выделенная нуклеиновая кислота» следует понимать нуклеиновую кислоту, выделенную из ее природной или исходной среды. Данный термин также включает синтетически произведенную нуклеиновую кислоту. Термин «последовательность выделенной нуклеиновой кислоты» или «выделенная ДНК» относится к последовательности нуклеиновой кислоты, которая больше не находится в природной среде, из которой она была выделена, например, последовательность нуклеиновой кислоты в бактериальной клетке-хозяине или в ядерном, или пластидном геноме растения. При упоминании в настоящем документе термина «последовательность», подразумевается, что имеется в виду молекула, имеющая такую последовательность, например, молекула нуклеиновой кислоты. Термины «клетка-хозяин» или «рекомбинантная клетка-хозяин», или «трансформированная клетка» относятся к новой отдельной клетке (или организму), возникающей в результате введения в упомянутую клетку, по меньшей мере, одной молекулы нуклеиновой кислоты. Клетка-хозяин в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения представляют собой растительную клетку или бактериальную клетку. Клетка-хозяин может содержать нуклеиновую кислоту в виде экстрахромосомно (эписомально) реплицирующейся молекулы, или она содержит нуклеиновую кислоту, интегрированную в ядерный или пластидный геном клетки-хозяина, или в виде введенной хромосомы, например, мини-хромосомы.

Когда упоминается последовательность нуклеиновой кислоты (например, ДНК или геномная ДНК), имеющая «значительную степень идентичности последовательностей с» эталонной последовательностью или имеющая идентичность последовательностей, составляющую, по меньшей мере, 80%», например, по меньшей мере, 85%, 90%, 95%, 98%» или 99%» идентичность последовательностей нуклеиновой кислоты с эталонной последовательностью, то в одном варианте осуществления настоящего изобретения упомянутая нуклеотидная последовательность считается в значительной степени идентичной данной нуклеотидной последовательности и может быть идентифицирована с использованием жестких условий гибридизации. В другом варианте осуществления настоящего изобретения, последовательность нуклеиновой кислоты содержит, по меньшей мере, одну мутацию, по сравнению с данной нуклеотидной последовательностью, однако ее также можно идентифицировать с использованием жестких условий гибридизации. «Жесткие условия гибридизации» могут быть использованы для идентификации нуклеотидных последовательностей, которые в

значительно степени идентичны данной нуклеотидной последовательности. Жесткие условия зависят от последовательности, и в разных обстоятельствах они будут различными. Как правило, жесткие условия выбирают с учетом температуры, которая, должна быть, примерно, на 5° С ниже температуры плавления (T_m) для специфических последовательностей при определенной ионной силе и рН. T_m представляет собой температуру (при определенной ионной силе и рН), при которой 50% последовательности-мишени гибридизируются с идеально совпадающим зондом. Как правило, выбирают жесткие условия, при которых концентрация соли составляет, примерно, 0,02 моляра при рН 7 и температуре, составляющей, по меньшей мере, 60° С. Снижение концентрации соли и/или повышение температуры повышает жесткость. Жесткие условия гибридизации РНК-ДНК (Нозерн-блоты с использованием зонда, состоящего из, например, 100 нуклеотидов) представляют собой, например, такие условия, которые включают, по меньшей мере, одну промывку в 0,2 x SSC при 63° С в течение 20 минут или эквивалентные условия. Жесткие условия гибридизации ДНК-ДНК (Саузерн-блоты с использованием зонда, состоящего из, например, 100 нуклеотидов) представляют собой, например, такие условия, которые включают, по меньшей мере, одну промывку (обычно 2) в 0,2 x SSC при температуре, составляющей, по меньшей мере, 50° С, обычно, примерно, 55° С, в течение 20 мин или эквивалентные условия. См. также Сэмбрук и соавт. (1989) и Сэмбрук и Рассел (2001).

«Жесткие условия гибридизации» могут быть использованы для идентификации нуклеотидных последовательностей, которые в значительно степени идентичны данной нуклеотидной последовательности. Жесткие условия зависят от последовательности, и в разных обстоятельствах они будут различными. Как правило, жесткие условия выбирают с учетом температуры, которая, должна быть, примерно, на 5° С ниже температуры плавления (T_m) для специфических последовательностей при определенной ионной силе и рН. T_m представляет собой температуру (при определенной ионной силе и рН), при которой 50% последовательности-мишени гибридизируются с идеально совпадающим зондом. Как правило, выбирают жесткие условия, при которых концентрация соли составляет, примерно, 0,02 моляра при рН 7 и температуре, составляющей, по меньшей мере, 60° С. Снижение концентрации соли и/или повышение температуры повышает жесткость. Жесткие условия гибридизации РНК-ДНК (Нозерн-блоты с использованием зонда, состоящего из, например, 100 нуклеотидов) представляют собой, например, такие условия, которые включают, по меньшей мере, одну промывку в 0,2 x SSC при 63° С в течение 20 минут или эквивалентные условия. Жесткие условия гибридизации ДНК-ДНК (Саузерн-блоты с использованием зонда, состоящего из, например, 100 нуклеотидов)

представляют собой, например, такие условия, которые включают, по меньшей мере, одну промывку (обычно 2) в 0,2 x SSC при температуре, составляющей, по меньшей мере, 50° С, обычно, примерно, 55° С, в течение 20 мин или эквивалентные условия. См. также Сэмбрук и соавт. (1989) и Сэмбрук и Рассел (2001).

Термин «функциональный фрагмент» нуклеотидной последовательности, в контексте настоящего документа, означает сегмент нуклеотидной последовательности, который обладает функциональностью, идентичной или сопоставимой с целой нуклеотидной последовательностью, из которой происходит функциональный фрагмент. Как таковой, функциональный фрагмент может иметь нуклеотидную последовательность, идентичную или гомологичную целой нуклеотидной последовательности, по меньшей мере, на 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 94%, 96%, 97%, 98% или 99% по длине. Кроме того, термин «функциональный фрагмент» нуклеотидной последовательности также может означать сегмент нуклеотидной последовательности, который изменяет функциональность всей нуклеотидной последовательности, например, в ходе посттранскрипционного сайленсинга генов. Как таковой, функциональный фрагмент нуклеотидной последовательности может включать, по меньшей мере, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24 или 25, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 120 или 140, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 160, 180, 200, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 600, 700, 800, 900 или 1 000 последовательных нуклеотидов целой нуклеотидной последовательности.

Термин «функциональная часть» белка означает сегмент белка или участок аминокислотной последовательности, который кодирует белок, при этом, этот сегмент может проявлять функциональность, идентичную или сопоставимую с функциональностью всего белка в растительной клетке. Функциональная часть белка имеет по длине, по меньшей мере, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 92%, 94%, 96%, 97%, 98% или 99% идентичную или - при консервативных и полуконсервативных обменах аминокислот - сходную аминокислотную последовательность с последовательностью белка, из которого происходит функциональная часть.

В контексте настоящего документа, термин «CPL1» относится к фосфатазоподобному 1 домену с С-концом РНК-полимеразы II. В качестве примера, и без ограничения, CPL1, в контексте настоящего документа, может относиться к любому ортологу, гомологу, гомеологу или паралогу CPL1 *Arabidopsis thaliana* (Арабидопсис - Резуховидка Таля), представленному последовательностью белка, представленной SEQ ID

NO: 1, или к кодирующей последовательности/последовательности сДНК, представленной SEQ ID NO: 18.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение (или часть растения, или популяция) содержит более одного гена CPL1, которые могут быть гомеологичными или паралогичными, или как гомеологичными, так и паралогичными. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение (или часть растения, или популяция) содержит, по меньшей мере, два гена CPL1, которые могут быть гомеологичными или паралогичными, или как гомеологичными, так и паралогичными. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, различные гомеологи или паралоги CPL1 являются дифференциально экспрессируемыми. Дифференциальная экспрессия может повлечь за собой экспрессию в различных клетках, тканях или органах; экспрессию на различных стадиях роста; или и то, и другое.

В контексте настоящего документа, термин «ERF922» относится к фактору ответа на этилен 922, также известному как фактор ответа на этилен 922. В качестве примера, и без ограничения, ERF922, в контексте настоящего документа, может относиться к любому ортологу, гомологу, гомеологу или паралогу ERF922 *Oryza sativa*, представленному последовательностью белка, представленной SEQ ID NO: 36 или к кодирующей последовательности/последовательности сДНК, представленной SEQ ID NO: 51.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение (или часть растения, или популяция) содержит более одного гена ERF922, которые могут быть гомеологичными или паралогичными, или как гомеологичными, так и паралогичными. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение (или часть растения, или популяция) содержит, по меньшей мере, два гена ERF922, которые могут быть гомеологичными или паралогичными, или как гомеологичными, так и паралогичными.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, различные гомеологи или паралоги ERF922 являются дифференциально экспрессируемыми. Дифференциальная экспрессия может повлечь за собой экспрессию в различных клетках, тканях или органах; экспрессию на различных стадиях роста; или и то, и другое.

В некоторых вариантах осуществления способов, растений (или частей, или популяции), вариантов использования, полинуклеиновых кислот или полипептидов по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе, ген CPL1 и/или ERF922 является мутированным.

В некоторых вариантах осуществления способов, растений (или частей, или популяции), вариантов использования, полинуклеиновых кислот или полипептидов по

настоящему изобретению, как описано в настоящем документе, ген CPL1 и ERF922 является мутированным.

В некоторых вариантах осуществления способов, растений (или частей, или популяции), вариантов использования, полинуклеиновых кислот или полипептидов по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе, ген CPL1 является мутированным.

В некоторых вариантах осуществления способов, растений (или частей, или популяции), вариантов использования, полинуклеиновых кислот или полипептидов по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе, ген ERF922 является мутированным.

В некоторых вариантах осуществления способов, растений (или частей, или популяции), вариантов использования, полинуклеиновых кислот или полипептидов по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе, по меньшей мере два, например, два гена CPL1 и/или, по меньшей мере, два, например, два гена ERF922 являются мутированными. В некоторых вариантах осуществления способов, растений (или частей, или популяции), вариантов использования, полинуклеиновых кислот или полипептидов по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе, по меньшей мере два, например, два гена CPL1 и, по меньшей мере, два, например, два гена ERF922 являются мутированными. В некоторых вариантах осуществления способов, растений (или частей или популяции), вариантов использования, полинуклеиновых кислот или полипептидов по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе, по меньшей мере два, например, два гена CPL1 являются мутированными. В некоторых вариантах осуществления способов, растений (или частей или популяции), вариантов использования, полинуклеиновых кислот или полипептидов по настоящему изобретением, как описано в настоящем документе, по меньшей мере, два, например, два гена ERF922 являются мутированными.

Специалисту в данной области техники будет понятно, что продукт гена дикого типа или продукт немутированного гена представляет собой продукт функционального гена, имеющий (по существу) неизменную функциональность, например, ферментативную активность или транскрипционную активность, как определено в другом месте настоящего документа. Специалисту в данной области техники также будет понятно, что описанные выше вариации последовательностей для генов дикого типа не включают сдвиг рамки или нонсенс-мутации.

В контексте настоящего документа, мутированный CPL1 и/или ERF922, или мутация в CPL1, и/или ERF922 может содержать или может относиться к любому типу

мутации CPL1 и/или ERF922. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация изменяет экспрессию белка дикого типа или нативного белка CPL1, и/или ERF922, и/или мРНК. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация снижает или устраняет экспрессию белка (дикого типа или нативного) CPL1, и/или ERF922, и/или мРНК, как описано в другом месте настоящего документа. Мутации могут отрицательно влиять на транскрипцию и/или трансляцию. Мутации могут происходить в экзонах или интронах. Мутации могут происходить в регуляторных элементах, таких как промоторы, энхансеры, терминаторы, инсуляторы и так далее, а также в 5'- и/или 3'-кодирующих областях нетранслируемой области. Мутации могут происходить в кодирующих последовательностях. Мутации могут происходить в сайтах сигнала сплайсинга, таких как сайты донора сплайсинга или акцептора сплайсинга. Мутации могут представлять собой мутации сдвига рамки. Мутации могут представлять собой нонсенс-мутации. Мутации могут представлять собой точечные мутации. Мутации могут представлять собой инсерцию или делецию, по меньшей мере, одного нуклеотида внутри и/или на конце. Мутации могут представлять собой неконсервативные мутации (при которых, по меньшей мере, одна аминокислота дикого типа заменена, по меньшей мере, одной аминокислотой не дикого типа). Мутации могут приводить к образованию усеченного белка. Мутации могут отрицательно влиять или изменять функцию белка CPL1 и/или ERF922, например, ферментативную или транскрипционную активность. Мутации могут снижать или (по существу) устранять функцию белка CPL1 и/или ERF922, например, ферментативную активность или транскрипционную активность. Сниженная функция, например, сниженная ферментативная активность или транскрипционная активность, может означать снижение, примерно, по меньшей мере, на 10%, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 30%, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 50%, например, по меньшей мере, на 20%, 40%, 60%, 80% или более, например, по меньшей мере, на 85%, по меньшей мере, на 90%, по меньшей мере, на 95% или более. Устраненная (по существу) функция, например, устраненная (по существу) ферментативная активность или транскрипционная активность может относиться к снижению, по меньшей мере, на 80%, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 90%, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, на 95%. Мутации могут представлять собой доминантно-отрицательные мутации.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, только один аллель является мутированным (например, растение, часть растения или популяция

растений содержит только один мутантный аллель). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, несколько аллелей являются мутированными. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация является гомозиготной. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация является гетерозиготной. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, один или оба аллеля, по меньшей мере, одного паралогичного гена являются мутированными. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, один или оба аллеля, по меньшей мере, одного гомеологичного гена являются мутированными. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, один или оба аллеля, по меньшей мере, одного паралогичного и гомеологичного гена являются мутированными.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, доминантно-отрицательный CPL1 и/или ERF922 является экспрессированным в растении. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, доминантно-отрицательный CPL1 и/или ERF922 является экспрессированным в растении, при этом, доминантно-отрицательный белок получен из того же вида, что и вид, в котором он экспрессирован. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, доминантно-отрицательный CPL1 и/или ERF922 является экспрессированным в растении, при этом, доминантно-отрицательный белок получен из другого вида, отличного от вида, в котором он экспрессирован (то есть, получен из отолога).

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, эндогенный ген CPL1 и/или ERF922 является мутированным, что приводит к экспрессии доминантно-отрицательного белка. Если все аллели (всех гомеологов или паралогов) являются мутированными, то наличие такого доминантно-отрицательного белка может быть функционально эквивалентно нокауту. Если только часть аллелей являются мутированными, то наличие такого доминантно-отрицательного белка может быть функционально эквивалентно нокдауну. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, доминантно-отрицательный белок является гомозиготным. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, доминантно-отрицательный белок является гетерозиготным.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, доминантно-отрицательный CPL1 и/или ERF922 является экзогенным (то есть, рекомбинантным или трансгенным), хотя он может происходить из того же вида, что и вид, в который он введен.

В контексте настоящего документа, термин «активность CPL1» может относиться к ферментативной активности CPL1 или неферментативной активности CPL1. Термин

«имеющий сниженную активность CPL1», в контексте варианта CPL1, как описано выше в некоторых предпочтительных вариантах осуществления настоящего изобретения, относится к CPL1, ферментативная или неферментативная активность которого нарушена, в частности, снижена по сравнению с CPL1 дикого типа или нативным CPL1. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, (ферментативная) активность составляет не более 50% от активности CPL1 дикого типа, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения не более 40%, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения не более 30%, в еще более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения не более 20%, в самом предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения не более 10%, например, не более 5%. (Ферментативная) активность может быть измерена средствами, известными в данной области техники.

В контексте настоящего документа, термин «активность ERF922» может относиться к транскрипционной активности ERF922 или нетранскрипционной активности ERF922. Термин «имеющий сниженную активность ERF922», в контексте варианта ERF922, как описано выше, в некоторых предпочтительных вариантах осуществления настоящего изобретения относится к ERF922, транскрипционная или нетранскрипционная активность которого нарушена, в частности, снижена, по сравнению с ERF922 дикого типа или нативным ERF922. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, (транскрипционная) активность составляет не более 50% от активности ERF922 дикого типа, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения не более 40%, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения не более 30%, в еще более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения не более 20%, в самом предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения не более 10%, например, не более 5%. (Транскрипционная) активность может быть измерена средствами, известными в данной области техники.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация CPL1 и/или ERF922 представляет собой инсерцию, по меньшей мере, одного нуклеотида в кодирующей последовательности. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация CPL1 и/или ERF922 является нонсенс-мутацией. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация CPL1 и/или ERF922 приводит к сниженной экспрессии гена CPL1, и/или ERF922. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация CPL1 и/или ERF922 приводит к нокауту гена CPL1, и/или ERF922, или к нокауту mРНК, и/или белка CPL1, и/или ERF922. В некоторых

вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация приводит к сдвигу рамки кодирующей последовательности CPL1 и/или ERF922. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация приводит к измененной последовательности белка, кодируемой геном CPL1 и/или ERF922.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация CPL1 и/или ERF922 представляет собой инсерцию, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения в экзоне, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения инсерцию в первом экзоне, по меньшей мере, одного нуклеотида, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения инсерцию сдвига рамки.

Экспрессия мРНК и/или белка CPL1, и/или ERF922 может быть снижена, или устранена посредством мутации самого гена CPL1, и/или ERF922 (включая кодирующий, некодирующий и регуляторный элемент). Способы введения мутаций описаны в другом месте настоящего документа. В альтернативном варианте осуществления настоящего изобретения, экспрессия мРНК и/или белка CPL1, и/или ERF922 может быть снижена или устранена посредством (специфическим образом) вмешательства в транскрипцию и/или трансляцию, например, для понижения или устранения транскрипции, или трансляции мРНК и/или белка. В альтернативном варианте осуществления настоящего изобретения, экспрессия мРНК и/или белка CPL1, и/или ERF922 может быть снижена или устранена посредством (специфическим образом) вмешательства в стабильность мРНК и/или белка, например, для снижения стабильности мРНК и/или белка. Например, мРНК (стабильность) может быть уменьшена посредством РНКi, как описано в другом месте настоящего документа. Также можно использовать miРНК для оказания отрицательного влияния на мРНК (стабильность). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, сниженная экспрессия CPL1 и/или ERF922, которая достигается посредством снижения стабильности мРНК или белка, также охватывается термином «мутированный» CPL1 и/или ERF922. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, сниженная экспрессия CPL1 и/или ERF922, которая достигается посредством снижения стабильности мРНК или белка, не охватывается термином «мутированный» CPL1 и/или ERF922.

В контексте настоящего документа, термин «мутация» относится к модификации на уровне ДНК и включает изменения в генетике и/или эпигенетике. Изменение в генетике может включать инсерцию, делецию, введение стоп-кодона, изменение основания (например, транзицию или трансверсию) или изменение в границах сплайсинга. Эти изменения могут возникать в кодирующих или некодирующих областях (например, в

промоторных областях, экзонах, интронах или границах сплайсинга) эндогенной последовательности ДНК. Например, изменением в генетике может заключаться в обмене, по меньшей мере, одного основания нуклеотида в эндогенной последовательности ДНК или в регуляторной последовательности эндогенной последовательности ДНК. Если такой обмен основания нуклеотида происходит, например, в промоторе, то это может привести к изменению активности промотора, поскольку, например, цис-регуляторные элементы модифицируются таким образом, что аффинность фактора транскрипции для мутированных цис-регуляторных элементов, по сравнению с промотором дикого типа, изменяется таким образом, что активность промотора с мутированными цис-регуляторными элементами повышается или снижается, в зависимости от того, является ли фактор транскрипции репрессором или индуктором, или от того, усиливается или ослабляется аффинность фактора транскрипции для мутированных цис-регуляторных элементов. Если такой обмен основания нуклеотида происходит, например, в кодирующей области эндогенной последовательности ДНК, то это может привести к обмену аминокислот в кодируемом белке, что может привести к изменению активности или стабильности белка, по сравнению с белком дикого типа. Изменения в эпигенетике могут происходить посредством изменения паттерна метилирования ДНК.

Мутагенез может быть проведен в соответствии с любым из методов, известных в данной области техники. В контексте настоящего документа, термин «мутагенизация» или «мутагенез» включает как обычный мутагенез, так и мутагенез, специфический для места расположения или «редактирование генома», или «редактирование генов». При обычном мутагенезе, модификация на уровне ДНК не производится целенаправленным образом. Растительная клетка или растение подвергается воздействию мутагенных условий, например, TILLING, посредством облучения ультрафиолетовым светом или использования химических веществ (Тилл и соавт., 2004). Дополнительным способом осуществления случайного мутагенеза является осуществление мутагенеза с помощью транспозона. Мутагенез, специфический для места расположения, позволяет вводить модификацию на уровне ДНК целенаправленным образом в заранее определенных местах в ДНК. Например, для этого могут быть использованы TALENS, мегануклеазы, хоминг-эндонуклеазы, цинк-пальцевые нуклеазы или система CRISPR/Cas, как описано далее в настоящем документе.

В контексте настоящего документа, термины «интрогрессия», «интрогрессированный» и «интрогрессирование» относятся как к естественному, так и к искусственному процессу, благодаря которому хромосомные фрагменты или гены одного вида, разновидности или сорта перемещают в геном другого вида, разновидности или

сорта путем скрещивания этих видов. Этот процесс необязательно может быть завершён обратным скрещиванием с рекуррентным родителем. Например, интрогрессия желаемого аллеля в указанном локусе может быть передана, по меньшей мере, одному потомству посредством полового скрещивания между двумя родителями одного и того же вида, где, по меньшей мере, один из родителей имеет в своем геноме желаемый аллель. В альтернативном варианте осуществления настоящего изобретения, например, передача аллеля может происходить путем рекомбинации между двумя донорскими геномами, например, в слитом протопласте, где, по меньшей мере, один из донорских протопластов имеет в своем геноме желаемый аллель. Желаемый аллель может быть определен, например, маркером, который ассоциирован с фенотипом, в локусе количественных признаков (QTL), трансгене или тому подобном. В любом случае, потомство, содержащее желаемый аллель, может быть повторно обратно скрещено с линией, имеющей желаемый генетический фон, и отобрано для желаемого аллеля для получения аллеля, фиксируемого в выбранном генетическом фоне. Процесс «интрогрессирования» зачастую называют «обратным скрещиванием», когда процесс повторяется, по меньшей мере, два раза. Термин «фрагмент интрогрессии» или «сегмент интрогрессии», или «область интрогрессии» относится к хромосомному фрагменту (либо к части хромосомы, или области), который был введен в другое растение одного и того же или родственного вида либо искусственным, либо естественным путем, например, путем скрещивания или традиционными методами селекции, такими как обратное скрещивание, то есть, интрогрессированный фрагмент является результатом способов селекции, обозначаемых глаголом «интрогрессировать» (например, обратное скрещивание). Следует понимать, что термин «фрагмент интрогрессии» никогда не включает целую хромосому, а только часть хромосомы. Фрагмент интрогрессии может быть большим, например, он может составлять даже три четверти или половину хромосомы, но в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения он составляет менее, например, примерно, 15 Мб (мегабаз) или менее, например, примерно, 10 Мб или менее, примерно, 9 Мб или менее, примерно, 8 Мб или менее, примерно, 7 Мб или менее, примерно, 6 Мб или менее, примерно, 5 Мб или менее, примерно, 4 Мб или меньше, примерно, 3 Мб или менее, примерно, 2,5 Мб или 2 Мб, или менее, примерно, 1 Мб (равно 1 000 000 пар оснований) или менее, или, примерно, 0,5 Мб (равно 500 000 пар оснований) или менее, например, примерно, 200 000 пар оснований (равно 200 тысяч пар оснований) или менее, примерно, 100 000 пар оснований (100 тысяч пар оснований) или менее, или, примерно, 50 000 пар оснований (50 тысяч пар оснований) или менее, примерно, 25 000 пар оснований (25 тысяч пар оснований) или менее.

Термин «локус» (локусы - множественное число) означает определенное место или места, или сайт на хромосоме, где обнаружен, например, QTL, ген или генетический маркер. В контексте настоящего документа, термин «локус количественных признаков», или «QTL», используется в своем обычном значении, известном в данной области техники. Посредством дополнительных разъяснений, и без ограничения, QTL может относиться к области ДНК, которая ассоциирована с дифференциальной экспрессией количественного фенотипического признака, по меньшей мере, в одном генетическом фоне, например, по меньшей мере, в одной популяции, полученной в результате селекции. Область QTL охватывает или тесно сцеплена с геном или генами, которые оказывают отрицательное влияние на рассматриваемый признак. «Аллель QTL» может содержать несколько генов или других генетических факторов в пределах области функционально сцепленных генов или группы сцепления, такой как гаплотип. Аллель QTL может означать гаплотип в пределах указанного окна, при этом, указанное окно представляет собой область функционально сцепленных генов, которую можно определить и отследить с помощью набора из, по меньшей мере, одного полиморфного маркера. Гаплотип можно определить по уникальному отпечатку аллелей на каждом маркере в указанном окне. QTL может кодировать, по меньшей мере, один аллель, который оказывает отрицательное влияние на экспрессивность функционально распределенного (количественного) фенотипа. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, QTL, как описано в настоящем документе, может быть гомозиготным. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, QTL, как описано в настоящем документе, может быть гетерозиготным.

В контексте настоящего документа, термин «аллель» или «аллели» относится, по меньшей мере, к одной альтернативной форме, то есть, к другой нуклеотидной последовательности, локуса.

В контексте настоящего документа, термин «мутантные аллели» или «мутация» аллелей включает аллели, имеющие, по меньшей мере, одну мутацию, такую как инсерция, делеция, стоп-кодон, замена основания (например, транзиция или трансверсия), или изменение в границах сплайсинга, которое может или не может привести к появлению измененных продуктов гена. Модификации в аллелях могут возникать в кодирующих или некодирующих областях (например, в промоторных областях, экзонах, интронах или в границах сплайсинга).

Считается, что генетический элемент, фрагмент интрогрессии или ген, или аллель, придающий признак (например, повышенную толерантность или устойчивость к патогенам), может быть «получен от», или его можно «получить от», или он может быть

«произведен из», или его можно «произвести из», или «присутствующий в», или «обнаруженный в» растении или части растения, как описано в другом месте настоящего документа, если его можно перенести из растения, в котором он присутствует, в другое растение, в котором он не присутствует (например, линия или сорт), используя традиционные методы селекции, не приводящие к фенотипическому изменению растения-реципиента, за исключением добавления признака, который был придан генетическим элементом, локусом, фрагментом интрогрессии, геном или аллелем. Термины используются взаимозаменяемо, и, таким образом, генетический элемент, локус, фрагмент интрогрессии, ген или аллель может быть перенесен в любой другой генетический фон, лишенный этого признака. Могут быть использованы не только растения, содержащие генетический элемент, локус, фрагмент интрогрессии, ген или аллель, но также и потомство/потомки, полученные от таких растений, которые были отобраны для сохранения генетического элемента, локуса, фрагмента интрогрессии, гена или аллеля, которые могут быть использованы и охватываются настоящим документом. Специалист в данной области техники сможет определить содержит ли растение (или геномная ДНК, клетка или ткань растения) один и тот же генетический элемент, локус, фрагмент интрогрессии, ген или аллель, который можно получить от такого растения, с использованием, по меньшей мере, одного метода, известного в данной области техники, например, с помощью фенотипических количественных анализов, полногеномного секвенирования, анализа с использованием молекулярных маркеров, картирования признаков, «рописи» хромосомы, испытаний на аллелизм и тому подобного, или комбинации методов. Следует понимать, что могут быть охвачены также и трансгенные растения.

В контексте настоящего документа, термины «генная инженерия», «трансформация» и «генетическая модификация» все используются как синонимы переноса выделенных и клонированных генов в ДНК, обычно в хромосомную ДНК или геном, другого организма.

Термины «трансгенные» или «генетически модифицированные организмы» (ГМО), в контексте настоящего документа, представляют собой организмы, генетический материал которых был изменен с использованием методов, обычно известных как «технология рекомбинантной ДНК». Технология рекомбинантной ДНК охватывает способность объединять молекулы ДНК из разных источников в одну молекулу *ex vivo* (например, в пробирке). Эта терминология, как правило, не охватывает организмы, генетическая композиция которых была изменена посредством обычного кроссбридинга или «мутационной» селекции, поскольку эти способы предшествуют открытию методов

рекомбинантной ДНК. Термин «нетрансгенный», в контексте настоящего документа, относится к растениям и пищевым продуктам, полученным от растений, которые не являются «трансгенными» или «генетически модифицированными организмами», как определено выше.

Термин «трансген» или «химерный ген» относится к генетическому локусу, содержащему последовательность ДНК, например, рекомбинантный ген, который был введен в геном растения посредством трансформации, например, *Agrobacterium*-опосредованной трансформации. Растение, содержащее трансген, стабильно интегрированный в его геном, называется «трансгенным растением».

Термин «редактирование генов» или «редактирование генома» относится к генной инженерии, при которой ДНК или РНК вставляют, удаляют, модифицируют или заменяют в геноме живого организма. Редактирование генов может содержать целенаправленный или нецеленаправленный (случайный) мутагенез. Целенаправленный мутагенез может быть осуществлен, например, с помощью дизайнерских нуклеаз, таких как мегануклеазы, цинк-пальцевые нуклеазы (ZFN), эффекторные нуклеазы, подобные активаторам транскрипции (TALEN), и системы кластеризованных регулярных промежуточных коротких палиндромных повторов (CRISPR/Cas9). Эти нуклеазы создают сайт-специфические двухцепочечные разрывы (DSB) в желаемых местах в геноме. Индуцированные двухцепочечные разрывы репарируются посредством негомологичного соединения концов (NHEJ) или гомологичной рекомбинации (HR), что приводит к целенаправленным мутациям или к модификациям нуклеиновой кислоты. Использование дизайнерских нуклеаз особенно подходит для создания нокаутов или нокадаунов генов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, разработаны дизайнерские нуклеазы, которые специфическим образом индуцируют мутацию в гене CPL1 и/или ERF922, как описано в другом месте настоящего документа, например, для создания мутированного CPL1 и/или ERF922, или нокаута гена CPL1, и/или ERF922. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, разработаны дизайнерские нуклеазы, в частности, РНК-специфические системы CRISPR/Cas, которые специфическим образом нацелены на мРНК CPL1 и/или ERF922, например, для расщепления мРНК CPL1 и/или ERF922, и создания нокадауна гена/мРНК/белка CPL1, и/или ERF922. Системы доставки и экспрессии систем дизайнерских нуклеаз хорошо известны в данной области техники.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, нуклеаза или целенаправленная/сайт-специфическая/хoming-нуклеаза является, содержит, состоит по существу или состоит из (модифицированной) системы или комплекса CRISPR/Cas, (модифицированного) белка Cas, (модифицированного) цинкового пальца,

(модифицированной) цинк-пальцевой нуклеазы (ZFN), (модифицированного) эффектора, подобного факторам транскрипции (TALE), (модифицированной) эффекторной нуклеазы, подобной факторам транскрипции (TALEN) или из (модифицированной) мегануклеазы. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, упомянутая (модифицированная) нуклеаза или целенаправленная/сайт-специфическая/хоминг-нуклеаза является, содержит, состоит по существу или состоит из (модифицированной) РНК-направляемой нуклеазы. Следует понимать, что в некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, нуклеазы могут быть кодон-оптимизированными для экспрессии в растениях. В контексте настоящего документа, термин «нацеливание» выбранной последовательности нуклеиновой кислоты означает, что нуклеаза или комплекс нуклеаз действует специфическим для нуклеотидной последовательности образом. Например, в контексте системы CRISPR/Cas, направляющая РНК способна к гибридизации с выбранной последовательностью нуклеиновой кислоты. В контексте настоящего документа, термин «гибридизация» или «гибридирующийся» относится к реакции, в которой, по меньшей мере, один полинуклеотид вступает в реакцию с образованием комплекса, который стабилизируется посредством водородной связи между основаниями нуклеотидных остатков. Водородная связь может осуществляться посредством спаривания оснований по Уотсону-Крику, связывания по Хугстину или любым другим специфическим для последовательности образом. Комплекс может содержать две цепи, образующие дуплексную структуру, по меньшей мере, три цепи, образующие мультицепочечный комплекс, одиночную самогибридирующуюся цепь или любую их комбинацию. Гибридизация представляет собой процесс, при котором молекула одноцепочечной нуклеиновой кислоты присоединяется к комплементарной цепи нуклеиновой кислоты, то есть, согласуется с этим спариванием оснований. Стандартные процедуры гибридизации описаны, например, в работе Сэмбрук и соавт. (Молекулярное клонирование. Инструкция по проведению лабораторных работ, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 3-е издание, 2001). В предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, это будет означать, что, по меньшей мере, 50%, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80% или 85%, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% или 99% оснований цепи нуклеиновой кислоты образуют пары оснований с комплементарной цепью нуклеиновой кислоты. Реакция гибридизации может представлять собой этап более обширного процесса, такого как инициация PGR или

расщепление полинуклеотида ферментом. Последовательность, способная к гибридизации с данной последовательностью, называется «комплементом» данной последовательности.

Редактирование генов может включать транзientную, индуцибельную или конститутивную экспрессию компонентов или систем редактирования генов. Редактирование генов может включать геномную интеграцию или эписомальное присутствие компонентов, или систем редактирования генов. Системы или компоненты редактирования генов могут быть предложены на векторах, таких как плазмиды, которые можно доставлять соответствующими средствами доставки, известными в данной области техники. Предпочтительными векторами являются экспрессионные векторы.

Для редактирования генов могут быть предложены рекомбинационные матрицы для осуществления гомологически направленной репарации (HDR). Например, генетический элемент может быть заменен посредством редактирования гена, в котором предложена рекомбинационная матрица. ДНК может быть разрезана выше и ниже последовательности, которая должна быть заменена. Таким образом, последовательность, подлежащую замене, вырезают из ДНК. Затем, посредством HDR (репарация, направляемая гомологией), вырезанную последовательность заменяют матрицей. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе, может быть предложен на/в качестве матрицы. При конструировании системы таким образом, что двухцепочечные разрывы вводятся выше и ниже соответствующей области в геноме растения, не содержащего аллель QTL, эту область вырезают, и она может быть заменена матрицей, содержащей аллель QTL по настоящему изобретению. Таким образом, введение в растение аллеля QTL по настоящему изобретению не обязательно должно включать множественное обратное скрещивание, в частности, у растения со специфическим генетическим фоном. Аналогичным образом, мутированный CPL1 и/или ERF922 по настоящему изобретению может быть предложен на/в качестве матрицы. Однако большим преимуществом обладает вариант осуществления настоящего изобретения, в котором мутированный CPL1 и/или ERF922 может быть создан без использования рекомбинационной матрицы, а исключительно посредством действия эндонуклеазы, приводящего к разрыву двухцепочечной ДНК, который репарируется посредством NHEJ, что приводит к созданию инделей.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, модификация или мутация нуклеиновой кислоты осуществляется посредством (модифицированной) системы эффекторных нуклеаз, подобных активаторам транскрипции (TALEN). Эффекторы, подобные активаторам транскрипции (TALE), могут быть сконструированы

для связывания практически любой желаемой последовательности ДНК. Примерные способы редактирования генома с использованием системы TALEN можно найти, например, в работе Чермак Т., Дойл Э.Л. Кристиан М., Ван Л., Чжан Ю., Шмидт С. и соавт. Эффективный дизайн и сборка специально созданных TALEN и других конструкций на основе эффекторов TAL для нацеливания на ДНК. *Nucleic Acids Res.* 2011;39:e82; Чжан Ф., Конг Л., Лодато С., Косури С., Чёрч Г.М. Арлотта П. Эффективная конструкция сиквенс-специфических эффекторов TAL для модуляции транскрипции у млекопитающих. *Nat Biotechnol.* 2011;29:149–153 и в патентах США №№: 8,450,471, 8,440,431 и 8,440,432, и все они определенным образом включены в настоящий документ посредством ссылки. Посредством дополнительных разъяснений, и без ограничения, TALE природного происхождения или «TALE дикого типа» представляют собой белки, связывающие нуклеиновые кислоты, секретируемые многочисленными видами протеобактерий. Полипептиды TALE содержат домен, связывающий нуклеиновые кислоты, который состоит из tandemных повторов высококонсервативных мономерных полипептидов, которые преимущественно имеют длину 33, 34 или 35 аминокислот и отличаются друг от друга, в основном, положениями аминокислот 12 и 13. В преимущественных вариантах осуществления настоящего изобретения, нуклеиновая кислота представляет собой ДНК. В контексте настоящего документа, термин «мономеры полипептидов» или «мономеры TALE» будет использоваться для обозначения высококонсервативных повторяющихся полипептидных последовательностей, находящихся в пределах домена, связывающего нуклеиновые кислоты TALE, а термин «повторяющиеся вариабельные ди-остатки» или «RVD» будет использоваться для обозначения высоковариабельных аминокислот в положениях 12 и 13 мономеров полипептидов. Как предложено в настоящем изобретении, аминокислотные остатки RVD представлены с использованием однобуквенного кода IUPAC для аминокислот. Общее представление мономера TALE, который содержится в ДНК-связывающем домене, выглядит следующим образом: X1-11-(X12X13)-X14-33 или 34, или 35, где нижний индекс указывает на положение аминокислоты, а X представляет любую аминокислоту. X12X13 указывают на RVD. В некоторых мономерах полипептидов, вариабельной аминокислоты в положении 13 нет, или она отсутствует, и в таких мономерах полипептидов RVD состоит из одиночной аминокислоты. В таких случаях, RVD может быть альтернативно представлена как X*, где X представляет X12, а (*) указывает на то, что X13 отсутствует. ДНК-связывающий домен содержит несколько повторов мономеров TALE, и это может быть представлено как (X1-11-(X12X13)-X14-33 или 34, или 35)_z, где, в преимущественном варианте осуществления настоящего изобретения, z составляет, по

меньшей мере, 5-40. В другом преимущественном варианте осуществления настоящего изобретения, z составляет, по меньшей мере, 10-26. Мономеры TALE обладают аффинностью связывания нуклеотидов, которая определяется по идентичности аминокислот в своих RVD. Например, мономеры полипептидов с RVD NI в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения связываются с аденином (A), мономеры полипептидов с RVD NG в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения связываются с тиминем (T), мономеры полипептидов с RVD HD в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения связываются с цитозином (C), а мономеры полипептидов с RVD NN в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения связываются как с аденином (A), так и с гуанином (G). В еще одном варианте осуществления настоящего изобретения, мономеры полипептидов с RVD IG в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения связываются с T. Таким образом, количество и порядок повторов мономеров полипептидов в домене TALE, связывающем нуклеиновые кислоты, определяет целенаправленную специфичность его нуклеиновых кислот. Кроме того, в других вариантах осуществления настоящего изобретения, мономеры полипептидов с RVD NS распознают все четыре пары оснований и могут связываться с A, T, G или C. Структура и функция TALE описаны ниже, например, в работах Моску и соавт., *Science* 326:1501 (2009); Бох и соавт., *Science* 326:1509-1512 (2009); и Чжан и соавт., *Nature Biotechnology* 29:149-153 (2011), каждая из которых включена в настоящий документ посредством ссылки в полном объеме.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, модификация или мутация нуклеиновой кислоты осуществляется посредством системы (модифицированных) цинк-пальцевых нуклеаз (ZFN). В системе ZFN используются искусственные рестрикционные ферменты, сгенерированные путем слияния цинк-пальцевого ДНК-связывающего домена с ДНК-расщепляющим доменом, который может быть сконструирован для нацеливания на желаемые последовательности ДНК. Примерные способы редактирования генома с использованием цинк-пальцевых нуклеаз можно найти, например, в патентах США №№: 6,534,261, 6,607,882, 6,746,838, 6,794,136, 6,824,978, 6,866,997, 6,933,113, 6,979,539, 7,013,219, 7,030,215, 7,220,719, 7,241,573, 7,241,574, 7,585,849, 7,595,376, 6,903,185 и 6,479,626, и все они определенным образом включены в настоящий документ посредством ссылки. Посредством дополнительных разъяснений, и без ограничения, технология искусственного цинкового пальца (ZF) включает массивы модулей ZF для нацеливания на новые ДНК-связывающие сайты в геноме. Модуль каждого пальца в массиве ZF нацелен на три основания ДНК. Специально

созданный массив отдельных цинк-пальцевых доменов собран в белок ZF (ZFP). ZFP может содержать функциональный домен. Первые синтетические цинк-пальцевые нуклеазы (ZFN) были разработаны путем слияния белка ZF с каталитическим доменом рестрикционного фермента типа IIS FokI. (Ким, Ю.Г. и соавт., 1994, Химерная рестрикционная эндонуклеаза, Proc. Natl. Acad. Sci. США 91, 883–887; Ким, Ю.Г. и соавт., 1996, Гибридные рестрикционные ферменты: слияния цинковых пальцев с доменом расщепления Fok I. Proc. Natl. Acad. Sci. США 93, 1156–1160). Специфичность усиленного расщепления может быть достигнута с пониженной нецеленаправленной активностью посредством использования парных гетеродимеров ZFN, каждый из которых нацелен на разные нуклеотидные последовательности, разделенные коротким спейсером. (Дойон, Ю. и соавт., 2011, Повышение активности цинк-пальцевой нуклеазы с улучшенной облигатной гетеродимерной архитектурой. Nat. Methods 8, 74–79). ZFP также могут быть сконструированы как активаторы и репрессоры транскрипции, и их использовали для нацеливания на многие гены у самых разных организмов.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, модификация нуклеиновой кислоты осуществляется посредством (модифицированной) мегануклеазы, которая представляет собой эндодезоксирибонуклеазы, характеризующиеся большим сайтом распознавания (последовательностей двухцепочечной ДНК из 12-40 пар оснований). Примерный способ использования мегануклеаз можно найти в патентах США №№: 8,163,514; 8,133,697; 8,021,867; 8,119,361; 8,119,381; 8,124,369; и 8,129,134, которые определенным образом включены в настоящий документ посредством ссылки.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, модификация нуклеиновой кислоты осуществляется посредством (модифицированного) комплекса или системы CRISPR/Cas. Что касается общей информации о системах CRISPR/Cas, их компонентах и доставке таких компонентов, включая способы, материалы, средства доставки, векторы, частицы, а также информации о их получении и использовании, в том числе о количестве и составах, а также о Cas9CRISPR/Cas-экспрессирующих эукариотических клетках, Cas-9CRISPR/Cas-экспрессирующих эукариотах, то приведена ссылка на: патенты США №№: 8,999,641, 8,993,233, 8,697,359, 8,771,945, 8,795,965, 8,865,406, 8,871,445, 8,889,356, 8,889,418, 8,895,308, 8,906,616, 8,932,814, 8,945,839, 8,993,233 и 8,999,641; патентные публикации США US 2014-0310830 (Регистрационный номер заявки США 14/105,031), US 2014-0287938 A1 (Регистрационный номер заявки США 14/213,991), US 2014-0273234 A1 (Регистрационный номер заявки США 14/293,674), US2014-0273232 A1 (Регистрационный номер заявки США 14/290,575), US 2014-0273231 A1 (Регистрационный номер заявки США 14/259,420), US 2014-0256046 A1

(Регистрационный номер заявки США 14/226,274), US 2014-0248702 A1
(Регистрационный номер заявки США 14/258,458), US 2014-0242700 A1
(Регистрационный номер заявки США 14/222,930), US 2014-0242699 A1
(Регистрационный номер заявки США 14/183,512), US 2014-0242664 A1
(Регистрационный номер заявки США 14/104,990), US 2014-0234972 A1
(Регистрационный номер заявки США 14/183,471), US 2014-0227787 A1
(Регистрационный номер заявки США 14/256,912), US 2014-0189896 A1
(Регистрационный номер заявки США 14/105,035), US 2014-0186958 A1
(Регистрационный номер заявки США 14/105,017), US 2014-0186919 A1
(Регистрационный номер заявки США 14/104,977), US 2014-0186843 A1
(Регистрационный номер заявки США 14/104,900), US 2014-0179770 A1
(Регистрационный номер заявки США 14/104,837), US 2014-0179006 A1
(Регистрационный номер заявки США 14/183,486), US 2014-0170753 (Регистрационный номер заявки США 14/183,429); US 2015-0184139 (Регистрационный номер заявки США 14/324,960); 14/054,414 Европейские патентные заявки EP 2 771 468 (EP13818570.7), EP 2 764 103 (EP13824232.6) и EP 2 784 162 (EP14170383.5); и Патентные публикации PCT WO 2014/093661 (PCT/US2013/074743), WO 2014/093694 (PCT/US2013/074790), WO 2014/093595 (PCT/US2013/074611), WO 2014/093718 (PCT/US2013/074825), WO 2014/093709 (PCT/US2013/074812), WO 2014/093622 (PCT/US2013/074667), WO 2014/093635 (PCT/US2013/074691), WO 2014/093655 (PCT/US2013/074736), WO 2014/093712 (PCT/US2013/074819), WO 2014/093701 (PCT/US2013/074800), WO 2014/018423 (PCT/US2013/051418), WO 2014/204723 (PCT/US2014/041790), WO 2014/204724 (PCT/US2014/041800), WO 2014/204725 (PCT/US2014/041803), WO 2014/204726 (PCT/US2014/041804), WO 2014/204727 (PCT/US2014/041806), WO 2014/204728 (PCT/US2014/041808), WO 2014/204729 (PCT/US2014/041809), WO 2015/089351 (PCT/US2014/069897), WO 2015/089354 (PCT/US2014/069902), WO 2015/089364 (PCT/US2014/069925), WO 2015/089427 (PCT/US2014/070068), WO 2015/089462 (PCT/US2014/070127), WO 2015/089419 (PCT/US2014/070057), WO 2015/089465 (PCT/US2014/070135), WO 2015/089486 (PCT/US2014/070175), PCT/US2015/051691, PCT/US2015/051830. Также приведена ссылка на предварительные патентные заявки США 61/758,468; 61/802,174; 61/806,375; 61/814,263; 61/819,803 и 61/828,130, поданные 30 января 2013 года; 15 марта 2013 года; 28 марта 2013 года; 20 апреля 2013 года; 6 мая 2013 года и 28 мая 2013 года, соответственно. Также приведена ссылка на предварительную патентную заявку США 61/836,123, поданную 17 июня 2013 года. Дополнительно приведена ссылка на предварительные патентные заявки США

61/835,931, 61/835,936, 61/835,973, 61/836,080, 61/836,101 и 61/836,127, каждая из которых подана 17 июня 2013 года. Приведена еще одна ссылка на предварительные патентные заявки США 61/862,468 и 61/862,355, поданные 5 августа 2013 года; 61/871,301, поданную 28 августа 2013 года; 61/960,777, поданную 25 сентября 2013 года и 61/961,980, поданную 28 октября 2013 года. Также приведена ссылка на: PCT/US2014/62558, поданную 28 октября 2014 года, и предварительные патентные заявки США, регистрационные номера: 61/915,148, 61/915,150, 61/915,153, 61/915,203, 61/915,251, 61/915,301, 61/915,267, 61/915,260 и 61/915,397, каждая из которых подана 12 декабря 2013 года; 61/757,972 и 61/768,959, поданные 29 января 2013 года и 25 февраля 2013 года; 62/010,888 и 62/010,879, обе поданы 11 июня 2014 года; 62/010,329, 62/010,439 и 62/010,441, каждая из которых подана 10 июня 2014 года; 61/939,228 и 61/939,242, каждая из которых подана 12 февраля 2014 года; 61/980,012, поданную 15 апреля 2014 года; 62/038,358, поданную 17 августа 2014 года; 62/055,484, 62/055,460 и 62/055,487, каждая из которых подана 25 сентября 2014 года; и 62/069,243, поданную 27 октября 2014 года. Приведена ссылка на заявку PCT, в которой указаны, в частности, США, на заявку № PCT/US14/41806, поданную 10 июня 2014 года. Приведена ссылка на предварительную патентную заявку США 61/930,214, поданную 22 января 2014 года. Приведена ссылка на заявку PCT, в которой указаны, в частности, США, на заявку № PCT/US14/41806, поданную 10 июня 2014 года. Также упоминается заявка США 62/180,709, поданная 17 июня 2015 года, ЗАЩИЩЕННЫЕ НАПРАВЛЯЮЩИЕ РНК (PGRNA); заявка США 62/091,455, поданная 12 декабря 2014 года, ЗАЩИЩЕННЫЕ НАПРАВЛЯЮЩИЕ РНК (PGRNA); заявка США 62/096,708, поданная 24 декабря 2014 года, ЗАЩИЩЕННЫЕ НАПРАВЛЯЮЩИЕ РНК (PGRNA); заявки США 62/091,462, поданная 12 декабря 2014 года, 62/096,324, поданная 23 декабря 2014 года, 62/180,681, поданная 17 июня 2015 года, и 62/237,496, поданная 5 октября 2015 года, НЕАКТИВНЫЕ НАПРАВЛЯЮЩИЕ ДЛЯ ФАКТОРОВ ТРАНСКРИПЦИИ CRISPR; заявка США 62/091,456, поданная 12 декабря 2014 года, и 62/180,692, поданная 17 июня 2015 года, СОПРОВОЖДАЕМЫЕ И ФУНКЦИОНАЛИЗИРОВАННЫЕ НАПРАВЛЯЮЩИЕ ДЛЯ СИСТЕМ CRISPR-CAS; заявка США 62/091,461, поданная 12 декабря 2014 года, ДОСТАВКА, ИСПОЛЬЗОВАНИЕ И ТЕРАПЕВТИЧЕСКОЕ ПРИМЕНЕНИЕ СИСТЕМ И КОМПОЗИЦИЙ CRISPR-CAS ДЛЯ РЕДАКТИРОВАНИЯ ГЕНОМА В ОТНОШЕНИИ ГЕМОПОЭТИЧЕСКИХ СТВОЛОВЫХ КЛЕТОК (HSC); заявка США 62/094,903, поданная 19 декабря 2014 года, ОБЪЕКТИВНАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ ДВУХЦЕПОЧЕЧНЫХ РАЗРЫВОВ И ГЕНОМНАЯ ПЕРЕСТРОЙКА ПОСРЕДСТВОМ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ЗАХВАЧЕННОЙ ИНСЕРЦИИ; заявка США 62/096,761, поданная 24 декабря 2014 года, РАЗРАБОТКА

СИСТЕМ, СПОСОБОВ И ОПТИМИЗИРОВАННЫХ ФЕРМЕНТОВ, И НАПРАВЛЯЮЩИХ КАРКАСОВ ДЛЯ МАНИПУЛЯЦИИ С ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬЮ; заявка США 62/098,059, поданная 30 декабря 2014 года, 62/181,641, поданная 18 июня 2015 года, и 62/181,667, поданная 18 июня 2015 года, СИСТЕМА НАЦЕЛИВАНИЯ НА РНК; заявка США 62/096,656, поданная 24 декабря 2014 года, и 62/181,151, поданная 17 июня 2015 года, CRISPR, ИМЕЮЩИЕ ИЛИ АССОЦИИРОВАННЫЕ С ДЕСТАБИЛИЗИРУЮЩИМИ ДОМЕНАМИ; заявка США 62/096,697, поданная 24 декабря 2014 года, CRISPR, ИМЕЮЩИЕ ИЛИ АССОЦИИРОВАННЫЕ С AAV; заявка США 62/098,158, поданная 30 декабря 2014 года, РАЗРАБОТАННЫЕ ИНСЕРЦИОННЫЕ НАЦЕЛИВАЮЩИЕСЯ СИСТЕМЫ КОМПЛЕКСА CRISPR; заявка США 62/151,052, поданная 22 апреля 2015 года, КЛЕТОЧНОЕ НАЦЕЛИВАНИЕ ДЛЯ СОСТАВЛЕНИЯ ДАННЫХ ПО ВНЕКЛЕТОЧНЫМ ЭКЗОСОМАМ; заявка США 62/054,490, поданная 24 сентября 2014 года, ДОСТАВКА, ИСПОЛЬЗОВАНИЕ И ТЕРАПЕВТИЧЕСКОЕ ПРИМЕНЕНИЕ СИСТЕМ И КОМПОЗИЦИЙ CRISPR-CAS ДЛЯ НАЦЕЛИВАНИЯ НА ПАТОЛОГИИ И ЗАБОЛЕВАНИЯ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ КОМПОНЕНТОВ ДОСТАВКИ ЧАСТИЦ; заявка США 61/939,154, 12-F EB-14, СИСТЕМЫ, СПОСОБЫ И КОМПОЗИЦИИ ДЛЯ МАНИПУЛЯЦИИ С ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬЮ ПОСРЕДСТВОМ ОПТИМИЗИРОВАННЫХ ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ СИСТЕМ CRISPR-CAS; заявка США 62/055,484, поданная 25 сентября 2014 года, СИСТЕМЫ, СПОСОБЫ И КОМПОЗИЦИИ ДЛЯ МАНИПУЛЯЦИИ С ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬЮ ПОСРЕДСТВОМ ОПТИМИЗИРОВАННЫХ ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ СИСТЕМ CRISPR-CAS; заявка США 62/087,537, поданная 4 декабря 2014 года, СИСТЕМЫ, СПОСОБЫ И КОМПОЗИЦИИ ДЛЯ МАНИПУЛЯЦИИ С ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬЮ ПОСРЕДСТВОМ ОПТИМИЗИРОВАННЫХ ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ СИСТЕМ CRISPR-CAS; заявка США 62/054,651, поданная 24 сентября 2014 года, ДОСТАВКА, ИСПОЛЬЗОВАНИЕ И ТЕРАПЕВТИЧЕСКОЕ ПРИМЕНЕНИЕ СИСТЕМ И КОМПОЗИЦИЙ CRISPR-CAS ДЛЯ МОДЕЛИРОВАНИЯ КОНКУРЕНЦИИ МНОЖЕСТВЕННЫХ МУТАЦИЙ РАКА В УСЛОВИЯХ IN VIVO; заявка США 62/067,886, поданная 23 октября 2014 года, ДОСТАВКА, ИСПОЛЬЗОВАНИЕ И ТЕРАПЕВТИЧЕСКОЕ ПРИМЕНЕНИЕ СИСТЕМ И КОМПОЗИЦИЙ CRISPR-CAS ДЛЯ МОДЕЛИРОВАНИЯ КОНКУРЕНЦИИ МНОЖЕСТВЕННЫХ МУТАЦИЙ РАКА В УСЛОВИЯХ IN VIVO; заявка США 62/054,675, поданная 24 сентября 14 года, и 62/181,002, поданная 17 июня 2015 года, ДОСТАВКА, ИСПОЛЬЗОВАНИЕ И ТЕРАПЕВТИЧЕСКОЕ ПРИМЕНЕНИЕ СИСТЕМ И КОМПОЗИЦИЙ CRISPR-CAS В НЕЙРОНАХ/ТКАНЯХ; заявка США 62/054,528,

поданная 24 сентября 2014 года, ДОСТАВКА, ИСПОЛЬЗОВАНИЕ И ТЕРАПЕВТИЧЕСКОЕ ПРИМЕНЕНИЕ СИСТЕМ И КОМПОЗИЦИЙ CRISPR-CAS ПРИ ИММУННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЯХ ИЛИ ПАТОЛОГИЯХ; заявка США 62/055,454, поданная 25 сентября 2014 года, ДОСТАВКА, ИСПОЛЬЗОВАНИЕ И ТЕРАПЕВТИЧЕСКОЕ ПРИМЕНЕНИЕ СИСТЕМ И КОМПОЗИЦИЙ CRISPR-CAS ДЛЯ НАЦЕЛИВАНИЯ НА ПАТОЛОГИИ И ЗАБОЛЕВАНИЯ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ПЕПТИДОВ, ПРОНИКАЮЩИХ В КЛЕТКИ (СРР); заявка США 62/055,460, поданная 25 сентября 2014 года, МНОГОФУНКЦИОНАЛЬНЫЕ КОМПЛЕКСЫ CRISPR И/ИЛИ ОПТИМИЗИРОВАННЫЕ, СЦЕПЛЕННЫЕ С ФЕРМЕНТАМИ ФУНКЦИОНАЛЬНЫЕ КОМПЛЕКСЫ CRISPR; заявка США 62/087,475, поданная 4 декабря 2014 года, и 62/181,690, поданная 18 июня 2015 года, ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ СКРИНИНГ ПОСРЕДСТВОМ ОПТИМИЗИРОВАННЫХ ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ СИСТЕМ CRISPR-CAS; заявка США 62/055,487, поданная 25 сентября 2014 года, ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ СКРИНИНГ ПОСРЕДСТВОМ ОПТИМИЗИРОВАННЫХ ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ СИСТЕМ CRISPR-CAS; заявка США 62/087,546, поданная 4 декабря 2014 года, и 62/181,687, поданная 18 июня 2015 года, МНОГОФУНКЦИОНАЛЬНЫЕ КОМПЛЕКСЫ CRISPR И/ИЛИ ОПТИМИЗИРОВАННЫЕ, СЦЕПЛЕННЫЕ С ФЕРМЕНТАМИ ФУНКЦИОНАЛЬНЫЕ КОМПЛЕКСЫ CRISPR; и заявка США 62/098,285, поданная 30 декабря 2014 года, CRISPR-ОПОСРЕДОВАННОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ В УСЛОВИЯХ IN VIVO И ГЕНЕТИЧЕСКИЙ СКРИНИНГ РОСТА ОПУХОЛИ И МЕТАСТАЗОВ. Упомянуты заявки США 62/181,659, поданная 18 июня 2015 года, и 62/207,318, поданная 19 августа 2015 года, РАЗРАБОТКА И ОПТИМИЗАЦИЯ СИСТЕМ, СПОСОБОВ, ФЕРМЕНТОВ И НАПРАВЛЯЮЩИХ КАРКАСОВ ОРТОЛОГОВ CAS9 И ВАРИАНТОВ ДЛЯ МАНИПУЛЯЦИИ С ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬЮ. Упомянуты заявки США 62/181,663, поданная 18 июня 2015 года, и 62/245,264, поданная 22 октября 2015 года, НОВЫЕ ФЕРМЕНТЫ И СИСТЕМЫ CRISPR, заявка США 62/181,675, поданная 18 июня 2015 года, и дело патентного реестра за № 46783.01.2128, поданное 22 октября 2015 года, НОВЫЕ ФЕРМЕНТЫ И СИСТЕМЫ CRISPR, заявка США 62/232,067, поданная 24 сентября 2015 года, заявка США 62/205,733, поданная 16 августа 2015 года, заявка США 62/201,542, поданная 5 августа 2015 года, заявка США 62/193,507, поданная 16 июля 2015 года, и заявка США 62/181,739, поданная 18 июня 2015 года, каждая из которых озаглавлена «НОВЫЕ ФЕРМЕНТЫ И СИСТЕМЫ CRISPR», и заявка США 62/245,270, поданная 22 октября 2015 года, НОВЫЕ ФЕРМЕНТЫ И СИСТЕМЫ CRISPR. Упомянуты также заявки США 61/939,256, поданная 12 февраля 2014 года, и WO 2015/089473 (PCT/US2014/070152), поданная 12 декабря 2014 года, каждая из которых

озаглавлена «РАЗРАБОТКА СИСТЕМ, СПОСОБОВ И ОПТИМИЗИРОВАННЫХ НАПРАВЛЯЮЩИХ КОМПОЗИЦИЙ ПОСРЕДСТВОМ НОВЫХ АРХИТЕКТУР ДЛЯ МАНИПУЛЯЦИИ С ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬЮ». Упомянуты также РСТ/US2015/045504, поданная 15 августа 2015 года, заявка США 62/180,699, поданная 17 июня 2015 года, и заявка США 62/038,358, поданная 17 августа 2014 года, каждая из которых озаглавлена «РЕДАКТИРОВАНИЕ ГЕНОМА С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ НИКАЗ CAS9». Европейская патентная заявка EP3009511. Также приведена ссылка на работу «Мультиплексная геномная инженерия с использованием систем CRISPR/Cas». Конг, Л., Рэн, Ф.А., Кокс, Д., Лин, С., Барретто, Р., Хабиб, Н., Сюй, П.Д., Ву, Х., Цзян, В., Марраффини, Л.А. и Чжан, Ф. *Science*, 15 февраля;339(6121):819-23 (2013); РНК-направляемое редактирование бактериальных геномов с использованием систем CRISPR-Cas. Цзян В., Бикард Д., Кокс Д., Чжан Ф., Марраффини, Л.А. *Nat Biotechnol*, март;31(3):233-9 (2013); Одноэтапное генерирование мышей, несущих мутации во множестве генов, с помощью CRISPR/Cas-опосредованной геномной инженерии. Ван Х., Ян Х., Шивалила К.С., Давлати М.М., Ченг А.В., Чжан Ф., Йениш Р. *Cell*, 9 мая;153(4):910-8 (2013); Оптический контроль за эндогенной транскрипцией и эпигенетическими состояниями млекопитающих. Конерманн С., Бригхэм М.Д., Тревино А.Е., Сюй П.Д., Хайденрайх М., Конг Л., Платт Р.Дж., Скотт Д.А., Черч Г.М., Чжан Ф. *Nature*. 2013, 22 августа;500(7463):472-6. идентификатор цифрового объекта (doi): 10.1038/Nature12466. Электронная публикация от 23 августа 2013 года; Двойное редактирование с помощью РНК-направляемого Cas9 CRISPR для повышенной специфичности редактирования генома. Рэн, Ф.А., Сюй, П.Д., Лин, С.Ю., Гутенберг, Дж.С., Конерманн, С., Тревино, А.Е., Скотт, Д.А., Иноуэ, А., Матоба, С., Чжан, Ю. и Чжан Ф. *Cell*, 28 августа, уникальный идентификатор, применяемый издательством для идентификации научных работ (pii): S0092-8674(13)01015-5. (2013); Специфичность нацеливания на ДНК РНК-направляемых нуклеаз Cas9. Сюй, П., Скотт, Д., Вайнштейн, Дж., Рэн, Ф.А., Конерманн, С., Агарвала, В., Ли, Ю., Файн, Э., Ву, Х., Шалем, О., Крадик, Т.Дж., Марраффини, Л.А., Бао, Г. и Чжан, Ф. *Nat Biotechnol* doi:10.1038/nbt.2647 (2013); Геномная инженерия с использованием системы CRISPR-Cas9. Рэн, Ф.А., Сюй, П.Д., Райт, Дж., Агарвала, В., Скотт, Д.А., Чжан, Ф., *Nature Protocols*, ноябрь;8(11):2281-308. (2013); Полногеномный скрининг нокаутов CRISPR-Cas9 в клетках человека. Шалем О., Санджана, Нью-Йорк, Хартениан, Э., Ши, Х., Скотт, Д.А., Миккельсон, Т., Хекл, Д., Эберт, Б.Л., Рут, Д.Е., Доенч, Дж.Г., Чжан, Ф. *Science*, 12 декабря. (2013). [Электронная публикация до печати]; Кристаллическая структура cas9 в комплексе с направляющей РНК и ДНК-мишенью. Нисимасу, Х., Рэн, Ф.А., Сюй, П.Д., Конерманн, С., Шехата, С.И., Дохма, Н., Ишитани, Р.,

Чжан, Ф., Нуреки, О. Cell 27 февраля. (2014). 156(5):935-49; Полногеномное связывание эндонуклеазы Cas9 системы CRISPR в клетках млекопитающих. Ву Х., Скотт Д.А., Криз А.Дж., Чиу А.С., Сюй, П.Д., Дадон Д.Б., Ченг А.В., Тревино А.Е., Конерманн С., Чен С., Йениш Р., Чжан, Ф., Шарп П.А. Nat Biotechnol. (2014) 20 апреля. doi: 10.1038/nbt.2889; Нокин CRISPR-Cas9 мышей для редактирования генома и моделирования рака, Платт и соавт., Cell 159(2): 440-455 (2014) DOI: 10.1016/j.cell.2014.09.014; Разработка и применение CRISPR-Cas9 для геномной инженерии, Сюй и соавт., Cell 157, 1262-1278 (5 июня 2014 года) (Сюй 2014); Генетические экраны в клетках человека с использованием системы CRISPR/Cas9, Ван и соавт., Science. 2014, 3 января; 343(6166): 80-84. doi:10.1126/science.1246981; Рациональная конструкция высокоактивных sgPHK для CRISPR-Cas9-опосредованной инактивации генов, Дюенч и соавт., Nature Biotechnology 32(12):1262-7 (2014), опубликовано онлайн 3 сентября 2014 года; doi:10.1038/nbt.3026, и Исследование функции генов в мозге млекопитающих в условиях *in vivo* с использованием системы CRISPR-Cas9, Свич и соавт., Nature Biotechnology 33, 102-106 (2015), опубликовано онлайн 19 октября 2014 года; doi:10.1038/nbt.3055, Cpf1 – это единственная PHK-направляемая эндонуклеаза системы CRISPR-Cas класса 2, Цетше и соавт., Cell 163, 1-13 (2015); Открытие и функциональная характеристика разнообразных систем CRISPR-Cas класса 2, Шмаков и соавт., Mol Cell 60(3): 385-397 (2015); C2c2 – это однокомпонентный, программируемый, PHK-направляемый нацеленный на PHK эффектор CRISPR, Абудае и соавт., Science (2016) опубликовано онлайн 2 июня 2016 года doi: 10.1126/science.aaf5573. Каждая из этих публикаций, патентов, патентных публикаций и заявок, а также все документы, цитируемые в них или находящиеся в делопроизводстве по ним («документы, цитируемые в заявке»), и все документы, цитируемые или приводимые в качестве ссылки в документах, цитируемых в заявке, вместе с любыми инструкциями, описаниями, спецификациями продуктов и паспортами продуктов в отношении любых продуктов, упомянутых в них, или в любом из таких документов, и включенные в настоящий документ посредством ссылки, считаются настоящим включенными в настоящий документ посредством ссылки и могут использоваться для осуществления на практике настоящего изобретения. Все документы (например, вышеуказанные патенты, патентные публикации и заявки, а также документы, цитируемые в заявке) включены в настоящий документ посредством ссылки в той же степени, как если бы каждый отдельный документ был определенным образом и отдельно указан, как включенный посредством ссылки.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, система или комплекс CRISPR/Cas представляет собой систему CRISPR/Cas класса 2. В некоторых

вариантах осуществления настоящего изобретения, упомянутая система или комплекс CRISPR/Cas представляет собой систему или комплекс CRISPR/Cas типа II, типа V или типа VI. Система CRISPR/Cas не требует генерации специально созданных белков для нацеливания на специфические последовательности, но скорее одиночный белок Cas может быть запрограммирован направляющей РНК (gРНК) для распознавания специфической нуклеиновой кислоты-мишени, другими словами, ферментный белок Cas может быть рекрутирован в интересующий локус специфической нуклеиновой кислоты-мишени (который может содержать или состоять из РНК и/или ДНК) с использованием указанной короткой направляющей РНК.

В целом, система CRISPR/Cas или CRISPR, в контексте вышеупомянутых документов, используемых в настоящем документе, в совокупности относится к транскриптам и другим элементам, участвующим в экспрессии или направляющим активность CRISPR-ассоциированных («Cas») генов, включая последовательности, кодирующие ген Cas и, по меньшей мере, одну из следующих: tracr (трансактивирующую CRISPR) последовательность (например, tracrРНК или активную частичную tracrРНК), tracr-mate (напарницу трансактивирующей) последовательность (охватывающую «прямой повтор» и частичный прямой повтор, процессированный tracrРНК, в контексте эндогенной системы CRISPR), направляющую последовательность (также называемую «спейсером» в контексте эндогенной системы CRISPR) или «РНК», в том смысле, в котором этот термин используется в настоящем документе (например, РНК, служащая (служащие) для направления Cas, такого как Cas9, например, РНК CRISPR, и там, где это применимо, трансактивирующую (tracr) РНК или одиночную направляющую РНК (sgРНК) (химерную РНК)), или другие последовательности и транскрипты из локуса CRISPR. В целом, система CRISPR характеризуется элементами, которые способствуют образованию комплекса CRISPR в сайте последовательности-мишени (также называемой протоспейсером в контексте эндогенной системы CRISPR). В контексте образования комплекса CRISPR, термин «последовательность-мишень» относится к последовательности, для которой сконструирована направляющая последовательность для комплементарности, при этом, гибридизация между последовательностью-мишенью и направляющей последовательностью способствует образованию комплекса CRISPR. Последовательность-мишень может содержать любой полинуклеотид, например, полинуклеотиды ДНК или РНК.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, gРНК представляет собой химерную направляющую РНК или одиночную направляющую РНК (sgРНК). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, gРНК содержит

направляющую последовательность и tracr-mate последовательность (или прямого повтора). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, gРНК содержит направляющую последовательность, tracr-mate последовательность (или прямого повтора) и tracr последовательность. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, система или комплекс CRISPR/Cas, описанные в настоящем документе, не содержит и/или не зависит от присутствия tracr последовательности (например, если белок Cas представляет собой Cpf1).

В контексте настоящего документа, термин «сгРНК» или «направляющая РНК», или «одиночная направляющая РНК», или «sgРНК», или «по меньшей мере, один компонент нуклеиновой кислоты» эффекторного белка локуса CRISPR/Cas, если применимо, содержит любую полинуклеотидную последовательность, имеющую достаточную комплементарность с последовательностью нуклеиновой кислоты-мишенью, для гибридизации с последовательностью нуклеиновой кислоты-мишенью и для прямого сиквенс-специфического связывания комплекса, нацеленного на нуклеиновую кислоту, с последовательностью нуклеиновой кислоты-мишенью. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, степень комплементарности, при оптимальном выравнивании с использованием подходящего алгоритма выравнивания составляет, примерно, или более 50%, 60%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97,5%, 99% или более. Оптимальное выравнивание может быть определено с использованием любого подходящего алгоритма для выравнивания последовательностей, неограничивающий пример которого включают алгоритм Смита-Уотермана, алгоритм Нидлмана-Вунша, алгоритмы, основанные на Преобразовании Барроуза-Уилера (например, Выравниватель Барроуза-Уилера), программы для множественного выравнивания последовательностей ClustalW, ClustalX, BLAST, Novoalign (Novocraft Technologies; доступно по адресу www.novocraft.com), ELAND (Illumina, Сан-Диего, Калифорния), SOAP (доступно по адресу soap.genomics.org.cn) и Maq (доступно по адресу maq.sourceforge.net). Способность направляющей последовательности (в пределах направляющей РНК, нацеленной на нуклеиновую кислоту) направлять сиквенс-специфическое связывание комплекса, нацеленного на нуклеиновую кислоту, к последовательности нуклеиновой кислоты-мишени может быть оценена с помощью любого подходящего количественного анализа.

Направляющая последовательность и, следовательно, направляющая РНК, нацеленная на нуклеиновую кислоту, могут быть выбраны для нацеливания на любую последовательность нуклеиновой кислоты-мишень. Последовательность-мишень может представлять собой ДНК. Последовательность-мишень может представлять собой геномную ДНК. Последовательность-мишень может представлять собой

митохондриальную ДНК. Последовательность-мишень может представлять собой любую последовательность РНК. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, последовательность-мишень может представлять собой последовательность, находящуюся в пределах молекулы РНК, выбранной из группы, состоящей из информационной РНК (мРНК), предшественника мРНК (pre-мРНК), рибосомной РНК (рРНК), транспортной РНК (тРНК), микро-РНК (miРНК), малой интерферирующей РНК (siРНК), малой ядерной РНК (snРНК), малой ядрышковой РНК (snoРНК), двухцепочечной РНК (dsРНК), некодирующей РНК (ncРНК), длинной некодирующей РНК (lncРНК) и малой цитоплазматической РНК (scРНК). В некоторых предпочтительных вариантах осуществления настоящего изобретения, последовательность-мишень может представлять собой последовательность, находящуюся в пределах молекулы РНК, выбранной из группы, состоящей из мРНК, pre-мРНК и рРНК. В некоторых предпочтительных вариантах осуществления настоящего изобретения, последовательность-мишень может представлять собой последовательность, находящуюся в пределах молекулы РНК, выбранной из группы, состоящей из ncРНК и lncРНК. В некоторых более предпочтительных вариантах осуществления настоящего изобретения, последовательность-мишень может представлять собой последовательность, находящуюся в пределах молекулы мРНК или молекулы pre-мРНК.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, gРНК содержит петлю стебля, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения одиночную петлю стебля. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, последовательность прямого повтора образует петлю стебля, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения одиночную петлю стебля. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, длина спейсера направляющей РНК составляет 15-35 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, длина спейсера направляющей РНК составляет, по меньшей мере, 15 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, длина спейсера составляет 15-17 нуклеотидов, например, 15, 16 или 17 нуклеотидов, 17-20 нуклеотидов, например, 17, 18, 19 или 20 нуклеотидов, 20-24 нуклеотидов, например, 20, 21, 22, 23 или 24 нуклеотида, 23-25 нуклеотидов, например, 23, 24 или 25 нуклеотидов, 24-27 нуклеотидов, например, 24, 25, 26 или 27 нуклеотидов, 27-30 нуклеотидов, например, 27, 28, 29 или 30 нуклеотидов, 30-35 нуклеотидов, например, 30, 31, 32, 33, 34 или 35 нуклеотидов, или 35 нуклеотидов, или длиннее. В конкретных вариантах осуществления настоящего изобретения, для системы CRISPR/Cas требуется tracrРНК. Последовательность «tracrРНК» или аналогичных терминов включает любую

полинуклеотидную последовательность, которая обладает комплементарностью с crРНК последовательностью, достаточной для гибридизации. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, степень комплементарности между tracrРНК последовательностью и crРНК последовательностью по длине более короткой из двух при оптимальном выравнивании составляет, примерно, или более, примерно, 25%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 97,5%, 99% или выше. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, tracr последовательность составляет, примерно, или более, примерно, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 25, 30, 40, 50 или более нуклеотидов в длину. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, tracr последовательность и gРНК последовательность содержатся в пределах одного транскрипта, таким образом, в результате гибридизации между ними образуется транскрипт, имеющий вторичную структуру, такую как шпилька. В одном варианте осуществления настоящего изобретения, транскрипт или транскрибируемая полинуклеотидная последовательность имеет, по меньшей мере, две шпильки. В предпочтительных вариантах осуществления настоящего изобретения, транскрипт имеет две, три, четыре или пять шпилек. В другом варианте осуществления настоящего изобретения, транскрипт имеет не более пяти шпилек. В шпилечной структуре участок 5' последовательности конечного «N» и выше петли может соответствовать tracr-mate последовательности, а участок 3' последовательности петли, следовательно, соответствует tracr последовательности. В шпилечной структуре участок 5' последовательности конечного «N» и выше петли, может, в альтернативном варианте осуществления настоящего изобретения, соответствовать tracr последовательности, а участок 3' последовательности петли соответствует tracr-mate последовательности. В альтернативных вариантах осуществления настоящего изобретения, для системы CRISPR/Cas не требуется tracrРНК, что известно специалисту в данной области техники.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, направляющая РНК (способная направлять Cas к локусу-мишени) может содержать (1) направляющую последовательность, способную гибридизироваться с локусом-мишенью, и (2) tracr-mate последовательность или последовательность прямого повтора (в ориентации от 5' до 3' или, в альтернативном варианте осуществления настоящего изобретения, в ориентации от 3' до 5', в зависимости от типа белка Cas, что известно специалисту в данной области техники). В конкретных вариантах осуществления настоящего изобретения, белок CRISPR/Cas характеризуется тем, что он использует направляющую РНК, содержащую направляющую последовательность, способную гибридизироваться с локусом-мишенью и последовательностью прямого повтора, и ему не требуется tracrРНК. В конкретных

вариантах осуществления настоящего изобретения, где белок CRISPR/Cas характеризуется тем, что он использует tracrPНК, а направляющая последовательность, tracr-mate последовательность и tracr последовательность могут находиться в одиночной РНК, то есть, в sgPНК (расположенные в ориентации от 5' до 3' или, в альтернативном варианте осуществления настоящего изобретения, расположенные в ориентации от 3' до 5'), или tracr РНК может представлять собой РНК, отличную от РНК, содержащей направляющую последовательность и tracr-mate последовательность. В этих вариантах осуществления настоящего изобретения, tracr последовательность гибридизируется с tracr-mate последовательностью и направляет комплекс CRISPR/Cas к последовательности-мишени.

Обычно, в контексте эндогенной системы, нацеленной на нуклеиновую кислоту, образование комплекса, нацеленного на нуклеиновую кислоту (содержащего направляющую РНК, гибридизованную с последовательностью-мишенью и входящего в состав, по меньшей мере, одного эффекторного белка, нацеленного на нуклеиновую кислоту), приводит к модификации (например, к расщеплению) одной или обеих цепей ДНК или РНК, находящихся в пределах или рядом (например, в пределах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 20, 50 или более пар оснований) с последовательностью-мишенью. В контексте настоящего документа, термин «последовательность (последовательности), ассоциированная с интересующим локусом-мишенью» относится к последовательностям, находящимся рядом с последовательностью-мишенью (например, в пределах 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 20, 50 или более пар оснований от последовательности-мишени, при этом, последовательность-мишень содержится в интересующем локусе-мишени). Специалисту в данной области техники известны специфические сайты разреза, предназначенные для выбранных систем CRISPR/Cas, применительно к последовательности-мишени, которая, как это известно в данной области техники, может находиться в пределах последовательности-мишени или, в альтернативном варианте осуществления настоящего изобретения, в ориентации 3' или 5' последовательности-мишени.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, немодифицированный эффекторный белок, нацеленный на нуклеиновую кислоту, может обладать активностью расщепления нуклеиновой кислоты. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, нуклеаза, как описано в настоящем документе, может направлять расщепление одной или обеих цепей нуклеиновых кислот (ДНК, РНК или гибридов, которые могут быть одно- или двухцепочечными) в месте расположения или рядом с последовательностью-мишенью, например, в пределах последовательности-мишени и/или в пределах комплемента последовательности-мишени, или в

последовательностях, ассоциированных с последовательностью-мишенью. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, эффекторный белок, нацеленный на нуклеиновую кислоту, может направлять расщепление одной или обеих цепей ДНК или РНК, находящихся в пределах, примерно, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 15, 20, 25, 50, 100, 200, 500 или более пар оснований от первого или последнего нуклеотида последовательности-мишени. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, расщепление может быть тупым (например, для Cas9, таких как SaCas9 или SpCas9). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, расщепление может быть ступенчатым (например, для Cpf1), то есть, создающим липкие концы. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, расщепление представляет собой ступенчатый разрез с 5' выступающими нуклеотидами. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, расщепление представляет собой ступенчатый разрез с выступающим 5' длиной 1-5 нуклеотидов, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения длиной 4 или 5 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, сайт расщепления находится выше PAM. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, сайт расщепления находится ниже PAM. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, эффекторный белок, нацеленный на нуклеиновую кислоту, который может быть мутированным по отношению к соответствующему ферменту дикого типа таким образом, что мутированный эффекторный белок, нацеленный на нуклеиновую кислоту, будет лишен способности расщеплять одну или обе цепи ДНК или РНК полинуклеотида-мишени, содержащего последовательность-мишень. В качестве дополнительного примера, по меньшей мере, два каталитических домена белка Cas (например, домены RuvC I, RuvC II и RuvC III или домен HNH белка Cas9) могут быть мутированы для продуцирования мутированного белка Cas, по существу, полностью лишенного активности расщепления ДНК. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, можно считать, что эффекторный белок, нацеленный на нуклеиновую кислоту, по существу, полностью лишен активности расщепления ДНК и/или РНК, когда активность расщепления мутированного фермента составляет, примерно, не более 25%, 10%, 5%, 1%, 0,1%, 0,01% или менее активности расщепления нуклеиновой кислоты немутированной формы фермента; примером может служить случай, когда активность расщепления нуклеиновой кислоты мутированной формы является нулевой или незначительной, по сравнению с немутированной формой. В контексте настоящего документа, термин «модифицированный» Cas обычно относится к белку Cas, имеющему, по меньшей мере, одну модификацию или мутацию (включая точечную мутацию, усечение, инсерцию,

делецию, химеру, белок слияния и так далее), по сравнению с белком Cas дикого типа, от которого он получен. Термин «получен» означает, что полученный фермент в значительной степени основан, в смысле наличия высокой степени гомологии последовательностей, на ферменте дикого типа, но был мутирован (модифицирован) каким-либо образом, известным в данной области техники, или как описано в настоящем документе.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, последовательность-мишень должна быть ассоциирована с PAM (мотив, примыкающий к протоспейсеру) или PFS (последовательность, фланкирующая протоспейсер, или сайт, фланкирующий протоспейсер); то есть, с короткой последовательностью, распознаваемой комплексом CRISPR. Требования к точности и длине последовательностей для PAM различаются в зависимости от используемого фермента CRISPR, но PAM обычно представляют собой последовательности из 2-5 пар оснований, примыкающие к протоспейсеру (то есть, к последовательности-мишени). Примеры последовательностей PAM приведены в разделе примеров ниже, а специалист в данной области техники сможет идентифицировать другие последовательности PAM для использования с данным ферментом CRISPR. Кроме того, конструирование домена взаимодействия с PAM (PI) может позволить программировать специфичность PAM, повысить точность распознавания сайта-мишени и повысить универсальность Cas, например, Cas9, платформу геномной инженерии. Белки Cas, например, белки Cas9, могут быть сконструированы для изменения специфичности их PAM, например, как описано в работе Клейнстивер Б.П. и соавт. «Сконструированные нуклеазы CRISPR-Cas9 с измененной специфичностью PAM». *Nature*. 2015, 23 июля;523(7561):481-5. doi: 10.1038/nature14592. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, способ содержит возможность связывания комплекса CRISPR с полинуклеотидом-мишенью для осуществления расщепления указанного полинуклеотида-мишени, модифицируя тем самым полинуклеотид-мишень, при этом, комплекс CRISPR содержит фермент CRISPR, связанный в комплекс с направляющей последовательностью, гибридизированной с последовательностью-мишенью в пределах указанного полинуклеотида-мишени, при этом, упомянутая направляющая последовательность сцеплена с tracr-mate последовательностью, которая, в свою очередь, гибридируется с tracr последовательностью. Специалисту в данной области техники будет понятно, что другие белки Cas могут быть модифицированы аналогичным образом.

Белок Cas, упомянутый в настоящем документе, например, без ограничения, Cas9, Cpf1 (Cas12a), C2c1 (Cas12b), C2c2 (Cas13a), C2c3, Cas13b, может происходить из любого

подходящего источника и, следовательно, может включать различные ортологи, происходящие из разнообразных (прокариотических) организмов, что в полной мере документально подтверждено в данной области техники. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, белок Cas представляет собой (модифицированный) Cas9, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения (модифицированный) Cas9 *Staphylococcus aureus* (Золотистый стафилококк) (SaCas9) или (модифицированный) Cas9 *Streptococcus pyogenes* (Стрептококк) (SpCas9). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, белок Cas представляет собой (модифицированный) Cpf1, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Acidaminococcus* sp. (Ацидаминококк), например, BV3L6 Cpf1 (AsCpf1) *Acidaminococcus* sp. или Cpf1 *Lachnospiraceae bacterium* (анаэробная бактерия), например, *Lachnospiraceae bacterium* MA2020 или *Lachnospiraceae bacterium* MD2006 (LbCpf1). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, белок Cas представляет собой (модифицированный) C2c2, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения C2c2 *Leptotrichia wadei* (Лепторихии) (LwC2c2) или C2c2 *Listeria newyorkensis* (Листерии ньюйоркские) FSL M6-0635 (LbFSLC2c2). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, (модифицированный) белок Cas представляет собой C2c1. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, (модифицированный) белок Cas представляет собой C2c3. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, (модифицированный) белок Cas представляет собой Cas13b.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, модификация нуклеиновой кислоты осуществляется посредством случайного мутагенеза. Клетки или организмы могут подвергаться воздействию мутагенов, таких как УФ-излучение или мутагенные химические вещества (например, такие как этилметансульфонат (EMS)), а затем отбираются мутанты с желаемыми характеристиками. Например, мутанты могут быть идентифицированы посредством метода TILLING (Нацеливание на индуцированные локальные поражения в геномах). Этот метод сочетает в себе мутагенез, такой как мутагенез с использованием химического мутагена, такого как этилметансульфонат (EMS), и метод скрининга, чувствительного к ДНК, который идентифицирует мутации с одиночным основанием/точечные мутации в гене-мишени. Метод TILLING основан на образовании гетеродуплексов ДНК, которые образуются, когда множество аллелей амплифицируются посредством ПЦР, а затем нагреваются и медленно охлаждаются. При несовпадении двух цепей ДНК образуется «пузырь», который затем расщепляется одноцепочечными нуклеазами. Затем продукты разделяются по размеру, например,

посредством ВЭЖХ. См. также МакКаллум и соавт. «Целенаправленный скрининг для индуцированных мутаций»; *Nat Biotechnol.* 2000, апрель; 18(4):455-7 и МакКаллум и соавт. «Нацеливание на индуцированные локальные поражения в геномах (TILLING) для функциональной геномики растений»; *Plant Physiol.* 2000, июнь; 123(2):439-42.

РНК-интерференция (РНКi) представляет собой биологический процесс, при котором молекулы РНК подавляют экспрессию или трансляцию генов, нейтрализуя молекулы мРНК-мишени. Два типа малых молекул рибонуклеиновой кислоты (РНК) - микроРНК (miРНК) и малая интерферирующая РНК (siРНК) - занимают центральное место в РНК-интерференции. РНК представляют собой непосредственные продукты генов, и эти малые РНК могут связываться с другими специфическими молекулами информационной РНК (мРНК) и либо увеличивать, либо понижать их активность, например, препятствуя трансляции мРНК в белок. Путь РНКi существует у многих эукариот, включая животных, и он запускается ферментом Дайсер (Dicer), который расщепляет молекулы длинной двухцепочечной РНК (dsРНК) на короткие двухцепочечные фрагменты, siРНК (малые интерферирующие РНК), состоящие из, примерно, 21 нуклеотида. Каждая siРНК разматывается на две одноцепочечные РНК (ssРНК), сопровождающую цепь и направляющую цепь. Сопровождающая цепь деградирует, а направляющая цепь включается в РНК-индуцированный сайленсинг-комплекс (RISC). Зрелые miРНК структурно схожи с siРНК, продуцированными из экзогенной dsРНК, но прежде чем достичь зрелости, miРНК должны сначала подвергнуться обширной посттранскрипционной модификации. miРНК экспрессируется из гораздо более длинного РНК-кодирующего гена в виде первичного транскрипта, известного как pri-miРНК, который обрабатывается в ядре клетки до 70-нуклеотидной структуры «петля стебля», называемой pre-miРНК, микропроцессорным комплексом. Этот комплекс состоит из фермента РНазы III, называемого Дроша (Drosha), и dsРНК-связывающего белка DGCR8. Участок dsРНК этой pre-miРНК связывается и расщепляется ферментом Дайсер для продуцирования зрелой молекулы miРНК, которая может быть интегрирована в комплекс RISC; таким образом, miРНК и siРНК имеют одинаковый нисходящий клеточный механизм. Короткая шпилька РНК или малая шпилька РНК (shРНК/Шпилечный вектор) представляет собой искусственную молекулу РНК с крутым поворотом шпильки, которая может быть использована для сайленсинга экспрессии гена-мишени посредством РНК-интерференции. Наиболее хорошо изученным результатом является посттранскрипционный сайленсинг генов, который происходит, когда направляющая цепь спаривается с комплементарной последовательностью в молекуле информационной РНК и индуцирует расщепление посредством Argonaute (Аргонавт) 2

(Ago2), каталитическим компонентом RISC. В контексте настоящего документа, молекула РНКi может представлять собой siРНК, shРНК или miРНК. Следует понимать, что молекулы РНКi могут применяться как таковые к/в растении или могут кодироваться соответствующими векторами, из которых экспрессируется молекула РНКi. Системы доставки и экспрессии молекул РНКi, такие как siРНК, shРНК или miРНК, хорошо известны в данной области техники.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, способы получения растений или частей растений по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе, такие как способы получения растений или частей растений, имеющих повышенную устойчивость или толерантность к патогену, включают или содержат трансгенез и/или редактирование генов, например, включающие CRISPR/Cas, TALEN, ZFN, мегануклеазы; (индуцированный) мутагенез, который может или не может быть случайным мутагенезом, таким как TILLING. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, способы получения растений или частей растений по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе, такие как способы получения растений или частей растений, имеющих повышенную устойчивость или толерантность к патогену, включают или содержат применение РНКi, которая может или не может быть, содержать или включать применение трансгенов. Например, применение нетрансгенов может, например, включать нанесение компонентов РНКi, таких как двухцепочечные siРНК, на растения или поверхности растений, например, в виде спрея. Стабильная интеграция в геном растения не требуется.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, способы получения растений или частей растений по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе, такие как способы получения растений или частей растений, имеющих повышенную устойчивость или толерантность к патогену, не включают или не содержат трансгенез, редактирование генов и/или мутагенез.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, способы получения растений или частей растений по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе, такие как способы получения растений или частей растений, имеющих повышенную устойчивость или толерантность к патогену, включают, содержат или состоят из селекции и отбора.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, способы получения растений или частей растений по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе, такие как способы получения растений или частей растений,

имеющих повышенную устойчивость или толерантность к патогену, не включают, не содержат или не состоят из селекции и отбора.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к растению или части растения, полученной или получаемой способами по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе, такими как способы получения растений или частей растений, имеющих повышенную устойчивость или толерантность к патогену.

В некоторых вариантах осуществления способов, вариантов использования, растений, частей растений, популяций растений, нуклеиновых кислот или белков по настоящему изобретению, описанных в настоящем документе, CPL1 является мутированным. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, указанная мутация представляет собой доминантно-отрицательную мутацию. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация находится в сигнатурном мотиве ацилфосфатазы. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, указанная мутация представляет собой мутацию в мотиве DXDXT, при этом, D представляет собой аспарагиновую кислоту, T представляет собой треонин, а X представляет собой любую аминокислоту. Например, мотив DXDXT может быть обнаружен в белке CPL4 *Arabidopsis thaliana* в положении 128-134. Соответствующий мотив DXDXT может быть обнаружен в белке CPL1 *Arabidopsis thaliana* в положении 161-165, например, в положении 161-165, представленном SEQ ID NO: 1. Соответствующие положения могут быть идентифицированы в ортологах, гомологах, гомеологах или паралогах. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, один или оба остатка аспарагиновой кислоты являются мутированными. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, остаток треонина является мутированным. В некоторых предпочтительных вариантах осуществления настоящего изобретения, первый остаток аспаргиновой кислоты (то есть, соответствующий остатку аспаргиновой кислоты в положении 161 CPL1 *Arabidopsis thaliana*) является мутированным. В некоторых предпочтительных вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация представляет собой неконсервативную мутацию. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация представляет собой мутацию в (малой) неполярной аминокислоте. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутация представляет собой мутацию в остатке аланина.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, белок CPL1 содержит одну из следующих мутаций, соответствующих:

– D148X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D148A, когда указанное растение относится к роду *Zea*, в предпочтительном

варианте осуществления настоящего изобретения *Zeamays*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная последовательность дикого типа *Zeamays* имеет последовательность, представленную SEQ ID NO: 2;

– D149X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D148A, когда указанное растение относится к роду *Zea*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Zeamays*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная последовательность дикого типа *Zeamays* имеет последовательность, представленную SEQ ID NO: 3;

– D162X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D162A, когда указанное растение относится к роду *Beta*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Beta vulgaris*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная последовательность дикого типа *Beta vulgaris* имеет последовательность, представленную SEQ ID NO: 16;

– D143X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D143A, когда указанное растение относится к роду *Solanum*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Solanum tuberosum*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная последовательность дикого типа *Beta vulgaris* имеет последовательность, представленную SEQ ID NO: 17;

– D140X, D141X или D145X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D140A, D141A или D145A, когда указанное растение относится к роду *Glycine*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Glycine max*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная последовательность дикого типа *Glycine max* имеет последовательность, соответственно представленную SEQ ID NO: 14/15, 12 или 13;

– D149X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D149A, когда указанное растение относится к роду *Triticum*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Triticum aestivum*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная последовательность дикого типа *Beta vulgaris* имеет последовательность, представленную SEQ ID NO: 6, 7 или 8;

– D147X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D147A, когда указанное растение относится к роду *Triticum*, в

предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Triticum aestivum*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная последовательность дикого типа *Beta vulgaris* имеет последовательность, представленную SEQ ID NO: 9, 10 или 11;

– D149X или D144X, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения D149A или D144A, когда указанное растение относится к роду *Sorghum*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения *Sorghum bicolor*, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная последовательность дикого типа *Sorghum bicolor* имеет последовательность, соответственно представленную SEQ ID NO: 4 или 5;

при этом, X представляет собой аминокислоту, отличную от D.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, мутированный белок CPL1 имеет последовательность, представленную любым из SEQ ID NO: 80-87.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, ген CPL1 дикого типа имеет или содержит:

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую сДНК или кодирующую последовательность, представленную любым из SEQ ID NO: 19-34;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, имеющий аминокислотную последовательность, представленную любым из SEQ ID NO: 2-17;

(iii) нуклеотидную последовательность, имеющую, по меньшей мере, 60% идентичность с последовательностью, представленной любым из SEQ ID NO: 19-34; например, по меньшей мере, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% или более идентичность последовательностей, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 85% идентичность последовательностей, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 90% идентичность последовательностей или, по меньшей мере, 95% идентичность последовательностей;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, имеющий, по меньшей мере, 60% идентичность с последовательностью, представленной любым из SEQ ID NO: 2-17; например, по меньшей мере, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% или более идентичность последовательностей, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 85% идентичность последовательностей, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 90% идентичность последовательностей или, по меньшей мере, 95% идентичность последовательностей;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, как определено в пунктах (i) или (ii) в жестких условиях гибридизации; и

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из полипептида, кодируемого нуклеотидной последовательностью по любому из пунктов (i)-(v) путем замещения, делеции и/или добавления, по меньшей мере, одной аминокислоты.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, ген ERF922 дикого типа имеет или содержит:

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую сДНК или кодирующую последовательность, представленную любым из SEQ ID NO: 52-65;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, имеющий аминокислотную последовательность, представленную любым из SEQ ID NO: 37-50;

(iii) нуклеотидную последовательность, имеющую, по меньшей мере, 60% идентичность с последовательностью, представленной любым из SEQ ID NO: 52-65; например, по меньшей мере, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% или более идентичность последовательностей, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 85% идентичность последовательностей, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 90% идентичность последовательностей или, по меньшей мере, 95% идентичность последовательностей;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, имеющий, по меньшей мере, 60% идентичность с последовательностью, представленной любым из SEQ ID NO: 37-50; например, по меньшей мере, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% или более идентичность последовательностей, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 85% идентичность последовательностей, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 90% идентичность последовательностей или, по меньшей мере, 95% идентичность последовательностей;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, как определено в пунктах (i) или (ii) в жестких условиях гибридизации; и

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из полипептида, кодируемого нуклеотидной последовательностью по любому из пунктов (i)-(v) путем замещения, делеции и/или добавления, по меньшей мере, одной аминокислоты.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, белок дикого типа CPL1 или ERF922 содержит последовательность, которая, соответственно, по меньшей мере, на 95% идентична, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения по всей своей длине, последовательности, представленной любым из SEQ ID NO: 2-17 или 37-50, или которая кодируется последовательностью, которая, по меньшей мере, на 95% идентична, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения по всей своей длине, последовательности, представленной любым из SEQ ID NO: 19-34 или 52-65.

В одном аспекте, настоящее изобретение предлагает нуклеиновую кислоту, которая после транскрипции или экспрессии в растении или после сайленсинга в растении подходит для повышения устойчивости или толерантности к патогену, например, вызванного мутированным геном CPL1 и/или ERF922. С другой стороны, эндогенная последовательность ДНК в геноме растения или в геноме гаплоидного индуктора растения, которая идентична одной из нуклеиновых кислот по настоящему изобретению, также может быть модифицирована таким образом, что свойство устойчивости или толерантности к патогену опосредуется, или устойчивость, или толерантность к патогену повышается после транскрипции, или экспрессии эндогенной последовательности ДНК.

Нуклеиновая кислота по настоящему изобретению в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения представляет собой выделенную нуклеиновую кислоту, которая извлечена из ее природной или исходной среды (генетического контекста). Нуклеиновая кислота может быть двухцепочечной или одноцепочечной, линейной или кольцевой. Таким образом, это может быть тип геномной ДНК, синтетической ДНК, сДНК или РНК (например, IncРНК, siРНК или miРНК), при этом, нуклеотидное основание урацил входит в состав РНК вместо нуклеотидного основания тимин.

Нуклеиновая кислота по настоящему изобретению может быть использована в качестве трансгена. С другой стороны, эндогенная последовательность ДНК в геноме растения, которая идентична одной из нуклеиновых кислот по настоящему изобретению, также может быть модифицирована таким образом, что устойчивость или толерантность к патогену, например, вызванная мутированным геном CPL1 и/или ERF922, может быть усилена после транскрипции или экспрессии эндогенной последовательности ДНК, или после сайленсинга эндогенной последовательности ДНК.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к (выделенной) полинуклеиновой кислоте, содержащей или состоящей из последовательности,

представленной любым из SEQ ID NO: 19-35 или 52-79, или к ее комплементу, или обратному комплементу.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к полинуклеиновой кислоте, кодирующей полипептид, имеющий последовательность, представленную любым из SEQ ID NO: 2-17, 37-50 или 80-87, или к ее комплементу, или обратному комплементу.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к полинуклеиновой кислоте, содержащей:

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую последовательность, представленную любым из SEQ ID NO: 19-35 или 52-79, ее комплемент или обратный комплемент;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, имеющий аминокислотную последовательность, представленную любым из SEQ ID NO: 2-17, 37-50 или 80-87, ее комплемент или обратный комплемент;

(iii) нуклеотидную последовательность, имеющую, по меньшей мере, 60% идентичность (в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения по всей длине) с последовательностью, представленной любым из SEQ ID NO: 19-35 или 52-79; например, по меньшей мере, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% или более идентичность последовательностей, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 85% идентичность последовательностей, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 90% идентичность последовательностей или, по меньшей мере, 95% идентичность последовательностей, ее комплемент или обратный комплемент;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, имеющий, по меньшей мере, 60% идентичность (в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения по всей длине) с последовательностью, представленной любым из SEQ ID NO: 2-17, 37-50 или 80-87; например, по меньшей мере, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% или более идентичность последовательностей, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 85% идентичность последовательностей, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 90% идентичность последовательностей или, по меньшей мере, 95% идентичность последовательностей, ее комплемент или обратный комплемент;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, как определено в пунктах (i) или (ii), в жестких условиях гибридизации, ее комплемент или обратный комплемент;

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из полипептида, кодируемого нуклеотидной последовательностью по любому из пунктов (i)-(v) путем замещения, делеции и/или добавления, по меньшей мере, одной аминокислоты, ее комплемент или обратный комплемент; и

(vii) функциональный фрагмент по любому из пунктов (i)-(vi).

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к полинуклеиновой кислоте, содержащей:

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую последовательность, представленную любым из SEQ ID NO: 19-34 или 52-65, ее комплемент или обратный комплемент;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, имеющий аминокислотную последовательность, представленную любым из SEQ ID NO: 2-17 или 37-50, ее комплемент или обратный комплемент;

(iii) нуклеотидную последовательность, имеющую, по меньшей мере, 60% идентичность (в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения по всей длине) с последовательностью, представленной любым из SEQ ID NO: 19-34 или 52-65; например, по меньшей мере, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% или более идентичность последовательностей, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 85% идентичность последовательностей, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 90% идентичность последовательностей или, по меньшей мере, 95% идентичность последовательностей, ее комплемент или обратный комплемент, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная нуклеотидная последовательность кодирует функциональный полипептид;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, имеющий, по меньшей мере, 60% идентичность (в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения по всей длине) с последовательностью, представленной любым из SEQ ID NO: 2-17 или 37-50; например, по меньшей мере, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% или более идентичность последовательностей, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 85% идентичность последовательностей, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 90% идентичность последовательностей или, по меньшей мере, 95% идентичность последовательностей, ее комплемент или обратный комплемент, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная нуклеотидная последовательность кодирует функциональный полипептид;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, как определено в пунктах (i) или (ii), в жестких условиях гибридизации, ее комплемент или обратный комплемент, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная нуклеотидная последовательность кодирует функциональный полипептид;

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из полипептида, кодируемого нуклеотидной последовательностью по любому из пунктов (i)-(v) путем замещения, делеции и/или добавления, по меньшей мере, одной аминокислоты, ее комплемент или обратный комплемент, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная нуклеотидная последовательность кодирует функциональный полипептид; и

(vii) функциональный фрагмент по любому из пунктов (i)-(vi).

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к полинуклеиновой кислоте, содержащей:

(i) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, имеющий аминокислотную последовательность, представленную любым из SEQ ID NO: 80-87, ее комплемент или обратный комплемент;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, имеющий, по меньшей мере, 60% идентичность (в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения по всей длине) с последовательностью, представленной любым из SEQ ID NO: 80-87; например, по меньшей мере, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% или более идентичность последовательностей, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 85% идентичность последовательностей, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, по меньшей мере, 90% идентичность последовательностей или, по меньшей мере, 95% идентичность последовательностей, ее комплемент или обратный комплемент, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная нуклеотидная последовательность кодирует доминантно-отрицательный полипептид;

(iii) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, как определено в пунктах (i) или (ii), в жестких условиях гибридизации, ее комплемент или обратный комплемент, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная нуклеотидная последовательность кодирует доминантно-отрицательный полипептид;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из полипептида, кодируемого нуклеотидной последовательностью по любому из пунктов (i)-(iii) путем замещения, делеции и/или добавления, по меньшей мере, одной аминокислоты, ее комплемент или обратный комплемент, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, при этом, указанная нуклеотидная последовательность кодирует доминантно-отрицательный полипептид; и

(v) функциональный фрагмент любого по любому из пунктов (i)-(iv).

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к (выделенной) полинуклеиновой кислоте, содержащей мутированный CPL1 и/или ERF922, как описано в другом месте настоящего документа, например, кодирующей доминантно-отрицательный CPL1 и/или ERF922, или ее комплемент, или обратный комплемент.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота представляет собой ДНК. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота представляет собой РНК. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота является одноцепочечной. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота является двухцепочечной. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота представляет собой одноцепочечную ДНК. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота представляет собой одноцепочечную РНК. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота представляет собой двухцепочечную ДНК. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота представляет собой двухцепочечную РНК.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к полинуклеиновой кислоте, специфически гибридизирующейся с полинуклеиновой кислотой, как описано выше, или к ее комплементу, или обратному комплементу. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, такие полинуклеиновые кислоты идентичны (то есть, комплементарны) (в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения по всей длине), по меньшей мере, на 80%, в более предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения идентичны, по меньшей мере, на 90%, например, по меньшей мере, на 95%, 96%, 97%, 98%, 99% или 100%. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, такие полинуклеиновые кислоты идентичны на 100% (то есть, комплементарны).

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к первой полинуклеиновой кислоте, содержащей вторую полинуклеиновую кислоту, специфически

гибридизирующуюся с полинуклеиновой кислотой, как описано выше (такой как gРНК, shРНК, siРНК), или к ее комплементу, или обратному комплементу. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, вторая полинуклеиновая кислота и полинуклеиновая кислота, описанная выше, идентичны (то есть, комплементарны) (в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения по всей длине), по меньшей мере, на 80%, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения идентичны, по меньшей мере, на 90%, например, по меньшей мере, на 95%, 96%, 97%, 98%, 99% или 100%. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, такие полинуклеиновые кислоты идентичны на 100% (то есть, комплементарны).

В некоторых вариантах осуществления, настоящее изобретение относится к молекуле РНК_i, содержащей полинуклеиновую кислоту, имеющую последовательность, представленную любым из SEQ ID NO: 35, 69 или 70, ее комплементу или обратному комплементу.

В некоторых вариантах осуществления, настоящее изобретение относится к gРНК, содержащей последовательность, представленную любым из SEQ ID NO: 67, 68 или 71-79.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит менее 50 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит менее 40 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит менее 30 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит менее 25 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит менее 20 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит менее 15 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит менее 10 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит менее 5 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеотида, как описано в настоящем документе, содержит, по меньшей мере, 100 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула

нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит, по меньшей мере, 100 нуклеотидов и менее 50 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит, по меньшей мере, 100 нуклеотидов и менее 40 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит, по меньшей мере, 100 нуклеотидов и менее 30 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит, по меньшей мере, 100 нуклеотидов и менее 25 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит, по меньшей мере, 100 нуклеотидов и менее 20 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит, по меньшей мере, 100 нуклеотидов и менее 15 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит, по меньшей мере, 100 нуклеотидов и менее 10 000 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, молекула нуклеиновой кислоты, как описано в настоящем документе, содержит, по меньшей мере, 100 нуклеотидов и менее 5 000 нуклеотидов.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота содержит, по меньшей мере, 15 нуклеотидов, например, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24 или 25 нуклеотидов, например, по меньшей мере, 30, 35, 40, 45 или 50 нуклеотидов, например, по меньшей мере, 100, 200, 300 или 500 нуклеотидов.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота, как описано в настоящем документе, представляет собой праймер или зонд. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота представляет собой праймер длиной (и включительно) 10-80 нуклеотидов, например (и включительно), 15-50 нуклеотидов или 15-25 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота представляет собой зонд длиной (и включительно) 10-500 нуклеотидов, например (и включительно), 50-400 нуклеотидов или 100-250 нуклеотидов.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, праймер или зонд способен специфически определять полинуклеиновую кислоту по настоящему изобретению, например, специфически гибридизироваться с полинуклеиновой кислотой по настоящему изобретению. В некоторых вариантах осуществления настоящего

изобретения, полинуклеиновая кислота способна гибридизироваться с фрагментом уникального нуклеотида или участком полинуклеиновой кислоты, представленной любым из SEQ ID NO: 19-34 или 52-68, или с ее комплементом, или обратным комплементом. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, праймер или зонд способен гибридизироваться с фрагментом уникального нуклеотида или участком полинуклеиновой кислоты, кодирующей белок, представленной любым из SEQ ID NO: 2-17, 37-50 или 80-87, или с ее комплементом, или обратным комплементом. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, праймер или зонд способен специфически гибридизироваться с полинуклеиновой кислотой, кодирующей доминантно-отрицательный белок CPL1 или ERF922 (то есть, способен различать последовательность, кодирующую белок дикого типа, и последовательность, кодирующую доминантно-отрицательный белок).

Следует понимать, что в вариантах осуществления настоящего изобретения, относящихся к набору прямых и обратных праймеров, может потребоваться, чтобы только один из обоих праймеров (прямой или обратный) был способен различать дикий тип и мутант, и, следовательно, быть уникальным. Другой праймер может или не может быть способным различать дикий тип и мутант, и, следовательно, быть уникальным.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота, как описано в настоящем документе, представляет собой полинуклеиновую кислоту РНКi, siРНК или shРНК.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота, как описано в настоящем документе, представляет собой направляющую РНК (gРНК).

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к вектору, содержащему полинуклеиновую кислоту по настоящему изобретению.

В контексте настоящего документа, термин «вектор» имеет обычное значение, существующее в данной области техники, и может представлять собой, например, плазмиду, космиду, фаг или экспрессионный вектор, трансформационный вектор, челночный вектор или клонирующий вектор; он может быть двух- или одноцепочечным, линейным или кольцевым; или он может трансформировать прокариотического или эукариотического хозяина, либо путем интеграции в его геном, либо экстрахромосомно. Нуклеиновая кислота по настоящему изобретению, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, функционально сцеплена в векторе, по меньшей мере, с одной регуляторной последовательностью, которая обеспечивает транскрипцию и, необязательно, экспрессию, в прокариотической или эукариотической клетке-хозяине.

Регуляторная последовательность, в предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения ДНК, может быть гомологичной или гетерологичной по отношению к нуклеиновой кислоте по настоящему изобретению. Например, нуклеиновая кислота контролируется подходящим промотором или терминатором. Подходящими промоторами могут быть промоторы, которые индуцируются конститутивно (пример: промотор 35S из «Вируса мозаики цветной капусты» (Оделл и соавт., 1985); особенно подходящими являются те промоторы, которые являются тканеспецифическими (пример: Промоторы, специфические для пыльцы, Чен и соавт. (2010), Чжао и соавт. (2006), или Твелл и соавт. (1991)), или специфические для развития (пример: промоторы, специфические для цветения). Подходящие промоторы также могут представлять собой синтетические или химерные промоторы, которые не встречаются в природе, состоят из нескольких элементов и содержат минимальный промотор, а также - выше минимального промотора - по меньшей мере, один цис-регуляторный элемент, который служит местом связывания для специфических факторов транскрипции. Химерные промоторы могут быть сконструированы в соответствии с желаемыми требованиями и индуцированы, или репрессированы посредством различных факторов. Примеры таких промоторов можно найти в работе Гурра и Раштона (2005) или в работе Венгера (2007). Например, подходящим терминатором является терминатор нопалин-синтазы (NOS) (Депикер и соавт., 1982). Вектор может быть введен посредством конъюгации, мобилизации, биолистической трансформации, трансформации, опосредованной агробактериями, трансфекции, трансдукции, вакуумной инфльтрации или электропорации.

В контексте настоящего документа, термин «функционально сцепленный» означает соединенный в общую молекулу нуклеиновой кислоты таким образом, что соединенные элементы расположены и ориентированы относительно друг друга так, что может происходить транскрипция молекулы нуклеиновой кислоты. ДНК, которая функционально сцеплена с промотором, находится под транскрипционным контролем этого промотора.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, вектор представляет собой вектор условной экспрессии. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, вектор представляет собой вектор конститутивной экспрессии. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, вектор представляет собой вектор тканеспецифической экспрессии, например, вектор экспрессии, специфической для пыльцы. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, вектор представляет собой вектор индуцибельной экспрессии. Все такие векторы хорошо известны в данной области техники.

Способы получения описанных векторов являются обычными для специалиста в данной области техники (Сэмбрук и соавт., 2001).

Также в настоящем документе рассмотрена клетка-хозяин, например, растительная клетка, которая содержит нуклеиновую кислоту, как описано в настоящем документе, или вектор, как описано в настоящем документе. Клетка-хозяин может содержать нуклеиновую кислоту в виде экстрахромосомно (эписомально) реплицирующейся молекулы, или она содержит нуклеиновую кислоту, интегрированную в ядерный или пластидный геном клетки-хозяина, или в виде введенной хромосомы, например, мини-хромосомы.

Клетка-хозяин может быть прокариотической (например, бактериальной) или эукариотической клеткой (например, растительной клеткой или дрожжевой клеткой). Например, клетка-хозяин может представлять собой агробактерию, такую как *Agrobacterium tumefaciens* или *Agrobacterium rhizogenes*. В предпочтительном варианте осуществления настоящего изобретения, клетка-хозяин представляет собой растительную клетку.

Нуклеиновая кислота, описанная в настоящем документе, или вектор, описанный в настоящем документе, могут быть введены в клетку-хозяина с помощью хорошо известных способов, которые могут зависеть от выбранной клетки-хозяина, включая, например, конъюгацию, мобилизацию, биолистическую трансформацию, трансформацию, опосредованную агробактериями, трансфекцию, трансдукцию, вакуумную инфльтрацию или электропорацию. В частности, способы введения нуклеиновой кислоты или вектора в клетку агробактерии хорошо известны специалисту в данной области техники и могут включать способы конъюгации или электропорации. Также хорошо известны способы введения нуклеиновой кислоты или вектора в растительную клетку (Сэмбрук и соавт., 2001), которые могут включать различные способы трансформации, такие как биолистическая трансформация и трансформация, опосредованная агробактериями.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к набору, содержащему полинуклеиновые кислоты, такие как праймеры (содержащие прямые и/или обратные праймеры) и/или зонды, векторы или клетки-хозяева по настоящему изобретению, как описано в настоящем документе. Набор также может содержать инструкции по использованию.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу идентификации растения, части растения или популяции растений, имеющей повышенную устойчивость и/или толерантность к патогену, содержащему скрининг на наличие и/или идентификацию сниженной или устраненной экспрессии, активности и/или стабильности

белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922, или скрининг на наличие, и/или идентификацию мутации, как описано в другом месте настоящего документа, у растения, части растения или популяции растений.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу идентификации растения, части растения или популяции растений, имеющей повышенную устойчивость и/или толерантность к патогену, содержащему выделение генетического материала (например, геномной ДНК или мРНК) из растения, части растения или популяции растений, и скрининг на наличие, и/или идентификацию сниженной или устраненной экспрессии, активности и/или стабильности белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922, или скрининг на наличие, и/или идентификацию мутации, как описано в другом месте настоящего документа, у растения, части растения или популяции растений.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу отбора растения, части растения или популяции растений, имеющей повышенную устойчивость и/или толерантность к патогену, содержащему скрининг на наличие и/или идентификацию сниженной или устраненной экспрессии, активности и/или стабильности белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922, или скрининг на наличие, и/или выявление мутации, как описано в другом месте настоящего документа, у растения, части растения или популяции растений; и отбор растения, части растения или популяции растений, имеющей сниженную или устраненную экспрессию, активность и/или стабильность белка CPL1, и/или ERF922, или имеющей мутацию, как описано в другом месте настоящего документа.

В одном аспекте, настоящее изобретение относится к способу отбора растения, части растения или популяции растений, имеющей повышенную устойчивость и/или толерантность к патогену, содержащему выделение генетического материала (например, геномной ДНК или мРНК) из растения, части растения или популяции растений и скрининг на наличие и/или идентификацию сниженной или устраненной экспрессии, активности и/или стабильности белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922, или скрининг на наличие и/или идентификацию мутации, как описано в другом месте настоящего документа, у растения, части растения или популяции растений; и отбор растения, части растения или популяции растений, имеющей сниженную или устраненную экспрессию, активность и/или стабильность белка CPL1, и/или ERF922, или имеющей мутацию, как описано в другом месте настоящего документа.

Способы скрининга на наличие гена CPL1 и/или ERF922, имеющего сниженную экспрессию, активность или стабильность, или мутантных генов CPL1, и/или ERF922, как описано в настоящем документе, известны в данной области техники. Без ограничения, скрининг может охватывать или содержать секвенирование, способы на основе

гибридизации (такие как (динамическая) аллель-специфическая гибридизация, молекулярные маячки, SNP-микрочипы), способы на основе ферментов (такие как ПЦР, KASP (Конкурентная аллель-специфическая ПЦР), RFLP, ALFP, RAPD, Флэп-эндонуклеаза, удлинение праймера, 5'-нуклеаза, количественный анализ олигонуклеотидных лигаз), способы пост-амплификации на основе физических свойств ДНК (такие как, одноцепочечный конформационный полиморфизм, гель с использованием градиента температуры, денатурирующая высокоэффективная жидкостная хроматография, высокоразрешающее плавление всего ампликона, использование белков, связывающих несоответствие ДНК, SNPlex, количественный анализ расщепления несоответствия ферментов) и так далее.

Аспекты и варианты осуществления настоящего изобретения далее подтверждаются приведенными ниже неограничивающими примерами. Приведенные ниже примеры, включая проведенные эксперименты и достигнутые результаты, служат только для целей пояснения и не ограничивают настоящее изобретение.

ПРИМЕРЫ

ПРИМЕР 1: Идентификация гена CPL1

С помощью поисков гомологии последовательности белка AtCPL1 Arabidopsis (SEQ ID NO: 1) были идентифицированы CPL1-кодирующие гены у нескольких сельскохозяйственных культур (SEQ ID NO: 2-17).

Идентичность отобранных белков CPL1 (SEQ ID NO: 2-17) с белком AtCPL1 Arabidopsis составляет 46-60% на уровне аминокислот (см. Фигуру 1; Таблицу 1). Идентичность кодирующих последовательностей (CDS) отобранных генов CPL1 (SEQ ID NO: 19-34) с кодирующей последовательностью AtCPL1 Arabidopsis (SEQ ID NO: 18) составляет 53-66% на уровне нуклеотидов (см. также Фигуру 2; Таблицу 2). Соя (*Glycine max*) содержит четыре паралога последовательностей CPL1, в кукурузе (*Zea mays*) и *Sorghum bicolor* имеется по два паралога CPL1. В пшенице (*Triticum aestivum*) на каждой из хромосом 2A, 2B, 2D, 6A, 6B и 6D находится по одному гену CPL1.

Таблица 1: Процент идентичности между различными последовательностями белка обнаруженных генов CPL1 и сравнение с последовательностью белка AtCPL1 Arabidopsis

SEQ ID NO	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
1	100	46,8	46,8	47,6	46,1	47,9	48,0	48,1	46,9	67,9	46,9	59,9	59,4	57,9	58,4	51,4	51,8
2	-	100	92,2	93,9	67,7	67,9	68,1	68,4	80,2	80,2	80,0	51,2	51,1	49,7	50,3	47,6	48,9

3	-	-	100	93,7	67,8	68,6	69,0	69,3	80,5	80,8	80,5	51,1	50,9	49,8	50,4	47,6	48,7
4	-	-		100	68,9	69,9	69,9	70,1	82,4	82,5	82,4	52,3	52,2	50,6	51,4	48,6	49,3
5	-	-	-	-	100	73,6	73,4	73,9	69,6	69,5	69,9	51,0	50,8	48,4	49,1	47,1	48,2
6	-	-	-	-	-	100	97,8	98,0	70,6	70,4	70,3	52,5	52,7	50,5	50,8	49,5	48,3
7	-	-	-	-	-	-	100	97,3	70,7	70,5	70,4	52,3	52,5	50,4	50,9	49,5	48,2
8	-	-	-	-	-	-	-	100	71,4	71,2	71,1	52,4	52,6	50,5	51,1	49,1	48,4
9	-	-	-	-	-	-	-	-	100	98,5	98,8	52,6	52,0	50,5	51,4	48,2	48,2
10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	98,4	52,5	52,0	50,5	51,3	48,0	47,9
11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	52,5	51,9	50,5	51,3	48,0	48,1
12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	95,3	76,3	77,2	59,7	58,7
13	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	75,3	76,3	59,3	58,4
14	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	92,6	56,9	57,2
15	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	57,4	57,9
16	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	53,3
17	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100

Таблица 2: Процент идентичности между различными кодирующими последовательностями обнаруженных генов CPL1 и сравнение с кодирующей последовательностью AtCPL1 Arabidopsis

SEQ ID NO	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34
18	100	54,6	54,5	55,0	54,2	55,9	55,4	55,8	53,8	53,6	53,7	66,2	66,0	65,4	65,2	57,7	57,2
19	-	100	93,6	95,1	73,3	74,2	74,2	74,6	82,0	81,7	81,6	58,6	58,5	57,8	58,1	53,5	53,9
20	-	-	100	94,8	73,2	74,6	74,6	75,0	82,1	81,9	81,7	58,7	58,6	57,8	58,2	53,8	53,2
21	-	-	-	100	73,7	75,0	74,9	75,3	82,8	82,6	82,4	58,9	58,8	58,1	58,4	54,0	53,8
22	-	-	-	-	100	80,2	79,9	80,4	74,1	74,0	74,2	59,4	59,5	58,2	58,6	53,8	53,7
23	-	-	-	-	-	100	98,3	98,6	76,3	76,1	76,3	59,6	60,0	59,1	59,3	53,8	53,7
24	-	-	-	-	-	-	100	98,1	76,0	75,8	76,1	59,5	59,8	59,2	59,3	53,6	53,6
25	-	-	-	-	-	-	-	100	76,5	76,2	76,5	59,7	60,1	59,2	59,4	53,8	53,9
26	-	-	-	-	-	-	-	-	100	99,0	99,0	58,5	58,3	57,9	58,4	53,2	53,0
27	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	98,7	58,5	58,2	57,9	58,3	53,2	52,8
28	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	58,5	58,4	58,0	58,4	53,3	52,9
29	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	95,8	82,4	82,9	63,1	61,7
30	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	81,4	82,1	62,9	61,5
31	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	95,1	62,6	61,5

32	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	62,6	61,3
33	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	56,3
34	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100

ПРИМЕР 2: Устойчивость к грибам у кукурузы (*Zea mays*), придаваемая с помощью РНКi или мутированных генов CPL1

Была разработана и стабильно трансформирована в растения кукурузы генотипа A188 сайленсирующая конструкция на основе РНКi, направленная на гены ZmCPL1.1 и ZmCPL1.2 кукурузы (Фигура 1-2).

Сайленсирующая последовательность ZmCPL1 (SEQ ID NO: 35) была специально отобрана для обеспечения очень высокой гомологии отобранных генов ZmCPL1 (100% идентичность с ZmCPL1.1 и > 95% идентичность с ZmCPL1.2) и, в то же время для того, чтобы избежать больших удлинений гомологии (< 20 пар оснований) других последовательностей в геноме кукурузы. Конструкция вектора, используемая для трансформации, показана на Фигуре 3. Трансгенные растения кукурузы сегрегирующего поколения T1, а также гомозиготные линии T2, вместе с соответствующими азиготными родственными линиями (нулевые сегреганты), испытывали на устойчивость к *Setosphaeria turcica* (Северный гельминтоспориоз листьев кукурузы (NCLB)) в теплице и на устойчивость к *Fusarium* (фузариоз) в поле.

Эти эксперименты показывают, что даунрегуляция генов ZmCPL1 приводит к повышенной устойчивости к гембиотрофному грибу, и что даунрегуляция ZmCPL1 не вызывает какой-либо задержки роста.

Существует несколько способов даунрегуляции экспрессии гена. Среди них, например, экспрессия конструкции РНКi или конструкции микроРНК, или модификация промотора, или других регуляторных элементов гена. Для даунрегуляции генов CPL1, в дополнение к вышеупомянутым способам, был экспрессирован доминантно-отрицательный аллель CPL1. Было показано, что точечная мутация D128A в консервативном мотиве DXDXT каталитического домена фосфатазы привела к доминантно-отрицательной форме белка AtCPL4 *Arabidopsis*, который участвует в нормальном росте и развитии растения (Фукудоме и соавт., 2014). Сверхэкспрессия доминантно-отрицательного аллеля AtCPL4_D128A у *Arabidopsis* была летальной и напоминала фенотип нокаутных линий AtCPL4, которые являются гомозиготными летальными. Растения *Arabidopsis* с конструкциями AtCPL4_РНКi были жизнеспособными с умеренно токсичным фенотипом. Это свидетельствует о том, что сильная сверхэкспрессия доминантно-отрицательного аллеля AtCPL4 напоминает полный нокаут AtCPL4.

Для достижения даунрегуляции генов CPL1, используется доминантно-отрицательный аллель под контролем сильного сверхэкспрессирующего промотора или под контролем более слабого промотора, например, нативного промотора, для получения доминантно-отрицательных аллелей отобранных генов CPL1. В одном варианте осуществления настоящего изобретения, используются мутации в мотиве DXDXT, аналогичные D128A в AtCPL4. Примерами модификаций мотива DXDXT являются D148A в ZmCPL1.1 (SEQ ID NO: 80) и D149A в ZmCPL1.2 (SEQ ID NO: 81). У других культур, имеющих агрономическое значение, это положение соответствует D162A в g16374.t1_белке Beta vulgaris (гомолог CPL1 у сахарной свеклы; SEQ ID NO: 82), D143A в PGSC0003DMT400057635_белке Solanum tuberosum (гомолог CPL1 у картофеля; SEQ ID NO: 83), D141A в Glyma.07g194800.1_белке Glycine max (гомолог CPL1 у сои; SEQ ID NO: 84), D149A в TraesCS2A02G373400.3_белке Triticum aestivum (гомолог CPL1 у пшеницы; SEQ ID NO: 85), D147A в TraesCS6B02G264000.4_белке Triticum aestivum (гомолог CPL1 у пшеницы; SEQ ID NO: 86) и D149A в Sobic.004G227600.1_белке Sorghum bicolor (гомолог CPL1 у сорго; SEQ ID NO: 87).

Следовательно, даунрегуляция генов CPL1 также может быть достигнута путем введения точечной мутации в нативный ген CPL1, которая приводит к доминантно-отрицательному аллелю, и для поддержания этой мутации в гетерозиготном состоянии. Эффект устойчивости доминантно-отрицательного аллеля CPL1 был бы генетически доминантным, что дает преимущества при селекции устойчивых гибридных культур, по сравнению, например, с рецессивными мутациями в промоторе, которые должны присутствовать у обоих родителей гибрида. Если присутствуют паралоги генов CPL1, как в кукурузе, пшенице, сое и сорго, то использование доминантно-отрицательного аллеля CPL1 для инженерии устойчивых растений требует меньше усилий, чем, например, одновременная даунрегуляция всех паралогов CPL1 посредством модификаций промотора.

ПРИМЕР 3: Устойчивость к грибам у пшеницы (Triticum aestivum), придаваемая с помощью подхода VIGS, направленного на CPL1

Были разработаны две сайленсирующие конструкции, нацеленные на все шесть паралогов/гомеологов CPL1 для экспериментов по вирусиндуцированному сайленсингу генов (VIGS) у пшеницы. Сайленсирующие последовательности были специфически сконструированы для обеспечения высокой гомологии (> 83% идентичности) всех шести гомологов CPL1 пшеницы и, в то же время для того, чтобы избежать больших удлинений гомологии (< 20 пар оснований) других кодирующих последовательностей в геноме пшеницы. Для VIGS-экспериментов использовалась соответствующая векторная система.

В настоящем документе, сайленсирующие последовательности TaCPL1 (SEQ ID NO: 69 и 70) были вставлены по отдельности. Вирусные частицы, несущие сайленсирующие последовательности, были собраны путем трансформации на основе ко-инfiltrации *Agrobacterium* в *Nicotiana benthamiana*. Листья пшеницы сорта Passat (KWS, Einbeck, Германия) затем трансфицируют соком, извлеченным из инфильтрированных листьев *N. benthamiana*. Через 14 дней после трансфекции вариантом вируса, растения пшеницы заражают суспензией патогена, например, спорами *Zymoseptoria tritici*, возбудителя Септориозной пятнистости. Затем растения содержат в условиях, способствующих заражению патогеном, и оценивают степень зараженности патогеном.

По сравнению с растениями пшеницы, которые были имитационно инокулированы, необработаны или заражены при контроле пустого вектора, растения пшеницы, зараженные CPL1-сайленсирующими конструкциями, показывают значительное снижение проявления патогенного гриба (Фигура 4).

Это свидетельствует о том, что сайленсинг всех гомеологов CPL1 у пшеницы приводит к повышенной устойчивости к насекомым или патогенам (среди них гемибиотрофные патогенные грибы).

В дополнение к количественному анализу на патогенные грибы, проводят количественный анализ на устойчивость к насекомым. Ожидается, что сайленсинг CPL1 также отрицательно влияет на чувствительность растений, в частности, растений пшеницы, к заражению насекомыми, то есть, модификация белка CPL1 или снижение экспрессии гена (генов) CPL1 повышает устойчивость растений к насекомым. Поэтому CPL1-сайленсирующая конструкция, а также вышеупомянутый доминантно-отрицательный аллель (аллели) также могут быть использованы в качестве подхода к повышению устойчивости к насекомым.

ПРИМЕР 4: Устойчивость к грибам у пшеницы (*Triticum aestivum*), придаваемая с помощью подхода КО генов CPL1

Для подтверждения значимости генов CPL1 для устойчивости к грибам, (нокаутные) мутации в этом гене вводятся с помощью подхода TILLING с использованием EMS или ENU в качестве мутагена. Отобранные растения впоследствии самоопыляются для создания гомозиготных мутантов. Гомозиготные мутанты CPL1 анализируют на предмет повышенной устойчивости к патогенным грибам. Если в растении присутствуют несколько паралогов, ожидаются аддитивные эффекты от нокаута нескольких паралогических генов параллельно. Полный нокаут генов CPL1, а не только их сниженная экспрессия, приводит к задержке цветения. Таким образом, даунрегуляция экспрессии гена CPL1 может быть предпочтительным техническим подходом.

В качестве альтернативы подходу TILLING, используется редактирование генома для создания нокаутных мутаций в генах CPL1. Модификации регуляторных элементов генов CPL1 путем редактирования генома используются для даунрегуляции экспрессии гена CPL1. Что касается задержки цветения у растений с полным нокаутом CPL1, то даунрегуляция экспрессии предотвращает этот побочный эффект подхода к устойчивости CPL1.

Для редактирования генома CPL1, была проведена валидация мишени. Протопласты кукурузы были ко-трансфицированы двумя конструкциями. Одна несет конститутивно экспрессируемый ген MAD7 с нуклеазной активностью, если он экспрессирован, а вторая - конститутивно экспрессируемую одиночную направляющую РНК (сгРНК) для каждого сайта-мишени. После трансфекции, протопласты культивировали в течение 24 ч.

Образцы протопластов измеряли на эффективность трансфекции с использованием экспрессии флуоресцентного маркерного гена, перенесенного на ту же плазмиду, что и ген MAD7. Протопласты подсчитывали с использованием проточного цитометра.

Образцы протопластов были извлечены для геномной ДНК, а образцы ДНК были амплифицированы посредством ПЦР для ампликона, фланкирующего последовательность-мишень. Было использовано глубокое секвенирование ампликона для определения скорости резки в каждом сайте. Частота ИНДЕЛА представлена в Таблице 3. Каждую обработку повторили три раза, и данные приведены в таблице ниже. Частота ИНДЕЛА и Стандартная ошибка основаны на необработанных данных. Второй набор значений скорректирован на основе эффективности трансфекции протопластов.

Таблица 3

Последовательность РАМ	Протоспейсерная последовательность	Повторы	Частота ИНДЕЛА	Стандартная ошибка	Частота ИНДЕЛА, нормированная к эффективности трансфекции	Стандартная ошибка
TTTC	GAGGACAGAATTGATG CACTT (SEQ ID NO: 75)	3	5,19	0,45	22,72	1,31
TTTC	AGATCCACTGCAAGGT TCTCC (SEQ ID NO: 76)	3	6,11	0,49	23,09	1,99
TTTC	ACCGTTGAATCCGATT STATG (SEQ ID NO: 77)	3	2,69	0,17	10,72	0,59
TTTG	GCTTGAGGGAACATGC	3	6,91	1,49	26,60	4,55

	CGAGT (SEQ ID NO: 78)					
TTTA	GGTGGAGTACAGGTCA ACATT (SEQ ID NO: 79)	3	11,84	0,83	45,02	3,28

ПРИМЕР 5: Идентификация гена ERF922

С помощью поисков гомологии последовательности белка ERF922 риса, в нескольких сельскохозяйственных культурах были идентифицированы ERF922-кодирующие гены, которые кодируют последовательности белка ERF922 (SEQ ID NO: 36-50). Продемонстрирована соответствующая область, кодирующая ДНК (SEQ ID NO: 51-65). В кукурузе (*Zea mays*), сорго (*Sorghum bicolor*), сахарной свекле (*Beta vulgaris*) и картофеле (*Solanum tuberosum*) белок гена ERF922 кодируется одним геном ERF922-I. У злаковых пшеницы (*Triticum aestivum*) и ржи (*Secale cereale*), наряду с ERF922-I, существует второй ERF922-подобный ген, который также демонстрирует высокую гомологию OsERF922, но относится ко второму ERF922-подобному белку, называемому ERF922-II. У пшеницы гены ERF922-I и ERF922-II расположены в виде одиночных аллелей в геномах A, B и D на хромосоме 3 и 2 каждый (Фигуры 5 и 6). Наличие отдельного, но родственного аллеля ERF922 у растения ржи и пшеницы показано на Фигуре 5.

Транскрипция OsERF922 индуцирована грибковой инфекцией листьев риса и абиотическим стрессом (соль и засуха). Анализ данных последовательностей мРНК пшеницы показал, что аллели A, B и D гена ERF922-I экспрессируются исключительно в колосьях пшеницы после заражения Фузариозом. Экспрессия ERF922-I в незараженной пшенице была обнаружена только в оси колосков и цветках колосьев пшеницы, и отсутствовала в других тканях, в отличие от ERF922-II. Транскрипция ERF922-II была обнаружена в проростках, корнях, побеге, удлинённом листе и колосе, оси колосков и цветках соцветия. После грибковой инфекции листьев или растений пшеницы, испытавших воздействие стресса, экспрессия аллелей ERF922-I не была обнаружена. Однако 3 аллеля ERF922-II были индуцированы во всех тканях под воздействием биотического и абиотического стресса. Транскрипты ERF922-II были индуцированы Фузариозом в колосьях пшеницы и инфекцией *Septoria tritici*, *Ruscinia* и настоящей мучнистой росой в листьях пшеницы. Кроме того, экспрессия ERF922-II была индуцирована холодом. Гены ERF922 у ржи и пшеницы являются паралогами. Для повышения устойчивости пшеницы к заболеваниям листьев, экспрессия ERF922-II должна быть снижена. Снижение либо ERF922-I, либо ERF922-II повышает устойчивость пшеницы к фузариозной гнили пшеницы.

ПРИМЕР 6: Устойчивость к грибам у пшеницы (*Triticum aestivum*), придаваемая с помощью подхода VIGS, направленного на ERF922-I и ERF922-II

Были разработаны две сайленсирующие конструкции, нацеленные на все шесть аллелей TaERF922-I на хромосоме 3 (TaERF922-3A-I, TaERF922-3B-I, TAERF922-3D-I) и две сайленсирующие конструкции, нацеленные на все шесть аллелей TaERF922-II на хромосоме 2 (TaERF922-2A-II, TaERF922-2B-II, TAERF922-2D-II) для экспериментов по сайленсингу генов, индуцированному вирусом (VIGS), в пшенице. Сайленсирующие последовательности были специфически сконструированы для обеспечения либо высокой гомологии (> 92% идентичности) всех шести гомологов ERF922-I пшеницы, либо всех шести гомологов ERF922-II пшеницы и, в то же время для того, чтобы избежать больших удлинений гомологии (< 20 пар оснований) других кодирующих последовательностей в геноме пшеницы. Для VIGS-экспериментов использовалась соответствующая векторная система.

В данном случае, сайленсирующие последовательности TaERF922-I фрагмента TaERF922-3A_fragA и TaERF922-3A_fragB, и сайленсирующие последовательности TaERF922-II фрагмента TaERF922-2A_fragA и TaERF922-2A_fragB были вставлены по отдельности. Последовательности TaERF922-3A_fragA и TaERF922-3A_fragB идентичны по положениям 70-288 и 368-558, представленным SED ID NO: 58-60. Последовательности TaERF922-2A_fragA и TaERF922-2A_fragB идентичны по положениям 21-179 и 611-766, представленным SED ID NO: 61-63. Вирусные частицы, несущие сайленсирующие последовательности, были собраны путем трансформации на основе ко-инfiltrации *Agrobacterium* в *Nicotiana benthamiana*. Листья пшеницы сорта Taifun (KWS, Einbeck, Германия) затем трансфицируют соком, извлеченным из инфильтрированных листьев *N. benthamiana*. Через 14 дней после трансфекции вариантом вируса, листья растений пшеницы заражают спорами гриба *Zygomycetia tritici*, возбудителя Септориозной пятнистости, а колосья пшеницы - спорами *Fusarium graminearum*, возбудителя *Fusarium graminearum*. Затем растения содержат в условиях, способствующих заражению патогеном, и оценивают степень зараженности патогеном.

По сравнению с растениями пшеницы, которые были имитационно инокулированы, необработаны или заражены при контроле пустого вектора, растения пшеницы, зараженные сайленсирующими конструкциями ERF922-I или ERF922-II, показывают значительное снижение проявления Септориозной пятнистости (Фигура 7) и Фузариоза колоса пшеницы (Фигура 8).

Это свидетельствует о том, что сайленсинг всех гомеологий ERF922 в пшенице приводит к повышению устойчивости к патогенным грибам (среди них гембиотрофные и некротрофные патогенные грибы).

ПРИМЕР 7: Устойчивость к грибам у кукурузы (*Zea mays*), придаваемая с помощью подхода РНКi, направленного на ERF922

Повышение устойчивости было продемонстрировано путем даунрегуляции экспрессии гена ERF922-I после отбора для испытаний гена ZmERF922 кукурузы. Сайленсирующая конструкция на основе РНКi, направленная на ген ERF922-I кукурузы (Фигура 9, SEQ ID NO: 66), была сконструирована и стабильно трансформирована в генотип A188 кукурузы с помощью трансформации, опосредованной *Agrobacterium tumefaciens*. Трансгенные растения кукурузы линии MTR554-T-015 вместе с соответствующей азиготной сестринской линией MTR554-T-015 (нетрансгенной) из сегрегирующего поколения T1 были идентифицированы с помощью ПЦР. Растения MTR554-T015 были испытаны с генотипом A188 на устойчивость к *Setosphaeria turcica*, возбудителю Северного гельминтоспориоза листьев кукурузы (NCLB), в теплице. Высота растений была измерена дополнительно перед инокуляцией, и различий не было обнаружено (Таблица 4).

Таблица 4: ERF922 РНКi линии MTR554-T-015 демонстрирует повышенную устойчивость к Северному гельминтоспориозу листьев кукурузы, по сравнению с трансформационным генотипом A188 и азиготной MTR554-T-015 (нетрансгенной) линией

Линия	Номер растения	Средний размер растений (см) ¹	Средняя ширина листьев (см) ¹	Показатель заболеваемости (0-100%) 5-й лист 18 dpi	Показатель заболеваемости (0-100%) 5-й лист 23 dpi	Биомасса грибов в зараженном листе (мг/г) 24 dpi
A188	35	80,7	4,3	47,5	73	106,2
MTR554-T-015 (трансгенная)	25	80,1	4,8	33,6	55,6	97,3
MTR554-T-015 (нетрансгенная)	5	77,8	5,1	48	72	116,9

¹Размер растения измерен до инокуляции

В испытании на устойчивость, 5-й лист каждого растения инокулировали распылением смеси из двух изолятов *S. turcica* (раса 0) из расчета 5 000 спор/мл. Трансгенные растения ERF922 РНКi линии MTR554-T-015 показали повышенную устойчивость после визуальной оценки заболеваемости на 5-м листе через 18 и 23 дня

после инокуляции (dpi). По сравнению с трансформационным генотипом A188 и азиготной сестринской линией MTR554-T-015 (нетрансгенной), у ERF922 РНК растений проявление симптомов уменьшилось на 30% и 23% после 18 и 23 dpi, соответственно. На 24 dpi 5-й лист каждого растения был отобран, высушен и была определена биомасса грибов из выделенной геномной ДНК посредством количественной ПЦР (qPCR). Биомасса грибов трансгенной линии MTR554-T-015 была снижена на 14%, по сравнению со средним значением биомассы грибов в A188 и MTR554-T-015 (нетрансгенной). Эти эксперименты показали, что даунрегуляция гена ZmERF922 приводит к повышению устойчивости кукурузы к гембиотрофному грибу, а также, что даунрегуляция ZmERF922 не вызывает задержки роста.

ПРИМЕР 8: Устойчивость к грибам у пшеницы (*Triticum aestivum*), придаваемая с помощью редактирования генома ERF922

Редактирование генома было применено для даунрегуляции экспрессии ERF922-I и ERF922-II в пшенице. Протопласты пшеницы были ко-трансфицированы двумя конструкциями; одна несла конститутивно экспрессируемый ген RR-Cpf1, а вторая - конститутивно экспрессируемую одиночную направляющую РНК для каждого сайта-мишени. Прото-спейсерные последовательности сайтов-мишеней, crGEP239 и crGEP243, представлены SEQ ID NO: 67 и 68. После трансфекции, протопласты культивировали в течение 24 ч. Образцы протопластов измеряли на эффективность трансфекции с использованием экспрессии флуоресцентного маркерного гена, перенесенного на ту же плазмиду, что и ген RR-Cpf1. Протопласты подсчитывали с использованием проточного цитометра.

Образцы протопластов были извлечены для геномной ДНК, а образцы ДНК были амплифицированы посредством ПЦР для ампликона, фланкирующего последовательность-мишень. Было использовано глубокое секвенирование ампликона для определения скорости резки на каждом сайте геномов А и В пшеницы. Частота ИНДЕЛА представлена в Таблице 5.

Таблица 5: gРНК (pGE745-750), испытанная на разрушение гена ERF922 в пшенице. Эффективность индела указана в %

Ген	Конструкция	Мишень	Комментарии относительно мишени	Частота ИНДЕЛА (%)
Ta-ERF922	pGEP745	crGEP239	Только А, В1	A4,0, B2,4

Ta- ERF922	pGEP746	crGEP240	Только А, В1	А1,2, В3,5
Ta- ERF922	pGEP747	crGEP241	Только А, В1	А0,0, В0,0
Ta- ERF922	pGEP748	crGEP242	Только В2	0,0
Ta- ERF922	pGEP749	crGEP243	Только В2	0,6
Ta- ERF922	pGEP750	crGEP244	Только В2	0,1

ФОРМУЛА ИЗОБРЕТЕНИЯ

1. Способ повышения устойчивости и/или толерантности к патогену у растения, части растения или популяции растений, содержащий снижение или устранение экспрессии, стабильности, и/или активности белка, и/или гена ERF922, и/или CPL1 у растения, части растения или популяции растений.

2. Способ по п. 1, отличающийся тем, что ген ERF922 и/или CPL1 является мутированным, предпочтительно кодирующая последовательность и/или регуляторная последовательность гена ERF922, и/или CPL1 является мутированной, и/или экспрессия, стабильность и/или активность белка ERF922, и/или CPL1 является сниженной.

3. Способ по п. 2, отличающийся тем, что упомянутый мутированный ген ERF922 и/или CPL1 содержит точечную мутацию, предпочтительно приводящую к замещению аминокислоты в белке ERF922 и/или CPL1, более предпочтительно, при этом, упомянутый мутированный белок ERF922 и/или CPL1 является доминантно-отрицательным белком ERF922 и/или CPL1, и/или упомянутый мутированный белок CPL1 содержит мутацию в мотиве DXDXT.

4. Способ по любому из пп. 2 или 3, отличающийся тем, что упомянутый мутированный белок CPL1 содержит мутацию, соответствующую D128X в AtCPL4, при этом, X представляет собой аминокислоту, отличную от D, предпочтительно, при этом, упомянутый мутированный белок CPL1 содержит мутацию, соответствующую D128A в AtCPL4, более предпочтительно, при этом, упомянутый мутированный белок CPL1 содержит мутацию в белке CPL1, соответствующую:

– D148X, предпочтительно D148A, когда указанное растение относится к роду *Zea*, предпочтительно *Zeamays*;

– D149X, предпочтительно D149A, когда указанное растение относится к роду *Zea*, предпочтительно *Zeamays*;

– указанное D162X, предпочтительно D162A, когда указанное растение относится к роду *Beta*, предпочтительно *Beta vulgaris*;

– D143X, предпочтительно D143A, когда указанное растение относится к роду *Solanum*, предпочтительно *Solanum tuberosum*;

– D141X, предпочтительно D141A, когда указанное растение относится к роду *Glycine*, предпочтительно *Glycine max*;

- D149X, предпочтительно D149A, когда указанное растение относится к роду *Triticum*, предпочтительно *Triticum aestivum*;
 - D147X, предпочтительно D147A, когда указанное растение относится к роду *Triticum*, предпочтительно *Triticum aestivum*;
 - D149X, предпочтительно D149A, когда указанное растение относится к роду *Sorghum*, предпочтительно *Sorghum bicolor*;
- при этом, X представляет собой аминокислоту, отличную от D.

5. Способ по любому из пп. 1-4, отличающийся тем, что белок дикого типа CPL1 или ERF922 содержит последовательность, которая, соответственно, по меньшей мере, на 95% идентична, предпочтительно по всей своей длине, последовательности, представленной любым из SEQ ID NO: 2-17 или 37-50, или которая кодируется последовательностью, которая, по меньшей мере, на 95% идентична, предпочтительно по всей своей длине, последовательности, представленной любым из SEQ ID NO: 19-34 или 52-65.

6. Способ по любому из пп. 1-5, отличающийся тем, что указанное растение выбрано из семейства Злаковые, предпочтительно указанное растение выбрано из подсемейства Мятликовые, более предпочтительно указанное растение выбрано из рода *Zea*, *Sorghum*, *Triticum*, *Hordeum*, *Secale*, *Beta*, *Glycine* или *Solanum*, еще более предпочтительно указанное растение выбрано из рода *Zeamays*, *Sorghum bicolor*, *Triticum aestivum*, *Hordeum vulgare*, *Secale cereale*, *Beta vulgaris*, *Glycine max* или *Solanum tuberosum*.

7. Способ по любому из пп. 1-6, отличающийся тем, что экспрессия, стабильность и/или активность указанного белка и/или гена ERF922, и/или CPL1 снижена, или устранена путем нокаута гена ERF922, и/или CPL1, или путем нокдауна указанного белка ERF922, и/или CPL1, и/или экспрессия, стабильность и/или активность указанного белка, и/или гена ERF922, и/или CPL1 снижена, или устранена путем мутагенеза, РНКi или редактирования генов.

8. Способ по любому из пп. 1-7, отличающийся тем, что способ содержит рекомбинантно или трансгенно введение или интрогрессирование в геном растения или части растения мутации в гене ERF922, и/или CPL1, или нуклеотидной последовательности гена, кодирующего ERF922, и/или CPL1, имеющего мутацию,

предпочтительно мутацию, приводящую к сниженной или устраненной экспрессии мРНК гена, и/или белка ERF922, и/или CPL1, мутации, приводящей к тому, что белок ERF922 и/или CPL1 имеет сниженную или устраненную активность при трансляции, или мутации, приводящей к тому, что белок ERF922 и/или CPL1 имеет сниженную стабильность.

9. Способ по любому из пп. 1-8, отличающийся тем, что способ содержит

(a) рекомбинантно или трансгенно введение или интрогрессирование в растение, или часть растения нуклеотидной последовательности эндогенного дикого типа гена, кодирующего ERF922 и/или CPL1, мутации, предпочтительно мутации, приводящей к сниженной или устраненной экспрессии эндогенной по всей длине мРНК гена, и/или эндогенного по всей длине белка ERF922, и/или CPL1, мутации, приводящей к получению белка ERF922 и/или CPL1, имеющего сниженную активность при трансляции, или мутации, приводящей к получению белка ERF922 и/или CPL1, имеющего сниженную стабильность;

(b) рекомбинантно или трансгенно введение или интрогрессирование в растение, или часть растения молекулы РНКi, направленной на нуклеотидную последовательность, кодирующую белок ERF922 и/или CPL1, нацеливающейся или гибридизирующейся с ней, или полинуклеотидной последовательности, кодирующей молекулу РНКi, направленной на нуклеотидную последовательность, кодирующую белок ERF922 и/или CPL1, нацеливающейся или гибридизирующейся с ней, или

(c) рекомбинантно или трансгенно введение или интрогрессирование в растение, или часть растения РНК-специфической или ДНК-специфической системы CRISPR/Cas, направленной на нуклеотидную последовательность, кодирующую белок ERF922 и/или CPL1, или нацеливающейся на нее, или, по меньшей мере, одной полинуклеотидной последовательности, кодирующей упомянутую РНК-специфическую систему CRISPR/Cas, или

(d) рекомбинантно или трансгенно введение или интрогрессирование в растение, или часть растения химического соединения, или антитела, изменяющего активность белка ERF922 и/или CPL1 при взаимодействии с упомянутым ERF922 и/или CPL1.

(e) рекомбинантно или трансгенно введение или интрогрессирование в растение, или часть растения доминантно-отрицательного белка ERF922, и/или CPL1, или, по меньшей мере, одной нуклеиновой кислоты, кодирующей доминантно-отрицательный белок ERF922 и/или CPL1.

(f) необязательно, регенерирование растения из части растения по любому из пунктов (a)-(d).

10. Растение, часть растения или популяция растений, полученные или получаемые способом по любому из пп. 1-9, или их потомство, или имеющие сниженную или устраненную экспрессию, стабильность, и/или активность белка, и/или гена ERF922, и/или CPL1, по сравнению с экспрессией, стабильностью и/или активностью у растения, части растения или популяции растений того же вида без сниженной или устраненной экспрессии, стабильности, и/или активности белка, и/или гена ERF922, и/или CPL1, предпочтительно растение, часть растения или популяция растений, соответственно, является трансгенной, мутагенизированной или генетически отредактированной.

11. Растение, часть растения или популяция растений по п. 10, отличающееся тем, что указанное растение выбрано из семейства Злаковые, предпочтительно указанное растение выбрано из подсемейства Мятликовые, более предпочтительно указанное растение выбрано из рода *Zea*, *Sorghum*, *Triticum*, *Hordeum*, *Secale*, *Beta*, *Glycine* или *Solanum*, еще более предпочтительно указанное растение выбрано из вида *Zeamays*, *Sorghum bicolor*, *Triticum aestivum*, *Hordeum vulgare*, *Secale cereale*, *Beta vulgaris*, *Glycine max* или *Solanum tuberosum*.

12. Вектор, содержащий полинуклеиновую кислоту, содержащую

А) последовательность, которая, по меньшей мере, на 90% идентична, предпочтительно по всей своей длине, последовательности, представленной любым из SEQ ID NO: 19-34 или 52-65; или которая кодирует полипептид, который, по меньшей мере, на 90% идентичен, предпочтительно по всей своей длине, последовательности, представленной любым из SEQ ID NO: 2-17, 80-87 или 37-50, или

В) полинуклеиновую кислоту, специфически гибридизующуюся с полинуклеиновой кислотой из пункта а), ее комплементом или обратным комплементом.

13. Способ получения растения или части растения, содержащий (a) предложение первого растения по пункту 10 или 11, (b) скрещивание указанного первого растения со вторым растением, (c) отбор потомства растения, имеющего сниженную или устраненную экспрессию, стабильность, и/или активность белка, и/или гена ERF922, и/или CPL1, по сравнению с экспрессией, стабильностью и/или активностью у растения

того же вида, и, необязательно, (d) сбор упомянутой части растения от указанного потомства.

14. Применение полинуклеиновой кислоты по п. 12 для повышения устойчивости и/или толерантности к патогену у растения, части растения или популяции растений, или для создания растения, части растения или популяции растений по пункту 10 или 11.

15. Растение, часть растения или популяция растения, содержащая полинуклеиновую кислоту по п. 12.

16. Способ контроля заражения патогенами у растения (популяции), содержащий

а) Предложение (а) растения (растений) по любому из пунктов 10, 11 или 15, или выращивание из семян (а) растения (растений) по любому из пунктов 10, 11 или 15,

б) Культивирование растения (растений) по пункту а) в условиях заражения патогеном.

17. Способ продуцирования кормов или продуктов питания со сниженным количеством грибковых или бактериальных токсинов, содержащий

А) контроль заражения патогенами в популяции растений способом по пункту 16,

В) сбор растительного материала от популяции, и

С) продуцирование кормов или продуктов питания из собранного растительного материала.

18. Продукт питания со сниженным количеством грибковых или бактериальных токсинов, полученный способом по п. 17.

19. Способ идентификации растения, части растения или популяции растений, имеющей повышенную устойчивость и/или толерантность к патогену, содержащий скрининг на наличие и/или идентификацию мутации, как определено в любом из пунктов 2-4, или сниженной, или устраненной экспрессии, активности и/или стабильности белка, и/или гена CPL1, и/или ERF922 у растения, части растения или популяции растений.

20. Способ по п. 19, дополнительно содержащий этап отбора растения, части растения или популяции растений, имеющей мутацию, как определено в любом из пунктов 2-4, или этап отбора растения, части растения или популяции растений, имеющей сниженную или устраненную экспрессию, активность, и/или стабильность ERF922, и/или CPL1.

A

	20	40	60	80
Арадопис AtCPL1 белок (Идентификатор последовательности_1)	MYSNNRVEVFHGDGRLGELEIYPSRELNQQQDDVMKQRKKKQREVMELAKMGI RISHFSQSGERCPPILA LTTIS - - SCG 78			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_2)	M--FKSM-VYYVNTS IGEVEVWPKEAS-----AGLTMAAWAREIRVERISPPSERCPPLAVMHTVA--VGA 62			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_3)	M--FKSM-VYFVNIS IGEVEVWPKEAS-----AGLAVAAWARDIRVDRLSPPSERCPPLAVMHTVA--VAA 62			
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_4)	M--FKSM-VYYGNTS IGEVEVWPKEAS-----AGLAVAAWAREIRVDRLSPPSERCPPLAVMHTVA--VGA 62			
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_5)	M--IKSL-VYYGNTPVGEVEVWPKEAS-----L--A--WAREIRVDRLSPASERCPLAVLHVVA--AGA 57			
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_6)	M--IKSM-VYFGHIS IGEVELSPKGETN-----V--AAAPWVREIRVDRLSPPSERCLPLAVLHTVS--SGA 60			
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_7)	M--IKSM-VYFGHIS IGEVELWPKGETN-----V--AAAPWVREIRVDRLSPPSERCLPLAVLHTVS--SGA 60			
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_8)	M--IKSM-VYFGHIS IGEVELWPKGETN-----V--AAAPWVREIRVDRLSPPSERCLPLAVLHTVS--SGA 60			
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_9)	M--IKSM-VYYGNTS IGEVEVWPKEAS-----LG--AAAWAREIRVDRLSPPSERCLPLAVMHTVA--VGA 60			
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_10)	M--IKSM-VYYGNTS IGEVEVWPKEAS-----LG--AAAWAREIRVDRLSPPSERCLPLAVMHTVA--VGA 60			
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_11)	M--IKSM-VYYGNTS IGEVEVWPKEAS-----LG--AAAWAREIRVDRLSPPSERCLPLAVMHTVA--VGA 60			
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_12)	MRMYKSV-VYQGEVVVGEVDVYPEENNNY-----KN-----FHV-K-EIRISHFSQSPSERCPPLAVLHTVT--SCG 61			
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_13)	M--YKSV-VYQGEVVVGEVDVYPEENNNNNNNKYNKN-----FHV-K-EIRISHFSQSPSERCPPLAVLHTVT--SCG 65			
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_14)	MP--TSM-VYHGEMAVGEVKIYPEEN-----KN-----MDL-K-EIRISHFSQSPSERCPPLAVLHTIT--SFG 56			
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_15)	MK--RSM-VYHGEMAVGEVEIYEEK-----KN-----IDL-K-EIRISHFSQSPSERCPPLAVLHTIT--SFG 56			
Свекла обыкновенная g16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_16)	M--IKSV-VYEGENLLGEVEIYFQNNNN-----NKN-----LELMK-GMRI SHYSEM SERCPPLAVLHTITKSSGG 62			
Паслен клубничный PGS0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_17)	MFKSTVV-LYGERLVGVEIYCEKGVWGE-----K-VIRISHYSPSSERCPPLAVLHTVTT--G 57			
	100	120	140	160
Арадопис AtCPL1 белок (Идентификатор последовательности_1)	LCFKLEASPS-----PAQESLSLFYSSCLRDNKTAVMLLGGEELHLVAMYSENIKNDRPCFWAFSVAP 141			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_2)	RCLVMESRPPVVA--D-----VVP-PLVVMHTACLRENKTAVVPLGDEELHLVAMTSRRNLTNHACFWGYKLPF 128			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_3)	RCLVMESRPPVAA--D-----VASLPLVDMHAACLRDNKTAVVALGDEELHLVAMTSRRNLTNHACFWGYKLPF 129			
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_4)	RCLVMESRPPVAA--D-----VAPMPLVAMHAACLRDNKTAVVPLGDGELHLVAMTSRRNLTNHACFWGYKLPF 129			
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_5)	RCLVMESK-STATA-H-----EPPPLVMTHTTCLKDNKTAVFPLGAEIHLVAMTSKRNPNGACFWGYKVP 124			
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_6)	LCFVMSRPSATADN-----EPPSSLVAMHTACLRDNKTAVFPLGAEIHLVAMKPKSNLPNHACFWGYKVP 129			
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_7)	LCFVMSRPSATADD-----EPPSSLVAMHTACLRDNKTAVFPLGAEIHLVAMKPKSSLPNHACFWGYKVP 129			
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_8)	LCFVMSRPSATADD-----EPPSSLVAMHTACLRDNKTAVFPLGAEIHLVAMKPKSNLPNHACFWGYKVP 129			
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_9)	RCLVMESRPPKAA--D-----EPPPLVAMHAACLRDNKTAVVPLGEEELHLVAMTSGRNLTNHACFWGYKVP 127			
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_10)	RCLVMESRPPKAA--D-----EPPPLVAMHAACLRDNKTAVVPLGEEELHLVAMTSGRNLTNHACFWGYKVP 127			
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_11)	RCLDMESRPPKAA--D-----EPPPLVAMHAACLRDNKTAVVPLGEEELHLVAMTSGRNLTNHACFWGYKVP 127			
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_12)	VCFKMESKT-----QQQDGLFQLHSLCIRENKTAVMPLGEEIHLVAMHSRNV--RPCFWGFIV 121			
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_13)	VCFKMESKT-----QQQDGLFQLHSLCIRENKTAVMPLGEEIHLVAMHSRND--RPCFWGFIV 125			
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_14)	ICFKMESSTS-----QKROQQDALFHLHSSCIRENKTAVMPVRGEEIHLVAMYSRND--RPCFWGFIV 120			
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_15)	ICFKMESSTS-----QTRQQQDVLFHLHSSCIRENKTAVMPLRGEEIHLVAMYSRND--RPCFWGFIV 120			
Свекла обыкновенная g16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_16)	ICFKMESSTSSHTSSNNNNNNKFYFQQQQESQLLAMHSNCRDNKTAVVPLGEEIHLVALRSRRMAGVTPCFWGFIV 142			
Паслен клубничный PGS0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_17)	LSFKLEPTKSKPLT-----QDSSLTLLHSTCLRDNKTAVMSLGREELHLVAMQSKNIGGCPCFWGFIV 123			

Фиг. 1

B

	180	200	220	240
Арадопсис AtCPL1 белок (Идентификатор последовательности_1)	G I Y D S C L V M L N R C L G I V F D L D E T L V V A N T M R S F E D K I D G F Q R R I N N E M D P Q R L A V I V A E M K R Y Q D D K N L L K Q Y I E S D Q V	221		
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_2)	G L Y N S C L T M L N L R C L G I V F D L D E T L I V A N T S R S F E D R I D A L Q R K L S N E T D P Q R R N G M L S E I K R Y Q D D K S I L K Q Y I E G D Q V	208		
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_3)	G L Y N S C L T M L N L R C L G I V F D L D E T L V V A N T S R S F E D R I D A L Q R K L S N E T D P Q R R N G M L S E I K R Y Q D D K S I L K Q Y I E G D Q V	209		
Сорго двуцветное Sobc.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_4)	G L Y N S C L T M L N L R C L G I V F D L D E T L I V A N T S R S F E D R I D G L Q R K L S N E T D P Q R R N G M L S E I K R Y Q D D K S I L K Q Y I E G D Q V	209		
Сорго двуцветное Sobc.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_5)	G L Y N S C L S M L N L R C L G I V F D L D E T L I V A N T T R S F E D R I D A I Q R K L N N E A D P Q R I S G M L A E I K R Y Q E D K S I L K Q Y I E S D Q V	204		
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_6)	G L Y S S C L S M L N L R C L G I V F D L D E T L I V A N T T R S F E D R I D A L Q R K L S K E T D P Q R I S G M L A E I K R Y Q E D R T M L K Q Y I D G D Q V	209		
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_7)	G L Y N S C L S M L N L R C L G I V F D L D E T L I V A N T T R S F E D R I D A L Q R K L S K E I D P Q R I S G M L A E I K R Y Q E D R S M L K Q Y I D G D Q V	209		
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_8)	G L Y N S C L S M L N L R C L G I V F D L D E T L I V A N T T R S F E D R I D A L Q R K L S K E T D P Q R I S G M L A E I K R Y Q E D R T M L K Q Y I D G D Q V	209		
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_9)	G L Y N S C L T M L N L R C L G I V F D L D E T L I V A N T T R S F E D R I D S L Q R K L S N E T D P Q R M N G M L A E I K R Y Q D D R S I L K Q Y I E G D Q V	207		
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_10)	G L Y N S C L T M L N L R C L G I V F D L D E T L I V A N T T R T F E D R I D S L Q R K L S N E T D P Q R M N G M L A E I K R Y Q D D R S I L K Q Y I E G D Q V	207		
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_11)	G L Y N S C L T M L N L R C L G I V F D L D E T L I V A N T T R S F E D R I D S L Q R K L S N E T D P Q R M N G M L A E I K R Y Q D D R S I L K Q Y I E G D Q V	207		
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_12)	G L Y D S C L V M L N L R C L G I V F D L D E T L I V A N T M R S F E D R I D A L Q R K I N S E V D P Q R I S G M Q A E V K R Y Q D D K N I L K Q Y A E N D Q V	201		
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_13)	G L Y D S C L V M L N L R C L G I V F D L D E T L I V A N T M R S F E D R I D A L Q R K I N S E V D P Q R I S G M Q A E V K R Y L D D K N I L K Q Y A E N D Q V	205		
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_14)	G L Y N S C L T M L N L R C L G I V F D L D E T L V V A N T M R S F E D K I E V L H R K M N S E V N P Q Q I S A M Q A E I K R Y L D D K N I L K E Y A E N D Q V	200		
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_15)	G L Y N S C L T M L N L R C L G I V F D L D E T L V V A N T M R S F E D K I E V L H R K M N S E V N P Q R I S T M Q A E I K R Y L D D K N I L K E Y A E N D Q V	200		
Свекла обыкновенная g16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_16)	G L Y E S C L G L L N L R C L G I V F D L D E T L I V A N T L R S F E D R I E A L Q R K I S V E A D P Q R I A G M V A E V K R Y Q E D K S I L K Q Y A E T D Q V	222		
Паслен клубничный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_17)	G L Y D S C L T M L N L R C L G I V F D L D E T L I V A N T M R S F E D R I E A L Q R K I N S E S D P Q R A S V M L A E V K R Y Q E D K I I L K Q Y A E N D Q V	203		
	260	280	300	320
Арадопсис AtCPL1 белок (Идентификатор последовательности_1)	V E N G E V I K V Q S E I V P A L S D N H Q - P L V R P L I R L Q E K N I I L T R I N P M I R D T S V L V R M R P S W E E L R S Y L T A G R K R F E V Y V C T	300		
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_2)	Y D D G K V Y K A Q P E I V P P L S D N Q Q - P M T R P V I R L Q D K N I I L T R I N P L I R D T S V L V C L R P A W E D L R S Y L I A R G R K R F E V Y V C T	287		
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_3)	Y D D G K V Y K A Q P E I V P P L S D N Q Q - T M T R P V I R L Q E K D I I L T R I N P L I R D T S V L V R L R P A W E D L R S Y L I A R G R K R F E V Y V C T	288		
Сорго двуцветное Sobc.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_4)	Y D D G K V Y K A Q P E I V P P L S D N Q Q - P M T R P V I R L Q D K N I I L T R I N P L I R D T S V L V R L R P A W E D L R S Y L I A R G R K R F E V Y V C T	288		
Сорго двуцветное Sobc.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_5)	T D G G E L Y K V Q S E V I P P L D D N H Q P M T R P I I R L Q E K N I I L T R I N P S I R D T S V L V R L R P A W D D L R S Y L I A R G R K R F E V Y V C T	284		
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_6)	I D G G K M Y K V Q S E V V P P L A D N H Q - P M I R P V I R L Q D K S I I L T R I N P S I R D T S V L V R L R P A W D D L R S Y L I A R G R K R F E V Y V C T	288		
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_7)	T D G G K V Y K V Q S E V V P P L A D N H Q - P M I R P V I R L Q E K S I I L T R I N P S I R D T S V L V R L R P A W D D L R S Y L I A R G R K R F E V Y V C T	288		
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_8)	I D G G K M Y K V Q S E V V P P L A D N H Q - P M I R P V I R L Q E K S I I L T R I N P S I R D T S V L V R L R P A W D D L R S Y L I A R G R K R F E V Y V C T	288		
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_9)	Y D D G K M Y K V Q P E I V P P L S D N H Q - S L T R P V I R L Q E K N I I L T R I N P L I R D T S V L V R L R P A W E D L R S Y L I A R G R K R F E V Y V C T	286		
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_10)	Y D D G K M Y K V Q P E I V P P L S D N H Q - S L T R P V I R L Q E K N I I L T R I N P L I R D T S V L V R L R P A W E D L R S Y L I A R G R K R F E V Y V C T	286		
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_11)	Y D D G K M Y K V Q P E I V P P L S D N H Q - S L T R P V I R L Q E K N I I L T R I N P L I R D T S V L V R L R P A W E D L R S Y L I A R G R K R F E V Y V C T	286		
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_12)	V D N G R V I K V Q S E I V P A L S D S H Q - P I V R P L I R L Q D K N I I L T R I N P Q I R D T S V L V R L R P A W E D L R S Y L T A R G R K R F E V Y V C T	280		
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_13)	V D N G R V I K V Q S E I V P A L S D S H Q - P I V R P L I R L Q D K N I I L T R I N P Q I R D T S V L V R L R P A W E D L R S Y L T A R G R K R F E V Y V C T	284		
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_14)	V D N G K V I K I Q S E V P A L S D S H Q - P I V R P L I R L Q E K N I I L T R I N P L I R D T S V L V R L R P A W E D L R S Y L T A R G R K R F E V F V C T	279		
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_15)	V D N G K V I K I Q S E I V P A L S D S H Q - P I V R P L I R L Q E K N I I L T R I N P Q I R D T S V L V R L R P A W E D L R S Y L T A R G R K R F E V F V C T	279		
Свекла обыкновенная g16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_16)	V D N G K V H K I Q A E V I P A L S D N H Q - T V I R P L I R L Q D K N I V L T R I N P Q I R D T S V L V R L R P A W E D L R S Y L T A R G R K R F E V Y V C T	301		
Паслен клубничный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_17)	V D N G K V I K S Q S E V P P A L S D N H Q - P I V R P L I R L Q D R N I I L T R I N P M I R D T S V L V R L R P A W E D L R S Y L T A R G R K R F E V Y V C T	282		

Фиг. 1

C

	340	360	380	400	
Арадопис AtCPL1 белок (Идентификатор последовательности_1)	MAERDYALEMWRLDPEGNLINTNDLLARI	VCVKSGFKKSLFNVFLDGTCHPKMALV	IDDRLKVWDEKQDQPRVHVVP	AFA 380	
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_2)	MAERDYALEMWRLDPPDSRLINSVQLH	DRMVCVKSLGKKSLLNVFHDGSCHPG	MAV	IDDRLKVWDEKQDQLRVHVVP	AFT 367
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_3)	MAERDYALEMWRLDPPDSRLINSVRLH	DRMVCVKSLGKKSLLNVFHDGSCHPG	MAV	IDDRLKVWDEKQDQLRVHVVP	AFT 368
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_4)	MAERDYALEMWRLDPPDSRLINSVQLH	DRMVCVKSLGKKSLLNVFHDGSCHPG	MAV	IDDRLKVWDEKQDQLRVHVVP	AFT 368
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_5)	MAERDYALEMWRLDPPDSRLINSVQLL	DRLVCVKSGSRKSLNVFHDGSCHPG	MAV	IDDRLKVWDEWQRRVHVVP	AFA 364
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_6)	MAERDYALEMWRLDPPDSRLINSVQLP	HRLVCVKSGSKKSLNVFHDGSCHPG	MAV	IDDRLKVWEEKDQCRVHVVP	AFS 368
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_7)	MAERDYALEMWRLDPPDSRLINSVQLP	HRLVCVKSGSKKSLNVFHDGSCHPG	MAV	IDDRLKVWEEKDQCRVHVVP	AFS 368
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_8)	MAERDYALEMWRLDPPDSRLINSVQLP	HRLVCVKSGFKKSLNVFHDGSCHPG	MAV	IDDRLKVWEEKDQCRVHVVP	AFS 368
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_9)	MAERDYALEMWRLDPPDSRLINSVQLS	DRMVCVKSLGKKSLLNVFHDGSCHPG	MAV	IDDRLKVWDEKQDQSRVHVVP	AFT 366
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_10)	MAERDYALEMWRLDPPDSRLINSVQLS	DRMVCVKSLGKKSLLNVFHDGSCHPG	MAV	IDDRLKVWDEKQDQSRVHVVP	AFT 366
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_11)	MAERDYALEMWRLDPPDSRLINSVQLS	DRMVCVKSLGKKSLLNVFHDGSCHPG	MAV	IDDRLKVWDEKQDQSRVHVVP	AFT 366
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_12)	MAERDYALEMWRLDPPDSNLINSKELL	GRICVKSGLKKSLLNFVQDGLCHPK	MAV	IDDRLKVWDEKQDQPRVHVVP	AFA 360
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_13)	MAERDYALEMWRLDPPDSNLINSKELL	GRICVKSGLKKSLLNFVQDGS	CDPKMAV	IDDRLKVWDERDQPRVHVVP	AFA 364
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_14)	MAERDYALEMWRLDPELNLINSKELL	DRICVKSGLKKSLLNFVQNGLCHL	KMAV	IDDRLKVWDEKQDQPRVHVVP	AFA 359
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_15)	MAERDYALEMWRLDPELNLINSKELL	DRICVKSGLKKSLLNFVQNGLCHL	KMAV	IDDRLKVWDEKQDQPRVHVVP	AFA 359
Свекла обыкновенная g16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_16)	MAERDYALEMWRLDPPDSNLICARELL	DRICVKSGSKKSLNFVHFGICHPK	MAV	IDDRLKVWDEKQDQPRVHVVP	AFA 381
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_17)	MAERDYALEMWRLDPPDSNLINSQELL	DRICVKSGLRKSLNFVQDGNCHPK	MAV	IDDRLKVWDDKQDQPRVHVVP	AFA 362
	420	440	460	480	
Арадопис AtCPL1 белок (Идентификатор последовательности_1)	PYYSPQAEAA-ATPVLCVARNVACGVR	GGFFRDFDSSLPRIAEISYENDAED	IPSPDPVSHYLVSEDDTSGL	-NGNKDP 458	
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_2)	PYYAPQAEANCSIPVLCVARNVACNVR	GGFFKDFDEGLLPRISNVHYEDE	VNEISSAPDVGNYLITDENVAL	VNGNRDS 446	
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_3)	PYYAPQAEANCSIPVLCVARNVACNVR	GGFFKDFDEGLLPRISNVHYEDE	VNDISSAPDVGNYLITDENVAL	VNGNRDS 448	
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_4)	PYYAPQAEANCSIPVLCVARNVACNVR	GGFFKDFDEGLLPRISNVHYEDE	VNDISSAPDVGNYLITDENAA	LVNGNRDS 448	
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_5)	PYYAPQAEANFPVPLCVARNVACNVR	AGFFKDFDEGIIPRI	TEVCYEDELDDIASAPOVCN	YFVSEDENAAVSNVKNP 444	
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_6)	PYYAPQAEANFPVPLCVARNVACNVR	GSFFKDFDEGLLPSISEVHFDE	LDHVPSSPDVGNYLISEDE	NAASLNVNKDP 448	
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_7)	PYYAPQAEANFPVPLCVARNVACNVR	GSFFKDFDEGLLPSISEVHFDE	LDHVPSSPDVGNYLIPEDEN	AAASLNVNKDQ 448	
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_8)	PYYAPQAEANFPVPLCVARNVACNVR	GSFFKDFDEGLLPSISEVHFDE	LDHVPSSPDVGNYLISEDE	NAASLNVNKDP 448	
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_9)	PYYAPQAEANCSIPVLCVARNVACNVR	GGFFKDFDEGLLPRITSVLYEDE	IQDISSAPOVGNYLISEDEN	VAVVNGNRDS 446	
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_10)	PYYAPQAEANCSIPVLCVARNVACNVR	GGFFKDFDEGLLPRITSVLYEDE	IQDISSAPOVGNYLISEDEN	VAVVNGNRDS 446	
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_11)	PYYAPQAEANCSIPVLCVARNVACNVR	GGFFKDFDEGLLPRITSVLYEDE	IQDISSAPOVGNYLISEDEN	VAVVNGNRDS 446	
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_12)	PYYAPQAEASNTIPVLCVARNVACNVR	GGFFKDFDDGLLQIPLIAYEDDI	KDIPSPDVSNYLVSEDDGS	IS-NGHRDP 439	
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_13)	PYYAPQAEASNTIPVLCVARNVACNVR	GGFFKDFDDGLLQIPLIAYEDDI	KDIPSPDVSNYLVSEDDGS	IS-NGNRDP 443	
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_14)	PYYTPQAEASNVPFLCLARNVACNVR	GGFFKDFDDGLLQIPLIAYEDDI	KDIPSPDVSNYLVSEDDAS	AS-NGNKNL 437	
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_15)	PYYAPQAEASNVPFLCLARSVACNVR	GGFFKDFDDGLLQIPLIAYEDDI	KDIPSPDVSNYLVSEDDAS	AS-NGNKNL 438	
Свекла обыкновенная g16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_16)	PYYAPQAEANNAIPVLCVARNVACNVR	GGFFKDFDEGLLQRISEVAYEDDI	KQVPSAPOVSNYLISEDDPS	AV-NGNKDS 440	
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_17)	PYFAPQAEGNNSVPLCVARNVACNVR	GGFFKDFDEGLLQRISEVAYEDDI	KQVPSAPOVSNYLISEDDPS	AV-NGNKDS 441	

Фиг. 1

D

	500	520	540	560
Арадописе AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_1)	LSFDGMADTEVERRLKEAI	---SASSAVLPA-----	ANIDPRIA---	APVQFPMASASSVSVPPVQVQVQQA IQPSAMAFP
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_2)	LPFDGMADAEVERRMKEANAQS	---FHQT-----	AGDF-V-MPVAPAQNFVS	---TSVASLAPPL-----
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_3)	LPFDGMADAEVERRMKEANAQS	---FHQT-----	ATNF-V-MPVAPAQNFVS	---SSVAPLAPPL-----
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_4)	LPFDGMADAEVERRMKEANAQS	---FHQT-----	AGNF-V-MPVAPAQNFVS	---SSVAPLAPPL-----
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_5)	LAFDGMADAEVEKRMKEASSSFQSANP	I-----	TTNVDV-MSVAANQHFGTP	ISSSTPVAPPL-----
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_6)	MAFDGMADAEVERRMKEAVCSVQAADPV	-----	TTNVDV-ISAANQQFAT	---SSS IPLAPPL-----
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_7)	MAFDGMADAEVERRMKEAVCSVQAADPV	-----	TTNVDV-IPVAANQQFAT	---SSS IPLAPP-----
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_8)	MAFDGMADAEVERRMKEAVCSVQAADPV	-----	TTNVDV-ISAANQQFAT	---SSS IPLAPPL-----
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_9)	LAFDGMADAEVERRMKEASGSGSVLNP	T-----	MANM-V-MPVAPSQSFAP	---SSVAPFAPPL-----
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_10)	LAFDGMADAEGERRMKEASGSGSVLNP	T-----	MANM-V-MPVAPSQSFVP	---SSVAPFAPPL-----
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_11)	FLFDGMADAEVERKLDAL	---SAASTIPVT---	TANLDPRL---	TSLQYTMVP-S-GSVPPP-----
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_12)	FLFDGMADAEVERKLDAL	---AASTFPVT---	TANLDPRL---	TSLQYTMVP-S-GSVPPP-----
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_13)	LLFDGMADAEVERRLKDAI	---SASSTILAL---	TANIDPRLAFTSS	LQYTMVS-SSGTVPPP-----
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_14)	LLFDGMADAEVERRLKDAI	---SASSTVPAM---	TTNLDPRLAFNSS	LQYTMVS-SSGTVPPP-----
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_15)	MTFDGMADAEVERRLKEAVLSSSSASPLSANTPATVNFDRHLA	---SSLPFVAT-SALAI	IPQ-----	APQATITPYH
Свекла обыкновенная g16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_16)	LGFDGMADSEVERRLKEAML	---ASTSVPSQ---	MTNLDPRLV-	PALQYPVPP---VISQP-----
Паслен клубничный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_17)				S IQSPVVPFP 502
	580	600	620	640
Арадописе AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_1)	SIPFQQPQQPT-SIAK	---HLVPSEPSLQSSPAREEGE	VPSELDPTRRRL	ILQHGQDTRDPA
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_2)	-----SPFSQPVAPPGFSD	-----	SLQGS PAREEGE	VPSELDPTRRRL
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_3)	-----PPFSQPVVQPGFSD	-----	PLQGS PAREEGE	VPSELDPTRRRL
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_4)	-----PTFSQPVVQPGFSD	-----	SLQGS PAREEGE	VPSELDPTRRRL
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_5)	NDQDPQPPSLRWPVAQSGHVD	-----	SSQGS PAREEGE	VPSELDPTRRRL
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_6)	NDQGPQPPSVSWPDAQSGMVD	-----	PLQGS PAREEGE	VPSELDPTRRRL
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_7)	NDQGPQPPSVSWPDAQSGMVD	-----	PLQGS PAREEGE	VPSELDPTRRRL
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_8)	NDQGPQPPSVSWPDAQSGMVD	-----	PLQGS PAREEGE	VPSELDPTRRRL
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_9)	NNQVP-PPAFSQPVVQPVVLD	-----	PLQASPGREEGE	VPSELDPTRRRL
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_10)	NNQVP-PPVFSQPVVQPVVLD	-----	PLQASPGREEGE	VPSELDPTRRRL
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_11)	NNQVP-PPALSQPVVQPVVLD	-----	PLQASPGREEGE	VPSELDPTRRRL
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_12)	HVQFPQP	---A-TLVKP-MGQAAPSEPSLHSSPAREEGE	VPSELDPTRRRL	ILQHGQDTRDHASAEPPFVRHPVQ
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_13)	HVQFPQP	---A-TLVKP-MGQAAPSDPSLHSSPAREEGE	VPSELDPTRRRL	ILQHGQDTRDHASAEPPFVRHPVQ
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_14)	NVQFPQP	---N-TLVKP-MSQVTHPGLSLHSSPAREEGE	LPSELDLDTRRRFL	ILQHGQDTRREMASEPPFVRHPAQ
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_15)	NVQFPQP	---N-TLVKP-ICQVTHPQPSLHSSPAREEGE	VPSELDLDTRRRL	ILQHGQDTRRETSSEPPFVRHPAQ
Свекла обыкновенная g16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_16)	NNLFSQA	---G-PLARP-LGNI	GPQDILGHNSPAREEGE	VPSELDPTRRRL
Паслен клубничный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_17)	TQHLPOV	---T-SVLKSSVTQIS	PQDTSLQSSPAREEGE	VPSELDPTRRRL
				ILQHGQDTRQVSSSEPKFPMGTPLQ 577

Фиг. 1

E

	600	660	700	720
Арадопсис AtCPL1 белок (Идентификатор последовательности_1)	-----AP-----PS-----			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_2)	-----VPVPP-----			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_3)	-----VPVPP-----			
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_4)	-----VPVPP-----			
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_5)	-----VSVPP-----			
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_6)	-----ASVPP-----			
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_7)	-----ASVPP-----			
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_8)	-----ASVPP-----			
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_9)	-----VSVPP-----			
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_10)	-----VSVPP-----			
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_11)	-----VSVPP-----			
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_12)	-----TSAP--H-VPS-----			
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_13)	-----ASAP--R-VPS-----			
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_14)	-----VSAPASS-VPS-----			
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_15)	-----VSAP--S-VPS-----			
Свекла обыкновенная g16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_16)	PVTGCPVPSVPGPVPVPGPGP	VSVP	IPSPVPPVPSGTVP	PGGPRVQSGSWFPVE
Паслен клубноносный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_17)	-----VSVP-----			
	740	760	780	800
Арадопсис AtCPL1 белок (Идентификатор последовательности_1)	EMIHMEKHRPRHPSFFSKIDNS-TQSDRMLHEN-RRPPKESLRDEQLRS-NNNLPDSHPFYGEDASWNQSSSRNSDLDF			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_2)	DSIVYEKKQPPHPSFFHGGDS-PMPSDRFGYQN-QRFPSQLPH-EDHPMMQNHPKYSFSGEELASWHVPSQRNNQI			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_3)	DSMPYEKKQPPHPSFFHGGDS-PMSSDRFGYQN-QRFPSQLPHTEHDHMLQNHAPPKYRSFSGEELATRHVPSQRNH-			
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_4)	DPMLYEKKQPPHPSFFHGGDS-PMSSDRFGYQN-QRFPSQLPHTEHDHMLQNHAPPKYRSFSGEELAAARHVPSQRNNQI			
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_5)	DSVHYDKKQLQHTSYIPIGDN-PMSYDRDYQN-QRYPSQPPHSEGHRRFHNNHAPTAYRSFSGEDMATWYAPSGQRSSHM			
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_6)	DAVHSDKSQPPHQPYPARDN-PIFSDRLNHQN-QRYSSQLPHSEDRQMLQNQAPTTYRSFSGEDMATQRFHPGNRSSQM			
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_7)	DAVHSDKSQPPHQPYPARDN-PIFSDRLNHQN-QRYSSQLPHSEDRQMLQNQAPTTYRSFSGEDMATQRFHPGNRSSQM			
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_8)	DAVHSDKSQPPHQPYPARDN-PVFSDRFNHQN-QRYSSQLPHSEDRQMLQNQAPTTYRSFSGEDMATQRFHPGNRSSQM			
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_9)	DTMHYDKKQPPQPSYFHGGDNNPVPSSDRFSYQS-QRFPSQVTHTEHDRMLQNHAPPYRSFPG-----QRNNLI			
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_10)	DTMHYDKKQPPQPSYFHGGDNNPVPSSDRFSYQS-QRFPSQVTHTEHDRMLQNHAPPYRSFPG-----QRNNLI			
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_11)	DTMHYDKKQPPQPSYFHGGDNNPVPSSGRFSYQS-QRFPSQVTHTEHDRMLQNHAPPYRSFPG-----QRNNLI			
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_12)	GPLGIAKPRPHHPSFFSKVESS-ISSDRILHDSHQRLPKEMYHRDDRPL-NHMLSSYRSFSGDDIPFSRSSSHRDLDS			
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_13)	GPLGIEKPRLHPSFFSKVESS-ISSDRILHDSHQRLPKEMYHRDDRPL-NHMLSSYRSFSGDDIPFSRSSSHRDLDS			
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_14)	EPFHIKRWPRHPSFFSKVGDS-ISSDRVFEHQRLPKEVHHRDDRSRL-SQLSSYHSLPGDDIPLSGSSYSNRDSDS			
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_15)	EPLHIEKRWPRHPSLFSKVDDS-VSSDRVFEHQRLPKEVHHRDDRSRL-SQLSSYHSLPGDDIPLSGSSYSNRDSDS			
Свекла обыкновенная g16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_16)	DASPVYKQPPPPSPRKFVDSL-GWSDRNYAEK-QRLPREALRRDRRLS-NYSLPSHQSFRGDEISLSRSASSNKDFEV			
Паслен клубноносный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_17)	ESMHINKHRPPHPPFLPKMETS-MPSDRVLFEN-QRLPKEVIPRDDRMRF-SQSQPSFRP-PGEEVPLGRSSSSNRVLDL			

Фиг. 1

F

	820	840	860	880
Арабидopsis AtCPL1 белок (Идентификатор последовательности_1)	LPERS -VSATETSADVLHGIAIKCGAKVEYKPSLVSSDRLRFSVEAWLSNQKIGEGIGKSRREALHKAEEASIQNLADGY 794			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_2)	ESGRHFAQYAGTSAGILEGIALKCGSKVEYKSLCDDTAELQFSIEVWIVGEKVGEGIGRTRREAQRQAAEMSLRNLANKY 757			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_3)	ESGRHFSQYAGTSAGVLEGI AVKCGSKVEYRSTLCDDTAELQFSIEVWIVGEKVGEGIGRTRREAQRQAAEMSLRNLANKY 759			
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_4)	ESGRHFAQYAGTSAGILDGIALKCGSKVEYRSTLCDDTAELQFSIEVWIVGEKVGEGIGRTRREAQHKAAEMSLRNLANKY 760			
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_5)	ESGRHFAQYGGIPG-VLEELALKCGFKVEYRSTLCDDTELFQFSTVLI FGEKVGEGVGKTRKEAQWQAADTS LRNLADKF 768			
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_6)	ESGRQFVQYTESGAVLEEIAAKCGFKVEYRSTLCDDTELRFSIQIWI VGEKVGEGMGRTRKEAQRQAANISLRNLADRF 772			
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_7)	ESGRQFVQYTESGAVLEEIAAKCGFKVEYRSTLCDDTELRFSIQIWI VGEKVGEGMGRTRKEAQRQAANISLRNLADRF 772			
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_8)	ESGRQFVQYTESGAVLEEIAAKCGFKVEYRSTLCDDTELRFSIQIWI VGEKVGEGMGRTRKEAQRQAANISLRNLADKF 772			
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_9)	ESGQSYARNVGV-SVGI LEEIALKSGSKVEYRSTLCDDTAELQFSIEVWIVGEKVGEGIGSSRKEAQRQAAEISLRNLANKY 759			
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_10)	ESGQSYARNVGVSVGI LEEIALKSGSKVEYRSTLCDDTAELQFSIEVWIVGEKVGEGIGSSRKEAQRQAAEISLRNLANKY 760			
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_11)	ESGQSYARNVGVSVGI LEEIALKSGCKVEYRSTLCDDTAELQFSIEVWIVGEKVGEGIGSSRKEAQRQAAEISLRNLANKY 760			
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_12)	ESGHS-VLHADTPVAVLQELALKCGTKVDFISSLVASTELQFSMEAWFSGKKIGHRVGRTRKEAONKAAEDSIKHLADIY 769			
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_13)	ESGHS-VLHADTPVAVLHEIALKCGTKVDFMSSSLVASTELKFSLEAWFSGKKIGHGFGRTRKEAONKAAKDSIEHLADIY 773			
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_14)	ESGRS-LFHADTTAGVLQELALNCGTKVEFLSSLVASTELQFSIEAWFAGKKIGEGFGRTRREAQSKAAGCSIKQLADIY 772			
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_15)	ESGRS-LFHADITAGVLQELALKCGTKVEFLSSLVASTALQFSIEAWFAGKVGEGFGRTRREAQNKAAECSIKQLADIY 771			
Свекла обыкновенная g16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_16)	EPERG-SSFAESPSIALHDIAMKCGTKVEFKTGLVATPELKFLLAEYFAGDKIGEGTGTTRREAQHRAAEAALMNLADKY 841			
Паслен клубноносый PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_17)	EPCHY-DPYLETPAGALQDIAFKCGAKVEFRSSFLSPELFQFSLVLFAGEKVGEGTGRTRREAQRRAAEESLMYLADKY 769			
	900	920	940	960
Арабидopsis AtCPL1 белок (Идентификатор последовательности_1)	M-RANGDPGSPSHRDATPFTNENISS-MGNANALNNOFPARDETA----LPYSSRPTDPRLEGSMRHTGSI TALRELCASE 867			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_2)	LSS-----DPNKLSDMKENDFSSNRNVFGYSGNTRDDMLPLSSTSEESRFMKMENNSRKTGSSVAALKELECTVE 827			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_3)	LSS-----DPNKLTDMKQDAFGSNRNIFGYSGNTRDDMLPLSSTSEESRFMKMEENNSRKTGDSVTALKELECTVE 829			
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_4)	LSS-----DPNKLTDMKENGFGSNRNIVFGYSGNTRDDMLPLSSTSEESRFMKME-NNSRKTGSSVAALKELECTVE 829			
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_5)	LSW-----DPDKYTVLKENDFNHRPKSHRYPGSIYDTLPVASTSDESRYNNDRIDTLRKPAGASVAALKELCAVE 838			
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_6)	LSF-----DPDKMTVPVDDGFGSSNPNSFKYRGIDGDNIPV VASTSDGSRYMHERVDNSTKSAGSVAALKELECTAE 842			
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_7)	LSF-----DPDKMTVPVDDGFGSSNPNSFKYRGIDGDNIPV VASTSDGSRYMHERVDNSTKSAGSVAALKELECTAE 842			
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_8)	LSF-----DPDKMTVPVDDGFGSSNPNSFKYTGIDGDNIPV VASTSDGSRYMHERVDNSTKSAGSVAALKELECTAE 842			
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_9)	LLS-----DPNKMTDVNEDGFGSNPNFFGYSENTRNDILPVASTSEESRFKTGENNSRITGGSIAALKQLCTVE 829			
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_10)	LLS-----DPNKMTDVNEDGFGSNPNFFGYSENTRNDILPVASTSEESRFKTGENNSRITGGSIAALKQLCTVE 830			
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_11)	LLS-----DPNKMTDGNEDGFGSNPNFFGYSENTRNDILPVASTSEESRFKTGENNSRITGGSIAALKQLCTVE 830			
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_12)	LSSAKDEPGSTYGDVSGFPNVNDSGYMGIASSLGNQPLSKEDSASFSTASPS-RVLDPRLDVSKRSMGSISSLKELCMME 848			
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_13)	LSSAKDEPGSTYGDVSGFPNVNDNGYMGIASSLGNQPLSKEDSASFSSASPS-RALDPRLDVSKRSMGSISSLKELCMME 852			
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_14)	MSHAKDDSGSTYGDVSGFHGNSNDDGFVSSGNSLGNQLLPKEESGFSFASASSRVSDSRLEVSKRSTDSISALKELCMME 852			
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_15)	MSHAKDDSGSTYGDVSGFHGNSNDDGFVSSGNSLGNQLLPKE-SVFSFSTSSDSSRVSDPRLEVSKRSTDSISALKEFCMME 850			
Свекла обыкновенная g16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_16)	LTHIKSDSSSTPQSDTSRCHSPIDTGFVSDANSHGDI SRKED---IPSSSEMTGLDDSNVDGSKNSMGSVSVLKECLRE 918			
Паслен клубноносый PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_17)	LSCIKPDSSTQGGDFRFPNASDNGFVDNMSPFGYQ----DRVSHSFASEPPRVLDPRLEVFVKSVGSGALRELCALIE 844			

Фиг. 1

G

	990	1,000	1,020	1,040
Арадопис AtCPL1 белок (Идентификатор последовательности_1)	GLEMAFQSQ-RQLPSDMVHRDELHAQVE IDGRVVGEGVGS TWDE ARMQAAERALSSVRSMLGQPLHKRQGS PRSF - GGMS 945			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_2)	GYNLVFQACPSSA - -DGLVGKESYAQVQVGGQ I LGKGVGLTWE EAKLQAAAE ALGTLRSMLGQLGHKRS GSPRS LAPNFN 905			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_3)	GYNLVFQACPSPA - -DGLVGKESYAQVQ IGRQ I LGKGVGLTWE EAKLQAAAE ALGTLRSMLGQLGHRRS GSPRS LAPNFN 907			
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_4)	GYNLVFQERPSPA - -DGLVGKESYAQVEVGGQ I LGKGVGLTWE EAKLQAAAE ALGTLRSMLGQLAHKRS GSPRS LAPNFN 907			
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_5)	GYNLDFHAQPS - A - -DGSVGKE IRAQVE IGKVLGKGVGVTWE EAKLQAAE AYGTLSMLGQFVPRQS ASPRSMV PNFN 915			
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_6)	GYNLVFQACPSPS - -DSL RREEVHAQIE IGGQ I LGKGVGVTWE EAKVQAADGALGTLRYMLGQRPQKRS GSPRS FASNYN 920			
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_7)	GYNLVFQACPSPS - -DSL RREEVHAQIE IGGQ I LGKGVGVTWE EAKVQAADGALGTLRYMLGQRPQKRS GSPRS FASNYN 920			
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_8)	GYNLVFQARPSPS - -DGS GGETYAQVEVGGQ TLGKGVG I TWE EAKLQAAAE ALGTLRSMLGQLAQKRSSSPRS LAPNYN 907			
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_9)	GYNLVFQARPSPS - -DGS GGETYAQVEVGGQ TLGKGVG I TWE EAKLQAAAE ALGTLRSMLGQLAQKRSSSPRS LAPNYN 908			
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_10)	GYNLVFQARPSPS - -DGS GGETYAQVEVGGQ TLGKGVG I TWE EAKLQAAAE ALGTLRSMLGQLAQKRSSSPRS LAPNYN 908			
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_11)	GYNLVFQARPSPS - -DGS GGETYAQVEVGGQ TLGKGVG I TWE EAKLQAAAE ALGTLRSMLGQLAQKRSSSPRS LVPNYN 908			
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_12)	GLDYNFLSAPAPVSTNSVQKDEVHAQVE IDGKVF GKG IGLTWE AKMQAAEKALGSLRSKLGQS IQKRQSSPRPH - QGFS 927			
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_13)	GLGYNFLSTPAPVSTNSVQKDEVHAQVE IDGK I FGKGI GLTWE AKMQAAEKALGNLRSKLGQS IQKMQSSPRPH - QGFS 931			
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_14)	GLAASFQSPASASTHLTKQDEVHAQVE IDGQ I FGKGFVGTWE EAKMQAAKALGSLRTMFNQSLKRHGSPRSM - QGLA 931			
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_15)	GLAANFQSSPAPASTHFAQKDEVHAQVE IDGQ I FGKGFGLTWE EAKMQAAKALLESLRTMFNQSTRKRHGSPRSM - QGLA 929			
Свекла обыкновенная g16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_16)	GLGVDFKQ - SPTSTNSVDRDE IHA EVE INGQVLGKGTGLTWDE AKMQAAEMALTSLNSM IGO - FNKRSPSPRLL - QGMP 995			
Паслен клубеносный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_17)	GLGLAFQTQPQ - LSANPGQKSE IY AQV----- 870			
	1,060			
Арадопис AtCPL1 белок (Идентификатор последовательности_1)	NKRLKPDFQRSLQRMPS SGRY-----S 967			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_2)	-KRFKPDFPRTVQRVPY - GTYSRIEGHVP - 932			
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_3)	-KRFKPDFPRTVQRVPY - GTYSRIEGHAP - 934			
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_4)	-KRFKPDFPRTVQRVPY - GTYSRIEGHVP * 935			
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_5)	-KRFPDFSEALQRIPS - GRYSRND SRFP * 943			
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_6)	NKRYKPDFQPMVQRIPS - GRYSRND SRVP * 949			
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_7)	NKRYKPDFQPMVQRIPS - GRYSRND SRVP * 949			
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_8)	-KRYKPDFQPMVQRIPS - GRYSRND SRVP * 948			
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_9)	-KRFKPDFPRAVQRPPY - GRYSRIEGHVP * 935			
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_10)	-KRFKPDFPRAVQRPPY - GRYSRIEGHVP * 936			
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_11)	-KRFKPDFPRAVQRPPY - GRYSRIEGHVP * 936			
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_12)	NKRLKQEYPRPMQRMPS SARYPRNAPP I P * 957			
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_13)	NKRLKQEYPRMQRMPSSARYPRNAPP I P * 961			
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_14)	NKRLKPEYPTLQRPVYSARYPRNAPLVP * 961			
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_15)	NKRLKQEYPRTLQRI PYSARYPRNAPLVP * 959			
Свекла обыкновенная g16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_16)	NKRLKPEYPRVVDHL PPS - RYPRNASPVP * 1024			
Паслен клубеносный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_17)	----- AHLLPFLLCYC *----- 882			

Фиг. 1

A

		20		40		60		80		
Арадопсис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	ATGTATAGTA	ATAATAGAGT	AGAAGTGTTT	CATGGTGATG	GAAGACTTGG	AGAATTGGAG	ATATACCCTT	CAAGGGAATT	80	
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	ATGTT-----	---CAAGTC	GATGGTTTAT	TACGTGAACA	CCTCAATCGG	AGAGGTGGAG	GTGTGGCCC-	-----	60	
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	ATGTT-----	---CAAGTC	GATGGTTTAT	TTCGTGAACA	TCTCAATCGG	GGAGGTTGAG	GTGTGGCCC-	-----	60	
Сорго двуцветное Sobis.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	ATGTT-----	---CAAGTC	GATGGTTTAT	TACGGGAACA	CCTCAATCGG	AGAAGTTGAG	GTGTGGCCC-	-----	60	
Сорго двуцветное Sobis.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	ATGAT-----	---CAAGTC	GCTGGTTTAT	TACGGGAACA	CCCCTGTGG	GGAGGTGGAG	GTGTGGCCC-	-----	60	
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	ATGAT-----	---CAAATC	GATGGTGAT	TTCGGGCACA	TCTCCATCGG	GGAGGTGGAG	CTGTCTCCC-	-----	60	
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	ATGAT-----	---CAAATC	GATGGTGAT	TTCGGGCACA	TCTCCATCGG	GGAGGTGGAG	CTGTGGCCC-	-----	60	
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	ATGAT-----	---CAAATC	GATGGTGAT	TTCGGGCACA	TCTCCATCGG	GGAGGTGGAG	CTGTGGCCC-	-----	60	
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	ATGAT-----	---CAAATC	GATGGTGAT	TTCGGGCACA	TCTCCATCGG	GGAGGTGGAG	CTGTGGCCC-	-----	60	
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	ATGAT-----	---CAAATC	GATGGTGAT	TTCGGGCACA	TCTCCATCGG	GGAGGTGGAG	CTGTGGCCC-	-----	60	
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	ATGAT-----	---CAAATC	GATGGTGAT	TTCGGGCACA	TCTCCATCGG	GGAGGTGGAG	CTGTGGCCC-	-----	60	
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	ATG---AGAA	TGTATAAATC	GGTGGTGATC	CAGGGGGAGG	TGGTGGTGGG	TGAGGTAGAT	GTATACCC-	-----	65	
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	ATG-----	--TATAAATC	GGTGGTGATC	CAGGGGGAGG	TGGTGGTGGG	TGAGGTAGAT	GTATACCC-	-----	59	
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	ATG---C---	---CGACGTC	TATGGTGATC	CATGGAGAGA	TGGCAGTGGG	AGAGTAAAG	ATATACCC-	-----	59	
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	ATG---A---	---AGAGGTC	TATGGTGATC	CATGGAGAGA	TGGAAAGTGGG	AGAGTGGAG	ATATACCC-	-----	59	
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	ATGAT-----	---CAAATC	GGTAGTATAT	GAAGGTGAAA	ATCTACTTGG	AGAAGTAGAG	ATATATTTTC	A-----	62	
Паслен клубноносый PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	ATGTTTAAA-	--TCGACGGT	GGTGTGTAT	GAAGGAGAAA	GATTGGTGGG	AGAAGTTGAA	ATATACT---	-----	64	
		100		120		140		160		
Арадопсис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	GAATCAGCAA	CAAGATGATG	TGATGAAGCA	GAGGAAGAAG	AAACAGAGGG	AAGTAATGGA	GCTAGCC---	AAGATGGGAA	157	
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	-----	-AAGGGCCAG	GCGAGCGCGG	-----	-----	GCCTGACCAT	GGCGGCGTGG	GCGCGAGAAA	109	
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	-----	-AAGGGCCAG	GCGAGCGCGG	-----	-----	GCCTGACCAT	GGCGGCGTGG	GCGCGAGATA	109	
Сорго двуцветное Sobis.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	-----	-AAGGGCCAG	GCGAGCGCGG	-----	-----	GCCTGACCAT	GGCGGCGTGG	GCGCGAGAAA	109	
Сорго двуцветное Sobis.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	-----	-AAGGGCCAG	-----	ACGG-----	-----	ACCTGGCA---	TGG	GCGCGGAGAA	94	
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	-----	-AAGGGGGAG	-----	ACGA-----	-----	ACGTGGCGGC	GGCGCGTGG	GTGCGGGAGA	103	
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	-----	-AAGGGGGAG	-----	ACGA-----	-----	ACGTGGCGGC	GGCGCGTGG	GTGCGGGAGA	103	
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	-----	-AAGGGGGAG	-----	ACGA-----	-----	ACGTGGCGGC	GGCAGCGTGG	GTGCGGGAGA	103	
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	-----	-AAGGGCGA-	-----	CACGA-----	-----	ACCTGGCGGC	GGCGGCGTGG	GCGCGAGAGA	103	
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	-----	-AAGGGCGA-	-----	CACGA-----	-----	ACCTGGCGGC	GGCGGCGTGG	GCGCGAGAGA	103	
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	-----	-AAGGGCGA-	-----	CACGA-----	-----	ACCTGGCGGC	GGCGGCGTGG	GCGCGAGAGA	103	
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	-----	A GAAGA-----	---GAACAA	CAACTACAA-	-----	-----	GAA	CTTCCAT---	GTGAAGGAAA	106
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	-----	A GAAGA-----	---GAACAA	CAACAACAAC	AACAAGAACT	ACAACAAGAA	CTTCCAT---	GTGAAGGAAA	118	
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	-----	A GAAGA-----	---GAACAA	-----	-----	-----	GAA	CATGGAT---	CTGAAAGAAA	91
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	-----	A GAAGA-----	---GAACAA	-----	-----	-----	GAA	CATAGAT---	CTGAAAGAAA	91
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	-----	A GAAGA-----	---GAACAA	CAACAACAAC	AA-----	-----	GAA	TTTAGAATTG	ATGAAGGGGA	103
Паслен клубноносый PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	-----	GTGA	GAAGGGTGTG	TTATGGGGGG	-----	-----	-----	-----	AGAAAGTAA	97

Фиг. 2

B

		180		200		220		240
Арадопкс AtCPL1_1_белок (Идентификатор последовательности_18)	TCAGAATAAG	CCACTTTTCT	CAATCTGGCG	AGAGGTGTCC	TCCCTTTGCA	ATACTTACTA	CAATTTCA	----TCTTGT 231
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	TCCGGGTGA	ACGCATTTC	CCGCCAGCG	AGCGGTGCC	TCCGCTGGCC	GTCAATGCACA	CCGTGGCC	----GTCCGC 183
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	TCCGGGTGA	CCGCCTTTC	CCGCCAGCG	AGCGGTGCC	TCCGCTGGCC	GTCAATGCACA	CCGTGGCC	----GTCCGC 183
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	TCCGGGTGA	CCGCCTTTC	CCGCCAGCG	AGCGGTGCC	TCCGCTGGCC	GTCAATGCACA	CCGTGGCC	----GTCCGC 183
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	TCCGGGTGA	CCGCCTTTC	CCGCCAGCG	AGCGGTGCC	TCCGCTGGCC	GTCAATGCACA	CCGTGGCC	----GTCCGC 183
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	TCCGGGTGA	CCGCCTTTC	CCGCCAGCG	AGCGGTGCC	TCCGCTGGCC	GTCAATGCACA	CCGTGGCC	----GTCCGC 183
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	TCCGGGTGA	CCGCCTTTC	CCGCCAGCG	AGCGGTGCC	TCCGCTGGCC	GTCAATGCACA	CCGTGGCC	----GTCCGC 183
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	TCCGGGTGA	CCGCCTTTC	CCGCCAGCG	AGCGGTGCC	TCCGCTGGCC	GTCAATGCACA	CCGTGGCC	----GTCCGC 183
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	TCCGGGTGA	CCGCCTTTC	CCGCCAGCG	AGCGGTGCC	TCCGCTGGCC	GTCAATGCACA	CCGTGGCC	----GTCCGC 183
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	TCCGGGTGA	CCGCCTTTC	CCGCCAGCG	AGCGGTGCC	TCCGCTGGCC	GTCAATGCACA	CCGTGGCC	----GTCCGC 183
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	TCCGGGTGA	CCGCCTTTC	CCGCCAGCG	AGCGGTGCC	TCCGCTGGCC	GTCAATGCACA	CCGTGGCC	----GTCCGC 183
Соя культурная Glna.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	TCAGAATAAG	CCACTTCTCG	CAACCTAGTG	AGAGGTGTCC	CCCCTTGTCT	GTGCTTCACA	CTGTTACT	----TCGTGT 180
Соя культурная Glna.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	TCAGAATAAG	CCACTTCTCG	CAACCTAGTG	AGAGGTGTCC	CCCCTTGTCT	GTGCTTCACA	CTGTTACT	----TCGTGT 180
Соя культурная Glna.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	TCAGAATAAG	CCACTTCTCG	CAACCTAGTG	AGAGGTGTCC	CCCCTTGTCT	GTGCTTCACA	CTGTTACT	----TCGTGT 180
Соя культурная Glna.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	TCAGAATAAG	CCACTTCTCG	CAACCTAGTG	AGAGGTGTCC	CCCCTTGTCT	GTGCTTCACA	CTGTTACT	----TCGTGT 180
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	TGAGGATAAG	TCATTATCA	GAGATGAGTG	AAAGGTGTCC	ACCCTTGTCT	GTGCTTCACA	CAATTTACT	----TCTTTT 165
Паслен клубничный PGSC0003DM1400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	TAAGGATATC	TCACTATTCG	CCGTCAAGTG	AGAGATGTCC	ACCCTTGTCT	GTGCTTCACA	CAATTTACT	----TCTTTT 165
		280		280		300		320
Арадопкс AtCPL1_1_белок (Идентификатор последовательности_18)	GGCCTTTGTT	TCAAATTA	-GAAGCTTCA	CCT-----	-TCTC-----	---CAGCT-C	AGGAGTCACT	CAGTTTAT-- 289
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	GGCCGATGCC	TCGTCAATG	-GAGTCCAGG	CCGC-----	CCGTTGTCCG	CGACGTTGTG	CCG--CCTC	TGGTCGTC-- 249
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	GGCCGATGCC	TCGTCAATG	-GAGTCCAGG	CCGC-----	CCGTTGTCCG	CGACGTTGTG	TCGCTGCCTC	TGGTCGAC-- 252
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	GGCCGATGCC	TCGTCAATG	-GAGTCCAGG	CCGC-----	CCGTTGTCCG	CGACGTTGTG	TCGCTGCCTC	TGGTCGAC-- 252
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	GGCCGATGCC	TCGTCAATG	-GAGTCCAGG	CCGC-----	CCGTTGTCCG	CGACGTTGTG	TCGCTGCCTC	TGGTCGAC-- 252
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	GGCCTCTGCT	TCGTAATG	-GAGTCCAGG	CCGC-----	CCGTTGTCCG	CGACGTTGTG	TCGCTGCCTC	TGGTCGAC-- 252
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	GGCCTCTGCT	TCGTAATG	-GAGTCCAGG	CCGC-----	CCGTTGTCCG	CGACGTTGTG	TCGCTGCCTC	TGGTCGAC-- 252
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	GGCCTCTGCT	TCGTAATG	-GAGTCCAGG	CCGC-----	CCGTTGTCCG	CGACGTTGTG	TCGCTGCCTC	TGGTCGAC-- 252
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	GCTCGCTGCC	TCGTCAATG	-GAGTCCAGG	CCGC-----	CCGTTGTCCG	CGACGTTGTG	TCGCTGCCTC	TGGTCGAC-- 246
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	GCTCGCTGCC	TCGTCAATG	-GAGTCCAGG	CCGC-----	CCGTTGTCCG	CGACGTTGTG	TCGCTGCCTC	TGGTCGAC-- 246
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	GCTCGCTGCC	TCGTCAATG	-GAGTCCAGG	CCGC-----	CCGTTGTCCG	CGACGTTGTG	TCGCTGCCTC	TGGTCGAC-- 246
Соя культурная Glna.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	GGTGTGTTGCT	TCAAATG	-GAGTCAAAG	ACT-----	-----	---CAGCAGC	AGGACGGCCT	CTTTCAAT-- 235
Соя культурная Glna.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	GGTGTGTTGCT	TCAAATG	-GAGTCAAAG	ACT-----	-----	---CAGCAGC	AGGACGGCCT	CTTTCAAT-- 247
Соя культурная Glna.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	GGTATTTGCT	TCAAATG	-GAGTCAATG	ACC-----	-TCACAGAAA	CGACAACAGC	AAGATGCACT	CTTTCAAT-- 232
Соя культурная Glna.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	GGTATTTGCT	TCAAATG	-GAGTCAATG	ACC-----	-TCACAGAAA	CGACAACAGC	AAGATGCACT	CTTTCAAT-- 232
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	GGAAATTTGCT	TCAAATGAT	GGAGTCAATG	TCTCATACTA	GTTCACAACA	CAACAACAAC	AACAAGTTCT	ATTTTCAACA 253
Паслен клубничный PGSC0003DM1400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	GGATTAAGCT	TCAAATTTGA	ACCTACAATA	TC-----	-----AAAG	CCGCTGACCC	AAGACTCGCC	GCTCACTCT- 233

Фиг. 2

C

		340		360		380		400	
Арадопксис AtCPL1_1_белок (Идентификатор последовательности_18)	-----T	CTACTCGTCC	TGCTCAGGG	ACAACAAGAC	AGCAGTAATG	CTCTTGGGTC	340		
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	-----AT	GCACACCGCT	TGCCTCAGGG	AGAACAAGAC	TGCCTTGGTT	CCACTTGGAG	301		
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	-----AT	GCACGCCGCT	TGCCTCAGGG	ACAACAAGAC	CGCGTTGTT	GCCTTGGAG	304		
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	-----AT	GCACGCCGCT	TGCCTCAGGG	ACAACAAGAC	CGCGTTGTT	CCACTTGGAG	304		
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	-----AT	GCACACCACT	TGCTCAAGG	ATAACAAGAC	GGCTGTTTT	CCACTTGGAG	289		
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	-----AT	GCACACCGCT	TGCCTCAGAG	ACAATAAGAC	AGCAGTTTT	CCACTTGGAG	304		
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	-----AT	GCACACCGCT	TGCCTCAGAG	ACAATAAGAC	AGCAGTTTT	CCACTTGGAG	304		
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	-----AT	GCACACCGCT	TGCCTCAGAG	ACAATAAGAC	AGCAGTTTT	CCACTTGGAG	304		
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	-----AT	GCACGCCTGCT	TGCCTCAGGG	ACAATAAGAC	TGCAGTTGTT	CCCTTAGGAG	298		
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	-----AT	GCACGCCTGCT	TGCCTCAGGG	ACAATAAGAC	TGCAGTTGTT	CCCTTAGGAG	298		
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	-----AT	GCACGCCTGCT	TGCCTCAGGG	ACAATAAGAC	TGCAGTTGTT	CCCTTAGGAG	298		
Соя культурная Gm1a.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	-----T	GCACCTCTTG	TGTATCAGAG	AGAACAAGAC	TGCTGTAATG	CCACTGGGTC	286		
Соя культурная Gm1a.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	-----T	GCACCTCTTG	TGTATCAGAG	AGAACAAGAC	TGCTGTAATG	CCACTGGGTC	298		
Соя культурная Gm1a.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	-----T	GCACCTCTCA	TGTATCAGAG	AGAACAAGAC	TGCTGTAATG	CCACTGGGTC	283		
Соя культурная Gm1a.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	-----T	GCACCTCTCA	TGTATCAGAG	AGAACAAGAC	TGCTGTAATG	CCACTTGGTC	283		
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	ACAACAACA	GAATCGCAGC	TTTTAGCTAT	GCACCTCAAC	TGTATCAGAG	ATAACAAGAC	GGCTGGGTG	343	
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	-----TTT	GCATTCCACA	TGTCTCAGAG	ATAACAAGAC	TGCCTGATG	TCACTTGGAA	286		
		420		440		460		480	
Арадопксис AtCPL1_1_белок (Идентификатор последовательности_18)	GAGAAGAGCT	GCATTTGGTT	GCTATGTACT	CGGAAAATAT	CAAGAATGAC	CGTCCTTGT	TCTGGGCATT	TAGTGTGGCT	420
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	ATGAAGAGTT	GCATTTAGTT	CGGATGACAT	CGAGAAGAAA	CTTGACAAAT	CATGCATGTT	TCTGGGGCTA	TAAATGGCCA	381
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	ATGAAGAATT	GCATTTAGTT	CGGATGACAT	CGAGAAGAAA	CTTGACAAAT	CATGCATGTT	TCTGGGGCTA	GAAGTTGCCA	384
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	ATGGAGAATT	GCATTTAGTT	CGGATGACAT	CGAGAAGAAA	CTTGACAAAT	CATGCATGTT	TCTGGGGCTA	TAAATGGCCA	384
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	CAGAAGAGAT	ACACTTAGTG	CGGATGACTT	CTAAGAGAAA	CATGCCAAAC	GGTGCATGTT	TTTGGGGCTA	TAAAGTGCCA	389
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	CAGAAGAAAT	GCATTTAGTT	GCAATGAAAC	CGAAGAGTAA	CTTGCCCAAC	CACGCATGTT	TTTGGGGCTA	TAAAGTACCA	384
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	CAGAAGAAAT	GCATTTAGTT	GCAATGAAAC	CGAAGAGTAA	CTTGCCCAAC	CACGCATGTT	TTTGGGGCTA	TAAAGTACCA	384
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	CAGAAGAAAT	GCATTTAGTT	GCAATGAAAC	CGAAGAGTAA	CTTGCCCAAC	CACGCATGTT	TTTGGGGCTA	TAAAGTACCA	384
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	AGGAAGAATT	GCATTTAGTG	GCAATGACAT	CAGGGAGAAA	CTTGACAAAC	CATGCATGTT	TCTGGGGCTA	TAAAGTGCCA	378
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	AGGAAGAATT	GCATTTAGTG	GCAATGACAT	CAGGGAGAAA	CTTGACAAAC	CATGCATGTT	TCTGGGGCTA	TAAAGTGCCA	378
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	AGGAAGAATT	GCATTTAGTG	GCAATGACAT	CAGGGAGAAA	CTTGACAAAC	CATGCATGTT	TCTGGGGCTA	TAAAGTGCCA	378
Соя культурная Gm1a.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	GGGAGGAAAT	ACATTTGGTT	GCAATGCATT	CACGGAAATG	-----TCCAT	AGACCATGCT	TCTGGGGATT	TATTGTTGCC	350
Соя культурная Gm1a.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	GGGAGGAAAT	ACATTTGGTT	GCAATGCATT	CTCGGAATG	-----ATGAT	AGACCATGCT	TTTGGGGATT	TATTGTTGCC	372
Соя культурная Gm1a.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	GGGAGGAAAT	ACACTTGGTT	GCAATGTATT	CACGGAAATA	-----ATGAT	AGGCCTTGT	TCTGGGGATT	TATTGTTGCC	357
Соя культурная Gm1a.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	GGGAGGAAAT	ACACTTGGTT	GCAATGTATT	CACGGAAATA	-----ATGAT	AGGCCTTGT	TCTGGGGATT	TATTGTTGCC	357
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	AGGAAGAGAT	GCATTTGGTG	GCAATGGGCT	CTAGAAGAAAT	GGCCGGTGT	ACTCCTTGGT	TCTGGGGTTT	CAGTTCGGC	423
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	GAGAAGAACT	TCATTTAGTC	GGCATGCAGT	CTAAGAATAT	TGGCGGACAG	TGTCCTTGT	TTTGGGGATT	TAAAGTTGCA	366

Фиг. 2

D

		500		520		540		560
Арадопсис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	CCTGCAATT	ACGATTCCTG	TCTTGTATG	TTGAATCTTA	GATGTCGGG	TATTGCTTT	GATCTTGATG	AAACCCTTGT 500
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	TTTGGTTTGT	ATAATTCCTG	CTTGACCATG	TAAATCTTC	GGTGCCTGGG	TATTGTATTT	GACCTTGATG	AGACATTGAT 461
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	TTTGGTTTGT	ATAATTCCTG	CTTGACCATG	TAAATCTAC	GGTGCCTGGG	AATCGTGTTT	GACCTTGATG	AGACATTGGT 464
Сорго двузерное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	TTTGGCCTGT	ATAATTCCTG	CTTGACCATG	TAAATCTTC	GGTGCCTGGG	TATCGTGTTT	GACCTTGATG	AGACGTTGAT 464
Сорго двузерное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	TTGGCCTTAT	ATAATTCCTG	CCTGACCATG	CTGAATCTTC	GATGCCTTGG	TATTGTGTTT	GACCTTGATG	AAACATTAAT 449
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	TTAGGCCTGT	ATAATTCCTG	CTTGAGTATG	TTGAATCTTC	GATGCCTTGG	TATTGTGTTT	GACCTTGATG	AAACACTAAT 464
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	TTAGCCTTGT	ATAATTCCTG	CTTGAGTATG	TTGAATCTTC	GATGCCTTGG	TATTGTGTTT	GACCTTGATG	AAACACTAAT 464
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	TTAGGCCTGT	ATAATTCCTG	CTTGAGTATG	TTGAATCTTC	GATGCCTTGG	TATTGTGTTT	GACCTTGATG	AAACACTAAT 464
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	TTTGGTCTGT	ATAATTCCTG	CTTGACCATG	TAAATCTCC	GGTGCCTCGG	TATTGTGTTT	GACCTTGATG	AGACATTGAT 458
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	TTTGGTCTGT	ATAATTCCTG	CTTGACCATG	TAAATCTCC	GGTGCCTCGG	TATTGTGTTT	GACCTTGATG	AGACATTGAT 458
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	TTTGGTCTGT	ATAATTCCTG	CTTGACCATG	TAAATCTCC	GGTGCCTCGG	TATTGTGTTT	GACCTTGATG	AGACATTGAT 458
Соя культурная G1uma.07.g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	TTGGGACTTT	ACGATTCATG	TCTTGTGATG	CTAAATCTTA	GATGTTTGGG	TATAGTGTTT	GATCTGGACG	AAACACTGAT 440
Соя культурная G1uma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	TTGGGACTTT	ACGATTCATG	TCTTGTGATG	CTAAATCTTA	GATGTTTGGG	TATAGTGTTT	GATCTGGACG	AAACACTGAT 452
Соя культурная G1uma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	TGTGGACTTT	ACAATTCATG	TCTTACAATG	TAAATCTGA	GATGTTTGGG	TATAGTGTTT	GATCTGGACG	AAACCCTTGT 437
Соя культурная G1uma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	TCTGGACTTT	ACAATTCATG	CCTAACAAATG	TAAATCTGA	GATGTTTGGG	TATAGTGTTT	GATCTGGACG	AAACCCTTGT 437
Свекла обыкновенная g16374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	CCAGGCTTAT	ATGAATCTTG	TCTTGGCTTG	TAAATCTTA	GATGTCCTGG	CATTGTGTTT	GATCTAGACG	AGACACTGAT 503
Паслен клубничный PGSC0003DMI400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	TCAGGGCTCT	ATGATTCCTG	TCTAACAAATG	CTAAACCTCA	GGTGTCTTGG	CATTGTATTT	GATCTTGATG	AGACACTGAT 446
		580		600		620		640
Арадопсис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	AGTGGCGAAT	ACCATGCGGT	CATTTGAGGA	TAAGATTGAC	GGGTTTCAGC	GGAGAATAAA	CAACGAGATG	GACCTCAAC 580
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	TGTGCCAAT	ACATCACGGT	CTTTGAGGA	CAGAATTGAC	GCACTTCAA	GAAAGCTGAG	TAATGAGACT	GATCCACAAC 541
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	TGTGCCAAT	ACATCACGGT	CTTTGAGGA	CAGAATTGAT	GCACTTCAA	GAAAGCTGAG	CAATGAGACT	GATCCACAGC 544
Сорго двузерное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	TGTGCCAAT	ACATCACGGT	CTTTGAGGA	CAGAATTGAT	GGCTTCAA	GAAAGCTGAG	TAATGAGACT	GATCCACAGC 544
Сорго двузерное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	TGTTGCCAAT	ACCACACGGT	CTTTGAAGA	CAGGATAGAT	GCTATTCCAG	GAAAATTGAA	TAATGAGGCT	GATCCGACG 529
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	TGTTGCCAAT	ACCACACGGT	CTTTGAAGA	CAGAATTGAT	GCACTCCAG	GAAAATTGAG	TAAAGAGACT	GATCCACAGC 544
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	TGTTGCCAAT	ACCACACGGT	CTTTGAAGA	CAGAATTGAT	GCACTCCAG	GAAAATTGAG	TAAAGAGACT	GATCCACAGC 544
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	TGTTGCCAAT	ACCACACGGT	CTTTGAAGA	CAGAATTGAT	GCACTCCAG	GAAAATTGAG	TAAAGAGACT	GATCCACAGC 544
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	TGTTGCCAAT	ACCACACGGT	CTTTGAGGA	CAGAATTGAT	TCACTTCAA	GAAAGCTGAG	TAATGAGACT	GATCCACAAC 538
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	TGTTGCCAAT	ACCACACGGT	CTTTGAGGA	CAGAATTGAT	TCACTTCAA	GAAAGCTGAG	TAATGAGACT	GATCCACAAC 538
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	TGTTGCCAAT	ACCACACGGT	CTTTGAGGA	CAGAATTGAT	TCACTTCAA	GAAAGCTGAG	TAATGAGACT	GATCCACAAC 538
Соя культурная G1uma.07.g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	TGTAGCAAAT	ACAATGCGAT	CATTTGAGGA	TGAATTGAT	GCACTCCAG	GAAAATAAAA	CTCTGAGGTA	GATCCACAGA 520
Соя культурная G1uma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	TGTAGCAAAT	ACAATGCGAT	CATTTGAGGA	TGAATTGAT	GCACTCCAG	GAAAATAAAA	CTCTGAGGTA	GATCCACAGC 532
Соя культурная G1uma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	AGTGGCAAAT	ACAATGCGTT	CTTTGAGGA	TAAATTTGAG	GTGCTCCATA	GAAAATGAAA	CTCTGAGGTC	AATCCGCAAC 517
Соя культурная G1uma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	AGTGGCAAAT	ACAATGCGTT	CTTTGAGGA	TAAATTTGAG	GTACTCCATA	GAAAATGAAA	CTCTGAGGTC	AATCCGCAAC 517
Свекла обыкновенная g16374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	TGTTGCCAAT	ACACTGCGGT	CATTTGAGGA	TGAATTGAG	GCCTTGCAAA	GGAAAATCAG	TGTTGAGGCT	GACCCACAAC 583
Паслен клубничный PGSC0003DMI400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	AGTTGCCAAT	ACAATGCGTT	CATTTGAGGA	TGAATTGAG	GCCTTGCAAG	GGAAAATAAA	TTCAGAGTCA	GATCCGCAAC 526

Фиг. 2

E

		660		680		700		720	
Арадопсис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	GCCTTGCCGT	TATAGTGGCT	GAGATGAAGC	GTTATCAAGA	TGACAAAAAT	CTATTGAAGC	AATATATTGA	AAGTGACCAG	660
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	GTAGGAATGG	TATGCTATCA	GAGATCAAGA	GGTACCAGGA	TGATAAGTCC	ATCCTAAAGC	AATATATAGA	AGGTGATCAG	621
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	GTAGAAATGG	TATGCTATCA	GAGATCAAGA	GGTACCAGGA	TGATAAATCC	ATCCTAAAGC	AATATATAGA	AGGTGATCAG	624
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	GTAGGAATGG	TATGCTATCA	GAGATCAAAA	GGTACCAGGA	TGATAAGTCC	ATCCTAAAGC	AATATATAGA	AGGTGATCAG	624
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	GCATTAGTGG	TATGTTGGCA	GAGATCAAGA	GGTACCAGGA	AGACAAGTCT	ATCCTAAAAC	AGTATATAGA	AAGTGACCAG	609
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	GCATTAGTGG	TATGTTGGCA	GAGATCAAGA	GGTACCAGGA	GGACAGGACT	ATGCTAAAGC	AGTATATAGA	TGGTGATCAA	624
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	GTATTAGTGG	TATGTTGGCA	GAGATCAAGA	GGTACCAGGA	GGACAGGCT	ATGCTAAAGC	AGTATATAGA	TGGTGATCAA	624
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	GTATTAGTGG	TATGTTGGCA	GAGATCAAGA	GGTACCAGGA	GGACAGGACT	ATGCTAAAGC	AGTATATAGA	TGGTGATCAA	624
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	GCATGAATGG	TATGTTAGCA	GAGATCAAGA	GGTACCAGGA	TGATAGATCT	ATCCTAAAGC	AGTATATAGA	AGGTGATCAG	618
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	GCATGAATGG	TATGTTAGCA	GAGATCAAGA	GGTACCAGGA	TGATAGATCT	ATCCTAAAGC	AGTATATAGA	AGGTGATCAG	618
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	GCATGAATGG	TATGTTAGCA	GAGATCAAGA	GGTACCAGGA	TGATAGATCT	ATCCTAAAGC	AGTATATAGA	AGGTGATCAG	618
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	CAATTTCCGG	TATGCCAGCA	GAGGTCAAGC	GCTACCAAGA	TGACAAGAAT	ATATTGAAGC	AATATGCTGA	AAATGATCAG	600
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	CAATTTCTGG	TATGCCAGCC	GAGGTCAAGC	GCTACCTAGA	TGACAAGAAT	ATATTGAAGC	AATATGCTGA	AAATGATCAG	612
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	AAATTTCTGG	TATGCCAGCA	GAGATCAAGC	GATATTTAGA	TGACAAGAAT	ATATTGAAGC	AATATGCTGA	AAATGATCAA	597
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	CAATTTCTAC	TATGCCAGCC	GAGATAAAGC	GATACCTAGA	TGACAAGAAT	ATATTGAAGC	AATATGCTGA	AAATGATCAA	597
Свекла обыкновенная gl6374.t1_белок (Идентификатор последовательности_33)	CAATAGCCGG	TATGTTGGCC	GAAGTGAAGC	GCTACCAAGA	AGACAAGAGT	ATACTGAAGC	AATATGCTGA	AACTGATCAG	663
Паслен клубненосный PGSC0003DMI400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	GTGCCCTGT	TATGCTGGCT	GAGGTCAAGC	GTTATCAGGA	GGATAAAATT	ATTTTAAAGC	AATATGCCGA	AAATGATCAG	606
		740		760		780		800	
Арадопсис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	GTTGTTGAAA	ACGGGGAGGT	GATAAAGGTG	CAATCTGAAA	TTGTTCCCTG	CTTGTCTGAC	AACCATCAGC	--CTCTTGT	737
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	GTCTATGATG	ATGGAAAAGT	GTATAAAGCA	CAACCTGAGA	TTGTTCCACC	ATTGTCTGAT	AACCAGCAAC	--CAATGAC	698
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	GTCTATGATG	ACGGTAAAAGT	GTATAAAGCA	CAACCTGAGA	TTGTTCCACC	ATTGTCTGAT	AACCAGCAAA	--CAATGAC	701
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	GTCTATGATG	ATGGAAAAGT	GTATAAAGCA	CAACCTGAGA	TTGTTCCACC	ATTGTCTGAT	AACCAGCAAC	--CAATGAC	701
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	GTTACTGATG	GAGGAGAAAT	GTACAAAAGT	CAATCAGAGG	CTTATCCACC	CTTAGATGAT	AATCATCAAC	AACTATGAC	689
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	GTTATTGATG	GTGGGAAAAT	GTATAAAGTA	CAATCCGAGG	TTGTTCCACC	TTTAGCTGAT	AATCATCAAC	--STATGAT	701
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	GTTACTGATG	GTGGGAAAAT	GTATAAAGTA	CAATCCGAGG	TTGTTCCACC	TTTAGCTGAT	AATCATCAAC	--STATGAT	701
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	GTTATTGATG	GTGGGAAAAT	GTATAAAGTA	CAATCCGAGG	TTGTTCCACC	TTTAGCTGAT	AATCATCAAC	--STATGAT	701
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	GTCTATGATG	ATGGAAAAGT	GTATAAAGTG	CAACCTGAGA	TTGTTCCACC	ATTGTCTGAT	AACCATCAAT	--CATTGAC	695
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	GTCTATGATG	ATGGAAAAGT	GTATAAAGTG	CAACCTGAGA	TTGTTCCACC	ATTGTCTGAT	AACCATCAAT	--CATTGAC	695
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	GTCTATGATG	ATGGAAAAGT	GTATAAAGTG	CAACCTGAGA	TTGTTCCACC	ATTGTCTGAT	AACCATCAAT	--CATTGAC	695
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	GTTGTTGATA	ATGGTAGAGT	GATAAAGTT	CAATCTGAGA	TTGTTCCGGC	ATTATCTGAC	AGTCATCAGC	--STATAGT	677
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	GTTGTTGATA	ATGGGAGAGT	GATAAAGTT	CAATCTGAGA	TTGTTCCGGC	ATTATCAGAC	AGTCATCAGC	--STATAGT	689
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	GTTGTTGATA	ATGGGAAAAGT	GATAAAGTT	CAATCTGAGA	GTGTTCCAGC	ATTGTCTGAT	AGTCATCAGC	--STATAGT	674
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	GTTGTTGATA	ATGGGAAAAGT	GATAAAGTT	CAATCTGAGA	TTGTTCCAGC	ATTGTCTGAT	AGTCATCAGC	--STATAGT	674
Свекла обыкновенная gl6374.t1_белок (Идентификатор последовательности_33)	GTTGTTGACA	ATGGAAAAGT	CCACAAAATT	CAAGCAGAG	TTATCCAGC	CCTATCTGAC	AACCAGCAA	--CAGTTAT	740
Паслен клубненосный PGSC0003DMI400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	GTTGTTGACA	ATGGAAAAGT	GATCAAACT	CAGTCTGAGG	TTTCCCGC	ATTGTCTGAT	AATCACCAC	--STATTGT	683

Фиг. 2

		820		840		860		880
Арадопкс AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	TGCCCCTCTG	ATAAGGTTGC	AAGAGAAGAA	TATTATTCTG	ACTCGGATTA	ACCCAATGAT	TGGTGATACA	AGTGTCTTG 817
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	ACGTCCAGTT	ATAAGATTAC	AAGATAAAAA	CATTATCCTG	ACAAGAATAA	ATCCTCTGAT	TAGGGATACC	AGTGTGCTTG 778
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	ACGCCAGTT	ATAAGATTAC	AAGAAAAAGA	CATTATCCTG	ACAAGAATAA	ATCCTCTGAT	TAGGGATACC	AGTGTGCTTG 781
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	ACGTCCAGTT	ATAAGATTAC	AAGATAAAAA	CATTATCCTG	ACAAGAATAA	ATCCTCTGAT	TAGGGATACC	AGTGTACTTG 781
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	ACGCCCGATT	ATAAGGTTGC	AAGAGAAGAA	TATTATCTTG	ACACGTATAA	ATCCATCAAT	AAGAGATACT	AGTGTCTGG 769
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	CCGTCCCTGTT	ATAAGGCTAC	AAGACAAAAAG	TATTATATTG	ACACGTATAA	ATCCATCGAT	AAGAGATACT	AGTGTCTGG 781
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	ACGTCCCTGTT	ATCAGGCTAC	AAGAGAAAAAG	TATTATATTG	ACACGTATAA	ATCCATCGAT	AAGAGATACT	AGTGTCTGG 781
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	CCGTCCCTGTT	ATAAGGCTAC	AAGAGAAAAAG	TATTATATTG	ACACGTATAA	ATCCATCGAT	AAGAGATACT	AGTGTCTGG 781
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	ACGCCCAGTT	ATAAGATTAC	AAGAGAAAAA	CATTATCTTG	ACCAGAATAA	ATCCTTTGAT	AAGGGATACA	AGTGTCTTG 775
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	ACGCCCAGTT	ATAAGATTAC	AAGAGAAAAA	CATTATCTTG	ACCAGAATAA	ATCCTTTGAT	AAGGGATACA	AGTGTCTTG 775
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	ACGCCCAGTT	ATAAGATTAC	AAGAGAAAAA	CATTATCTTG	ACCAGAATAA	ATCCTTTGAT	AAGGGATACA	AGTGTCTTG 775
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	TCGGCCACTG	ATACGGTTAC	AGGATAAGAA	CATTATCTTG	ACGCCGATCA	ATCCACAGAT	TGGTGATACG	AGTGTCTTG 757
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	TCGGCCACTG	ATCCGGTTAC	AGGATAAGAA	CATTATCTTG	ACACCCATCA	ATCCACAGAT	TGGTGATACG	AGTGTCTTG 769
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	TCGACCACTG	ATCCGATTAC	AAGAAAAAGAA	TATTATCTG	ACACCCATCA	ATCCACAGAT	TGGTGATACT	AGTGTCTTG 754
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	TCGACCACTG	ATCCGATTAC	AAGAAAAAGAA	TATTATTTG	ACACCCATCA	ATCCACAGAT	TGGTGATACT	AGTGTCTTG 754
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	TCGCCCCCTC	ATTCCGTTAC	AGGATAAGAA	CATTGTCCTA	ACACGAATTA	ATCCTCAGAT	TGGTGATACA	AGTGTCTTG 820
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	SAGACCCCTG	ATTAGGTTGC	AAGATAGAAA	CATTATCTT	ACTCGTATTA	ATCCAATGAT	CCGTGATACT	AGTGTCTTG 763
		900		920		940		960
Арадопкс AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	TGAGAAATGAG	GCCCTCATGG	GAGGAACCTC	GAAGCTATTT	GACAGCAAAA	GCCCGTAAGC	GTTTTGAAGT	ATATGTTTGC 897
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	TATGTTTAAAG	GCCAGCCTGG	GAGGATCTTC	GCAGCTACTT	AATTGCCAGA	GGTCCGAAGC	GTTTTGAGGT	CTATGTGTGT 858
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	TACGTTTAAAG	GCCAGCCTGG	GAGGATCTTC	GCAGCTACTT	AATTGCCAGA	GGTCCGAAGC	GTTTTGAGGT	CTATGTGTGT 861
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	TACGTTTAAAG	GCCCGCCTGG	GAGGATCTTC	GCAGCTACTT	AATTGCAAGA	GGTCCGAAGC	GTTTTGAGGT	GTATGTGTGT 861
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	TGCGGTTAAG	ACCTGCATGG	GACGAOCCTC	GGAGCTACTT	AATTGCAAGA	GGTCCGAAGC	GTTTTGAGGT	TTATGTGTGC 849
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	TGCGGTTAAG	GCCTGCCTGG	GATGATCTTC	GGAGCTACTT	GATTGCAAGA	GGTCCGAAGC	GTTTTGAGGT	GTATGTGTGC 861
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	TGCGGTTAAG	GCCTGCCTGG	GATGATCTTC	GGAGCTACTT	GATTGCAAGA	GGTCCGAAGC	GTTTTGAGGT	GTATGTGTGC 861
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	TGCGGTTAAG	GCCTGCCTGG	GATGATCTTC	GGAGCTACTT	GATTGCAAGA	GGTCCGAAGC	GTTTTGAGGT	GTATGTGTGC 861
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	TTCGGTTAAG	GCCAGCATGG	GAGGATCTCC	GAAGCTACTT	GATTGCAAGA	GGTCCGAAGC	GTTTTGAGGT	CTATGTGTGT 855
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	TTCGGTTAAG	ACCAGCATGG	GAGGATCTCC	GAAGCTACTT	GATTGCAAGA	GCCCGCAAGC	GTTTTGAGGT	CTATGTGTGT 855
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	TTCGGTTAAG	GCCAGCATGG	GAGGATCTCC	GAAGCTACTT	GATTGCAAGA	GCCCGCAAGC	GTTTTGAGGT	CTATGTGTGT 855
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	TGAGGTTGAG	ACCTGCATGG	GAAGATCTTC	GGAGCTACTT	GACTGCAAGA	GCCCGCAAGC	GTTTTGAGGT	TTATGTGTGC 837
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	TGAGGTTGAG	ACCTGCATGG	GAAGATCTTC	GGAGCTACTT	TACTGCAAGA	GACCGCAAGC	GTTTTGAGGT	TTATGTGTGC 849
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	TGAGGTTGAG	ACCTGCATGG	GAAGATCTTC	GGAGCTACTT	GACTGCAAGA	GCCCGCAAGC	GTTTTGAGGT	TTTTGTTTGC 834
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	TGAGGTTAAG	ACCTGCATGG	GAAGATCTTC	GGAGCTACTT	GACTGCAAGA	GCCCGCAAGC	GTTTTGAGGT	TTTTGTTTGC 834
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	TGAGGCTAAG	ACCTGCATGG	GAAGATTTAC	GCAGCTATTT	AACCTCCAGA	GGTCCGAAGC	GTTTTGAGGT	TTATGTGTGT 900
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	TGAGATTGAG	ACCTGCCTGG	GAGGATCTCC	GAAGCTACTT	GACTGCAAGC	GGTCCGAAGC	GTTTTGAAGT	TTATGTGTGC 843

Фиг. 2

G

		980		1,000		1,020		1,040	
Арадопис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	ACGATGGCTG	AAAGAGATTA	CGCCTTAGAG	ATGTGGAGGC	TCCTTGATCC	AGAAGGGAAT	TTGATAAACA	CAAATGACTT	977
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	ACGATGGCTG	AAAGAGACTA	TGCTTTAGAA	ATGTGGAGAT	TGCTTGATCC	AGATTCAAGA	TTGATTAATT	CTGTTCAACT	938
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	ACGATGGCTG	AAAGAGACTA	TGCTTTAGAA	ATGTGGAGAT	TGCTTGATCC	AGATTCAAGA	TTAATTAATT	CTGTTGCACT	941
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	ACGATGGCTG	AAAGAGACTA	TGCTTTAGAA	ATGTGGAGAT	TGCTTGATCC	AGATTCAAGA	TTGATTAATT	CTGTTCAACT	941
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	ACAATGGCTG	AGAGGGACTA	TGCTTTGGAA	ATGTGGAGGT	TGCTTGATCC	AGATTCAAAA	TTGATAAACT	CTGTTCAACT	929
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	ACAATGGCTG	AGAGGGACTA	TGCTTTGGAA	ATGTGGAGGT	TGCTTGATCC	TGATTCTAGA	CTGATAAACT	CTGTTCAACT	941
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	ACAATGGCTG	AGAGGGACTA	TGCTTTGGAA	ATGTGGAGGT	TGCTTGATCC	TGATTCTAGA	CTGATAAACT	CTGTTCAACT	941
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	ACAATGGCTG	AGAGGGACTA	TGCTTTGGAA	ATGTGGAGGT	TGCTTGATCC	TGATTCTAGA	CTGATAAACT	CTGTTCAACT	941
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	ACAATGGCTG	AGAGGGACTA	TGCTTTAGAA	ATGTGGAGAT	TGCTTGATCC	AGACTCAAGA	TTGATTAACT	CTGTTCAACT	935
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	ACAATGGCTG	AGAGGGACTA	TGCTTTAGAA	ATGTGGAGAT	TGCTTGATCC	AGACTCAAGA	TTGATTAACT	CTGTTCAACT	935
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	ACAATGGCTG	AGAGGGACTA	TGCTTTAGAA	ATGTGGAGAT	TGCTTGATCC	AGACTCAAGA	TTGATTAACT	CTGTTCAACT	935
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	ACAATGGCTG	AAAGGGACTA	TGCACTAGAA	ATGTGGAGAC	TTCTTGATCC	AGATTCAAAT	TTGATAAATT	CTAAAGAACT	917
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	ACAATGGCTG	AAAGGGACTA	TGCACTAGAA	ATGTGGAGAC	TTCTTGATCC	AGATTCAAAT	TTGATAAATT	CTAAAGAACT	929
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	ACAATGGCTG	AGAGGGACTA	TGCACTAGAA	ATGTGGAGGC	TTCTTGATCC	AGAATTTGAA	TTGATAAATT	CGAAAGAACT	914
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	ACAATGGCTG	AGAGGGACTA	TGCACTAGAA	ATGTGGAGGC	TTCTTGATCC	AGAATTTGAA	TTGATAAATT	CGAAAGAACT	914
Свекла обыкновенная gl16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_33)	ACAATGGCTG	AAAGAGACTA	TGCTTTAGAA	ATGTGGAGGC	TTCTTGATCC	AGACTCAAAC	TTGATATGTG	CGAGGGAACT	990
Паслен клубничный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	ACAATGGCTG	AAAGAGATTA	TGCTTTAGAA	ATGTGGCGCC	TTCTTGATCC	AGATTCAAAC	TTGATTAACT	CACAAGAACT	923
		1,060		1,080		1,100		1,120	
Арадопис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	GCCTTGCTCGG	ATGGTTGTG	TGAAATCTGG	TTTTAAAAAG	TCAGTGTTC	ATGTTTCT	GGATGGAACC	TGCCATCCAA	1057
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	CCATGATCGG	ATGGTGTGTG	TAAAATCTGG	TTTTAAAAAG	TCCTTGCTAA	ATGTTTCCA	TGATGGTTCT	TGCCATCCTG	1018
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	TCATGATCGG	ATGGTGTGTG	TAAAATCTGG	TTTTAAAAAG	TCCTTGCTAA	ATGTTTCCA	TGATGGTTCT	TGTCATCCTG	1021
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	TCATGATCGG	ATGGTGTGTG	TAAAATCTGG	TTTTAAAAAG	TCCTTGCTAA	ATGTTTCCA	TGATGGTTCT	TGCCATCCTG	1021
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	TCTTGACAGA	CTTGTATGTG	TCAAATCTGG	CTTAAAAAAG	TCCTTGCTAA	ATGTTTCCA	TGATGGTTCT	TGTCACCCCTG	1009
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	TCCTGACAGG	CTTGTCTGTG	TCAAATCTGG	CTTAAAAAAG	TCATTGCTAA	ATGTTTCCA	TGATGGATCT	TGTCACCCCTG	1021
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	TCCTGACAGG	CTTGTCTGTG	TCAAATCTGG	CTTAAAAAAG	TCATTGCTAA	ATGTTTCCA	TGATGGATCT	TGTCACCCCTG	1021
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	TCCTGACAGG	CTTGTCTGTG	TCAAATCTGG	CTTAAAAAAG	TCATTGCTAA	ATGTTTCCA	TGATGGATCT	TGTCACCCCTG	1021
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	TAGTGACAGA	ATGGTGTGTG	TAAAATCTGG	CTTAAAAAAG	TCCTTGCTAA	ATGTTTCCA	TGATGGATCT	TGCCATCCTG	1015
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	TAGTGACAGA	ATGGTGTGTG	TAAAATCTGG	CTTAAAAAAG	TCCTTGCTAA	ATGTTTCCA	TGATGGATCT	TGCCATCCTG	1015
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	TAGTGACAGA	ATGGTGTGTG	TAAAATCTGG	CTTAAAAAAG	TCCTTGCTAA	ATGTTTCCA	TGATGGATCT	TGCCATCCTG	1015
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	ATTAGGTCGG	ATTGTATCGG	TTAAGTCTGG	TTTGAAGAAG	TCATTGTTC	ATGTTTCCA	AGATGGTTTA	TGCCATCCAA	997
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	ATTAGGTCGG	ATTGTATCGG	TTAAGTCTGG	TTTGAAGAAG	TCATTGTTC	ATGTTTCCA	AGATGGTTTA	TGCCATCCAA	1009
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	GCTAGATCGT	ATTGTTTGTG	TCAAAGTCTGG	TTTAAAGAAA	TCATTGTTA	ATGTTTCCA	AAATGGCTTA	TGCCATCTGA	994
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	GTTAGATCGT	ATTGTTTGTG	TCAAAGTCTGG	TTTAAAGAAA	TGTTGTTTA	ATGTTTCCA	AAATGGCTTA	TGCCATCTGA	994
Свекла обыкновенная gl16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_33)	TTTGGATCGG	ATTGTCTGTG	TCAAAGTCTGG	ATCAAAGAAG	TGCGTGTTA	ATGTTTCCA	TGGTGGCATT	TGTCATCCCA	1060
Паслен клубничный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	CTTGGATCGT	ATTGTCTGTG	TCAAAGTCTGG	CTTGGAGAAA	TCTTTGTTC	ATGTTTCCA	AGATGGAAAT	TGTCATCTCA	1003

Фиг. 2

		1,140	1,160	1,180	1,200				
Арадопкс AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	AGATGGCATT	GGTAATTGAT	GATCGATTGA	AAAGTTTGGGA	TGAGAAGGAT	CAGCCGAGGG	TACATGTGGT	TCCTGCATTT	1137
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	GTATGGCATT	AGTAATTGAT	GATCGCCTGA	AAAGTTTGGGA	TGAGAAGGAT	CAATTACGAG	TTCATGTGGT	TCCTGCATTT	1098
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	GTATGGCATT	AGTAATTGAT	GATCGTCTGA	AAAGTTTGGGA	TGAGAAGGAT	CAATTACGAG	TCCATGTGGT	TCCTGCATTT	1101
Сорго двуцветное Sobis.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	GTATGGCATT	AGTAATTGAT	GATCGTCTGA	AAAGTTTGGGA	TGAGAAGGAT	CAATTACGAG	TTCATGTGGT	TCCTGCATTT	1101
Сорго двуцветное Sobis.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	GAATGGCCCT	TGTCATTGAC	GACCGTTTGA	AAAGTTTGGGA	TGAGTGGGAC	CAACGTAGAG	TTCACGTTGT	TCCTGCATTT	1089
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G3.73400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	GTATGGCCCT	AGTGATTGAT	GACCGTTTGA	AAAGTTTGGGA	GGAGAAGGAC	CAATGTCGAG	TTCATGTTGT	TCCTGCCTTC	1101
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	GTATGGCCCT	AGTGATTGAT	GACCGTTTGA	AAAGTTTGGGA	GGAGAAGGAC	CAATGTCGAG	TTCATGTTGT	TCCTGCCTTC	1101
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	GTATGGCTCT	AGTGATTGAT	GACCGTTTGA	AAAGTTTGGGA	GGAGAAGGAC	CAATGTCGAG	TTCATGTTGT	TCCTGCCTTC	1101
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G2.35300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	GAATGGCATT	AGTAATTGAT	GATCGTCTGA	AAAGTTTGGGA	TGAGAAAGAC	CAATCTAGAG	TTCATGTGGT	TCCTGCTTTC	1095
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	GAATGGCATT	AGTAATTGAT	GATCGTCTGA	AAAGTTTGGGA	TGAGAAAGAC	CAATCTAGAG	TTCATGTGGT	TCCTGCTTTC	1095
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	GAATGGCATT	AGTAATTGAT	GATCGTCTGA	AAAGTTTGGGA	TGAGAAAGAC	CAATCTAGAG	TTCATGTGGT	TCCTGCTTTC	1095
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	AGATGGCATT	GGTAATTGAT	GATCGCTTGA	AAAGTTTGGGA	TGAGAAGGAT	CAACCTCGGG	TGCATGTTGT	CCCTGCATTT	1077
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	AGATGGCATT	GGTAATTGAT	GATCGCTTGA	AAAGTTTGGGA	TGAGAAGGAT	CAACCTCGGG	TGCATGTTGT	CCCTGCATTT	1089
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	AGATGGCATT	GGTAATTGAT	GATCGTCTGA	AAAGTTTGGGA	TGAGAAAGAC	CAGCCTCGGG	TGCATGTTGT	CCCTGCATTT	1074
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	AGATGGCATT	GGTAATTGAT	GATCGCCTGA	AAAGTTTGGGA	TGAGAAAGAC	CAGCCTCGGG	TGCATGTTGT	CCCTGCATTT	1074
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	AAATGGCTTT	GGTTATTGAT	GATCGTCTAA	AAAGTTTGGGA	TGAGAAAGAT	CAGCCCGGAG	TGCATGTTGT	TCCTGCATTT	1140
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	AGATGGCATT	GGTGATTGAT	GATCGCTTGA	AAAGTTTGGGA	TGATAAGGAT	CAACCCCGAG	TGCACGTTGT	TCCTGCATTT	1083
			1,220	1,240	1,260	1,280			
Арадопкс AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	GCTCCCTATT	ATTCTCCTCA	AGCTGAAGC	--TGCTGCAA	CACCAGTACT	ATGTTGTGCC	AGGAACGTTG	CCTGTGGTGT	1214
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	ACTCCATATT	ATGCTCCTCA	GGCGGAGGCA	AATTGTCTTA	TCCCAGTTCT	GTGTGTAGCC	AGAAACGTTG	CATGCAATGT	1178
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	ACTCCATATT	ATGCTCCACA	GGCAGAGGCA	AATTGTCTTA	TCCCAGTTCT	TTGTGTAGCC	AGAAACGTTG	CATGCAATGT	1181
Сорго двуцветное Sobis.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	ACTCCATATT	ATGCTCCTCA	GGCAGAGGCA	AATTGTCTTA	TCCCAGTTCT	GTGTGTAGCC	AGAAACGTTG	CATGCAATGT	1181
Сорго двуцветное Sobis.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	GCTCCATATT	ACGCTCCCSA	GGCAGAGGCA	AACTTTCCTA	TTCCAGTTCT	ATCGTCCGCA	GGAAATGTTG	CTTGCAATGT	1169
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G3.73400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	TCTCCGTATT	ATGCTCCGCA	AGCAGAGGCG	AACTTTCCTA	TTCCAGTTCT	TTGTGTAGCC	AGAAATGTTG	CATGCAATGT	1181
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	TCTCCGTATT	ACGCTCCGCA	AGCAGAGGCG	AACTTTCCTA	TTCCAGTTCT	TTGGTTGCCC	AGAAATGTTG	CATGCAATGT	1181
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	TCTCCGTATT	ACGCTCCGCA	AGCAGAGGCG	AACTTTCCTA	TTCCAGTTCT	TTGGTTGCCC	AGAAATGTTG	CATGCAATGT	1181
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G2.35300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	ACCCCATACT	ATGCACCTCA	AGCCGAGGCA	AACTGTTCGA	TCCCAGTTCT	ATGTTGTGCC	AGAAATGTTG	CGTGCAATGT	1175
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	ACCCCATACT	ATGCACCTCA	AGCCGAGGCA	AACTGTTCGA	TCCCAGTTCT	ATGTTGTGCC	AGAAATGTTG	CGTGCAATGT	1175
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	ACCCCATACT	ATGCACCTCA	AGCCGAGGCA	AACTGTTCGA	TCCCAGTTCT	ATGTTGTGCC	AGAAATGTTG	CGTGCAATGT	1175
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	GCTCCATACT	ATGCTCCTCA	AGCTGAAGCA	AGCAATACTA	TCCCAGTTCT	ATGTTGTGCC	AGAAATGTTG	CTTGCAATGT	1157
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	GCTCCATACT	ATGCTCCTCA	AGCTGAAGCA	AGCAATACTA	TCCCAGTTCT	ATGTTGTGCC	AGAAATGTTG	CTTGCAATGT	1169
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	GCTCCATATT	ACACTCCCTA	AGCTGAAGCA	AGCAATGCAAG	TCCCAGTTCT	ATGTTGTGCC	AGAAATGTTG	CTTGCAATGT	1154
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	GCTCCATATT	ATGCTCCTCA	AGCTGAAGCA	AGCAATGCAAG	TCCCAGTTCT	ATGTTGTGCC	AGAAATGTTG	CTTGCAATGT	1154
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	GCTCCCTATT	ATGCTCCCSA	AGCCGAGGCA	AATAATGCCA	TCCCAGTTCT	ATGTTGTGCC	AGAAATGTTG	CATGCAATGT	1220
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	GCTCCATATT	TTGCCCTCA	AGCTGAAGGC	AACAATCTGT	TTCCAGTTCT	TTGTGTAGCC	AGAAATGTTG	CATGCAATGT	1183

Фиг. 2

Арадопкис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	CAGAGGTGGA	TTTTTCAGGG	ATTTTGATGA	TAGTCTGCTA	CCAAGGATTC	CTCAAATTC	TTATGAGAT	GATGCTGAGG	1294
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	TAGGGGTGGT	TTCTTCAAAG	ACTTTGATGA	AGGCCTCTTA	CCAAGGATTA	GCAATGTTCA	CTATGAGGAT	GAAGTAAATG	1258
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	TAGGGGTGGT	TTCTTCAAAG	ACTTCGATGA	AGGACTCTTA	CCAAGGATTA	GTAATGTTCA	TTATGAGGAT	GAAGTAAATG	1261
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	TAGGGGTGGT	TTCTTCAAAG	ACTTCGATGA	AGGGCTCTTA	CCAAGGATTA	GCAATGTTCA	CTATGAGGAT	GAAGTAAATG	1261
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	TAGGGGTGGT	TTCTTCAAAG	AATTTGATGA	GGGCATCATT	CCAAGGATTA	CAGAGGTTTG	TTATGAGGAC	GAAGTAAATG	1249
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G3.73400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	TAGGGGTAGC	TTCTTCAAAG	AATTCGATGA	GGGTCTTCTA	CCATCGATCA	GTGAAGTTCA	TTTTGATGAT	GAATTAGATC	1261
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	TAGGGGTAGC	TTCTTCAAAG	AATTCGATGA	GGGTCTTCTA	CCGTGGATCA	GTGAAGTTCA	TTTTGACGAT	GAATTAAATC	1261
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	TAGGGGTAGC	TTCTTCAAAG	AATTCGATGA	GGGTCTTCTA	CCATCGATCA	GTGAAGTTCA	TTTTGACGAT	GAATTAGATC	1261
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G2.35300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	TAGGGGGCGC	TTCTTCAAAG	ACTTTGATGA	AGGCCTCTTG	CCAAGGATTA	CGAGTGTCT	TTATGAGGAT	GAATACAGG	1255
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	TAGGGGGCGC	TTCTTCAAAG	ACTTTGATGA	AGGCCTCTTG	CCAAGGATTA	CGAGTGTCT	TTATGAGGAT	GAATACAGG	1255
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G2.18000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	CAGGGGGCGC	TTCTTCAAAG	ACTTTGATGA	AGGCCTCTTG	CCAAGGATTA	CGAGTGTCT	TTATGAGGAT	GAATACAGG	1255
Соя культурная Glyma.07.g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	TAGGGGTGGC	TTCTTCAAAG	ATTTTGATGA	TGGTCTTTTA	CAAAAGATTC	CTCAAATTC	CTATGAAGAT	GATATCAAAG	1237
Соя культурная Glyma.13.G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	TAGGGGTGGC	TTCTTCAAAG	ATTTTGATGA	TGGTCTTTTA	CAAAAGATTC	CTCAAATTC	ATATGAAGAT	GATATCAAAG	1249
Соя культурная Glyma.13.G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	TAGGGGTGGC	TTCTTCAAAG	ATTTTGATGA	TGGTCTTTTA	CAGAAGATCC	CTCAAATTC	TTACGAAGAT	GATATCAAAG	1234
Соя культурная Glyma.15.G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	TAGGGGTGGC	TTCTTCAAAG	ATTTTGATGA	TGGTCTTTTA	CAGAAGATCC	CTCAAATTC	TTATGAAGAT	GATATCAAAG	1234
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	TCCAGGTGGT	TTTTTCAAAG	AATTTGATGA	GGGTCTCTTG	CAACGGGTTT	CTGAGGTTTC	TTTTGAAGAT	GATCCTAGAG	1300
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	TACAGGTGGT	TTTTTCAAAG	ATTTTGATGA	AGGCCTATTA	CAGCGAATAT	CTCAAATTC	ATATGAAGAT	GATATTAAGC	1243
Арадопкис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	ATATTCCTTC	TCCGCCCTGAT	GTCAGCCATT	ATTTGGTGTG	GGAGGATGA	--TACATCGG	GTTTAAATGG	GAACAAAGAT	1371
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	AGAT***ATC	TCCGCCCAGAT	GTTGGCAATT	ATTTGATAAC	AGATGATGAA	AATGTCGCAT	TAGTGAATGG	GAATAGAGAT	1335
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	ATATCTCATC	TCCGCCCAGAT	GTTGGCAATT	ATTTGATAAC	AGAGGATGAG	AATGTCGCAT	TAGTGAATGG	AAATAGAGAT	1341
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	ATATCTCATC	TCCGCCCAGAT	GTTGGCAATT	ATTTGATAAC	AGAGGATGAG	AATGCCGCAT	TAGTGAATGG	AAATCGAGAT	1341
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	ACATTTGCTTC	TGCTCCTGAT	GTTTGGCAAT	ATTTTGTTC	AGAGGACGAG	AATGCTGCTG	TTTCAAATGT	AAACAAAAAT	1329
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G3.73400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	ATGTTCCGTC	TTCTCCTGAT	GTCGGAAATT	ATTTGATTTT	AGAGGATGAG	AATGCAGCAA	GTTTGAATGT	GAACAAAGAT	1341
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	ATGTTCCGTC	TTCTCCTGAT	GTTGCAAAAT	ATTTGATTCG	AGAGGATGAG	AATGCAGCAA	GTTTGAATGT	GAACAAAGAT	1341
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	ATGTTCCGTC	TTCTCCTGAT	GTTGCAAAAT	ATTTGATTTT	AGAGGATGAG	AATGCAGCAA	GTTTGAATGT	GAACAAAGAT	1341
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G2.35300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	ATATCTCATC	AGCCCCAGAT	GTTGGCAATT	ATTTGATTTT	AGAGGATGAG	AATGTTGCAG	TAGTGAATGG	GAACAGAGAT	1335
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	ATATCTCATC	AGCCCCAGAT	GTTGGCAATT	ATTTGATTTT	AGAGGATGAG	AATGTTGCAG	TAGTGAATGG	GAACAGAGAT	1335
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G2.18000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	ATATCTCATC	AGCCCCAGAT	GTTGGCAATT	ATTTGATTTT	AGAGGATGAG	AATGTTGCAG	TGGTGAATGG	GAACAGAGAT	1335
Соя культурная Glyma.07.g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	ATATACCTTC	TCCTCCTGAT	GTCAGCAATT	ATCTAGTTTT	AGAGGATGA	--TGGCTCTA	TTTCCAATGG	AAACAGAGAT	1326
Соя культурная Glyma.13.G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	ATGTACCTTC	TCCTCCTGAT	GTCAGCAATT	ATCTAGTTTT	AGAGGATGA	--TGGCTCTA	TTTCCAATGG	AAACAGAGAT	1326
Соя культурная Glyma.13.G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	ATATACCTTC	TCC---CGAT	GTCAGCAATT	ATCTAGTTTT	GGAGGATGA	--TGCATCTG	CTTCCAATGG	AAATAAAAAT	1308
Соя культурная Glyma.15.G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	ATATACCTTC	TCCTCCTGAT	GTCAGCAATT	ATCTAGTTTT	GGAGGATGA	--TGCATCTG	CTTCCAATGG	AAATAAAAAT	1311
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	ATATCCCTTC	TCCACCTGAT	GTCAGCAACT	ACTTGGTATC	AGAGGATGA	--TGGTCTCG	CTTCTAATGG	AATTAAGAA	1377
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	AAATTCCTTC	TGCTCCCGAT	GTTAGCAACT	ATTTGATTTT	GGAGGATGA	--TCCTTCAG	CTTCTAATGG	GAATAAAGAT	1320

Фиг. 2

К

		1,620		1,640		1,660		1,680	
Арадопкс AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	TGGCTTCTGC	TTCTTCTGTT	TCAGTTCCAG	TACCAGTACA	AGTCGTGCAA	CAAGCAATAC	AACCTTCAGC	TATGGCCTTT	1581
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	-----TTTC	GACT-----	TCAGTTGCAT	CATTAG----	-----	---CQCCAC	CTCTTGGCAT	GATGCC----	1505
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	-----TTTC	GTCT-----	TCAGTTGCAC	CATTAG----	-----	---CQCCAC	CTCTTAGCAT	GATGCC----	1511
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	-----TTTC	GTCT-----	TCAGTTGCAC	CATTAG----	-----	---CQCCAC	CTCTTGGCGT	TATGCC----	1511
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	GTACACSTAT	ATCC-----	TCATCTACTC	CAGTAG----	-----	---CACCAC	CACCTGGGAT	G-----CTTTTG	1515
Пшеница мягкая TгаesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	-----CTAC	ATCT-----	TCATCTATTC	CGTTAG----	-----	---CACCAC	CACCTGGCGT	GGTGCCTTTG	1524
Пшеница мягкая TгаesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	-----CTAC	ATCT-----	TCATCTATTC	CGTTAG----	-----	---CACCAC	CACCGGGCAT	GGTGCCTTTG	1524
Пшеница мягкая TгаesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	-----CTAC	ATCT-----	TCATCTATTC	CGTTAG----	-----	---CACCAC	CACCTGGCAT	GGTGCCTTTG	1524
Пшеница мягкая TгаesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	-----CTCC	ATCT-----	TCAGTAGCCG	CATTTG----	-----	---CACCAC	CTCTTGGCAT	GATGCCTTTG	1515
Пшеница мягкая TгаesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	-----TTCC	ATCT-----	TCAGTAGCCG	CATTTG----	-----	---CACCAC	CTCTTGGCAT	GATGCCTTTG	1515
Пшеница мягкая TгаesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	-----TTCC	ATCT-----	TCAGTAGCCG	CATTTG----	-----	---CACCAC	CTCTTGGCAT	GATGCCTTTG	1515
Соя культурная G1yma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	TGGTGCCT--	-TCT--GGT	TCAGTTCCCT	CTCCAA----	-----	---CAGCAC	AAGCATCTAT	GATGCCATTT	1500
Соя культурная G1yma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	TGGTGCCT--	-TCT--GGT	TCAGTTCCCT	CTCCAA----	-----	---CAGCAC	AAGCATCTAT	GATGCCATTT	1512
Соя культурная G1yma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	TGGTGTCT--	-TCTTCCGG	ACAGTCCAC	CCCCAA----	-----	---CAGCAC	AAGCATCTGT	AGTGCAATTT	1506
Соя культурная G1yma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	TGGTGTCT--	-TCTTCTGG	ACTGTCCAC	CCCCAA----	-----	---CAGCAC	AAGCATCTAT	AGTGCAATTT	1509
Свекла обыкновенная g16374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	TTG--CTAC	TTCTGCCCTG	GCAATCCAC	AGCCTG----	-----	---CACCTC	AAGCAACAT	CACACCTTAC	1590
Паслен клубеносный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	TCCACCTGT	T-----	---ATTTAC	AACCAAGC--	-----	---ATTC	AAAGCCAGT	GGTGCCTTTT	1503
		1,700		1,720		1,740		1,760	
Арадопкс AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	CSAAGTATTC	CATTTCAACA	ACCTCAAGAA	CCGACATCAA	TA--GCTAA	ACACTTGGTT	CGTTCAGAAC	CAAGCTTGCA	1658
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	-----	-----	---ATCTCCA	TTTAGCCAGC	CA--GTTGC	TCCACCAGGT	TTTTCAGATT	CA---CTGCA	1556
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	-----	-----	---GCCTCCA	TTTAGCCAGC	CA--GTTGT	TCAAGCCAGGT	TTTTCAGATC	CA---CTGCA	1562
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	-----	-----	---ACCAACA	TTTAGCCAA	CA--GTTGT	TCAAGCCAGGT	TTTTCAGATT	CA---CTGCA	1562
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	AATAATGATC	AGGATCCTCA	GCCACCTTCA	CTCAGATGGC	CT--GTTGC	TCAATCTGGC	CATGTGGACT	CT---TCCCA	1589
Пшеница мягкая TгаesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	AATAACGATC	AAGGTCCTCA	GCCTCCTTCA	GTGAGCTGGC	CT--GATGC	TCAATCTGGT	ATGGTGGATC	CT---TTGCA	1598
Пшеница мягкая TгаesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	AATAACGATC	AAGGTCCTCA	GCCTCCTTCA	GTGAGCTGGC	CT--GATGC	TCAATCTGGT	ATGGTGGATC	CT---TTGCA	1598
Пшеница мягкая TгаesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	AATAACGATC	AAGGTCCTCA	GCCTCCTTCA	GTGAGCTGGT	CT--GATGC	TCAATCTGGT	ATGGTGGATC	CT---TTGCA	1598
Пшеница мягкая TгаesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	AGTAACAATC	AAGTTCC---	GCCACCTGCA	TTAGCCAAAC	CA--GTCGT	TCAACCAGTT	GTCTTAGATC	CA---CTGCA	1586
Пшеница мягкая TгаesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	AGTAACAATC	AAGTTCC---	GCCACCTGTA	TTAGCCAAAC	CA--GTCGT	TCAACCAGTT	GTCTTAGATC	CA---CTGCA	1586
Пшеница мягкая TгаesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	AGTAACAATC	AAGTTCC---	GCCACCTGCA	TTAGCCAAAC	CA--GTCGT	TCAACCAGTT	GTCTTAGATC	CA---CTGCA	1586
Соя культурная G1yma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	CCCCATGTAC	AGTTCCCTCA	ACCTGCTACA	CTAGTAAAGC	CA--ATGGG	TCAAGCTGCC	CGTTCGGAAC	CTAGCTTGCA	1577
Соя культурная G1yma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	CCCCATGTAC	AGTTCCCTCA	ACCTGCTACA	CTAGTAAAGC	CA--ATGGG	TCAAGCTGCC	CGTTCGGAAC	CTAGCTTGCA	1589
Соя культурная G1yma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	GGCAATGTTT	AGTTCCCTCA	ACCTAAACT	CTAGTTAAGC	CT--ATGAG	TCAAGTTAGC	CATCCAGGAC	TGAGCTTGCA	1583
Соя культурная G1yma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	GGCAATGTTT	AGTTCCCTCA	ACCTAAACT	CTAGTTAAGC	CA--ATATG	TCAAGTTAGC	CCTCCAGGAC	CGAGCTTGCA	1586
Свекла обыкновенная g16374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	CATAATAACC	TATTTCCGCA	CCGACCCCTT	TGGCTAGAC	CT--TTGGG	TAAATCCGT	CCTCAACACA	TTGGCTTGCA	1667
Паслен клубеносный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	CGTACTCAAC	ATCTCCCTCA	AGTGACTTCT	GTACTTAAAT	CATCAGTGAC	TCAATAAGT	CCTCAGGATA	CAAGCTTGCA	1583

Фиг. 2

L

		1.780		1.800		1.820		1.840	
Арадопсис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	GAGTTCTCCT	GCTAGAGAGG	AAGGTGAGGT	ACCTGAATCA	GAATTAGATC	CAGATACTAG	GAGGAGACTC	CTCATATTGC	1738
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	AGGTTCTCCA	GCTAGAGAAG	AGGGTGAAGT	TCCAGAGTCT	GAGTTGGATC	CGGACACAAG	GAGAAGGCTT	CTTATATTAC	1636
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	AGGTTCTCCA	GCTAGAGAAG	AGGGTGAAGT	TCCAGAGTCT	GAGTTGGATC	CGGACACAAG	GAGAAGGCTT	CTCATATTGC	1642
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	AGGTTCTCCA	GCTAGAGAAG	AGGGCGAAGT	TCCAGAGTCT	GAGTTGGATC	CGGACACAAG	GAGAAGACTT	CTCATATTAC	1642
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	AGGTTCTCCG	GCTAGAGAAG	AGGGTGAAGT	TCCAGAGTCT	GAATTGGATC	CTGACACTCG	GAGAAGGCTT	CTCATATTAC	1669
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	AGGTTCTCCA	GCTAGAGAAG	AGGGTGAAGT	TCCAGAGTCT	GAGTTAGATC	CTGACACAAG	GAGAAGGCTT	CTGATATTAC	1678
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	AGGTTCTCCA	GCTAGAGAAG	AGGGTGAAGT	TCCAGAGTCT	GAGTTAGATC	CTGACACAAG	GAGAAGGCTT	CTGATATTAC	1678
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	AGGTTCTCCA	GCTAGAGAAG	AGGGTGAAGT	TCCAGAGTCT	GAGTTAGATC	CTGACACAAG	GAGAAGGCTT	CTGATATTAC	1678
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	AGGTTCTCCA	GCTAGAGAAG	AGGGCGAAGT	TCCAGAGTCT	GAGTTAGATC	CTGACACAAG	GAGAAGGCTT	CTCATATTAC	1666
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	AGGTTCTCCA	GCTAGAGAAG	AGGGCGAAGT	TCCAGAGTCT	GAGTTAGATC	CTGACACAAG	GAGAAGGCTT	CTCATATTAC	1666
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	AGGTTCTCCA	GCTAGAGAAG	AGGGCGAAGT	TCCAGAGTCT	GAGTTAGATC	CTGACACAAG	GAGAAGGCTT	CTCATATTAC	1666
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	TAGCTCTCCT	GCTAGAGAAG	AAGGTGAAGT	ACCTGAATCA	GAATTAGACC	CAGATACAAG	CGGTAGGCTT	CTCATATTGC	1657
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	TAGCTCTCCT	GCTAGAGAAG	AAGGTGAAGT	ACCTGAATCA	GAATTAGATC	CAGATACAAG	CGGTAGGCTT	CTCATATTGC	1669
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	TAGTTCTCCT	GCTAGAGAAG	AGGGTGAATT	ACCTGAATCA	GAATTAGACC	TAGATACCAG	CGGTAGGTTT	CTCATATTGC	1663
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	TAGTTCTCCG	GCTAGAGAAG	AGGGTGAAGT	GCCTGAATCA	GAATTAGACC	TAGATACCAG	CGGTAGGCTT	CTCATATTGC	1666
Свекла обыкновенная gl6374.t1_белок (Идентификатор последовательности_33)	CAATTCCCCC	GCCCGAGAAG	AAGGTGAAGT	ACCTGAATCT	GAGGTAGATC	CTGATACAAG	GAGACGGCTT	CTTATATTGC	1747
Пастен клубеносный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	AAGTTCTCCT	GCTAGGGAAG	AGGGTGAAGT	ACCAAGATCT	GAATTAGATC	CTGATACAAG	GAGGAGATTA	CTTATATTGC	1663
		1.860		1.880		1.900		1.920	
Арадопсис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	AGCATGGACA	AGATACTAGG	GATCCTGCTC	CAAGTGAACC	TTCATTTCCCT	CAGAGAGCCTC	CAGTTCAAGC	TCCACCCG	1815
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	AGCATGGCCA	AGACACAAGA	GATCCTAC	-----ATC	TCCACTACCA	GCAATACCAC	CGGTCCAAGT	TCCAGTT	1704
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	AGCATGGTCA	AGACACAAGA	GATCCTAC	-----ACC	TCCACGCCA	GCGATACCAC	CAGTCCAAGT	TCCAGTT	1710
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	AGCATGGTCA	AGACATAAGA	GATCCTAC	-----ACC	TCCACTGCCA	GCAATACCAC	CAGTCCAAGT	TCCAGTT	1710
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	AACATGGTCA	AGACACAAGA	GATCCTGC	-----AGC	GCCGTTTCCT	GCTGGATCTC	CTGCCAAGT	CTCAGTA	1737
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	AGCATGGCCA	AGACACAAGA	GATCCAC	-----ACC	ACCTTTGCT	GCAGAACCTT	CTGTACAAGC	CTCAGTT	1746
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	AGCATGGCCA	AGACACAAGA	GATCCAC	-----ACC	ACCTTTGCT	GCAGAACCTT	CTGTACAAGC	CTCAGTT	1746
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	AGCATGGCCA	AGACACAAGA	GATCCAC	-----ACC	ACCTTTGCT	GCAGAACCTT	CTGTACAAGC	CTCAGTT	1746
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	AACATGGCCA	AGACACAAGA	GATCCTAC	-----ACC	ACCTTTCCA	GCAGTACCTC	CTGCCAAGT	TTCAGTT	1734
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	AACATGGCCA	AGACACAAGA	GATCCTAC	-----ACC	ACCTTTCCA	GCAGTACCTC	CTGCCAAGT	TTCAGTT	1734
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	AACATGGCCA	AGACACAAGA	GATCCTAC	-----ACC	ACCTTTCCA	GCAGTACCTC	CTGCCAAGT	TTCAGTT	1734
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	AACATGGACA	AGACACCAGG	GATCATGCAT	CTGCTGAGCC	TCCATTTCCCT	GTTAGACATC	CTGTGCAAGC	CTCTGCT	1734
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	AACATGGACA	AGATACCAGG	GATCATGCAT	CCGCTGAGCC	TCCATTTCCCT	GTTAGACATC	CTGTGCAAGC	CTCTGCT	1746
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	AACATGGTCA	AGATACAAGG	GAGCCGATGG	CAAGTGAACC	CCCATTTCCCT	GTTAGACATC	CTGCACAAGT	TTCGCT	1740
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	AACATGGTCA	AGATACAAGG	GAGCCACAGT	CAAGTGAACC	CCCATTTCCCT	GTTAGACATC	CTGCACAAGT	TTCGCT	1743
Свекла обыкновенная gl6374.t1_белок (Идентификатор последовательности_33)	AGCATGGTCA	AGATATGAGA	GAAGGCCAC	CAATGAGCC	TCCATTTCCA	GCACGAACCC	CAGTTCAGGC	TCTGTTACA	1827
Пастен клубеносный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	AGCATGGTCA	AGACACGAGA	GATCAAGTAT	CAAGTGAACC	TAAGTTCCCT	ATGGGGACTC	CATTACAAGT	ATCTGTGCCA	1743

Фиг. 2

	1,940	1,960	1,980	2,000
Арадопкс AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18) 1815
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19) 1704
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20) 1710
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21) 1710
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22) 1737
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23) 1746
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24) 1746
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25) 1746
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26) 1734
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27) 1734
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28) 1734
Соя культурная Glum.a.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29) 1734
Соя культурная Glum.a.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30) 1746
Соя культурная Glum.a.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31) 1740
Соя культурная Glum.a.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32) 1743
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	GGTCCTGTC	CTGTTTCAGT	TCCTGGTCCA	GTGCCTGTC CAGGTCCTGG CCCAGTTTCA GTCCCAGTTC CTGGTCCCAT 1907
Паслен клубничный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34) 1743
	2,000	2,040	2,080	2,090
Арадопкс AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)
Соя культурная Glum.a.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)
Соя культурная Glum.a.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)
Соя культурная Glum.a.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)
Соя культурная Glum.a.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	TCCSAGTCC	GTTCCAGTTC	CTGTATCTGG	TACCGTTCCA GGTCCTGGTC CACGTGTACA ATCACGTGG AGCTGGTTTC 1987
Паслен клубничный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)

Фиг. 2

N

		2,100		2,120		2,140		2,160	
Арадопикис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	CTGTTGAGGA	GGAGATGGAT	CCTGCTCAAA	TTGCTCGAGC	AGTCTCA---	AAAGAATATC	CGTGGATTC	TGAAATGATT	1923
Кукуруза обыкновенная ZmCPL 1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	CCACAGAGGA	TGGGAT----	AAACCCAA	GTAACCTGAA	TAGAGGCTCA	GCAGGATTC	CTGTAGAATC	TGATTCTATT	1809
Кукуруза обыкновенная ZmCPL 1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	CCACAGAGGA	TGGGAT----	AAACCCAA	GTAACCTGAA	TAGAGGTTCA	GCAGGTTCA	CCGTTGAATC	CGATTCTATG	1815
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	CCACAGAGGA	TGGGCT----	AAACCCAA	GTAACCTGAA	TAGAGGTTCA	GCAGGTTCA	CTGTAGAATC	TGATCCATG	1815
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	GCTTAGAGGA	TGAGAT----	GAACCTA	GAAACCTGAA	CAAGGTTCA	ACAGAATTC	ATTTAGAATC	TGATTCTGTA	1842
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	CTGTAGAGGA	TGAGAT----	GGACCCAA	GAAACTTAAA	TAGGACTTCA	ACGGACTTTC	ATCTAGAATC	TGATGCCGTA	1851
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	CTGTAGAGGA	TGAGAT----	GGACCCAA	GAAACTTAAA	TAGGACTTCA	ACGGACTTTC	ATCTAGAATC	TGATGCTGTA	1851
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	CTGTAGAGGA	TGAGAT----	GGACCCAA	GAAACTTAAA	TAGGACTTCA	ACGGACTTTC	ATCTAGAATC	TGATGCTGTA	1851
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	CTATCGAGGA	TGGCATTGGC	ATGAACCTCAA	ATAATTTGAA	CATGGGTTCA	GCAGGTTCC	CTTCAGAATC	TGATACCATG	1845
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	CTGTCGAGGA	TGGCATTGGC	ATGAACCTCAA	ATAATTTGAA	CAGGGGTTCA	GCAGGTTCC	CTTCAGAATC	AGATACCATG	1845
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	CTATCGAGGA	TGGCATTGGC	ATGAACCTCAA	ATAATTTGAA	CATGGGTTCA	GCAGGTTCC	CTTCAGAATC	TGATACCATG	1845
Соя культурная Glna.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	CTGCAGAAGA	GGAGATTGGT	TCACAGCCAC	TAAACCGGGT	AGTACCT---	AAAGAATTC	CTGTAGATTC	TGTTCCATTG	1845
Соя культурная Glna.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	CTGTAGAAGA	GGAGATTGGT	TCACAGCCAC	TAAACCGGGT	AGTACCT---	AAAGAATTC	CTGTGGATTC	TGTTCCATTG	1857
Соя культурная Glna.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	CTGTAGAAGA	GGAAATGGGT	CCACAACAAC	TAAATTTGCC	AGTACCC---	AAAGAATTC	CTGTAGATTC	TGAACCATTT	1854
Соя культурная Glna.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	CTGTAGAAGA	GGAGATTGGT	CCACAACAAC	TAAATCAGTT	AGTACCC---	AAAGAATTC	CTGTAGGTTT	TGAACCATTT	1851
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	CAGTTGAGGA	TCACATCAGC	CAGGGTCCCT	TGAGTCGAGT	AGCAGCT---	AAAGATTC	CTGTAGGTTT	TGATGCTTCC	2054
Пастен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	CGGCTGAGGA	AGAGATGAGC	CCTAGGCCAC	TTAATCGACC	CTTACCTCCC	AAGGAATTC	CTTTAAATCC	AGAGTCTATG	1851
		2,180		2,200		2,220		2,240	
Арадопикис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	CATATGAAA	AGCACAGGCC	TCGTCATCCA	TCATTTTTT	CTAAGATTGA	TAAC---TCA	ACTCAGTCTG	ACAGGATGCT	2000
Кукуруза обыкновенная ZmCPL 1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	GTCTATGAGA	AAAAAGCAACC	ACCTCATCCT	TCATTTTTC	ATGGTGGGGA	TAGT---CCT	ATGCCGCTG	ATAGATTTGG	1886
Кукуруза обыкновенная ZmCPL 1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	CCCTATGAGA	AAAAACAACC	ACCTCATCCT	TCATTTTTC	ATGGTGGGGA	TAGT---CCT	ATGTCGCTG	ATAGATTTGG	1892
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	CTCTACGAGA	AAAAACAACC	ACCTCATCCT	TCATTTTTC	ATGGTGGGGA	CAGT---CCT	ATGTCGCTG	ATAGATTTGG	1892
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	CATTATGATA	AAAAGCAATT	GCAGCATACA	TCATACATTC	CTATTGGGGA	TAAT---CCT	ATGCTTATG	ATAGATACGA	1919
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	CATAGTGATA	AAAAGCAACC	ACCACATCAA	CCATACCTCC	CTGCTCGTGA	TAAT---CCT	ATATTTCCG	ATAGATTTAA	1928
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	CATAGTGATA	AAAAGCAACC	ACCACATCAA	CCATACCTCC	CTGCTCGTGA	TAAT---CCT	ATATTTCCG	ATAGATTTAA	1928
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	CATAGTGATA	AAAAGCAACC	ACCACATCAA	CCATACCTCC	CTGCTCGTGA	TAAT---CCT	ATATTTCCG	ATAGATTTAA	1928
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	CATTATGATA	AAAAACAACC	ACCACAGCCA	TCTTACTTCC	ATGGTGGGGA	TAATAATCC	GTGCCCTCTG	ATAGATTTAG	1925
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	CATTATGATA	AAAAACAACC	ACCACAGCCA	TCTTACTTCC	ATGGTGGGGA	TAATAATCC	GTGCCCTCTG	ATAGATTTAG	1925
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	CATTATGATA	AAAAGCAACC	ACCACAGCCA	TCTTACTTCC	ATGGTGGGGA	TAATAATCC	GTGCCCTCTG	ATAGATTTAG	1925
Соя культурная Glna.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	GGTATTGCAA	AGCCCCGGCC	TCATCATCCC	TCGTTTTTCT	CTAAGGTTGA	LAGT---TCT	ATTTCACTG	ATAGAATTCT	1922
Соя культурная Glna.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	GGTATTGAAA	AGCCCCGGCT	TCATCATCCA	TCGTTTTTCT	ATAAGGTTGA	LAGT---TCT	ATTTCACTG	ATAGAATTCT	1934
Соя культурная Glna.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	CATATTGAGA	AGCGCTGGCC	CCGTCATCCA	TCGTTTTTCT	CTAAGGTTGG	CGAT---TCT	ATTTCCGCTG	ATAGAGTTTT	1931
Соя культурная Glna.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	CATATTGAGA	AGCGCTGGCC	CCGTCATCCA	TCGTTTTTCT	CTAAGGTTGA	CGAT---TCT	GTTCCTCTG	ATAGAGTTTT	1928
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	CCTGTTGAGA	AGCAGCGGCC	ACCTCCACCC	TCTTTTCTCT	GAAAAGTGG	GAGT---TTA	GGTTGGTCAG	ATCGAAATTA	2141
Пастен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	CATATTAACA	AACATCGGCC	TCCACATCCA	CCTTTTTCTT	CCAAAAATGGA	GACT---TCT	ATGCCATCTG	ATAGAGTTCT	1928

Фиг. 2

0

		2 280		2 280		2 300		2 320	
Арадопсис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	TCATGAGAAT	CGC---AGGC	CGCCAAAGGA	GTCTCTCCGG	AGAGATGAAC	AGTTACGTTT	AAATAACAAT	CTACCTGACT	2077
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	STATCAGAAC	CAGAGGTTTC	CCTCTCAGGT	ACCACAC---	GAGGATCACC	GCATGATGCA	GAACCATGCA	CCTCCAAAAT	1963
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	STATCAGAAC	CAGAGGTTTC	CCTCTCAGGT	ACCGCACACC	GAGGATCACC	ACATGCTTCA	GAACCATGCA	CCTCCAAAAT	1972
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	STATCAGAAC	CAGAGGTTTC	CCTCTCAGGT	ACCACACACC	GAGGATCACC	ACATGCTTCA	GAACCATGCA	CCTCCAAAAT	1972
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	TTATCAGAAT	CAGAGATATC	CTTCTCAGGC	ACCTCACAGT	GAAGTTCATC	ATAGATTTCA	TAACCATGGC	CCTACAGGTT	1999
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	TCATCAGAAC	CAGAGATATT	CTTCTCAGGT	ACCTCACAGT	GAGGATCGTC	AAATGCTTCA	GAACCAGGCA	CCTACAACAT	2008
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390300.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	CCATCAGAAC	CAGAGATATT	CTTCTCAGGT	ACCTCACAGT	GAGGATCGTC	AAATGCTTCA	GAACCAGGCA	CCTACAACAT	2008
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	CCATCAGAAC	CAGAGATATT	CTTCTCAGGT	ACCTCACAGT	GAGGATCGTC	AAATGCTTCA	GAACCAGGCA	CCTACAACAT	2008
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	TTATCAGAGC	CAGAGGTTTC	CCTCTCAGGT	AACACATACT	GAGGACCACC	GCATGCTTCA	GAACCATGCA	CCTCCAAGAT	2005
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	TTATCAGAGC	CAGAGGTTTC	CCTCTCAGGT	AACACATACT	GAGGACCACC	GCATGCTTCA	GAACCATGCA	CCTCCAAGAT	2005
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	TTATCAGAGC	CAGAGGTTTC	CCTCTCAGGT	AACACATACT	GAGGACCACC	GCATGCTTCA	GAACCATGCA	CCTCCAAGAT	2005
Соя культурная Gluma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	CCATCAGAGC	CACCAAAGAT	TGCCAAAGGA	GATGTATCAC	AGAGATGATC	GCCCAAGATT	AAACCATATG	CTCTCTAGTT	2002
Соя культурная Gluma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	CCATCAGAGC	CACCAAAGAT	TGCCAAAGGA	GATGTATCAC	AGAGATGATC	GCCCAAGACT	AAATCATATG	CTCTCTAGTT	2014
Соя культурная Gluma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	CCATCAGAGC	CATCAAAGAT	TGCCAAAGGA	GGTGCATCAT	AGGGATGATC	GCTCAAGATT	AAGCCAATCA	CTCTCTAGTT	2011
Соя культурная Gluma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	CCATCAGAGC	CACCAAAGAT	TGCCAAAGGA	GGTGCATCAT	AGGGATGATC	ACTCAAGATT	AAGCCAATCA	CTCTCTAGTT	2008
Свекла обыкновенная gl16374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	TGCTGAAAAA	CA---AAGAC	TGCCGAGGGA	GGCTCTGGCC	AGAGATGACA	GATTGCGGTC	AAACTATTCA	TTGCCAGGCC	2218
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	TTTTGAGAAC	CA---GAGGC	TGCCAAAGGA	GGTAATCCCT	CGGGATGACA	GGATGAGATT	TTCCAATCA	CAACCTAGCT	2005
		2 340		2 360		2 380		2 400	
Арадопсис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	CTCATCCCTT	STATGGGGAG	GATGGGCTTT	GGAAATCAAT	TTCCCTTAGG	AACAGTGATC	TTGACTTCCT	ACCTGAACGA	2157
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	ACAGATCCCT	TTCTGGTGAG	GAACATAGCAT	CTTGGCATGT	TCCCTCAAGC	CAGAGAAACA	ACCAGATAGA	ATCAGGAAGA	2043
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	ACAGATCCCT	TTCTGGTGAG	GAGCTAGCAA	CTGGGCATGT	TCCCTCAAGC	CAGAGAAACA	ACCAGATAGA	ATCAGGAAGA	2049
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	ACAGATCCCT	TTCTGGTGAG	GAGCTAGCAA	CTGGGCATGT	TCCCTCAAGC	CAGAGAAACA	ACCAGATAGA	ATCAGGAAGA	2052
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	ATCGATCCCT	TTCTGGTGAG	GACATGGCAA	CTTGGTATGC	TCCTTCAGGG	CAGAGAAACA	GCCATATGGA	ATCAGGACGA	2079
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	ATAGATCATT	TTCTGGGGAG	GATATGGCAA	CCCAGCGTTT	TCATCCAGGT	AACAGAAACA	GCCAAATGGA	GTCCAGGACG	2088
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390300.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	ATAGATCATT	TTCTGGGGAG	GATATGGCAA	CCCAGCGTTT	TCATCCAGGT	AACAGAAACA	GCCAAATGGA	GTCCAGGACG	2088
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	ATAGATCATT	TTCTGGGGAG	GATATGGCAA	CCCAGCGTTT	TCATCCAGGT	AACAGAAACA	GCCAAATGGA	GTCCAGGACG	2088
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	ACAGATCCCT	TCCTGGT---	-----	-----	-----	CAGAGAAACA	ACTTGATTGA	GTCTGGACAA	2052
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	ACAGATCCCT	TCCTGGT---	-----	-----	-----	CAGAGAAACA	ACTTGATTGA	GTCTGGACAA	2052
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	ACAGATCCCT	TCCTGGT---	-----	-----	-----	CAGAGAAACA	ACTTGATTGA	GTCTGGACAA	2052
Соя культурная Gluma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	ATCGTTCCTT	TTCTGGTGAT	GATATCCCGT	TTAGTAGGTC	ATTTTCCAGC	CACAGGGATC	TTGACTCTGA	ATCTGGCCAT	2082
Соя культурная Gluma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	ATCGTTCCTT	TTCTGGTGAT	GATATCCCGT	TTAGTAGGTC	ATTTTCCAGC	CACAGGGATC	TTGACTCTGA	ATCTGGCCAT	2094
Соя культурная Gluma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	ATCATTCCTT	ACCAGGTGAT	GACATCCCGT	TTAGTAGGTC	ATCTTCCAGC	CACAGGGATC	TTGACTCTGA	ATCTGGCCAT	2091
Соя культурная Gluma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	ATCATTCCTT	ACCAGGTGAT	GACATCCCGT	TTAGTAGGTC	ATCTTCCAGC	CACAGGGATC	TTGACTCTGA	ATCTGGCCAT	2091
Свекла обыкновенная gl16374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	ATCAGTCATT	TGGAGGTGAT	GAATTTTCAT	TGAGTGGTTC	AGCTTCCAGC	AACAGGGATT	TTGAGTTGA	ACCTGAACGA	2298
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	TTCCGTCCAA	---CCAGGTGAG	GAAGTTCCCT	TGGTTCGGTC	ATCTTCCAGC	AATAGGGTTC	TTGACTCTGA	ACCTGGACAT	2082

Фиг. 2

22

P

	2420		2440		2460		2480	
Арадопксис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	--AGTGTCT	CAGCAACGGA	GACTTCAGCT	GATGTTCTAC	ACGGAAATTGC	TATCAAATGT	GGAGCTAAGG	TGGAGTACAA 2234
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	CACITTTGCAC	AATATGCTGG	GACCTCTGCT	GGCATATTAG	AGGGGATTGC	TCTGAAATGT	GGTCTAAGG	TGGAGTACAA 2123
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	CACITTTGCAC	AATATGCTGG	GACCTCTGCT	GGCGTATTAG	AGGGCATTGC	TGTGAAATGC	GGATCTAAGG	TGGAGTACAG 2129
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	CACITTTGCAC	AATATGCTGG	GACCTCAGCT	GGCATATTAG	ACGGCATTGC	TCTGAAATGT	GGATCTAAGG	TGGAGTACAG 2132
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	CATITTTGCAC	GATATGGAGG	AATTCACAGT	G---TATTAG	AGGAAATTGC	ATTGAAGTGT	GGATTTAAGG	TGGAGTACCG 2156
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	CAATTTGTAC	AATACACAGA	GACATCTGGT	GCTGTATTGG	AGGAGATTGC	AGCGAAGTGT	GGATTTAAGG	TGGAGTACAG 2168
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	CAATTTGTAC	AATACACAGA	GACATCTGGT	GCTGTATTGG	AGGAGATTGC	AGCGAAGTGT	GGATTTAAGG	TGGAGTACAG 2168
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	CAATTTGTAC	AATACACAGA	GACATCTGGT	GCTGTATTGG	AGGAGATTGC	AGCGAAGTGT	GGATTTAAGG	TGGAGTACAG 2168
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	AGCTATGCAC	GAATGTAGG	T---TCTGTT	GGCATACTAG	AGGAGATCGC	ACTGAAGTGT	GGATCTAAGG	TGGAGTACAG 2129
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	AGCTATGCAC	GAATGTAGG	TACCTCTGTT	GGCATACTAG	AGGAGATCGC	ACTGAAGTGT	GGATCTAAGG	TGGAGTACAG 2132
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	AGCTATGCAC	GAATGTAGG	TACCTCTGTT	GGCATACTAG	AGGAGATCGC	ACTGAAGTGT	GGATCTAAGG	TGGAGTACAG 2132
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	--TCGTAT	TGCATGCAGA	TACTCCAGTT	GCAGTACTAG	AGGAAATTGC	ACTGAAGTGT	GGAACTAAGG	TGGACTTTAT 2159
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	--TCGTAT	TGCATGCAGA	TACTCCAGTT	GCAGTACTAG	AGGAAATTGC	ACTGAAGTGT	GGAACTAAGG	TGGACTTTAT 2171
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	--TCGTAT	TGCATGCAGA	TACTCCAGTT	GCAGTACTAG	AGGAAATTGC	ACTGAAGTGT	GGAACTAAGG	TGGACTTTAT 2168
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	--TCGTAT	TTCATGCTGA	TATTACAGCT	GGAGTATTAC	AGGAAATTGC	ACTGAAGTGT	GGAACTAAGG	TGGAATTTT 2165
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	--GGTAGTT	CATTTGCAGA	GAGTCTTCA	ATTGCTTAC	ACGACATTGC	AATGAAGTGT	GGAACTAAGG	TGGAATTTAA 2375
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	--TATGATC	CATATCTAGA	AACACCTGCT	GGAGCTTAC	AAGATATTGC	ATTCAAGTGT	GGAGCAAAGG	TGGAATTTAC 2159
	2500		2520		2540		2560	
Арадопксис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	ACCAAGTTTA	GTITTTAGTA	CAGATTTGCG	GTTCCTGTT	GAGGCTTGGC	TTTCTAATCA	AAAAATTGGA	GAAGGGATTG 2314
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	GTCAGCATT	TGTGATACGT	CAGAACTACA	ATTCTCTATT	GAGGTTTGGG	TTGTTGGGGA	AAAGGTCGGT	GAAGGAATTG 2203
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	GTCAACATTA	TGTGATACCG	CAGAACTACA	ATTCTCTATT	GAGGTTTGGG	TTGTTGGGGA	AAAGTTTGGT	GAAGGAATTG 2209
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	GTCAACATTA	TGTGATACGT	CAGAACTACA	ATTCTCTATT	GAGGTTTGGG	TTGTTGGGGA	AAAGGTTGGT	GAAGGAATTG 2212
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	ATCAACTTTA	TGTGATACGA	CAGAGTTGCA	ATTCTCCACT	GAGGTTTTAA	TTTTGGGAGA	AAAGTAGGT	GAAGGAGTTG 2236
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	GTCAACTTTA	TGTGATACTA	CAGAGTTGCG	ATTCTCCATT	CAGATTTGGA	TTGTTGGGAGA	AAAAGTAGGT	GAAGGAATGG 2248
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	GTCAACTTTA	TGTGATACTA	CAGAGTTGCG	ATTCTCCATT	CAGATTTGGA	TTGTTGGGAGA	AAAAGTAGGT	GAAGGAATGG 2248
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	GTCAACTTTA	TGTGATACTA	CAGAGTTGCG	ATTCTCCATT	CAGATTTGGA	TTGTTGGGAGA	AAAAGTAGGT	GAAGGAATGG 2248
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	GTCAAACATTA	TGTGATACCG	CAGAACTACA	GTTCCTCTATT	GAGATTTGGA	TAGTGGGAGA	AAAAGTGGT	GAAGGCATTG 2209
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	GTCAAAATTA	TGTGATACCG	CAGAACTACA	GTTCCTCTATT	GAGGTTTGGG	TAGTGGGAGA	AAAAGTGGT	GAAGGCATTG 2212
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	GTCAAACATTA	TGTGATACCG	CAGAACTACA	GTTCCTCTATT	GAGGTTTGGG	TAGTGGGAGA	AAAAGTGGT	GAAGGCATTG 2212
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	TTCAATCTCTG	GTGGCAAGCA	CTGAACCTGCA	GTTCCTCCATG	GAGGCATGGT	TTTCTGGAAA	AAAAATTGGT	CACAGAGTTG 2239
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	GTCAATCTTTG	GTGGCAAGCA	CTGAACCTGCA	GTTCCTCCATG	GAGGCATGGT	TTTCTGGAAA	AAAAATTGGT	CATGGATTTG 2251
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	GTCTTCSTTA	GTGGCTAGCA	CAGAACTGCA	ATTCTCCATT	GAGGCATGGT	TTGCTGGAAA	AAAGATTGGT	GAAGGATTTG 2248
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	GTCTTCSTTA	GTGGCTAGCA	CAGCACTGCA	ATTCTCCATT	GAGGCATGGT	TTGCTGGAAA	AAAGTTGGT	GAAGGATTTG 2245
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	GACAGGGTTG	GTTCSTACTG	CAGAGTTGAA	GTTCCTACTG	GAGGCTTATT	TTGCTGGAGA	TAAAATTGGT	GAAGGCACCTG 2455
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	ATCAAGTTTT	CTTTCGAGTC	CAGAGCTGCA	GTTCCTCTTG	GAGGTGTTGT	TTGCAGGAGA	AAAAGTTGGT	GAAGGAATCTG 2239

Фиг. 2

Q

		2,800		2,800		2,800		2,840	
Арадопкс AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	GC	AAATCGAG	AAGAGAAGCC	CTGCATAAGG	CTGCTGAAGC	TTCTATACAG	AATTTAGCTG	ATGGATATAT	GC---GTGCA 2391
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	GT	AGGACAAG	GAGAGAAGCA	CAACGCCAAG	CTGCAGAAAT	GTCTTTAAGA	AACTTGGCCA	ATAAATACTT	GTCACTCT--- 2280
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	GT	AGGACAAG	GAGAGAAGCA	CAGCGCCAAG	CTGCAGAAAT	GTCTTTAAGA	AACTTGGCCA	ATAAATACTT	GTCACTCT--- 2286
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	GT	AGGACAAG	GAGAGAAGCA	CAGCACAAG	CTGCAGAAAT	GTCTTTAAGA	AACTTGGCCA	ATAAATACTT	GTCACTCT--- 2289
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	GG	AAAACAAG	GAAAGAAGCA	CAGTGGCAAG	CTGCTGATAC	ATCCTTAAGA	AATCTGGCAG	ACAAGTTTCT	ATCATGG--- 2313
Пшеница мягкая TtraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	GA	AAGAACAAG	GAAAGAAGCT	CAACGACAAG	CTGCTAATAT	ATCATTAAAGA	AATCTGGCAG	ATAGATTTCT	GTCAATTT--- 2325
Пшеница мягкая TtraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	GA	AAGAACAAG	GAAAGAAGCT	CAACGACAAG	CTGCTAATAT	ATCATTAAAGA	AATCTGGCAG	ATAGATTTCT	GTCAATTT--- 2325
Пшеница мягкая TtraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	GA	AAGAACAAG	GAAAGAAGCT	CAACGACAAG	CTGCTAATAT	ATCATTAAAGA	AATCTGGCAG	ATAGATTTCT	GTCAATTT--- 2325
Пшеница мягкая TtraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	GT	AGCTCAAG	GAAAGAAGCA	CAGCGTCAAG	CTGCAGAAAT	ATCTTTAAGA	AATTTGGCCA	ATAAATACCT	GTTGTCT--- 2286
Пшеница мягкая TtraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	GT	AGCTCAAG	GAAAGAAGCA	CAGCGTCAAG	CTGCAGAAAT	ATCTTTAAGA	AATTTGGCCA	ATAAATACCT	GTTGTCT--- 2289
Пшеница мягкая TtraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	GT	AGCTCAAG	GAAAGAAGCA	CAGCGTCAAG	CTGCAGAAAT	ATCTTTAAGA	AATTTGGCCA	ATAAATACCT	GTTGTCT--- 2289
Соя культурная G1uma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	GC	AGAACTAG	AAAGGAAGCT	CAAAATAAGC	CTGCTGAGGA	TTCTATCAAA	CATTTGGCAG	ATATATATTT	GTCTAGTCCC 2319
Соя культурная G1uma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	GC	AGAACTAG	AAAGGAAGCT	CAAAATAAGC	CTGCTGAGGA	TTCTATCAAA	CATTTGGCAG	ATATATATTT	GTCTAGTCCC 2331
Соя культурная G1uma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	GT	AGAACTAG	AAAGGAAGCT	CAAAATAAGC	CTGCTGAGGA	TTCTATCAAA	CATTTGGCAG	ATATATATTT	GTCTAGTCCC 2328
Соя культурная G1uma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	GT	AGAACTAG	AAAGGAAGCT	CAAAATAAGC	CTGCTGAGGA	TTCTATCAAA	CATTTGGCAG	ATATATATTT	GTCTAGTCCC 2325
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	GT	ACAACCAG	AAAGGAAGCC	CAGCATCCCG	CTGCAGAGGC	TGCTTTGATG	AATCTGGCTG	ATAAGTATTT	GACCCACATA 2535
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	CC	CGGACGAG	AAAGGAAGCC	CAACGACGTG	CTGCTGAGGA	ATCTTTATG	TATCTGGCCG	ACAATACTT	GTCAATGATC 2319
		2,860		2,860		2,700		2,720	
Арадопкс AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	AA	TGGTGACC	CAGGGCCGAG	CCACAGAGAT	GCTACCCOCT	TCACCAATGA	AAATATAAGT	-----ATGG	GAAACGCAAA 2465
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	---	-----	-----	-----GAT	CCAAATAAGT	TGCTGATAT	GAAAGAAAT	GATTTGAGTA	GCAACAGAAA 2333
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	---	-----	-----	-----GAT	CCAAATAAGT	TGACTGATAT	GAAACAAGAT	GCTTTCGGTA	GCAACAGAAA 2339
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	---	-----	-----	-----GAT	CCAAATAAGT	TGACTGATAT	GAAAGAAAT	GGTTTCAGTG	GCAACAGAAA 2342
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	---	-----	-----	-----GAC	CCAGATAAAG	TGACAGTTCT	AAAGGAGAAAT	GACTTTAATA	GGCATCCAAA 2366
Пшеница мягкая TtraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	---	-----	-----	-----GAT	CCAGATAAAG	TGACAGTTCC	GGTGGATGAT	GGTTTTAGTA	GCAATCCAAA 2378
Пшеница мягкая TtraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	---	-----	-----	-----GAT	CCAGATAAAG	TGACAGTTCC	GATGGATGAT	GGTTTTAGTA	GCAATCCAAA 2378
Пшеница мягкая TtraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	---	-----	-----	-----GAT	CCAGATAAAG	TGACAGTTCC	TATGGATGAT	GGTTTTAGTA	GCAATCCAAA 2378
Пшеница мягкая TtraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	---	-----	-----	-----GAT	CCAAATAAAG	TGACTGATGT	GAACGAAGAT	GGTTCGGTA	GCAATCCAAA 2339
Пшеница мягкая TtraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	---	-----	-----	-----GAT	CCAAATAAAG	TGACTGATGT	GAACGAAGAT	GGTTCGGTA	GCAATCCAAA 2342
Пшеница мягкая TtraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	---	-----	-----	-----GAT	CCAAATAAAG	TGACTGATGG	GAACGAAGAT	GGTTCGGTA	GCAATCCAAA 2342
Соя культурная G1uma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	AA	GGATGAGC	CTGGTTCTAC	ATATGGCGAT	GTGAGTGGGT	TTCCATAATGT	AAATGACAGT	GGTTACATGG	GTATTGCCAG 2399
Соя культурная G1uma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	AA	GGATGAGC	CTGGTTCCAC	ATATGGCGAT	GTGAGTGGGT	TTCCCAATGT	AAATGACAAT	GGTTACATGG	GTATTGCCAG 2411
Соя культурная G1uma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	AA	GGATGATT	CTGGTTCCAC	TTATGGTGAT	GTTAGTGGGT	TTCCATGGTTC	AAACAACGAT	GGTTTTGTGA	GTAGTGGTAA 2408
Соя культурная G1uma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	AA	GGATGACT	CTGGTTCCAC	TTATGGTGAT	GTTAGTGGGT	TTCCATGGTTC	AAACAACAAT	GGTTTTGTGA	GTAGTGGTAA 2405
Свекла обыкновенная gl6374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	AA	GTCTGATT	CTAGCACTCC	GCAAAAGTAT	ACAAGCAGGG	GTCAATGTC	AATTTGACAG	GGATTTGTAA	GTAGTGCAAA 2615
Паслен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	AA	ACCTGATT	CCAGTTCAC	ACAGGGTGAT	GGATTTAGGT	TTCCAAATGT	AAATGATAAT	GGTTTTGTGG	ACAACATGAG 2399

Фиг. 2

R

		2,740		2,780		2,780		2,800	
Арадопкс AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	TGCGCTTAAT	AATCAGCCAT	TTGCTAGAGA	TGAAACAG--	-CGTTGCCAG	TTTCTTCT--	-----AGA	CCTACAGATC	2533
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	TGTCTTTGGT	TACTCTGGAA	ATACGAGGGA	TGATATGTTG	CCACTTTCAA	GTACTTCCGA	GGAAATCTCGC	TTTATGAAAA	2413
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	CATCTTTGGT	TACTCTGGAA	ATACTAGGGA	TGATATGTTG	CCACTTTCAA	GTACTTCTGA	GGAAATCTCGC	TTTATGAAAA	2419
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	TGTCTTTGGT	TACTCTGGAA	ATACCAGGGA	TGATATGTTG	OCTCTTTCAA	GTACTTCAGA	GGAAATCTCGC	TTTATGAAAA	2422
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	GTCAACAGGA	TATCCAGGAA	GTAAATATA	TGACACATTA	CCAGTTGCAA	GCACITCAGA	TGAGTCTAGA	TATATGAATG	2446
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	CTCATTCAAA	TATAGAGGGA	TTGATGGAGA	TAATATAGTA	CCAGTTGCAA	GCACGTCCGA	TGGGTCTAGA	TATATGCACG	2458
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	CTCATTCAAA	TATAGAGGGA	TTGATGGAGA	TAATATAGTA	CCAGTTGCAA	GCACGTCCGA	TGGGTCTAGA	TATATGCACG	2458
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	CTCATTCAAA	TATACAGGGA	TTGATGGAGA	TAATATAGTA	CCAGTTGCAA	GCACGTCCGA	TGGGTCTAGA	TATATGCACG	2458
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	CTTTTTTGGG	TACTCTGAAA	ATACCAGGAA	CGATATATTG	TCAGTCCGAA	GCACITCAGA	GGAAATCCCGA	TTACACAAAA	2419
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	CTTTTTTGGG	TACTCTGAAA	ATACCAGGAA	CGATATATTG	CCAGTCCGAA	GCACITCAGA	GGAAATCCCGA	TTACACAAAA	2422
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	CTTTTTTGGG	TACTCTGAAA	ATACCAGGAA	CGATATATTG	CCAGTCCGAA	GCACITCAGA	GGAAATCCCGA	TTACACAAAA	2422
Соя культурная Glym.a.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	CTCTCTTGGT	AATCAGCCAT	TGCTAAAGA	GGATTCAGCT	TCATTTTCAA	CTGCATCT--	-CCATCAAGA	GTTTTAGATC	2476
Соя культурная Glym.a.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	CTCTCTTGGT	AATCAACCAT	TGCTAAAGA	GGATTCAGCT	TCATTTTCAA	CTGCATCT--	-CCATCAAGA	GTTTTAGATC	2488
Соя культурная Glym.a.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	TTCTCTTGGT	AATCAGCCAT	TGCTAAAGA	AGAGTCAGGC	TCATTTTCAA	CTGCATCTGA	CTCATCTAGG	GTTTCAGATC	2488
Соя культурная Glym.a.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	TTCTCTTGGT	AATCAGCCAT	TGCTAAAGA	---GTCAGTC	TCATTTTCAA	CTTCATCTGA	CTCATCTAGG	GTTTCAGATC	2482
Свекла обыкновенная gl16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_33)	CTCTCACGGT	GATGGCATT	CAAGGAAAGA	GGATATAATT	CC-----	TTCATCTGA	GATGACCCGG	TTGGATGACT	2686
Пастен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	TCCTTTTGGG	TATC-----	-----A	AGATCGTGTG	TCACATTCTT	TGCAATCAGA	GCCTCCGAGA	GTTTGGATG	2464
		2,820		2,840		2,860		2,880	
Арадопкс AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	CGAGATTAGA	AGGTTCTATG	AGGCACACTG	GCTCCATTAC	TGCACTCAGG	GAATTTGTGT	CATCGGAGGG	TCTTGAGATG	2613
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	TGGAGAACA	TAATTCGGG	AAAACAGGAA	GTTCTGTTGC	TGCTCTCAA	GAACITTTGCA	CTGTTGAGGG	ATATAACTTA	2493
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	TGGAGGAGAA	CAATTCGAGG	AAAACAGGAA	ATTCTGTGAC	TGCTCTCAAG	GAACITTTGCA	CAGTTGAGGG	ATATAACTTA	2499
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	TGGAG-----AA	CAATTCGAGG	AAAACAGGAG	GTTCTGTTGC	TGCTCTCAAG	GAACITTTGCA	CGTTGAGGG	ATATAACTTA	2499
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	ACAGAATTGA	TACTTTAAGA	AAACCTGGTG	CTTCTGTTGC	TGCTCTTAAG	GAGCTTTGTG	CGGTTGAAGG	GTATAATTG	2526
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	AGAGAGTTGA	TAACCTCAAC	AAATCTGCTG	GTTCTGTTGC	TGCTCTTAAG	GAGCTTTGTG	CAGCTGAGGG	TTATAACTTA	2538
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	AGAGAGTTGA	TAACCTCAAC	AAATCTGCTG	GTTCTGTTGC	TGCTCTTAAG	GAGCTTTGTG	CAGCTGAGGG	TTATAACTTA	2538
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	AGAGAGTTGA	TAACCTCAAC	AAATCTGCTG	GTTCTGTTGC	TGCTCTTAAG	GAGCTTTGTG	CAGCTGAGGG	TTATAACTTA	2538
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	CAGGGGAGAA	CAATTCGAGA	ATAACAGGAG	GCTCTATTGC	TGCTCTGAAG	CAACTTTGCA	CAGTTGAGGG	ATATAACTTA	2499
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	CAGGGGAGAA	CAATTCGAGA	ATAACAGGAG	GCTCTATTGC	TGCTCTGAAG	CAACTTTGCA	CAGTTGAGGG	ATATAACTTA	2502
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	CAGGGGAGAA	CAATTCGAGA	ATAACAGGAG	GCTCTATTGC	TGCTCTGAAG	CAACTTTGCA	CAGTTGAGGG	ATATAACTTA	2502
Соя культурная Glym.a.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	CTAGGTTGGA	TGCTCTAAG	AGGTCAATGG	GTTCAATCTC	TTCCCTGAAA	GAATTTGTGA	TGATGGAGGG	TCTTGATGTC	2556
Соя культурная Glym.a.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	CTAGGTTGGA	TGCTCTAAG	AGGTCAATGG	GTTCAATCTC	TTCCCTGAAA	GAATTTGTGA	TGATGGAGGG	TCTTGATGTC	2558
Соя культурная Glym.a.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	CTAGGTTGGA	TGCTCTAAG	AGGTCAATGG	GTTCAATCTC	TTCCCTGAAA	GAATTTGTGA	TGATGGAGGG	TCTTGATGTC	2558
Соя культурная Glym.a.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	CTAGGTTGGA	AGTCTCTAAA	AGGTCAACAG	ATTCAATTTT	TGCCCTCAAA	GAATTTGTGA	TGATGGAGGG	TCTTGCTGCC	2562
Свекла обыкновенная gl16374.t1_белок (Идентификатор последовательности_33)	CTAATGTAGA	TGGGTCAAA	AACCTCATGG	GTTCAATTTT	TGCCCTCAAA	GAATTTGTGA	TGATGGAGGG	CCTAGGTTGTC	2786
Пастен клубненосный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	CAAGGCTTGA	GGTTTTAAG	AAQTCACTGG	GTTCAATTTG	CGCCCTAAGA	GAACATGCGG	CAATTTGAAG	ACTTGGTTTG	2544

Фиг. 2

S

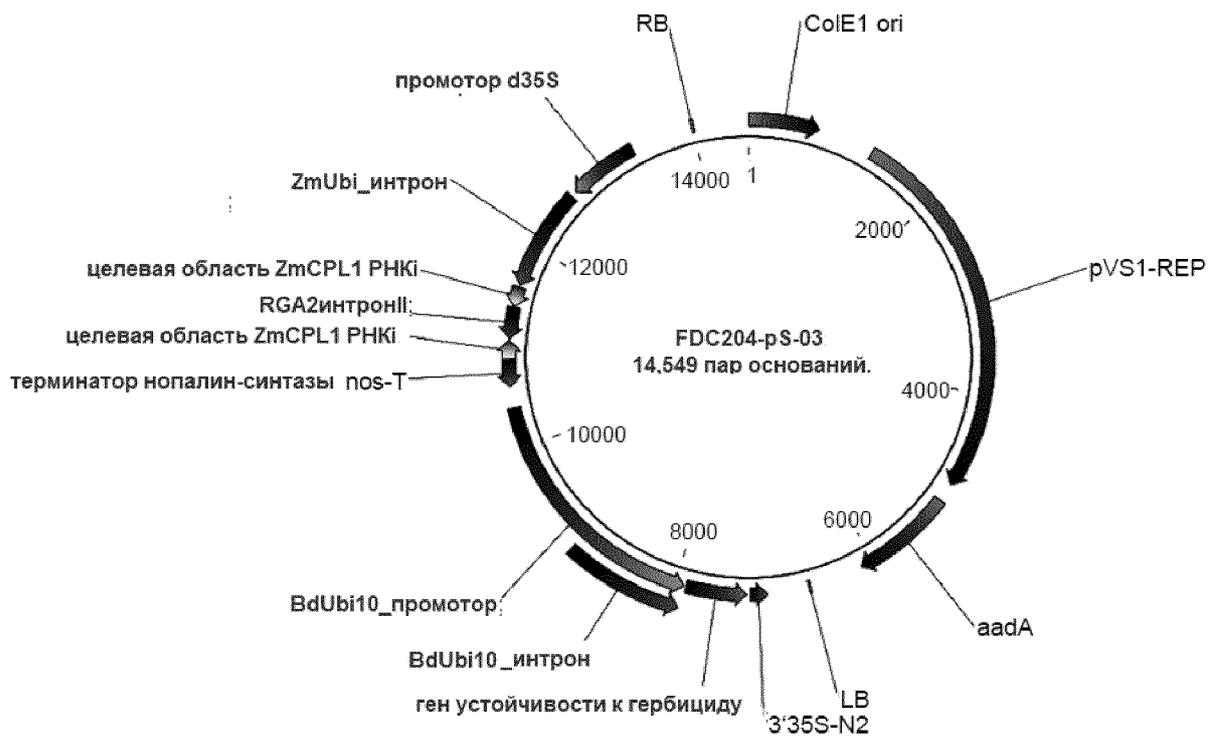
		2 900		2 920		2 940		2 960
Арадопсис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	GCTTTTCAAT	CT---CAGC	GTCAAGTCCC	ATCTGCATG	GTCCACAGAG	ATGAATTACA	TGCTCAGGTT	GAATAGATG 2689
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	GTTTTTCAAG	CCTGTCCATC	TTCAGC---	AGATGGTTTA	GTTGGGAAA-	--GAATCTTA	TGCTCAGGTA	CAAGTTGGTG 2586
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	GTTTTTCAAG	CCTGTCCATC	TCCAGC---	AGATGGTTTA	GTTGGGAAA-	--GAATCTTA	TGCTCAGGTA	CAATTTGGTA 2572
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	GTTTTTCAAG	AGCGTCCATC	TCCAGC---	AGATGGTTTA	GTTGGGAAA-	--GAATCTTA	TGCTCAGGTA	GAATTTGGTG 2572
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	GATTTCCATG	CTCAGCCATC	TGCC---	AGATGGTTCA	GTAGGTA--	--GAAATTCG	TGCTCAGGTA	GAATAGGAG 2596
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	GTTTTCCAAG	CTCAGCCATC	TCCATC---	AGATAGTTTG	AGAAGGGAA-	--GAAGTTCA	TGCTCAGATT	GAATAGGCC 2611
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	GTTTTCCAAG	CTCAGCCATC	TCCATT---	AGATAGTTTG	ACAAGGAAA-	--GAAGTTCA	TGCTCAGATT	GAATAGGCC 2611
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	GTTTTCCAAG	CTCAGCCATC	TCCATT---	AGATAGTTTG	ACAAGGAAA-	--GAAGTTCA	TGCTCAGATT	GAATAGGCC 2611
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	GTTTTTCAAG	CTCGGCCAAG	TCCTCT---	AGATGGTTCA	GGTGGCAAG-	--GAGACTTA	CGCTCAGGTA	GAAGTTGGTG 2572
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	GTTTTTCAAG	CTCGGCCAAG	TCCTCT---	AGATGGTTCA	GGTGGCAAG-	--GAGACTTA	CGCTCAGGTA	GAAGTTGGTG 2575
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	GTTTTTCAAG	CTCGGCCAAG	TCCTCT---	AGATGGTTCA	GGTGGCAAG-	--GAGACTTA	CGCTCAGGTA	GAAGTTGGTG 2575
Соя культурная G1u1a.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	AATTTTCTAT	CTGCACCTGC	TCCAGTGTCA	A-CAAAATCA	GTTCAGAAA	ATGAAGTACA	CGCACAGGTT	GAATAGATG 2635
Соя культурная G1u1a.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	AATTTTCTAT	CTGCACCTGC	TCCAGTGTCA	A-CAAAATCA	GTTCAGAAA	ATGAAGTACA	CGCACAGGTT	GAATAGATG 2647
Соя культурная G1u1a.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	AGTTTTCAAT	CTCCACCCAGC	TTCACATCA	A-CACATTTA	ACTCAGAAA	ATGAAGTACA	TGCACAGGTT	GAATAGATG 2647
Соя культурная G1u1a.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	AATTTTCAAT	CTTCACCCAGC	TTCACATCA	A-CACATTTT	GCCTCAGAAA	ATGAAGTACA	CGCACAGGTT	GAATAGATG 2641
Свекла обыкновенная g16374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	GATTTTAAAG	GT---CAATC	TCCAACATCA	A-CTAAATCA	GTGGACAGAG	ATGAAATACA	TGCGGAGGTT	GAATAAATG 2842
Паслен клубничный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	GCATTCSSAA	CT---CAGC	CTCAACTTTC	AGCTAAATCC	GGCCAGAAAA	GTGAAATATA	CGCCACAGTT	G----- 2611
		2 980		3 000		3 020		3 040
Арадопсис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	GGCGTGTGT	AGGGGAAGGA	GTTGGATCGA	CATGGGACGA	AGCTAGAATG	CAGGCTGCTG	AGAGAGCACT	GTCCAGTGTG 2789
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	GACAAATCT	AGGCAAAAGGA	GTTGGATTAA	CATGGGAAGA	GGCCAAGCTC	CAGGCTGCTG	CTGAGGCTCT	TGGAACCTTTA 2646
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	GGCAAAATCT	AGGCAAAAGGA	GTTGGATTAA	CATGGGAAGA	GGCCAAGCTC	CAGGCTGCTG	ATGAGGCTCT	TGGAACCTTTA 2652
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	GACAAATCT	AGGCAAAAGGA	GTTGGATTAA	CATGGGAAGA	GGCCAAGCTC	CAGGCTGCTG	ATGAGGCTCT	TGGAACCTTTA 2652
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	GAAGAGTCT	GGGTAAGGA	GTTGGAGTAA	CATGGGAGGA	AGCTAAGCTG	CAGGCTGCTG	ATGAGGCATA	TGGAACCTTTG 2676
Пшеница мягкая TraesCS2A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	GGCAAACTCT	GGGAAAAGGA	GTTGGAGTAA	CATGGGAGGA	AGCTAAGGTTG	CAGGCTGCTG	ATGGGGCTCT	GGGAACCTCTG 2691
Пшеница мягкая TraesCS2B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	GGCAAACTCT	GGGAAAAGGA	GTTGGAGTAA	CATGGGAGGA	AGCTAAGGTTG	CAGGCTGCTG	ATGGGGCTCT	GGGAACCTCTG 2691
Пшеница мягкая TraesCS2D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	GGCAAACTCT	GGGAAAAGGA	GTTGGAGTAA	CATGGGAGGA	AGCTAAGGTTG	CAGGCTGCTG	ATGGGGCTCT	GGGAACCTCTG 2691
Пшеница мягкая TraesCS6A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	GGCAAACTCT	TGGCAAAAGGA	GTTGGAATTA	CATGGGAAGA	AGCTAAGCTT	CAGGCTGCTG	ATGAGGCTCT	TGGAACCTTTG 2652
Пшеница мягкая TraesCS6B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	GGCAAACTCT	TGGCAAAAGGA	GTTGGAATTA	CATGGGAAGA	AGCTAAGCTT	CAGGCTGCTG	ATGAGGCTCT	TGGAACCTTTG 2655
Пшеница мягкая TraesCS6D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	GGCAAACTCT	TGGCAAAAGGA	GTTGGAATTA	CATGGGAAGA	AGCTAAGCTT	CAGGCTGCTG	ATGAGGCTCT	TGGAACCTTTG 2655
Соя культурная G1u1a.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	GCAAAGTCTT	TGGTAAAGGT	ATTGGATTA	CATGGGATGA	GGCTAAAATG	CAGGCTGCCG	AGAAGGCCACT	TGGAAGTCTA 2715
Соя культурная G1u1a.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	GCAAAGTCTT	TGGTAAAGGT	ATTGGATTA	CATGGGATGA	GGCTAAAATG	CAGGCTGCCG	AGAAGGCCACT	TGGAAGTCTA 2727
Соя культурная G1u1a.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	GTCAGATCTT	TGGTAAAGGG	TTTGGAGTAA	CATGGGAAGA	GGCTAAAATG	CAGGCTGCCA	AGAAGGCCACT	TGGAAGTCTA 2727
Соя культурная G1u1a.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	GTCAGATCTT	TGGTAAAGGG	TTTGGAGTAA	CATGGGAAGA	GGCTAAAATG	CAGGCTGCCA	AGAAGGCCACT	TGGAAGTCTA 2721
Свекла обыкновенная g16374.tl_белок (Идентификатор последовательности_33)	GGCAAGTCTT	GGGCAAGGGT	AGAGGATTTGA	CATGGGATGA	GGCGAAAATG	CAGGCTGCTG	AGATGGCTCT	TACAAGTCTT 2922
Паслен клубничный PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	***** 2611

Фиг. 2

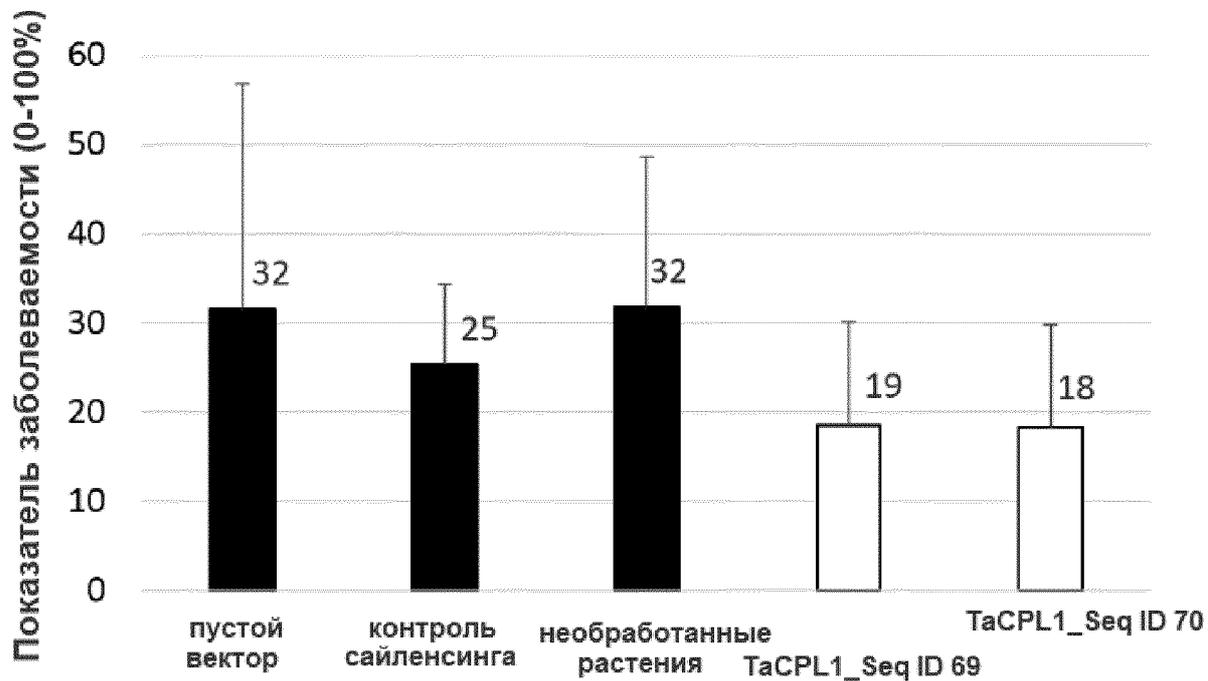
T

	1.060	1.060	1.100	1.120					
Арадопсис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	AGATCAATGC	TTGGTCAACC	TCTGCATAAA	CGACAAGGAT	CTCCACGATC	ATTTGGTGGG	ATGTCAAAACA	A---GCGATT	2846
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	AGATCCATGC	TAGGTCAACT	TGGTCATAAA	CGATCTGGCT	CTCCAAGGTC	ATTGGCACCA	AATTTTAAACA	A---GCGTTT	2723
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	AGATCCATGC	TAGGTCAACT	TGGTCATAGA	CGATCTGGCT	CTCCAAGGTC	ATTGGCACCG	AATTTTAAACA	A---GCGTTT	2729
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	AGATCCATGC	TAGGTCAACT	TGCTCATAAG	CGATCTGGCT	CTCCAAGGTC	ATTGGCACCA	AATTTTAAACA	A---GCGTTT	2729
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	AAATCCATGC	TCGGTCAATT	TGTTCGGAGG	CAATCTGGAT	CTCCAAGGTC	AATGGTGCCA	AATTTTAAATA	A---GCGTTT	2753
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	AGATACATGC	TTGGTCAACG	TCCACAGAAA	CGGTCTGGAT	CTCCAAGGTC	ATTGCGATCC	AATTATAATA	ATAAGCGCTA	2771
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	AGATACATGC	TTGGTCAACG	TCCACAGAAA	CGGCCTGGAT	CTCCAAGGTC	ATTGCGATCC	AATTATAATA	ATAAGCGCTA	2771
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	AGATACATGC	TTGGTCAACG	TCCACAGAAA	CGGTCTGGAT	CTCCAAGGTC	ATTGCGATCC	AATTATAATA	A---GCGCTA	2768
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	AGATCCATGC	TTGGTCAACT	TGCTCAGAAA	CGGTCTAGTT	CTCCAAGGTC	TTTGGCGCCC	AATTATAATA	A---GCGCTT	2729
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	AGATCCATGC	TTGGTCAACT	TGCTCAGAAA	CGGTCTAGTT	CTCCAAGGTC	TTTGGCGCCC	AATTATAATA	A---GCGCTT	2732
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	AGATCCATGC	TTGGTCAACT	TGCTCAGAAA	CGGTCTAGTT	CTCCGAGGTC	TTTGGTGGCC	AATTATAATA	A---GCGCTT	2732
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	AGATCAAAGC	TTGGCCAAAG	CATTTCAGAAA	CGGCAGAGCT	CTCCCAGGCC	ACATCAGGGA	TTTTCAAATA	A---ACGTTT	2792
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	AGATCAAAGC	TTGGCCAAAG	CATTTCAGAAA	ATGCAGAGCT	CTCCCAGGCC	CCATCAGGGA	TTTTCAAATA	A---GCGTTT	2804
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	AGAACAATGT	TTAATCAAGG	TTCTCTAAAG	AGGCATGGTT	CGCCCAGGTC	AATGCAAGGA	TTGGCAAATA	A---ACGCTT	2804
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	AGAACAATGT	TTAATCAAGG	CACTCGGAAG	AGGCATGGTT	CTCCCAGGTC	AATGCAAGGA	TTGGCAAATA	A---ACGCTT	2798
Свекла обыкновенная gl6374.t1_белок (Идентификатор последовательности_33)	AATTCTATGA	TCGGTCAA--	TTAATAAG	CGTCCAAGTT	CTCCSCGGTT	GTTCGCAAGG	ATGCCAAATA	A---ACGCTT	2996
Паслен клубноносый PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	2611
	1.140	1.160	1.180						
Арадопсис AtCPL1_белок (Идентификатор последовательности_18)	AAAGCCGGAC	TTTCAACGGT	CTGTGCAACG	GATGCCATCT	TCGGGAAGAT	A-----	-----	--CTCTTAA	2904
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.1_белок (Идентификатор последовательности_19)	CAAGCCAGAT	TTTCCAAGGA	CGGTACAAG	AGTTCC--T	TAGGGAACAT	ATTCTAGGAT	CGAAGGTCAT	GTTCCCTTAA	2799
Кукуруза обыкновенная ZmCPL1.2_белок (Идентификатор последовательности_20)	CAAGCCAGAT	TTTCCAAGGA	CGGTACAAG	AGTTCC--T	TATGGAACAT	ATTCTAGGAT	CGAAGGCCAT	GCTCCTTAG	2805
Сорго двуцветное Sobic.004G227600.1_белок (Идентификатор последовательности_21)	CAAGCCAGAT	TTTCCAAGGA	CGGTACAAG	AGTTCC--T	TATGGAACAT	ATTCTAGGAT	CGAAGGTCAT	GTTCCGCTAG	2805
Сорго двуцветное Sobic.006G156400.1_белок (Идентификатор последовательности_22)	CAATCCAGAT	TTCTCCGAGG	CAGTACAAG	GATTCC--T	TCAGGCAGAT	ATTCTAGAAA	TGACAGTCGT	TTTCCCTTGA	2829
Пшеница мягкая TraesCS2.A02G373400.3_белок (Идентификатор последовательности_23)	CAAGCCAGAT	TTCCAGCCAA	TGGTACAAG	GATTCC--T	TCTGGCAGAT	ACTCTAGGAA	TGACAGTCGT	GTTCCCTTGA	2847
Пшеница мягкая TraesCS2.B02G390500.1_белок (Идентификатор последовательности_24)	CAAGCCAGAT	TTCCAGCCAA	TGGTACAAG	GATTCC--T	TCTGGCAGAT	ACTCTAGGAA	TGACAGTCGT	GTTCCCTTGA	2847
Пшеница мягкая TraesCS2.D02G369600.6_белок (Идентификатор последовательности_25)	CAAGCCAGAT	TTCCAGCCGA	TGGTACAAG	GATTCC--T	TCTGGCAGAT	ACTCTAGGAA	TGACAGTCGT	GTTCCCTTGA	2844
Пшеница мягкая TraesCS6.A02G235300.1_белок (Идентификатор последовательности_26)	CAAGCCAGAT	TTCCCCGGG	CAGTGCAAAG	GCCTCC--T	TATGGTAGAT	ATTCCAGGAT	TGAAGGCCAT	GTTCCCTTGA	2805
Пшеница мягкая TraesCS6.B02G264000.4_белок (Идентификатор последовательности_27)	CAAGCCAGAT	TTCCCCGGG	CAGTGCAAAG	GCCTCC--T	TATGGTAGAT	ATTCCAGGAT	TGAAGGCCAT	GTTCCCTTGA	2808
Пшеница мягкая TraesCS6.D02G218000.4_белок (Идентификатор последовательности_28)	CAAGCCAGAT	TTCCCCGGG	CAGTGCAAAG	GCCTCC--T	TATGGTAGAT	ATTCCAGGAT	TGAAGGCCAT	GTTCCCTTGA	2808
Соя культурная Glyma.07g194800.1_белок (Идентификатор последовательности_29)	AAAGCAAGAA	TACCCTCGAC	CAATGCAGCG	GATGCCCTCA	TCAGCTAGAT	ATCCCAGGAA	TGCTCCACCA	ATTCCCTTGA	2871
Соя культурная Glyma.13G181700.1_белок (Идентификатор последовательности_30)	AAAGCAAGAA	TACCCTCGAA	CAATGCAGCG	GATGCCCTCA	TCAGCTGGAT	ATCCCAGGAA	TGCTCCACCA	ATTCCCTTGA	2883
Соя культурная Glyma.13G241400.1_белок (Идентификатор последовательности_31)	AAAGCCAGAA	TATCCTCGAA	CTCTGCAGCG	GGTTCCTAT	TCTGCTAGAT	ATCCCAGGAA	TGCTCCTCTT	GTTCCCTTGA	2883
Соя культурная Glyma.15G072000.1_белок (Идентификатор последовательности_32)	AAAGCAAGAA	TATCCTCGAA	CTCTGCAGCG	GATTCCCTAT	TCTGCTAGAT	ATCCCAGGAA	TGCTCCTCTT	GTTCCCTTGA	2877
Свекла обыкновенная gl6374.t1_белок (Идентификатор последовательности_33)	GAAGCCAGAG	TATCCTAGAG	TAGTAGACCA	TTTGCCTCT	TCA--AGAT	ATCCAAGGAA	TGCATCAACT	GTAACCTTGA	3072
Паслен клубноносый PGSC0003DMT400057635_белок (Идентификатор последовательности_34)	*****	*****	---CCATTT	ACTTCCCTTT	CTTCTTTGCT	ATTGC----	*****	-----TGA	2846

Фиг. 2



Фиг. 3



Фиг. 4

A

			20		40		60	
ScERF922-II	M-LL-NPASE	AMVLDSIRQH	LMEDTAAAA-	PAA-EARRQR	PAYC-----R	SASFGSL---	VADQW	53
TaERF922-2A-II	M-LL-NPASE	ALVLDSIRQH	LMEDTAAAAA	PVA-EARRQR	PAYC-----R	SASFGSL---	VADQW	54
TaERF922-2D-II	M-LL-NPASE	ALVLDSIRQH	LMEDTAA---	PAP-EARRQR	PAYC-----R	SASFGSL---	VADQW	51
TaERF922-2B-II-1	M-LL-NPASE	AMVLDSIRQH	LMEDTAA---	PAP-EARRQR	PAYC-----R	SASFGSL---	VADQW	51
HvERF922-IIa	M-LL-NPASE	ALVLDSIRQH	LMEDTAAAAP	ALA-EARRQR	PAYC-----R	SASFGSL---	VADQW	54
HvERF922-IIb	M-LLLNPASE	AAVLDSIRQQ	LLEPTAPA-	-----R	PAYC-----R	SASFGSL---	VADQW	46
StERF922-I	MYQLP-----	-----	ISTELPPTFF	PAEF-----	PVYC-----R	SSSFSSLMPC	LTESW	39
BvERF922-I	MSIISNFETD	LAVLESIKRH	LLEDWDPRIA	GASFMATGSG	PIYR-----R	NSSFRLYPC	LTDNW	60
TaERF922-3A-I-1	MPLSLGAD--	-----	----HLAAPG	ARAPPARVGA	AMGMGMGMGM	DTLSLGGAA	A----	45
TaERF922-3B-I-1	MPLSLGAD--	-----	----HLATPG	ARAPPARVGA	AMGM-----	DTLSLGGAA	A----	39
TaERF922-3D-I-1	MPLSLGAD--	-----	----HLAAPG	ARAPPARVGT	GMGM-----	DTLSLGGAA	A----	39
ScERF922-I	MPLSLGAD--	-----	----HLATPG	A---PARVGA	GMCMM-----	DTPLSLGGAA	THGHC	42
ZmERF922-I	MSTYISLSLE	RSSS-----V	VRDAAKSAPP	GGVSAP-YP	RAGAGAGAGT	SLSL-SGAAA	AHGHC	58
SobicERF922-I-1	MNTYMSLSLE	SSSSTTTSSV	VRDVATPAPL	SSGASASSYP	RAGAGMGMGT	SLSLASAAAA	AHGHC	65
OsERF922	MSLSLGFS--	-----	----AGACVG	ADRLAAPAL	QAAGALPPRV	DVSLSLARAA	NGQPS	49
Консенсус	M-LLLNPASE	A-VL-SI--H	LMEDTAAAPG	AAA-EARRQR	PAYC-----R	SASFSSL-AA	VADQW	
			80		100		120	
ScERF922-II	SESLPFRADD	SDDMVVYGAL	RDAFSCGWLP	DGSFAAVKPE	PLLSPDSAY	ACGGPSCFGF	LEPET	118
TaERF922-2A-II	SESLPFRADD	SDDMVVYGAL	RDAFSCGWLP	DGSFAAVKPE	PLLSPDSAY	ACDGPSCFGF	LEPET	119
TaERF922-2D-II	SESLPFRADD	SDDMVVYGAL	RDAFSCGWLP	DGSFAAVKPE	PLLSPDSCY	V-----GF	LEPET	109
TaERF922-2B-II-1	SESLPFRADD	SDDMVVYGAL	RDAFSCGWLP	DGSFAAVKPE	PLLSPDSCY	V-----GF	LEPET	109
HvERF922-IIa	SESLPFRADD	SDDMVVYGAL	RDAFSCGWLP	DGSFAAVKPE	PL-PSPESCY	G-----GF	LYPDT	111
HvERF922-IIb	SESLPFRPND	ADDMVVYGAL	RDAFSCGWLP	DGSFAAVKPE	PL-PSPDPYD	G----SCLGS	FLASP	106
StERF922-I	GD-LPLKVND	SEDMVIYGLL	QDAFSIGWTP	SNLTSSE---	-----	-----	V	76
BvERF922-I	GE-LPLKEDD	SEDMVVFVGL	RDAVHTGWSP	ESGSEIDSGS	PA-----	-----	PVVV	105
TaERF922-3A-I-1	--YLPLNEND	SLOMILLDVL	REASAVAAAAS	PSSSS--PPT	KT-----	-----	ARA	86
TaERF922-3B-I-1	--YLPLNEND	SLOMLLFDVL	REASAVAAAAS	PSSSSSSPPT	KM-----	-----	AAA	82
TaERF922-3D-I-1	--YLPLNEND	SLOMLLFDVL	REASAVAAAAS	PSSSSS-PPT	KT-----	-----	ATA	81
ScERF922-I	QYYLPLNEND	SLOMLLFDVL	REASAVATAP	PSSSS--PST	KM-----	-----	ATA	85
ZmERF922-I	Q-YLPLNEDD	SLOMVLFDVL	REASGSAP-G	-ATYQPPSSS	LP-----	-----	TLK	100
SobicERF922-I-1	Q-YLPLNEDD	SLEMVLFDVL	REASGSAA-A	PTYQPPASS	LP-----	-----	TLK	108
OsERF922	S-YLPLNEND	SLOMVLFDVL	REASAVAALS	SSSSSSPELG	AR-----	-----	TTA	93
Консенсус	SEYLPLNEDD	SLOMVXXGVL	RDAXSCGWLP	DXSXXAVKPE	PL-----	-----	XEX	

Фиг. 5

B

		140		160		180							
ScERF922-II	APATP---	Q	GE	EEEE	EA	AFMGE	AAAAV	ARGKHYRGVR	QRPWGKFAAE	IRDPAKNGAR	VWLG	179	
TaERF922-2A-II	PPATS---	P	GE	EEEE	--GA	AFMGE	AAAAV	ARGKHYRGVR	QRPWGKFAAE	IRDPAKNGAR	VWLG	178	
TaERF922-2D-II	PPATS---	P	GE	EEEE	-AA	AFMGE	AAAAA	ARGKHYRGVR	QRPWGKFAAE	IRDPAKNGAR	VWLG	169	
TaERF922-2B-II-1	PPATS---	P	GG	EEEE	AAAA	FMGE	AAAAV	ARGKHYRGVR	QRPWGKFAAE	IRDPAKNGAR	VWLG	170	
HvERF922-IIa	PPATSAGDGE		GD	EEEE	AAAA	LMGE	AAAAV	ARGKHYRGVR	QRPWGKFAAE	IRDPAKNGAR	VWLG	176	
HvERF922-IIb	GPATPDEAAS	TATWTEEA--				---	EVAATA	SRGRHFRGVR	QRPWGKFAAE	IRDPAKNGAR	VWLG	185	
StERF922-I	KPEPREEIEP	VMSTSVSPPT	ET	AA	APAA	LQ		PKGRHYRGVR	QRPWGKFAAE	IRDPAKNGAR	VWLG	141	
BvERF922-I	KSEPVESVPR	VSGGEAPAAT	V	A	A	A	P	---	RGKHYRGVR	RRPWGKFAAE	IRDPAKNGAR	VWLG	166
TaERF922-3A-I-1	IAASSPDASE	GGG-----				---	ACAAGRA	AERPHYRGVR	RRPWGKYAAE	IRDPSRPGTR	LWLG	141	
TaERF922-3B-I-1	IAASGPATVE	GGR-----				---	ACAAGRA	AERPHYRGVR	RRPWGKYAAE	IRDPSRPGTR	LWLG	137	
TaERF922-3D-I-1	IAAAGADAIE	GGG-----				---	ACAAGRA	AERPHYRGVR	RRPWGKYAAE	IRDPSRPGTR	LWLG	136	
ScERF922-I	IAASDPATIE	GGR-----				---	ACAPGRA	AERPHYRGVR	RRPWGKYAAE	IRDPSRAGAR	LWLG	140	
ZmERF922-I	-ALASGASRK	GGGNNNG--				SRAAH	HAPKAA	T-GRHYRGVR	RRPWGKYAAE	IRDPARHGAR	LWLG	181	
SobicERF922-I-1	KALASGAAAR	KGGGGVGC	S	R	A	A	HAPKAA	TTGRHYRGVR	RRPWGKYAAE	IRDPARHGAR	LWLG	173	
OsERF922	PVVAGHPAGR	KGGGGGG--				GR	AAAARGGA	AGGRHYRGVR	RRPWGKYAAE	IRDPTRHGAR	LWLG	156	
Консенсус	PPATS-AA-E	GGEEEE----				---	A	AAAAA	ARGKHYRGVR	RRPWGKFAAE	IRDPAKNGAR	VWLG	

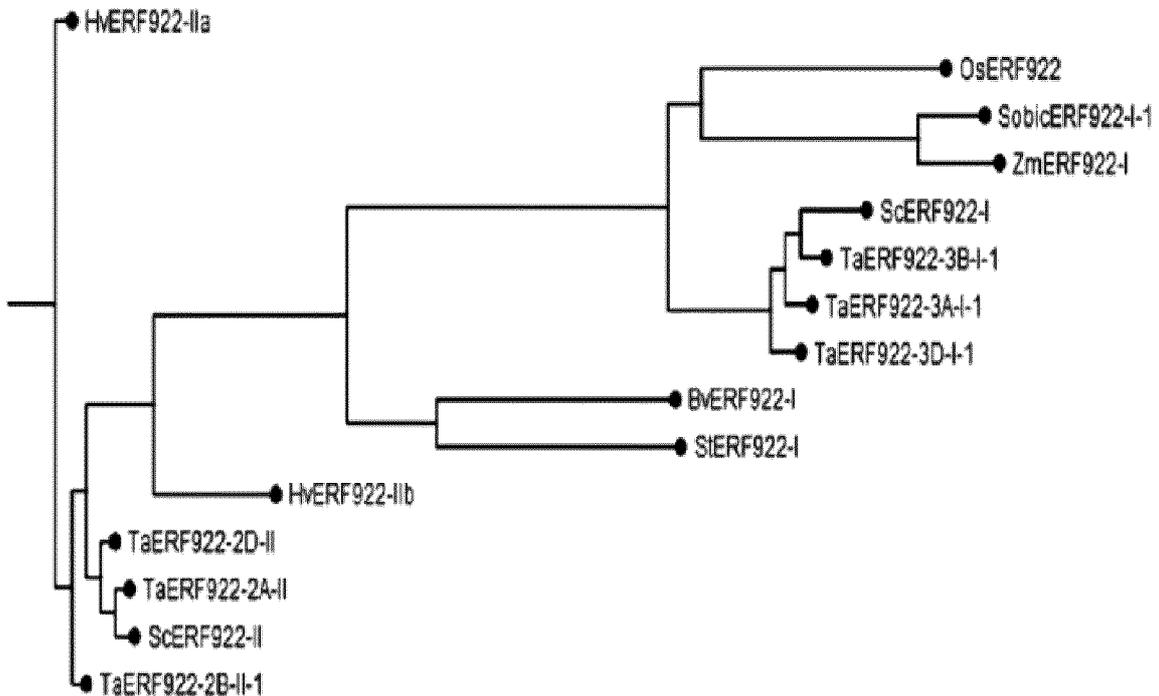
		200		220		240		260						
ScERF922-II	YDTAEDAAVA	YDRAAYRMRG	SR	ALLN	FLR	IGSE	I	AAAA	AGDKRP	SPEPATSOTS	S-S-	241		
TaERF922-2A-II	YDTAEDAAVA	YDRAAYRMRG	SR	ALLN	FLR	IGSE	I	AAAA	AGDKRP	SPEPATS	SDSS	S-S-	240	
TaERF922-2D-II	YDTAEDAAVA	YDRAAYRMRG	SR	ALLN	FLR	IGSE	I	AAAA	AGDKRP	SPEPATS	SDSS	S-S-	231	
TaERF922-2B-II-1	YDTAEDAAVA	YDRAAYRMRG	SR	ALLN	FLR	IGSE	I	AAAA	AGDKRP	SPEPATS	SDSS	S-S-	232	
HvERF922-IIa	YDTAEDAAVA	YDRAAYRMRG	SR	ALLN	FLR	IGSE	I	AAAA	AGDKRP	SPEPATS	SDSS	S-S-	238	
HvERF922-IIb	FDSAEDAAVA	YDRAAYRMRG	SR	ALLN	FLR	IGSE	I	AAA-	---	AAAAGQKRA	SPEPASS	SDSA	SPS-	225
StERF922-I	YESAEEAALA	YDKAAFMRG	TK	ALLN	FLR	IGLN	---	EP	EPV	RVTVKRR	LPEPASS	SVS	SAS-	200
BvERF922-I	FETAEDAALA	YDRAAFMRG	SK	ALLN	FLR	INSG	---	EP	DPV	RITSKRS	SPERST	SSL	SSCT	227
TaERF922-3A-I-1	FGTAEEAAVA	YDRAAFRLRG	AK	ALLN	FPPA	VGAD	GARRGG	ADGAR	'----				187	
TaERF922-3B-I-1	FGTAEEAAVA	YDRAAFRLRG	AK	ALLN	FPPA	VGAHE	ARRGG	ADGAR	'----				183	
TaERF922-3D-I-1	FGTAEEAAVA	YDRAAFRLRG	AK	ALLN	FPPA	VGAHE	ARRGG	ANEAR	'----				182	
ScERF922-I	FGTAEEAAVA	YDRAAFRLRG	AK	ALLN	FPPV	VAAD	GGRRGG	ADGAR	'----				186	
ZmERF922-I	FATAEEAAAA	YDRAAFGMRG	AK	ALLN	FPPP	AAGC	--NAA	TATAKQA	AGS	QVNNG	ECDLL	EEN-	222	
SobicERF922-I-1	FATAEEAAAA	YDRAAFMRG	AK	ALLN	FPPA	VAGC	--NAA	TATAEQ	AGV	TEAK	'----		226	
OsERF922	FGTAEEAAAA	YDRAAFMRG	AK	ALLN	FPPA	VAGD	GARRGA	AAAAKQ	VGMS	DVVPR	ACHVV	CYS-	219	
Консенсус	FDTAEEAAVA	YDRAAFMRG	XK	ALLN	FPXR	IGSE	I	AAAA	AGDKRP	SPEPATS	SDSS	S-S-		

Фиг. 5

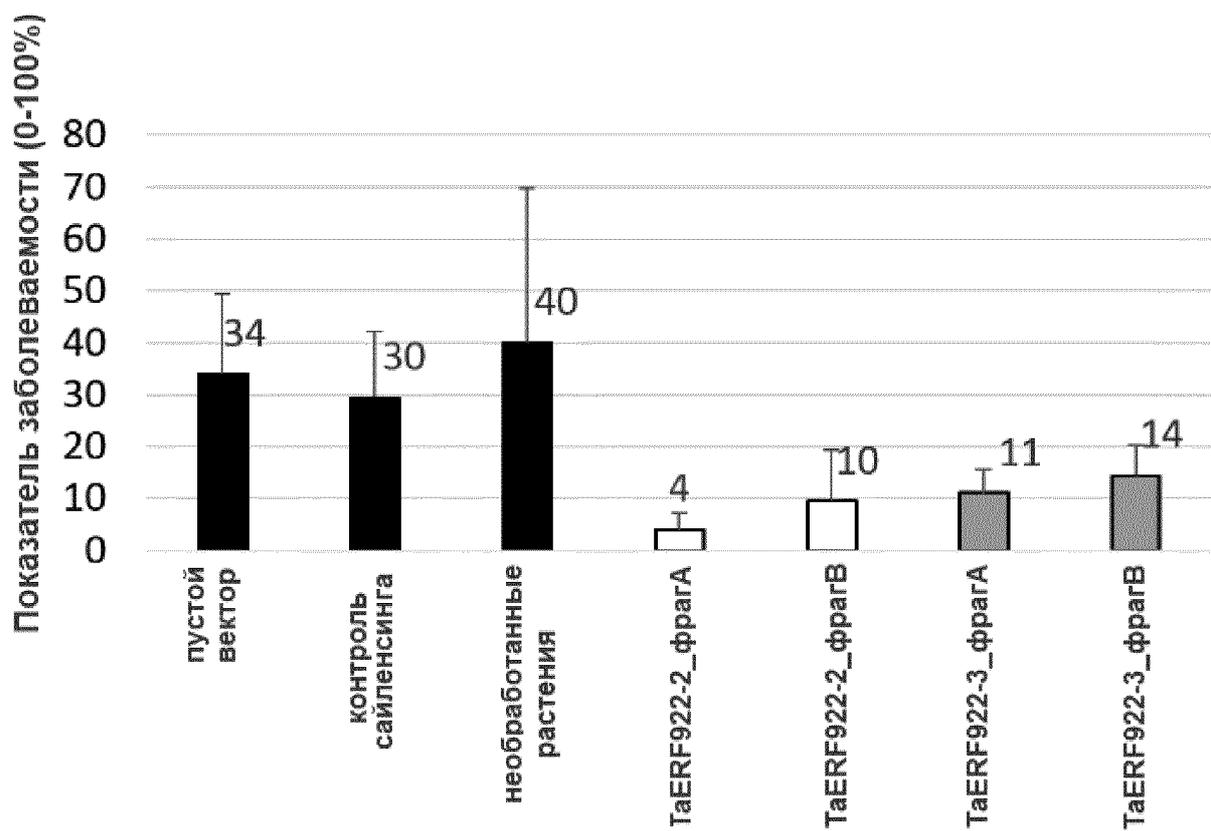
C

	280	300	320	
ScERF922-II	SS--GSPKRR KRGEAAAASM AMALVPP---	--PSLLSRPA QAWYPAAPVE QVAMAPRAQQ	LVS*	298
TaERF922-2A-II	SSSSGSPKRR KRGEAAAASM AMALVPP---	--PSQLSRPA HAWYPAAPVE QVAMAPRAQQ	LVS*	299
TaERF922-2D-II	SSSSGSPKRR KRGEAAAASM AMALVPP---	--PSQLSRPA QAWYPAAPVE QVAMAPRAQQ	LVS-	289
TaERF922-2B-II-1	SSSSGSPKRR KRGEAAAASM AMALVPP---	--SSQLSRPA HAWYPAVPAE QVAMAPCVOQ	LVS*	291
HvERF922-IIa	S---GSPKRR KRGEAAAASM AMALVPP---	--PSQLSRPA QAWYPAAPAE QVAMAPRVOQ	LVS-	293
HvERF922-IIb	SSAPGSSKRR KRGEAAAASM AMALVPPTPV	QAPVQLILPA QPWLATGAVQ QLVS-----	----	279
StERF922-I	--ESGSPKRR RKGVAAKQAE L-----	---EVQSRGP NVIQVGCQME --QFPVGEQL	LVN-	247
BvERF922-I	SSDNGSPKRR KKGSVVGQV-----	-----GNGV EGLQVGCQVG VGSMP LGDQL	LVS*	274
TaERF922-3A-I-1	187
TaERF922-3B-I-1	183
TaERF922-3D-I-1	182
ScERF922-I	186
ZmERF922-IGSSH DS-----	-ECF	231
SobicERF922-I-1	226
OsERF922VLSA HIFYDIFRGV	IPIP	237
КонсенсусGSPKRR K-G-AA....PVE Q-M....Q-	LVS-	

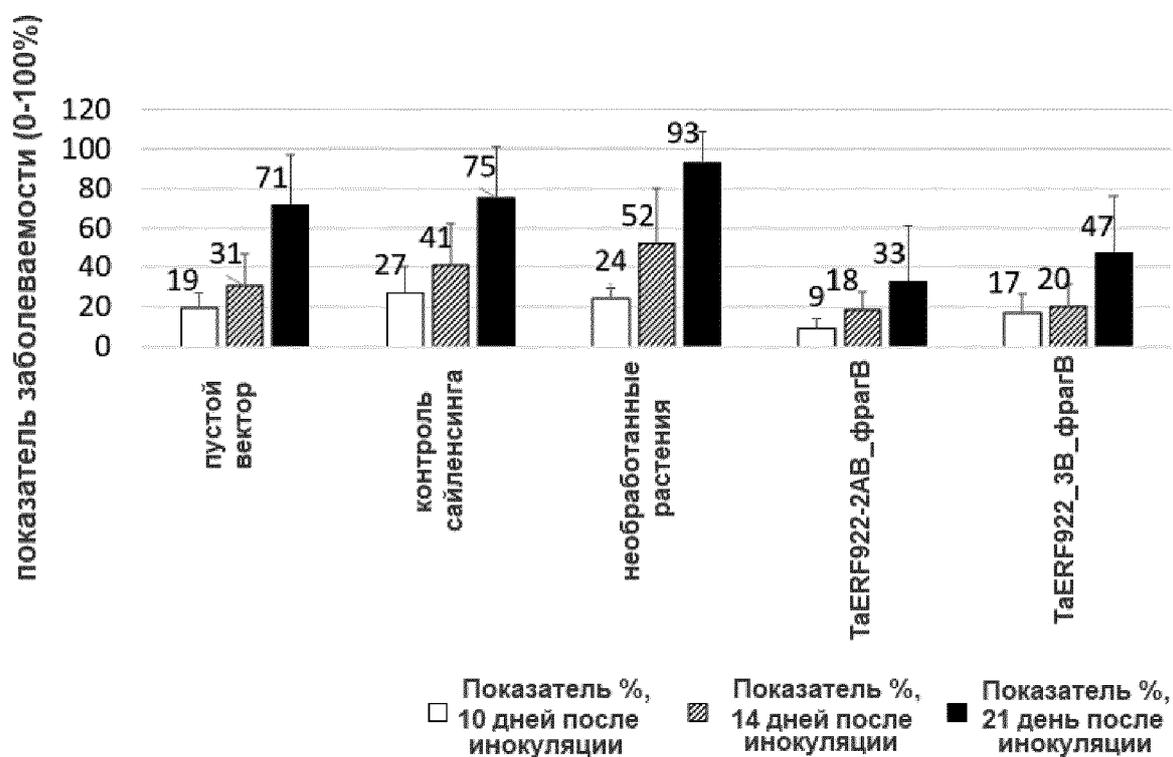
Фиг. 5



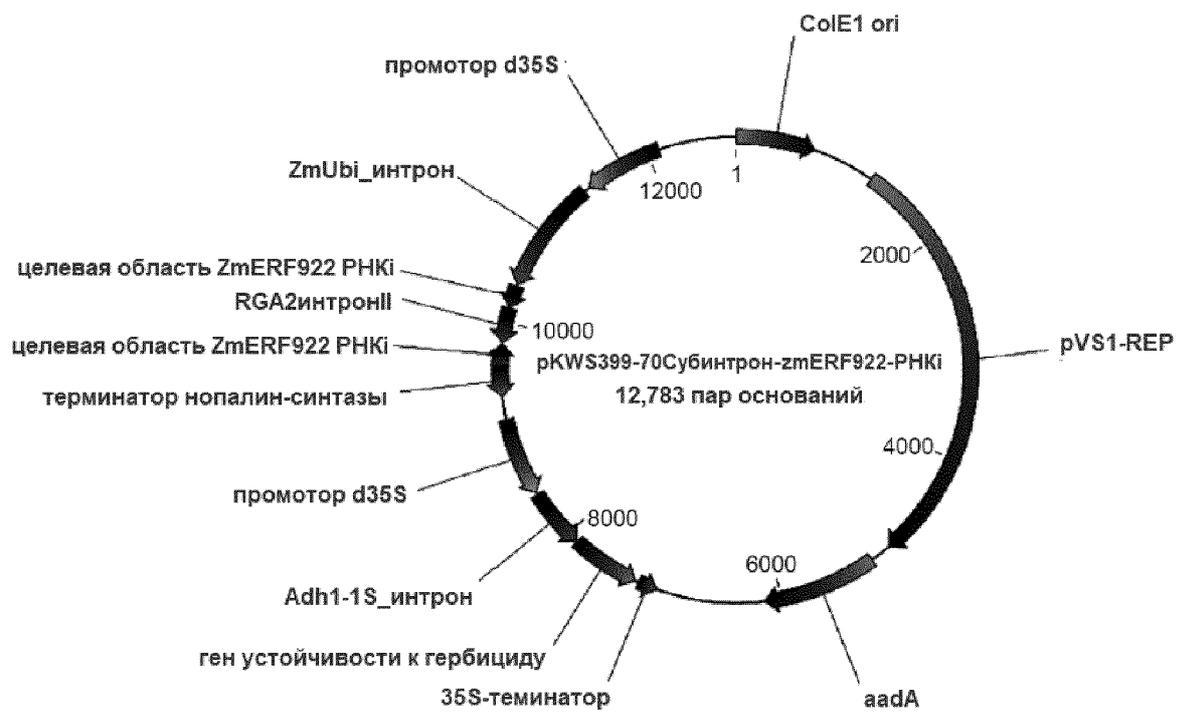
Фиг. 6



Фиг. 7



Фиг. 8



Фиг. 9