



19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

11 Número de publicación: **2 296 405**

51 Int. Cl.:

C12N 15/54 (2006.01)

C12N 9/10 (2006.01)

C12N 5/10 (2006.01)

C12N 15/89 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Número de solicitud europea: **99942280 .1**

86 Fecha de presentación : **16.08.1999**

87 Número de publicación de la solicitud: **1105502**

87 Fecha de publicación de la solicitud: **13.06.2001**

54 Título: **Celulosas sintasa del maíz y su utilización.**

30 Prioridad: **17.08.1998 US 96822 P**

45 Fecha de publicación de la mención BOPI:
16.04.2008

45 Fecha de la publicación del folleto de la patente:
16.04.2008

73 Titular/es:
PIONEER HI-BRED INTERNATIONAL, Inc.
800 Capital Square, 400 Locust Street
Des Moines, Iowa 50309, US

72 Inventor/es: **Dhugga, Kanwarpal, S.;**
Helentjaris, Timothy, G.;
Bowen, Benjamin, A. y
Wang, Xun

74 Agente: **Ungría López, Javier**

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín europeo de patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Celulosas sintasa del maíz y su utilización.

5 **Campo técnico**

La presente invención se refiere en general a la biología molecular de las plantas. Más específicamente, se refiere a ácidos nucleicos y a métodos para modular su expresión en plantas.

10 **Antecedentes de la invención**

Los polisacáridos constituyen el grueso de las paredes celulares de las plantas y se han clasificado tradicionalmente en tres categorías: celulosa, hemicelulosa, y pectina. Fry, S. C. (1988), *The growing plant cell wall: Chemical and metabolic analysis*. New York: Longman Scientific & Technical. Mientras la celulosa se elabora en la membrana plasmática y se dispone directamente en la pared celular, los polímeros hemicelulósicos y pécticos se elaboran primero en el aparato de Golgi y después se exportan a la pared celular mediante exocitosis. Ray, P. M., *et al.*, (1976), *Ber. Deutsch. Bot. Ges. Bd. 89*, 121-146. La variedad de enlaces químicos en los polisacáridos pécticos y hemicelulósicos indica que debe haber decenas de polisacárido sintetasas en el aparato de Golgi. Darvill *et al.*, (1980). *The primary cell walls of flowering plants*. In *The Plant Cell* (N. E. Tolbert, ed.), Vol. 1 *en la Serie: The biochemistry of plants: A comprehensive treatise*, eds. P.K. Stumpf y E.E. Conn (New York: Academic Press), págs. 91-162.

La celulosa, en virtud de su capacidad para formar microfibrillas semicristalinas, tiene una resistencia a la tracción muy elevada que se aproxima a la de algunos metales. Niklas, K. J. (1992). *Plant Biomechanics: An engineering approach to plant form and function*, The University of Chicago Press, pp. 607. Se ha encontrado que la resistencia a la flexión del tallo de la cebada normal y de los mutantes de tallo quebradizo está directamente correlacionada con la concentración de celulosa en la pared celular. Kokubo, *et al.*, (1989), *Plant Physiology* 91, 876-882; Kokubo, *et al.*, (1991) *Plant Physiology* 97, 509-514.

Incluso aunque la composición de azúcar y polisacáridos de las paredes celulares de la planta ha sido bien caracterizada, se ha hecho un avance muy limitado hacia la identificación de las enzimas implicadas en la formación de polisacáridos, siendo la razón su naturaleza lábil y recalcitrante a la solubilización por los detergentes disponibles.

Se han realizado reivindicaciones esporádicas para la identificación de la celulosa sintasa de fuentes vegetales a lo largo de los años. Callaghan, T., y Benziman, M. (1984), *Nature* 311, 165-167; Okuda, *et al.*, (1993), *Plant Physiol.* 101, 1131-1142. No obstante, estas reivindicaciones se han satisfecho con escepticismo. Callaghan, T., y Benziman, M. (1985), *Nature* 314, 383-384; Delmer, *et al.*, (1993), *Plant Physiol.* 103, 307-308. Sólo recientemente fue clonado un supuesto gen para las celulosa sintetasas vegetales (Cela) a partir del desarrollo de fibras de algodón basadas en la homología con el gen bacteriano. Pear, *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. (USA)* 93, 12637-12642; Saxena, *et al.*, (1990), *Plant Molecular Biology* 15, 673-684; véase también, la publicación WO 9818949. La publicación WO 9800549 también proporciona genes que codifican los polipéptidos implicados en la biosíntesis de celulosa en las plantas.

Puesto que el tallo quebradizo es el principal problema de la cría de maíz, lo que se necesita en la técnica son composiciones y métodos para manipular la concentración de celulosa en la pared celular y vigilar de ese modo la calidad del tronco de la planta para un mejor sostenimiento o ensilaje. La presente invención proporciona estas y otras ventajas.

Compendio de la invención

Generalmente, el objeto de la presente invención es proporcionar ácidos nucleicos y proteínas relacionados con las celulosa sintetasas. Un objeto de la presente invención es proporcionar: 1) ácidos nucleicos y proteínas relacionados con las celulosa sintetasas del maíz; 2) plantas transgénicas que comprenden los ácidos nucleicos de la presente invención; 3) métodos para modular en una planta transgénica, la expresión de los ácidos nucleicos de la presente invención.

Por lo tanto, en un aspecto, la presente invención proporciona un ácido nucleico de celulosa sintasa aislado que codifica un polipéptido que tiene actividad de celulosa sintasa y que comprende:

(a) un polinucleótido del SEQ ID NO: 5, 9 o 25;

(b) un polinucleótido que codifica un polipéptido del SEQ ID NO: 6, 10 o 26.

El ácido nucleico aislado puede ser ADN o ARN.

En otro aspecto, la presente invención hace referencia a casetes de expresión recombinantes, que comprenden un ácido nucleico de la presente invención conectado operablemente a un promotor. En algunas realizaciones, el ácido nucleico está conectado operablemente en orientación antisentido al promotor.

En otro aspecto, la presente invención está dirigida a una célula anfitriona transfectada con la casete de expresión recombinante. Preferiblemente, la célula es una célula vegetal.

En un aspecto adicional, la presente invención hace referencia a una proteína aislada que tiene actividad celulsica sintasa y se selecciona entre:

(a) un polipéptido del SEQ ID NO: 6, 10 o 26; y

(b) un polipéptido codificado por un ácido nucleico de la invención.

En otro aspecto más, la presente invención hace referencia a una planta transgénica que comprende una casete de expresión recombinante que comprende un promotor vegetal conectado operablemente a cualquiera de los ácidos nucleicos aislados de la presente invención. En algunas realizaciones, la planta transgénica es *Zea mays*. La presente invención también proporciona semillas para la planta transgénica.

En un aspecto adicional, la presente invención hace referencia a un método de modulación de la expresión de los genes que codifican las proteínas de la presente invención en una célula vegetal susceptible de regeneración vegetal, que comprende las etapas de (a) transformar una célula vegetal con una casete de expresión recombinante que comprende un polinucleótido de la presente invención conectado operablemente a un promotor; (b) hacer crecer la célula vegetal en condiciones de crecimiento de la planta; y (c) inducir la expresión del polinucleótido durante un tiempo suficiente para modular la expresión de los genes de la planta. En algunas realizaciones, la planta es el maíz. La expresión de los genes que codifican las proteínas de la presente invención puede aumentar o disminuir con respecto a una planta de control no transformada.

Definiciones

Las unidades, los prefijos, y los símbolos pueden ser indicados en su forma aceptada por el SI. A menos que se indique de otro modo, los ácidos nucleicos se escriben de izquierda a derecha en orientación 5' a 3'; las secuencias de aminoácidos se escriben de izquierda a derecha en orientación amino a carboxi, respectivamente. Los intervalos numéricos incluyen los números que definen el intervalo e incluyen cada número entero definido en el intervalo. Los aminoácidos pueden ser referidos en la presente memoria por sus símbolos de tres letras o por sus símbolos de una letra conocidos comúnmente recomendados por la IUPAC-IUB Biochemical Nomenclature Commission. Del mismo modo, los nucleótidos pueden ser referidos por sus códigos de letras individuales aceptados comúnmente. A menos que se estipule de otro modo, el soporte lógico, los términos eléctricos, y electrónicos utilizados en la presente memoria son los definidos en The New IEEE Standard Dictionary of Electrical and Electronics Terms (5ª edición, 1.993). Los términos definidos más abajo se definen más completamente mediante la referencia a la memoria en su totalidad.

Por "amplificado" se quiere significar la construcción de múltiples copias de una secuencia de ácido nucleico o de múltiples copias complementarias a la secuencia de ácido nucleico utilizando al menos una de las secuencias de ácido nucleico como molde. Los sistemas de amplificación incluyen el sistema de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), el sistema de la reacción en cadena de la ligasa (LCR), la amplificación basada en la secuencia del ácido nucleico (NASBA, Cangene, Mississauga, Ontario), los sistemas Q-Beta Replicasa, el sistema de amplificación basado en la transcripción (TAS), y la amplificación por desplazamiento de la hebra (SDA). Véase, p. ej., *Diagnostic Molecular Microbiology: Principles and applications*, D. H. Persing *et al.*, Ed., American Society for Microbiology, Washington, D.C. (1.993). El producto de la amplificación se denomina amplicón.

El término "anticuerpo" incluye la referencia a las formas de unión al antígeno de los anticuerpos (p. ej., Fab, F(ab)₂). El término "anticuerpo" frecuentemente hace referencia a un polipéptido codificado sustancialmente por un gen de inmunoglobulina o genes de inmunoglobulina, o fragmentos de los mismos que se unen específicamente y reconocen un analito (antígeno). No obstante, si bien se pueden definir diversos fragmentos de anticuerpo en términos de la digestión de un anticuerpo intacto, un experto en la técnica apreciará que tales fragmentos se pueden sintetizar de novo químicamente o utilizando la metodología del ADN recombinante. De este modo, el término anticuerpo, según se utiliza en la presente memoria, también incluye fragmentos de anticuerpo tales como Fv de cadena sencilla, anticuerpos quiméricos (esto es, que comprende regiones constantes y variables de diferentes especies), anticuerpos humanizados (esto es, que comprenden una región determinante de la complementariedad (CDR) de una fuente no humana) y anticuerpos heteroconjugados (p. ej., anticuerpos biespecíficos).

El término "antígeno" incluye la referencia a una sustancia para la cual se puede generar un anticuerpo y/o para la cual el anticuerpo es específicamente inmunorreactivo. Los sitios inmunorreactivos específicos en el antígeno son conocidos como epítopos o determinantes antigénicos. Estos epítopos pueden ser una ordenación lineal de monómeros de una composición polimérica - tales como los aminoácidos de una proteína - o consistir en o comprender una estructura secundaria o terciaria más compleja. Los expertos en la técnica reconocerán que todos los inmunógenos (esto es, las sustancias capaces de obtener una respuesta inmunitaria) son antígenos; sin embargo algunos antígenos, tales como los haptenos, no son inmunógenos pero se pueden hacer inmunogénicos mediante el acoplamiento a una molécula portadora. Un anticuerpo inmunológicamente reactivo con un antígeno concreto puede ser generado *in vivo* o mediante métodos recombinantes tales como la selección de genotecas de anticuerpos recombinantes en fagos o vectores similares. Véase, p. ej., Huse *et al.*, Science 246: 1275-1281 (1.989); y Ward, *et al.*, Nature 341: 544-546 (1.989); y Vaughan *et al.*, Nature Biotech. 14: 309-314 (1.996).

Según se utiliza en la presente memoria, “orientación antisentido” incluye la referencia a una secuencia de polinucleótidos dúplex que está conectada operablemente a un promotor en una orientación en la que se transcribe la hebra antisentido. La hebra antisentido es suficientemente complementaria a un producto de transcripción endógeno de manera que la traducción del producto de transcripción endógeno a menudo resulta inhibida.

Según se utiliza en la presente memoria, “región cromosómica” incluye la referencia a una longitud de un cromosoma que se puede medir mediante la referencia al segmento lineal del ADN que comprende. La región cromosómica puede ser definida mediante la referencia a dos secuencias de ADN únicas, esto es, los marcadores.

El término “variantes modificadas conservativamente” se aplica a secuencias tanto de aminoácidos como de ácido nucleico. Con respecto a las secuencias de ácido nucleico concretas, las variantes modificadas conservativamente hacen referencia a aquellos ácidos nucleicos que codifican variantes idénticas o modificadas conservativamente de las secuencias de aminoácidos. Debido a la degeneración del código genético, un gran número de ácidos nucleicos funcionalmente idénticos codifican cualquier proteína dada. Por ejemplo, los codones GCA, GCC, GCG y GCU codifican todos el aminoácido alanina. De este modo, en cada posición en la que la alanina es especificada por un codón, el codón puede ser alterado a cualquiera de los codones correspondientes descritos sin alterar el polipéptido codificado. Tales variaciones del ácido nucleico son “variaciones silenciosas” y representan una especie de variación modificada conservativamente. Cada secuencia de ácido nucleico de la presente memoria que codifica un polipéptido también describe cada posible variación silenciosa del ácido nucleico. Un experto normal reconocerá que cada codón de un ácido nucleico (excepto AUG, que es normalmente el único codón para metionina; y UGG, que es normalmente el único codón para triptófano) puede ser modificado para rendir una molécula funcionalmente idéntica. Por consiguiente, cada variación silenciosa de un ácido nucleico que codifica un polipéptido de la presente invención está implícita en cada secuencia de polipéptido descrita y se incorpora en la presente memoria como referencia.

En cuanto a las secuencias de aminoácidos, un experto reconocerá que las sustituciones, delecciones o adiciones individuales en un ácido nucleico, péptido, polipéptido; o una secuencia de proteína que altera, añade o suprime un único aminoácido o un pequeño porcentaje de aminoácidos en la secuencia codificada es una “variante modificada conservativamente” donde la alteración da como resultado la sustitución de un aminoácido por un aminoácido químicamente similar. De este modo, se puede alterar cualquier número de restos aminoácido seleccionado del grupo de números enteros que consiste en 1 a 15. De este modo, por ejemplo, se pueden realizar 1, 2, 3, 4, 5, 7, o 10 alteraciones. Las variantes modificadas conservativamente proporcionan típicamente una actividad biológica similar a la de la secuencia de polipéptidos no modificada de la cual derivan. Por ejemplo, la especificidad del sustrato, la actividad enzimática, o la unión ligando/receptor es generalmente al menos un 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, o 90% la de la proteína nativa para su sustrato nativo. Las tablas de sustituciones conservativas que proporcionan aminoácidos funcionalmente similares son bien conocidas en la técnica.

Los siguientes seis grupos contienen cada uno aminoácidos que son sustituciones conservativas entre sí:

- 1) Alanina (A), Serina (S), Treonina (T);
- 2) Ácido aspártico (D), Ácido glutámico (E);
- 3) Asparragina (N), Glutamina (Q);
- 4) Arginina (R), Lisina (K);
- 5) Isoleucina (I), Leucina (L), Metionina (M), Valina (V); y
- 6) Fenilalanina (F), Tirosina (Y), Triptófano (W).

Véase también, Creighton (1.984) *Proteins* W.H. Freeman y Compañía.

Por “que codifica” o “codificado”, con respecto a un ácido nucleico especificado, se quiere significar que comprende la información para la traducción a una proteína especificada. Un ácido nucleico que codifica una proteína puede comprender secuencias no traducidas (p. ej., intrones) en regiones traducidas del ácido nucleico, o puede carecer de tales secuencias no traducidas intermedias (p. ej., como en el ADNc). La información por la cual una proteína es codificada es especificada mediante el uso de codones. Típicamente, la secuencia de aminoácidos es codificada por el ácido nucleico utilizando el código genético “universal”. No obstante, las variantes del código universal, tales como las presentes en algunas mitocondrias de plantas, animales, y hongos, la bacteria *Mycoplasma capricolum* (Proc. Natl. Acad. Sci. (USA), 82: 2306-2309 (1.985)), o el *Macronucleus* ciliado, pueden ser utilizadas cuando el ácido nucleico es expresado utilizando estos organismos.

Cuando se prepara un ácido nucleico o se altera sintéticamente, se puede sacar provecho de las preferencias de codones conocidas del anfitrión pretendido en el que se va a expresar el ácido nucleico. Por ejemplo, aunque las secuencias de ácido nucleico de la presente invención se pueden expresar en especies de plantas tanto monocotiledóneas como dicotiledóneas, se pueden modificar las secuencias para que representen las preferencias de los codones específicos y las preferencias del contenido en GC de monocotiledóneas y dicotiledóneas puesto que se ha demostrado que estas preferencias difieren (Murray *et al.* Nucl. Acids Res. 17: 477-498 (1.989)). De este modo, el codón preferido del

maíz para un aminoácido concreto puede derivar de secuencias de genes conocidos del maíz. El uso de los codones del maíz para los 28 genes de las plantas de maíz se enumeran en la Tabla 4 de Murray *et al.*, *anterior*.

Según se utiliza en la presente memoria “secuencia completa” en referencia a un polinucleótido especificado o su proteína codificada representa la secuencia de aminoácidos completa de una forma nativa (no sintética), endógena, catalíticamente activa de la proteína especificada. Los métodos para determinar si una secuencia es completa son bien conocidos en la técnica incluyendo técnicas ilustrativas como las transferencias northern o western, la prolongación con cebadores, la protección con S1, y la protección con ribonucleasa. Véase, p. ej., Plant Molecular Biology: A Laboratory Manual, Clark, Ed., Springer-Verlag, Berlin (1.997). También se puede utilizar la comparación con secuencias homólogas (ortólogas y/o parálogas) completas para identificar las secuencias completas de la presente invención. Adicionalmente, las secuencias consenso presentes típicamente en las regiones 5' y 3' regiones no traducidas de ARNm ayudan a la identificación de un polinucleótido como completo. Por ejemplo, la secuencia consenso ANNNNAUGG, donde el codón subrayado representa la metionina N-terminal, ayuda a determinar si un polinucleótido tiene el extremo 5' completo. Las secuencias consenso en el extremo 3', tales como las secuencias de poliadenilación, ayudan a determinar si el polinucleótido tiene un extremo 3' completo.

El término “actividad génica” hace referencia a una o más etapas implicadas en la expresión génica, incluyendo la transcripción, traducción, y funcionamiento de la proteína codificada por el gen.

Según se utiliza en la presente memoria, “heterólogo” en referencia a un ácido nucleico es un ácido nucleico que se origina a partir de una especie foránea, o si es de la misma especie, está modificado sustancialmente a partir de su forma nativa en composición y/o locus genómico por medio de la intervención humana deliberada. Por ejemplo, un promotor conectado operablemente a un gen estructural heterólogo es de una especie diferente de aquella de la cual deriva el gen estructural, o, si es de la misma especie, uno o ambos son modificados sustancialmente a partir de su forma original. Una proteína heteróloga se puede originar a partir de una especie foránea o, si es de la misma especie, está modificada sustancialmente a partir de su forma original por la intervención humana deliberada.

Por “célula anfitriona” se quiere significar una célula que contiene un vector y soporta la replicación y/o expresión del vector de expresión. Las células anfitrionas pueden ser células procarióticas tales como *E. coli*, o células eucarióticas tales como células de levadura, insecto, anfibio, o mamífero. Preferiblemente, las células anfitrionas son células de plantas monocotiledóneas o dicotiledóneas. Una célula anfitriona monocotiledónea particularmente preferida es una célula anfitriona de maíz.

El término “complejo de hibridación” incluye la referencia a una estructura de ácido nucleico dúplex formada por dos secuencias de ácido nucleico de hebra sencilla hibridadas entre sí.

Por “condiciones inmunológicamente reactivas” o “condiciones inmunorreactivas” se quiere significar condiciones que permiten que un anticuerpo, generado para un epítipo concreto, se una a ese epítipo en un grado detectablemente mayor (p. ej., al menos 2 veces por encima del fondo) que el anticuerpo se une sustancialmente a todos los demás epítopos en una mezcla de reacción que comprende el epítipo concreto. Las condiciones inmunológicamente reactivas dependen del formato de la reacción de unión al anticuerpos y típicamente son aquellas utilizadas en los protocolos de inmunoanálisis. Véase Harlow y Lane, Antibodies, A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Publications, New York (1.988), para una descripción de los formatos y las condiciones de inmunoanálisis.

El término “introducido” en el contexto de la inserción de un ácido nucleico en una célula, representa “transfección” o “transformación” o “transducción” e incluye la referencia a la incorporación de un ácido nucleico a una célula eucariótica o procariótica en la que el ácido nucleico puede ser incorporado en el genoma de la célula (p. ej., ADN de cromosoma, plásmido, plástido o mitocondria), convertido en un replicón autónomo, o expresado transitoriamente (p. ej., ARNm transfectado).

El término “aislado” hace referencia a un material, tal como un ácido nucleico o una proteína, que está: (1) sustancialmente o esencialmente libre de componentes que normalmente acompañan o interaccionan con él según se encuentra en su entorno natural. El material aislado opcionalmente comprende material que no se encuentra con el material en su entorno natural; o (2) si el material está en su entorno natural, el material ha sido alterado sintéticamente (no naturalmente) mediante la intervención humana deliberada a una composición y/o situado en un lugar en la célula (p. ej., genoma u orgánulo subcelular) no nativo para el material encontrado en el entorno. La alteración para rendir el material sintético se puede realizar en el material en su estado natural o apartado de él. Por ejemplo, un ácido nucleico natural se convierte en un ácido nucleico aislado si se altera, o si es transcrito a partir de ADN que ha sido alterado, mediante métodos no naturales, sintéticos (esto es, “hechos por el hombre”) realizados en la célula a partir de la cual se origina. Véase, p. ej., Compounds and Methods for Site Directed Mutagenesis in Eukaryotic Cells, Kmiec, Patente de los Estados Unidos Núm. 5.565.350; *In Vivo* Homologous Sequence Targeting in Eukaryotic Cells; Zarling *et al.*, PCT/US93/03868. Del mismo modo, un ácido nucleico de origen natural (p. ej., un promotor) se convierte en aislado si es introducido por medios no naturales en un locus del genoma no nativo para ese ácido nucleico. Los ácidos nucleicos que están “aislados” como se define en la presente memoria, también son referidos como ácidos nucleicos “heterólogos”.

A menos que se establezca de otro modo, el término “ácido nucleico de celulosa sintasa” es un ácido nucleico de la presente invención y representa un ácido nucleico que comprende un polinucleótido de la presente invención (un

“polinucleótido de celulosa sintasa”) que codifica un polipéptido de celulosa sintasa. Un “gen de celulosa sintasa” es un gen de la presente invención y hace referencia a una forma genómica no heteróloga de un polinucleótido de celulosa sintasa completo.

- 5 Según se utiliza en la presente memoria, “localizado en la región cromosómica definida por y que incluye” con respecto a marcadores concretos incluye la referencia a una longitud contigua de un cromosoma delimitada por y que incluye los marcadores establecidos.

- 10 Según se utiliza en la presente memoria, “marcador” incluye la referencia a un locus sobre un cromosoma que sirve para identificar una posición única sobre el cromosoma. Un “marcador polimórfico” incluye una referencia a un marcador que aparece en múltiples formas (alelos) de manera que las diferentes formas del marcador, cuando están presentes en un par homólogo, permiten seguir la transmisión de cada uno de los cromosomas en ese par. Un genotipo puede ser definido mediante el uso de uno o una pluralidad de marcadores.

- 15 Según se utiliza en la presente memoria, “ácido nucleico” incluye la referencia a un polímero de desoxirribonucleótido o ribonucleótido en forma de hebra sencilla o doble, y a menos que se limite de otro modo, abarca análogos conocidos que tienen la naturaleza esencial de los nucleótidos naturales ya que hibridan con los ácidos nucleicos de cadena sencilla de una manera similar a los nucleótidos de origen natural (p. ej., ácidos nucleicos peptídicos).

- 20 Por “genoteca de ácido nucleico” se quiere significar una colección de moléculas de ADN o ARN aisladas que comprenden y sustancialmente representan la fracción transcrita completa de un genoma de un organismo especificado. La construcción de genotecas de ácido nucleico ilustrativas, tales como genotecas genómicas y de ADNc, se ilustra en las referencias de biología molecular normalizadas tales como Berger y Kimmel, *Guide to Molecular Cloning Techniques, Methods in Enzymology*, Vol. 152, Academic Press, Inc., San Diego, CA (Berger); Sambrook *et al.*, *Molecular Cloning - A Laboratory Manual*, 2nd ed., Vol. 1-3 (1.989); y *Current Protocols in Molecular Biology*, F.M. Ausubel *et al.*, Eds., Current Protocols, una empresa conjunta entre Greene Publishing Associates, Inc. y John Wiley & Sons, Inc. (Suplemento de 1.994).

- 30 Según se utiliza en la presente memoria “conectado operablemente” incluye una referencia a una conexión funcional entre un promotor y una segunda secuencia, donde la secuencia del promotor inicia y media la transcripción de la secuencia de ADN correspondiente a la segunda secuencia. Generalmente, conectado operablemente significa que las secuencias de ácido nucleico conectadas están contiguas y, cuando sea necesario unir dos regiones codificadoras de proteína, contiguas y en el mismo marco de lectura.

- 35 Según se utiliza en la presente memoria, el término “planta” incluye la referencia a plantas completas, partes u órganos de plantas (p. ej., hojas, tallos, raíces, etc.), células vegetales, semillas y progenie de las mismas. Las células vegetales, según se utiliza en la presente memoria, incluyen sin limitación, células obtenidas de o encontradas en: semillas, cultivos en suspensión, embriones, regiones meristemáticas, tejidos del callo, hojas, raíces, vástagos, gametofitos, esporofitos, polen, y microsporas. También se puede entender que las células vegetales incluyen células modificadas, tales como protoplastos, obtenidos de los tejidos mencionados antes. La clase de plantas que se pueden utilizar en los métodos de la invención es generalmente tan amplia como la clase de plantas superiores susceptibles de técnicas de transformación, incluyendo plantas tanto monocotiledóneas como dicotiledóneas. Las plantas particularmente preferidas incluyen maíz, soja, girasol, sorgo, canola, trigo, alfalfa, algodón, arroz, cebada y mijo.

- 45 Según se utiliza en la presente memoria, “polinucleótido” incluye la referencia a un desoxirribopolinucleótido, ribopolinucleótido, o análogos de los mismos que tienen la naturaleza esencial de un ribonucleótido natural ya que hibridan, en condiciones de hibridación restrictivas, sustancialmente con la misma secuencia de nucleótidos y/o permiten la traducción a los mismos aminoácidos que los nucleótidos de origen natural. Un polinucleótido puede ser completo o una subsecuencia de un gen estructural o regulador nativo o heterólogo. A menos que se indique de otro modo, el término incluye la referencia a la secuencia especificada así como la secuencia complementaria de la misma. De este modo, los ADN o ARN con esqueletos modificados por estabilidad o por otras razones son “polinucleótidos” como pretende el término en la presente memoria. Por otra parte, los ADN o ARN que comprenden bases inusuales, tales como inosina, o bases modificadas, tales como bases tritiladas, por nombrar solo dos ejemplos, son polinucleótidos según se utiliza el término en la presente memoria. Se apreciará que se han realizado una gran variedad de modificaciones para el ADN y el ARN que son útiles para muchos propósitos conocidos por los expertos en la técnica. El término polinucleótido empleado en la presente memoria abarca tales formas de polinucleótidos modificadas químicamente, enzimáticamente o metabólicamente, así como las formas químicas del ADN y ARN características de los virus y células, incluyendo entre otras, las células simples y complejas.

- 60 Los términos “polipéptido”, “péptido” y “proteína” se utilizan indistintamente en la presente memoria para hacer referencia a un polímero de restos aminoácido. Los términos se aplican a polímeros de aminoácidos en los cuales uno o más restos aminoácido son análogos químicos artificiales del correspondiente aminoácido de origen natural, así como polímeros de aminoácidos de origen natural. La naturaleza esencial de tales análogos de los aminoácidos de origen natural es que, cuando se incorporan a una proteína, esa proteína es específicamente reactiva con los anticuerpos obtenidos para la misma proteína pero que consta enteramente de aminoácidos de origen natural. Los términos “polipéptido”, “péptido” y “proteína” también incluyen modificaciones que incluyen, pero no están limitadas a, glicosilación, anclaje de lípidos, sulfación, gamma-carboxilación de restos de ácido glutámico, hidroxilación y ADP-ribosilación. Las modificaciones ilustrativas se describen en los textos más básicos, tales como, *Proteins - Structure*

and Molecular Properties, 2ª ed., T. E. Creighton, W. H. Freeman y Compañía, New York (1.993). Están disponibles muchas revisiones detalladas sobre esta materia, tales como, por ejemplo, las proporcionadas por Wold, F., Post-translational Protein Modifications: Perspectives and Prospects, págs. 1-12 en Posttranslational Covalent Modification of Proteins, B. C. Johnson, Ed., Academic Press, New York (1.983); Seifter *et al.*, Meth. Enzymol. 182: 626-646 (1.990) y Rattan *et al.*, Protein Synthesis: Posttranslational Modifications and Aging, Ann. N. Y. Acad. Sci. 663: 48-62 (1.992). Se apreciará, como es bien sabido y como se ha indicado antes, que los polipéptidos no son siempre completamente lineales. Por ejemplo, los polipéptidos pueden ser ramificados como resultado de la ubiquitinación, y pueden ser circulares, con o sin ramificación, generalmente como resultado de eventos post-traduccionales, incluyendo el evento de maduración natural y los eventos ocasionados por la manipulación humana que no se producen naturalmente. Los polipéptidos circulares, ramificados y circulares ramificados pueden ser sintetizados mediante un procedimiento no natural de traducción y también mediante métodos completamente sintéticos. Las modificaciones se pueden producir en cualquier parte de un polipéptido, incluyendo el esqueleto del péptido, las cadenas laterales de los aminoácidos y los extremos amino y carboxilo. De hecho, el bloqueo del grupo amino o carboxilo de un polipéptido, o de ambos, mediante modificación covalente, es común en los polipéptidos de origen natural y sintéticos y tales modificaciones también pueden estar presentes en los polipéptidos de la presente invención. Por ejemplo, el resto amino terminal de los polipéptidos elaborados en *E. coli* u otras células, antes de la maduración proteolítica, casi invariablemente será N-formilmetionina. Durante la modificación post-traducciona del péptido, se puede suprimir un resto metionina en el extremo NH₂. Por consiguiente, esta invención contempla el uso de variantes que contienen metionina y variantes amino terminales menos metionina de la proteína de la invención. En general, según se utiliza en la presente memoria, el término polipéptido abarca todas estas modificaciones, concretamente aquellas que están presentes en los polipéptidos sintetizados expresando un polinucleótido en una célula anfitriona.

Según se utiliza en la presente memoria “promotor” incluye la referencia a una región de ADN aguas arriba del inicio de la transcripción e implicada en el reconocimiento y la unión de la ARN polimerasa y otras proteínas para iniciar la transcripción. Un “promotor vegetal” es un promotor capaz de iniciar la transcripción en células vegetales. Los promotores vegetales ilustrativos incluyen, pero no están limitados a, aquellos que se obtienen de plantas, virus de plantas, y bacterias, que comprenden genes expresados en células vegetales tales como *Agrobacterium* o *Rhizobium*. Los ejemplos de promotores bajo control evolutivo incluyen promotores que inician preferentemente la transcripción en ciertos tejidos, tales como hojas, raíces, o semillas. Tales promotores son referidos como “preferidos del tejido”. Los promotores que inician la transcripción solamente en cierto tejido son referidos como “específicos del tejido”. Un promotor específico del “tipo de célula” conduce principalmente la expresión en ciertos tipos de células en uno o más órganos, por ejemplo, células vasculares en raíces u hojas. Un “promotor inducible” es un promotor que está bajo el control medioambiental. Los ejemplos de las condiciones medioambientales que pueden tener efecto sobre la transcripción por medio de promotores inducibles incluyen condiciones anaerobias o la presencia de luz. Los promotores específicos del tejido, preferidos del tejido, específicos del tipo celular, e inducibles constituyen la clase de promotores “no constitutivos”. Un promotor “constitutivo” es un promotor que es activo en la mayoría de las condiciones medioambientales.

El término “polipéptido celulosa sintasa” es un polipéptido de la presente invención y hace referencia a una o más secuencias de aminoácidos, en forma glicosilada o no glicosilada. El término también incluye fragmentos, variantes, homólogos, alelos o precursores (p. ej., preproteínas o proproteínas) de los mismos. Una “proteína celulosa sintasa” es una proteína de la presente invención y comprende un polipéptido de celulosa sintasa.

Según se utiliza en la presente memoria “recombinante” incluye la referencia a una célula o vector, que ha sido modificado mediante la introducción de un ácido nucleico heterólogo o aquella célula derivada de una célula modificada de ese modo. Así, por ejemplo, las células recombinantes expresan genes que no se encuentran en una forma idéntica en la forma nativa (no recombinante) de la célula o expresan genes nativos que son expresados de otro modo anómalamente, expresados a la baja o no expresados en absoluto como resultado de la intervención humana deliberada. El término “recombinante” según se utiliza en la presente memoria no abarca la alteración de la célula o vector por medio de eventos de origen natural (p. ej., mutación espontánea, transformación/transducción/transposición natural) tales como los que se producen sin la intervención humana deliberada.

Según se utiliza en la presente memoria, una “casete de expresión recombinante” es un constructo de ácido nucleico, generado recombinantemente o sintéticamente, con una serie de elementos de ácido nucleico especificados que permiten la transcripción de un ácido nucleico concreto en una célula anfitriona. La casete de expresión recombinante puede ser incorporada en un ADN plasmídico, cromosómico, mitocondrial, ADN de plástido, virus, o fragmento de ácido nucleico. Típicamente, la porción de la casete de expresión recombinante de un vector de expresión incluye, entre otras secuencias, el ácido nucleico que se va a transcribir, y un promotor.

El término “resto” o “resto aminoácido” o “aminoácido” se utiliza indistintamente en la presente memoria para hacer referencia a un aminoácido que es incorporado a una proteína, polipéptido, o péptido (colectivamente “proteína”). El aminoácido puede ser un aminoácido de origen natural y, a menos que se limite de otro modo, puede abarcar análogos conocidos de aminoácidos naturales que pueden funcionar de una manera similar a los aminoácidos de origen natural.

El término “hibrida selectivamente” incluye la referencia a la hibridación, en condiciones de hibridación restrictivas, de una secuencia de ácido nucleico con una secuencia diana de ácido nucleico especificada en un grado detectablemente mayor (p. ej., al menos 2 veces sobre el fondo) que su hibridación con secuencias de ácido nucleico no

diana y con la exclusión sustancial de ácidos nucleicos no diana. Las secuencias que hibridan selectivamente tienen típicamente aproximadamente una identidad de secuencia del 80%, preferiblemente una identidad de secuencia del 90%, y muy preferiblemente una identidad de secuencia del 100% (esto es, complementarias) entre sí.

- 5 El término “reactivo específicamente”, incluye la referencia a una reacción de unión entre un anticuerpo y una proteína que tiene un epítipo reconocido por el sitio de unión al antígeno del anticuerpo. Esta reacción de unión es determinante de la presencia de una proteína que tiene el epítipo reconocido entre la presencia de una población heterogénea de proteínas y otros agentes biológicos. De este modo, en las condiciones del inmunoanálisis diseñado, los anticuerpos especificados se unen a un analito que tiene el epítipo reconocido en un grado sustancialmente mayor
10 (p. ej., al menos 2 veces sobre el fondo) que sustancialmente todos los demás analitos que carecen del epítipo que están presentes en la muestra.

- Los términos “condiciones restrictivas” o “condiciones de hibridación restrictivas” incluyen la referencia a condiciones en las cuales una sonda hibridará con su secuencia diana, en un grado detectablemente mayor que otras
15 secuencias (p. ej., al menos 2 veces por encima del fondo). Las condiciones restrictivas dependen de la secuencia y serán diferentes en las diferentes circunstancias. Controlando la restricción de las condiciones de hibridación y/o lavado, se pueden identificar secuencias diana que son complementarias en un 100% a la sonda (sondeo de homólogos). Alternativamente, se pueden ajustar las condiciones restrictivas para permitir cierto emparejamiento erróneo en las secuencias de manera que se detecten grados de similitud más bajos (sondeo de heterólogos). Generalmente, una
20 sonda tiene una longitud de menos de aproximadamente 1.000 nucleótidos, preferiblemente una longitud de menos de 500 nucleótidos.

- Típicamente, las condiciones restrictivas serán aquellas en las cuales la concentración de sal es menor de aproximadamente 1,5 M de iones Na, típicamente aproximadamente una concentración de iones Na de aproximadamente 0,01 a 1,0 M (u otras sales) a un pH de 7,0 a 8,3 y la temperatura es de al menos aproximadamente 30°C para sondas cortas (p. ej., 10 a 50 nucleótidos) y al menos aproximadamente 60°C para sondas largas (p. ej., más de 50 nucleótidos). Las condiciones restrictivas también se pueden lograr con la adición de agentes desestabilizantes tales como formamida. Las condiciones poco restrictivas ilustrativas incluyen la hibridación con una solución tampón de formamida del 30 al 35%, NaCl 1 M, SDS al 1% (dodecilsulfato de sodio) a 37°C, y un lavado en 1X a 2X SSC
30 (20X SSC = NaCl 3,0 M/citrato trisódico 0,3 M) de 50 a 55°C. Las condiciones restrictivas moderadas ilustrativas incluyen hibridación en formamida del 40 al 45 %, NaCl 1 M, SDS al 1% a 37°C, y un lavado en 0,5X a 1X SSC de 55 a 60°C. Las condiciones muy restrictivas ilustrativas incluyen hibridación en formamida al 50%, NaCl 1 M, SDS al 1% a 37°C, y un lavado en 0,1 X SSC de 60 a 65°C.

- La especificidad es típicamente función de los lavados post-hibridación, siendo los factores críticos la fuerza iónica y la temperatura de la solución de lavado final. Para los híbridos de ADN-ADN, la T_m se puede aproximar a partir de la ecuación de Meinkoth y Wahl, Anal. Biochem., 138:267-284 (1.984): $T_m = 81,5^\circ\text{C} + 16,6 (\log M) + 0,41 (\%GC) - 0,61 (\% \text{ form}) - 500/L$; donde M es la molaridad de los cationes monovalentes, %GC es el porcentaje de nucleótidos de guanosina y citosina en el ADN, % form es el porcentaje de formamida en la solución de hibridación, y L es la longitud del híbrido en pares de bases. La T_m es la temperatura (a la fuerza iónica y el pH definidos) a la cual el 50% de la secuencia diana complementaria hibrida con una sonda perfectamente emparejada. La T_m se reduce aproximadamente 1°C por cada 1% de emparejamiento erróneo; así, la T_m , la hibridación y/o las condiciones de lavado se pueden ajustar para hibridar con secuencias de la identidad deseada. Por ejemplo, si se buscan secuencias con una identidad de $\geq 90\%$, la T_m puede disminuir 10°C. Generalmente, las condiciones restrictivas se seleccionan
45 para que sean aproximadamente 5°C más bajas que el punto de fusión térmico (T_m) para la secuencia específica y su complemento a una fuerza iónica y un pH definidos. No obstante, las condiciones muy restrictivas pueden utilizar una hibridación y/o lavado a 1, 2, 3, o 4°C más bajo que el punto de fusión térmico (T_m); las condiciones moderadamente restrictivas pueden utilizar una hibridación y/o lavado a 6, 7, 8, 9, o 10°C más bajo que el punto de fusión térmico (T_m); las condiciones poco restrictivas pueden utilizar una hibridación y/o lavado a 11, 12, 13, 14, 15, o 20°C más bajo que el punto de fusión térmico (T_m). Utilizando la ecuación, la hibridación y las composiciones de lavado, y la T_m deseada, aquellos expertos normales comprenderán que se describen inherentemente variaciones en la restricción de la hibridación y/o las soluciones de lavado. Si el grado de emparejamiento erróneo deseado da como resultado una T_m de menos de 45°C (solución acuosa) o 32°C (solución en formamida) se prefiere incrementar la concentración de SSC de manera que se pueda utilizar una temperatura más alta. Una guía extensa para la hibridación de ácidos
50 nucleicos se encuentra en Tijssen, Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology—Hybridization with Nucleic acid Probes, Parte I, Capítulo 2 “Overview of principles of hybridization and the strategy of nucleic acid probe assays”, Elsevier, New York (1.993); y Current Protocols in Molecular Biology, Capítulo 2, Ausubel, *et al.*, Eds., Greene Publishing and Wiley-Interscience, New York (1.995).

- Según se utiliza en la presente memoria, “planta transgénica” incluye la referencia a una planta que comprende en su genoma un polinucleótido heterólogo. Generalmente, el polinucleótido heterólogo está integrado establemente en el genoma de manera que el polinucleótido pasa a las generaciones sucesivas. El polinucleótido heterólogo puede estar integrado en el genoma solo o como parte de un casete de expresión recombinante. “Transgénico” se utiliza en la presente memoria para incluir cualquier célula, línea celular, callo, tejido, parte vegetal o planta, cuyo genotipo ha sido alterado por la presencia de ácido nucleico heterólogo incluyendo aquellos transgénicos alterados inicialmente así
65 como aquellos creados por cruces sexuales o propagación asexual a partir del transgénico inicial. El término “transgénico” según se utiliza en la presente memoria no abarca la alteración del genoma (cromosómico o extracromosómico) mediante métodos de cría vegetal convencionales o mediante eventos de origen natural tales como fertilización cruzada

al azar, infección viral no recombinante, transformación bacteriana no recombinante, transposición no recombinante o mutación espontánea.

Según se utiliza en la presente memoria, “vector” incluye la referencia a un ácido nucleico utilizado en la transfección de una célula anfitriona y en el cual se puede insertar un polinucleótido. Los vectores a menudo son replicones. Los vectores de expresión permiten la transcripción de un ácido nucleico insertado allí.

Los siguientes términos se utilizan para describir las relaciones de las secuencias entre uno o más ácidos nucleicos o polinucleótidos: (a) “secuencia de referencia”, (b) “ventana de comparación”, (c) “identidad de secuencia”, (d) “porcentaje de identidad de la secuencia”, y (e) “identidad sustancial”.

(a) Según se utiliza en la presente memoria, “secuencia de referencia” es una secuencia definida utilizada como base para la comparación de las secuencias. Una secuencia de referencia puede ser un subgrupo o la totalidad de una secuencia especificada; por ejemplo, en forma de un segmento de un ADN completo o una secuencia génica, o el ADNc o la secuencia génica completos.

(b) Según se utiliza en la presente memoria, “ventana de comparación” incluye la referencia a un segmento contiguo y especificado de una secuencia de polinucleótidos, donde la secuencia de polinucleótidos se puede comparar con una secuencia de referencia y donde la porción de la secuencia de polinucleótidos en la ventana de comparación puede comprender adiciones o deleciones (esto es, espacios) en comparación con la secuencia de referencia (que no comprende adiciones o deleciones) para el alineamiento óptimo de las dos secuencias. Generalmente, la ventana de comparación tiene una longitud de al menos 20 nucleótidos contiguos, y opcionalmente puede tener 30, 40, 50, 100, o más. Los expertos en la técnica comprenden que para evitar una elevada similitud con una secuencia de referencia debido a la inclusión de espacios en la secuencia de polinucleótidos se introduce típicamente una penalidad de espacios y se resta del número de emparejamientos. Los métodos de alineamiento de secuencias son bien conocidos en la técnica. El alineamiento óptimo de las secuencias para su comparación se puede llevar a cabo mediante el algoritmo de la homología local de Smith y Waterman, *Adv. Appl. Math.* 2: 482 (1.981); mediante el algoritmo del alineamiento por homología de Needleman y Wunsch, *J. Mol. Biol.* 48: 443 (1.970); mediante la búsqueda de similitud por el método de Pearson y Lipman, *Proc. Natl. Acad. Sci.* 85: 2444 (1.988); mediante implementaciones computarizadas de estos algoritmos, incluyendo, pero no limitadas a: CLUSTAL en el programa PC/Gene de Intelligenetics, Mountain View, California, GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA, y TFASTA en el Wisconsin Genetics Software Package, Genetics Computer Group (GCG), 575 Science Dr., Madison, Wisconsin, USA; el programa CLUSTAL está bien descrito por Higgins y Sharp, *Gene* 73: 237-244 (1.988); Higgins y Sharp, *CABIOS* 5: 151-153 (1.989); Corpet, *et al.*, *Nucleic Acids Research* 16: 10881-90 (1.988); Huang, *et al.*, *Computer Applications in the Biosciences* 8: 155-65 (1.992), y Pearson, *et al.*, *Methods in Molecular Biology* 24: 307-331 (1.994). La familia de programas BLAST que se puede utilizar para las búsquedas de similitud en las bases de datos incluye: BLASTN para secuencias de nucleótidos interrogantes frente a las secuencias de las bases de datos de nucleótidos; BLASTX para secuencias interrogantes de nucleótidos frente a secuencias de las bases de datos de proteínas; BLASTP para secuencias interrogantes de proteínas frente a las secuencias de las bases de datos de proteínas; TBLASTN para las secuencias interrogantes de proteínas frente a las secuencias de las bases de datos de nucleótidos; y TBLASTX para secuencias interrogantes de nucleótidos frente a las secuencias de las bases de datos de nucleótidos. Véase, *Current Protocols in Molecular Biology*, Chapter 19, Ausubel, *et al.*, Eds., Greene Publishing y Wiley-Interscience, New York (1.995).

A menos que se establezca de otro modo, los valores de identidad/similitud de la secuencia proporcionados en la presente memoria hacen referencia al valor obtenido utilizando la serie de programas BLAST 2.0 utilizando los parámetros por defecto. Altschul *et al.*, *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402 (1.997). El soporte lógico para realizar los análisis BLAST se encuentra disponible al público, p. ej., a través del National Center for Biotechnology Information (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Este algoritmo implica identificar primero los pares de secuencias de puntuación elevada (HSP) identificando las palabras cortas de longitud W en la secuencia interrogante, que coinciden o satisfacen una puntuación T umbral valorada como algo positiva cuando se alinean con una palabra de la misma longitud en la secuencia de la base de datos. T es referida umbral de puntuación de la palabra vecina (Altschul *et al.*, *supra*). Estas palabras comunes vecinas iniciales actúan como semillas para iniciar búsquedas para encontrar los HSP más largos que los contienen. Las palabras comunes se extienden después en ambas direcciones a lo largo de cada secuencia en tanto que la puntuación acumulativa del alineamiento pueda ser incrementada. Las puntuaciones acumulativas se calculan utilizando, para las secuencias de nucleótidos, los parámetros M (puntuación recompensa para un par de restos pareados; siempre > 0) y N (puntuación penalidad para restos pareados erróneamente; siempre < 0). Para las secuencias de aminoácidos, se utiliza una matriz de puntuación para calcular la puntuación acumulativa. La extensión de las palabras comunes (“word hits”) en cada una de las direcciones se detiene cuando: la puntuación del alineamiento acumulativo cae en una cantidad X desde su máximo valor alcanzado; la puntuación acumulativa tiende a cero o menos, debido a la acumulación de uno o más alineamientos de restos de puntuación negativa; o se alcanza el final de cualquier secuencia. Los parámetros del algoritmo BLAST W, T, y X determinan la sensibilidad y la velocidad del alineamiento. El programa BLASTN (para las secuencias de nucleótidos) utiliza como defecto un tamaño de palabra (W) de 11, una expectativa (E) de 10, un corte de 100, M=5, N=-4, y una comparación de ambas hebras. Para

las secuencias de aminoácidos, el programa BLASTP utiliza como defecto un tamaño de palabra (W) de 3, una expectativa (E) de 10, y la matriz de puntuación BLOSUM62 (véase Henikoff & Henikoff (1.989) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:10915).

Además de calcular el porcentaje de identidad de la secuencia, el algoritmo BLAST también realiza un análisis estadístico de la similitud entre dos secuencias (véase, p. ej., Karlin & Altschul, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:5873-5787 (1.993)). Una medida de similitud proporcionada por el algoritmo BLAST es la probabilidad de la suma más pequeña (P(N)), que proporciona una indicación de la probabilidad por la cual un emparejamiento entre dos secuencias de nucleótidos o aminoácidos se produciría por casualidad.

Las búsquedas BLAST suponen que las proteínas pueden ser modeladas como secuencias al azar. No obstante, muchas proteínas reales comprenden zonas de secuencias no al azar que pueden ser regiones homopoliméricas, repeticiones de periodo corto, o regiones enriquecidas en uno o más aminoácidos. Tales regiones de baja complejidad se pueden alinear entre proteínas no relacionadas incluso aunque otras regiones de la proteína sean totalmente distintas. Se pueden emplear numerosos programas de filtro de baja complejidad para reducir tales alineamientos de baja complejidad. Por ejemplo, se pueden emplear los filtros de baja complejidad SEG (Wooten y Federhen, Comput. Chem., 17:149-163 (1.993)) y XNU (Claverie y States, Comput. Chem., 17:191-201 (1.993)) solos o combinados.

(c) Según se utiliza en la presente memoria, “identidad de secuencia” o “identidad” en el contexto de dos secuencias de ácido nucleico o polipéptido incluye la referencia a los restos de las dos secuencias que son los mismos cuando se alinean para una máxima correspondencia a lo largo de una ventana de comparación especificada. Cuando el porcentaje de identidad de secuencia se utiliza en referencia a proteínas se reconoce que las posiciones de los restos que no son idénticos a menudo difieren por sustituciones de aminoácidos conservativas, donde los restos aminoácido son sustituidos por otros restos aminoácido con propiedades químicas similares (p. ej. carga o carácter hidrófobo) y por lo tanto no cambian las propiedades funcionales de la molécula. Cuando las secuencias difieren en sustituciones conservativas, el porcentaje de identidad de la secuencia se puede ajustar al alza para corregir la naturaleza conservativa de la sustitución. Las secuencias que difieren en tales sustituciones conservativas se dice que tienen “similitud de secuencia” o “similitud”. Los medios para realizar este ajuste son bien conocidos por los expertos en la técnica. Típicamente esto implica puntuar una sustitución conservativa como un emparejamiento erróneo parcial en lugar de total. De este modo, por ejemplo, cuando se da una puntuación de 1 a un aminoácido idéntico y se da una puntuación de cero a una sustitución no conservativa, se da una puntuación entre cero y 1 a una sustitución conservativa. La puntuación de las sustituciones conservativas se calcula, por ejemplo, según el algoritmo de Meyers y Miller, Computer Applic. Biol. Sci., 4: 11-17 (1.988) p. ej., implementado en el programa PC/GENE (Intelligenetics, Mountain View, California, USA).

(d) Según se utiliza en la presente memoria, “porcentaje de identidad de secuencia” representa el valor determinado comparando dos secuencias alienadas óptimamente a lo largo de una ventana de comparación, donde la porción de la secuencia de polinucleótidos de la ventana de comparación puede comprender adiciones o deleciones (esto es, espacios) en comparación con la secuencia de referencia (que no comprende adiciones o deleciones) para un alineamiento óptimo de las dos secuencias. El porcentaje se calcula determinando el número de posiciones en las cuales la base de ácido nucleico o el resto aminoácido idéntico existe en ambas secuencias para rendir el número de posiciones emparejadas, dividiendo el número de posiciones emparejadas por el número total de posiciones de la ventana de comparación y multiplicando el resultado por 100 para dar el porcentaje de identidad de la secuencia.

(e) (i) El término “identidad sustancial” de las secuencias de polinucleótidos significa que un polinucleótido comprende una secuencia que tiene una identidad de secuencia de al menos 70%, preferiblemente al menos 80%, más preferiblemente al menos 90% y muy preferiblemente al menos 95%, en comparación con una secuencia de referencia utilizando uno de los programas de alineamiento descritos utilizando parámetros normalizados. Un experto reconocerá que estos valores se pueden ajustar apropiadamente para determinar la correspondiente identidad de las proteínas codificadas por dos secuencias de nucleótidos tomando en consideración la degeneración de codones, la similitud de los aminoácidos, la situación del marco de lectura y similares. La identidad sustancial de las secuencias de aminoácidos para estos fines representa normalmente una identidad de secuencia de al menos 60%, más preferiblemente al menos 70%, 80%, 90%, y muy preferiblemente al menos 95%.

Otra indicación de que las secuencias de nucleótidos son sustancialmente idénticas es que las dos moléculas hibridan entre sí en condiciones restrictivas. No obstante, los ácidos nucleicos que no hibridan entre sí en condiciones restrictivas todavía son sustancialmente idénticos si los polipéptidos que codifican son sustancialmente idénticos. Esto puede ocurrir, p. ej., cuando se crea una copia de un ácido nucleico utilizando la máxima degeneración de codones permitida por el código genético. Una indicación de que dos secuencias de ácido nucleico son sustancialmente idénticas es que el polipéptido que codifica el primer ácido nucleico presenta una reacción inmunológica cruzada con el polipéptido codificado por el segundo ácido nucleico.

- (e) (ii) El término “identidad sustancial” en el contexto de un péptido indica que un péptido comprende una secuencia con una identidad de secuencia de al menos 70% con respecto a una secuencia de referencia, preferiblemente 80%, más preferiblemente 85%, muy preferiblemente una identidad de secuencia de al menos 90% o 95% con respecto a la secuencia de referencia a lo largo de una ventana de comparación especificada. Preferiblemente, el alineamiento óptimo se lleva a cabo utilizando el algoritmo de alineamiento por homología de Needleman y Wunsch, J. Mol. Biol. 48: 443 (1.970). Una indicación de que dos secuencias peptídicas son sustancialmente idénticas es que un péptido es inmunológicamente reactivo con los anticuerpos originados contra el segundo péptido. De este modo, un péptido es sustancialmente idéntico a un segundo péptido, por ejemplo, donde los dos péptidos difieren solamente por una sustitución conservativa. Los péptidos que son “sustancialmente similares” comparten secuencias como se ha indicado antes excepto que las posiciones de los restos que no son idénticos pueden diferir por cambios de aminoácidos conservativos.

Descripción detallada de la invención

Visión global

La presente invención proporciona, entre otras cosas, composiciones y métodos para modular (esto es, aumentar o disminuir) el nivel de polipéptidos de la presente invención en las plantas. En particular, los polipéptidos de la presente invención se pueden expresar en fases del desarrollo, en tejidos, y/o en cantidades que no son características de las plantas no diseñadas recombinantemente. De este modo, la presente invención proporciona utilidad en tales aplicaciones ejemplares como mejora de la calidad del tallo para un mejor sostenimiento o ensilaje. Adicionalmente, la presente invención proporciona una concentración incrementada de celulosa en el pericarpo; endurecimiento de la almendra y de este modo mejora de su capacidad de manipulación.

Los ácidos nucleicos aislados que comprenden polinucleótidos de suficiente longitud y complementariedad con un gen de la presente invención se pueden utilizar como sondas o cebadores de amplificación en la detección, cuantificación, o aislamiento de transcritos génicos. Por ejemplo, los ácidos nucleicos aislados de la presente invención se pueden utilizar como sondas en la detección de deficiencias a nivel de ARNm en los escrutinios para plantas transgénicas deseadas, para detectar mutaciones en el gen (p. ej., sustituciones, delecciones, o adiciones), para controlar la regulación al alza de la expresión o los cambios de actividad enzimática en los análisis de escrutinio de compuestos, para la detección de cualquier número de variantes alélicas (polimorfismos) del gen, o para su uso como marcadores moleculares en los programas de cría de plantas. Los ácidos nucleicos aislados de la presente invención también se pueden utilizar para la expresión recombinante de sus polipéptidos codificados, o para su uso como inmunógenos en la preparación y/o escrutinio de anticuerpos. Los ácidos nucleicos aislados de la presente invención también se pueden emplear para su uso en la supresión sentido o antisentido de uno o más genes de la presente invención en una célula anfitriona, tejido o planta. El anclaje de agentes químicos que se unen, intercalan, escinden y/o entrecruzan con los ácidos nucleicos aislados de la presente invención se puede utilizar también para modular la transcripción o la traducción.

La presente invención también proporciona proteínas aisladas que comprenden un polipéptido de la presente invención (p. ej., preproenzima, proenzima, o enzimas). La presente invención también proporciona proteínas que comprenden al menos un epítipo de un polipéptido de la presente invención. Las proteínas de la presente invención se pueden emplear en análisis para agonistas o antagonistas de la función de una enzima, o para su uso como inmunógenos o antígenos para obtener anticuerpos específicamente inmunorreactivos con una proteína de la presente invención. Tales anticuerpos se pueden utilizar en análisis de los niveles de expresión, para identificar y/o aislar ácidos nucleicos de la presente invención de genotecas de expresión, o para la purificación de polipéptidos de la presente invención.

Los ácidos nucleicos y proteínas aislados de la presente invención se pueden utilizar sobre de una amplia gama de tipos de plantas, concretamente monocotiledóneas tales como las especies de la Familia *Gramíneas* incluyendo *Sorghum bicolor* y *Zea mays*. El ácido nucleico y las proteínas aislados de la presente invención también se pueden utilizar en especies de los géneros: *Cucurbita*, *Rosa*, *Vitis*, *Juglans*, *Fragaria*, *Lotus*, *Medicago*, *Onobrychis*, *Trifolium*, *Trigonella*, *Vigna*, *Citrus*, *Linum*, *Geranium*, *Manihot*, *Daucus*, *Arabidopsis*, *Brassica*, *Raphanus*, *Sinapis*, *Atropa*, *Capsicum*, *Datura*, *Hyoscyamus*, *Lycopersicon*, *Nicotiana*, *Solanum*, *Petunia*, *Digitalis*, *Majorana*, *Ciahorium*, *Helianthus*, *Lactuca*, *Bromus*, *Asparagus*, *Antirrhinum*, *Heterocallis*, *Nemesis*, *Pelargonium*, *Panieum*, *Pennisetum*, *Ranunculus*, *Senecio*, *Salpiglossis*, *Cucumis*, *Browaalia*, *Glycine*, *Pisum*, *Phaseolus*, *Lolium*, *Oryza*, *Avena*, *Hordeum*, *Secale*, *Triticum*, *Bambusa*, *Dendrocalamus*, y *Melocanna*.

Ácidos nucleicos

La presente invención proporciona, entre otros, ácidos nucleicos aislados de ARN, ADN, y análogos y/o quimeras de los mismos, que comprenden un polinucleótido de la presente invención.

Un polinucleótido de la presente invención incluye:

- (a) un polinucleótido que codifica un polipéptido de los SEQ ID NOS: 6, 10, o 26 y las variantes modificadas conservativamente y polimórficas del mismo, incluyendo los polinucleótidos ilustrativos de los SEQ ID NOS: 5, 9 o 25.

A. Polinucleótidos que Codifican un Polipéptido de la presente invención o Variantes Modificadas Conservativamente o Polimórficas de los Mismos

Como se ha indicado en el apartado (a) anterior, la presente invención proporciona ácidos nucleicos aislados que comprenden un polinucleótido de la presente invención, donde el polinucleótido codifica un polipéptido de la presente invención, o variantes modificadas conservativamente o polimórficas del mismo. Los expertos en la técnica reconocerán que la degeneración del código genético permite que una pluralidad de polinucleótidos codifiquen la secuencia de aminoácidos idéntica. Tales “variaciones silenciosas” se pueden utilizar, por ejemplo, para hibridar selectivamente y detectar las variantes alélicas de los polinucleótidos de la presente invención. Por consiguiente, la presente invención incluye polinucleótidos de los SEQ ID NOS: 5, 9, y 25, y las variaciones silenciosas de los polinucleótidos que codifican un polipéptido de los SEQ ID NOS: 6, 10 y 26. La presente invención proporciona adicionalmente ácidos nucleicos aislados que comprende polinucleótidos que codifican variantes modificadas conservativamente de un polipéptido de los SEQ ID NOS: 6, 10 y 26. Adicionalmente, la presente invención proporciona nuevamente ácidos nucleicos aislados que comprenden polinucleótidos que codifican una o más variantes polimórficas (alélicas) de los polipéptidos/polinucleótidos. Las variantes polimórficas se utilizan frecuentemente para seguir la segregación de las regiones cromosómicas, por ejemplo, en los métodos de selección ayudados por marcadores para la mejora de las cosechas.

B. Polinucleótidos Amplificados a partir de una Genoteca de Ácido Nucleico de Zea mays

Los polinucleótidos de la presente invención pueden ser amplificados a partir de una genoteca de ácido nucleico de *Zea mays*, como lo pueden las secuencias adicionales. Las líneas B73, PHRE1, A632, BMS-P2#10, W23, y Mo17 de *Zea mays* son conocidas y están disponibles para el público. Se pueden obtener otras líneas de maíz conocidas públicamente y asequibles de la Maize Genetics Cooperation (Urbana, IL). La genoteca de ácido nucleico puede ser una genoteca de ADNc, una genoteca genómica, o una genoteca construida generalmente a partir de transcritos nucleares en cualquier fase de procesamiento del intrón. Las genotecas de ADNc se pueden normalizar para aumentar la representación de los ADNc relativamente raros. En las realizaciones opcionales, la genoteca de ADNc se construye utilizando un método de síntesis de ADNc completo. Los ejemplos de tales métodos incluyen la Protección Terminal con Oligos (“Oligo-Capping”) (Maruyama, K. y Sugano, S. Gene 138: 171-174, 1.994), Trampa de CAP Biotinilado (“Biotinylated CAP Trapper”) (Carninci, P., Kvan, C., *et al.* Genomics 37: 327-336, 1.996), y Procedimiento de Retención de CAP (“CAP Retention Procedure”) (Edery, E., Chu, L.L., *et al.* Molecular y Cellular Biology 15: 3363-3371, 1.995). La síntesis de ADNc a menudo es catalizada a 50-55°C para evitar la formación de una estructura secundaria de ARN. Los ejemplos de las transcriptasas inversas que son relativamente estables a estas temperaturas son SuperScript II Reverse Transcriptase (Life Technologies, Inc.), AMV Reverse Transcriptase (Boehringer Mannheim) y RetroAmp Reverse Transcriptase (Epicentre). Los tejidos que crecen rápidamente, o las células que se dividen rápidamente se utilizan preferiblemente como fuentes de ARNm tales como las de los internodos de elongación de las plantas de maíz.

Los polinucleótidos pueden ser amplificados utilizando los siguientes pares de cebadores:

SEQ ID NOS: 3 y 4 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 1;

SEQ ID NOS: 7 y 8 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 5 de la invención, y

SEQ ID NOS: 11 y 12 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 9 de la invención.

SEQ ID NOS: 15 y 16 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 13.

SEQ ID NOS: 19 y 20 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 17;

SEQ ID NOS: 23 y 24 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 21;

SEQ ID NOS: 27 y 28 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 25 de la invención.

SEQ ID NOS: 31 y 32 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 29.

SEQ ID NOS: 35 y 36 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 33;

SEQ ID NOS: 39 y 40 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 37; y

SEQ ID NOS: 43 y 44 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 41.

SEQ ID NOS: 47 y 48 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 45.

SEQ ID NOS: 51 y 52 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 49;

SEQ ID NOS: 55 y 56 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 53; y

SEQ ID NOS: 59 y 60 que producen un amplicón que comprende una secuencia que tiene identidad sustancial con el SEQ ID NO: 57.

La presente invención también hace referencia a subsecuencias de los polinucleótidos de la presente invención. Se puede obtener una variedad de subsecuencias utilizando los cebadores que hibridan selectivamente en condiciones restrictivas con al menos dos sitios de un polinucleótido de la presente invención, o con dos sitios del ácido nucleico que limitan y comprenden un polinucleótido de la presente invención, o con un sitio de un polinucleótido de la presente invención y un sitio del ácido nucleico que lo comprende. Los cebadores se escogen para que hibriden selectivamente, en condiciones de hibridación restrictivas, con un polinucleótido de la presente invención. Generalmente, los cebadores son complementarios a una subsecuencia del ácido nucleico diana que amplifican. Como los expertos en la técnica apreciarán, los sitios en los cuales hibridarán selectivamente los pares de cebadores se seleccionan de manera que se pueda formar un único ácido nucleico contiguo en las condiciones de amplificación deseadas.

Se pueden construir cebadores de manera que hibriden selectivamente en condiciones restrictivas con una secuencia (o su complemento) en el ácido nucleico diana que comprende el codón que codifica el resto carboxi o amino terminal (esto es, la región codificadora 3' terminal y la región codificadora 5' terminal, respectivamente) de los polinucleótidos de la presente invención. Opcionalmente, los cebadores se construirán para que hibriden selectivamente de manera completa dentro de la región codificadora del polinucleótido diana de la presente invención de manera que el producto de amplificación de una diana de ADNc consista en la región codificadora de ese ADNc. La longitud del cebador en nucleótidos se selecciona del grupo que consiste en al menos 15 a 50. De este modo, los cebadores pueden tener al menos 15, 18, 20, 25, 30, 40, o 50 nucleótidos de longitud. Los expertos reconocerán que se puede emplear la secuencia del cebador alargada para incrementar la especificidad de la unión (esto es, asociación) a una secuencia diana. Se puede añadir una secuencia no asociada en el extremo 5' (una "cola"), por ejemplo, para introducir un sitio de clonación en los extremos terminales del amplicón.

Los productos de la amplificación se pueden traducir utilizando sistemas de expresión bien conocidos por los expertos en la técnica y como se discute, más abajo. Los productos resultantes de la traducción se pueden confirmar como polipéptidos de la presente invención analizando, por ejemplo, la actividad catalítica apropiada (p. ej., actividad específica y/o especificidad de sustrato), o verificando la presencia de uno o más epítomos lineales que son específicos para un polipéptido de la presente invención. Los métodos para la síntesis de proteínas a partir de moldes derivados por PCR son conocidos en la técnica y se encuentran disponibles en el mercado. Véase, p. ej., Amersham Life Sciences, Inc, Catálogo '97, pág.354.

Los métodos para obtener extremos 5' y/o 3' de un inserto vector son bien conocidos en la técnica. Véase, p. ej., RACE (Amplificación Rápida de Extremos Complementarios) como describe Frohman, M. A., en PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications, M. A. Innis, D. H. Gelfand, J. J. Sninsky, T. J. White, Eds. (Academic Press, Inc., San Diego, 1990), págs. 28-38.); véase también, la Patente de los Estados Unidos Núm. 5.470.722, y Current Protocols in Molecular Biology, Unit 15.6, Ausubel, *et al.*, Eds., Greene Publishing y Wiley-Interscience, New York (1995); Frohman y Martin, Techniques 1:165 (1989).

C. Polinucleótidos que Hibridan Selectivamente con un Polinucleótido de (A) o (B)

La presente invención también hace referencia a ácidos nucleicos aislados que comprenden los polinucleótidos de la presente invención, donde los polinucleótidos hibridan selectivamente, en condiciones de hibridación selectivas, con un polinucleótido de los párrafos (A) o (B) como se ha mencionado antes, más arriba. Tales polinucleótidos pueden ser utilizados para aislar, detectar, y/o cuantificar ácidos nucleicos que comprenden los polinucleótidos de la invención de (A) o (B). Por ejemplo, tales polinucleótidos se pueden utilizar para identificar, aislar, o amplificar clones parciales o completos en una genoteca depositada. Tales polinucleótidos pueden ser secuencias genómicas o de ADNc aisladas o complementarias de otro modo a un ADNc de una genoteca de ácido nucleico de dicotiledónea o monocotiledónea. Las especies ilustrativas de monocotiledóneas y dicotiledóneas incluyen, pero no están limitadas a: maíz, canola, soja, algodón, trigo, sorgo, girasol, avenas, caña de azúcar, mijo, cebada, y arroz. Opcionalmente, la genoteca de ADNc comprende al menos 80% de secuencias completas, preferiblemente al menos 85% o 90% de secuencias completas, y más preferiblemente al menos 95% de secuencias completas. Las genotecas de ADNc se pueden normalizar para incrementar la representación de secuencias raras. Típicamente, pero no exclusivamente, se emplean condiciones de hibridación poco restrictivas con las secuencias que tienen una identidad de secuencia relativamente reducida con las secuencias complementarias. Opcionalmente se pueden emplear condiciones moderadamente o altamente restrictivas

para las secuencias de mayor identidad. Las condiciones poco restrictivas permiten la hibridación selectiva de secuencias que tienen una identidad de secuencia de aproximadamente 70% y se pueden emplear para identificar secuencias ortólogas y parálogas.

5 E. *Polinucleótidos que Codifican una Proteína que tiene una Subsecuencia de un Polipéptido Prototipo y Presenta Reacción Cruzada con el Polipéptido Prototipo*

La presente invención también hace referencia a ácidos nucleicos aislados que comprenden los polinucleótidos de la presente invención, donde los polinucleótidos codifican una proteína que tiene una subsecuencia de aminoácidos contiguos de un polipéptido prototipo de la presente invención tales como los proporcionados en (a), antes. La longitud de aminoácidos contiguos del polipéptido prototipo se selecciona del grupo de números enteros que consiste en al menos 10 al número de aminoácidos de la secuencia prototipo. De este modo, por ejemplo, semejante polinucleótido puede codificar un polipéptido que tiene una subsecuencia que tiene al menos 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, o 50, aminoácidos contiguos del polipéptido prototipo. Adicionalmente, el número de tales secuencias codificadas por un polinucleótido de la presente realización puede ser cualquier número entero seleccionado del grupo que consiste en 1 a 20, tal como 2, 3, 4, o 5. Las subsecuencias pueden estar separadas por cualquier número entero de nucleótidos de 1 al número de nucleótidos de la secuencia tal como al menos 5, 10, 15, 25, 50, 100, o 200 nucleótidos. Tales proteínas, cuando se presentan como inmunógenos, logran la producción de anticuerpos policlonales que se unen específicamente a un polipéptido prototipo tal como pero no limitados a, un polipéptido codificado por el polinucleótido de (a) o (b), anterior. Generalmente, no obstante, una proteína codificada por semejante polinucleótido no se une a antisueros originados contra el polipéptido prototipo cuando los antisueros han sido totalmente inmuoabsorbidos con el polipéptido prototipo. Los métodos para elaborar y analizar la especificidad/afinidad de unión al anticuerpo son bien conocidos en la técnica. Los formatos de inmunoanálisis ilustrativos incluyen ELISA, inmunoanálisis competitivos, radioinmunoanálisis, transferencias Western, análisis de inmunofluorescencia indirectos y similares.

En un método de análisis preferido, se pueden utilizar antisueros totalmente inmuoabsorbidos y reunidos que se producen para el polipéptido prototipo en un análisis de unión competitivo para someter a ensayo la proteína. Se determina la concentración del polipéptido prototipo requerida para inhibir un 50% de la unión del antisuero al polipéptido prototipo. Si la cantidad de la proteína requerida para inhibir la unión es menor de dos veces la cantidad de proteína prototipo, se dice que la proteína se une específicamente a los antisueros obtenidos para el inmunógeno. Por consiguiente, las proteínas de la presente invención abarcan variantes alélicas, variantes modificadas conservativamente, y modificaciones recombinantes mínimas para un polipéptido prototipo.

Semejante polinucleótido codifica opcionalmente una proteína que tiene un peso molecular para la proteína no glicosilada dentro del 20% del peso molecular de los polipéptidos no glicosilados completos de la presente invención. El peso molecular se puede determinar fácilmente mediante SDS-PAGE en condiciones reductoras. Preferiblemente, el peso molecular está dentro del 15% de un polipéptido completo de la presente invención, más preferiblemente dentro del 10% o 5%, y muy preferiblemente dentro del 3%, 2%, o 1 % de un polipéptido completo de la presente invención. La determinación del peso molecular de una proteína se puede realizar convenientemente mediante SDS-PAGE en condiciones desnaturalizantes.

Opcionalmente, semejantes polinucleótidos de esta realización codificarán una proteína que tiene una actividad específica de al menos 50%, 60%, 80%, o 90% del polipéptido completo nativo, endógeno (esto es, no aislado), de la presente invención. Adicionalmente, las proteínas codificadas por dichos polinucleótidos tendrán opcionalmente una constante de afinidad (K_m) y/o una actividad catalítica (esto es, constante de velocidad microscópica, K_{cat}) sustancialmente similares a las de la proteína completa, nativa endógena. Los expertos en la técnica reconocerán que el valor k_{car}/K_m determina la especificidad para sustratos que compiten y a menudo es referido como constante de especificidad. Tales proteínas pueden tener un valor K_{car}/K_m de al menos 10% del polipéptido completo no aislado determinado utilizando el sustrato endógeno de ese polipéptido. Opcionalmente, el valor k_{car}/K_m será de al menos 20%, 30%, 40%, 50%, y muy preferiblemente al menos 60%, 70%, 80%, 90%, o 95% del valor k_{car}/K_m del polipéptido completo no aislado de la presente invención. La determinación de k_{car} , K_m , y k_{car}/K_m se puede determinar mediante cualquiera de los numerosos medios bien conocidos por los expertos en la técnica. Por ejemplo, las velocidades iniciales (esto es, el primer 5% o menos de la reacción) se pueden determinar utilizando técnicas de mezcla y muestreo rápidas (p. ej., técnicas de flujo continuo, flujo detenido, o extinción rápida), fotólisis instantánea, o métodos de relajación (p. ej., saltos de temperatura) junto con métodos ilustrativos de medición de espectrofotometría, espectrofluorimetría, resonancia magnética nuclear, o procedimientos radiactivos. Los valores cinéticos se obtienen convenientemente utilizando un gráfico Lineweaver-Burk o Eadie-Hofstee.

60 F. *Polinucleótidos Complementarios a los Polinucleótidos de (A)-(E)*

La presente invención hace referencia a ácidos nucleicos aislados que comprenden polinucleótidos complementarios a los polinucleótidos de los párrafos A - E, anteriores. Como reconocerán los expertos en la técnica, las secuencias complementarias emparejan las bases durante la totalidad de su longitud con los polinucleótidos de A - E (esto es, tienen una identidad de secuencia del 100% a lo largo de toda su longitud). Las bases complementarias se asocian por enlaces de hidrógeno en los ácidos nucleicos de doble hebra. Por ejemplo, los siguientes pares de bases son complementarios: guanina y citosina; adenina y timina; y adenina y uracilo.

G. Polinucleótidos que son Subsecuencias de los polinucleótidos de (A)-(F)

La presente invención también hace referencia a ácidos nucleicos aislados que comprenden polinucleótidos que comprenden al menos 15 bases contiguas de los polinucleótidos de (A) a (F) mencionados antes. La longitud del polinucleótido se da como un número entero seleccionado del grupo que consiste en al menos 15 a la longitud de la secuencia de ácido nucleico de la cual el polinucleótido es una subsecuencia. De este modo, por ejemplo, tales polinucleótidos pueden comprender al menos 15, 20, 25, 30, 40, 50, 60, 75, o 100 nucleótidos contiguos de largo a partir de los polinucleótidos de (A)-(F). Opcionalmente, el número de tales subsecuencias puede ser cualquier número entero seleccionado del grupo que consiste en 1 a 20, tal como 2, 3, 4, o 5. Las subsecuencias pueden estar separadas por cualquier número entero de nucleótidos desde 1 hasta el número de nucleótidos de la secuencia tal como al menos 5, 10, 15, 25, 50, 100, o 200 nucleótidos. Tales subsecuencias pueden comprender características estructurales de la secuencia de la cual derivan. Alternativamente, las subsecuencias pueden carecer de ciertas características estructurales de la secuencia más larga de la cual derivan. Por ejemplo, una subsecuencia de un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene al menos un epítipo lineal en común con una secuencia polipeptídica prototipo proporcionada en (a), antes, puede codificar un epítipo en común con la secuencia prototipo. Alternativamente, la subsecuencia puede no codificar un epítipo en común con la secuencia prototipo pero se puede utilizar para aislar la secuencia más grande, por ejemplo hibridación del ácido nucleico con la secuencia de la cual deriva. Se pueden utilizar subsecuencias para modular o detectar la expresión génica introduciendo en las subsecuencias compuestos que se unen, intercalan, escinden y/o entrecruzan con ácidos nucleicos. Los compuestos ilustrativos incluyen productos conjugados de acridina, psoraleno, fenantrolina, naftoquinona, daunomicina o cloroetilaminoarilo.

Construcción de Ácidos nucleicos

Los ácidos nucleicos aislados de la presente invención se pueden elaborar utilizando (a) métodos recombinantes normalizados, (b) técnicas sintéticas, o combinaciones de los mismos. En algunas realizaciones, los polinucleótidos de la presente invención se clonarán, amplificarán, o construirán de otro modo a partir de una monocotiledónea. En las realizaciones preferidas la monocotiledónea es *Zea mays*.

Los ácidos nucleicos pueden comprender convenientemente secuencias además de un polinucleótido de la presente invención. Por ejemplo, un sitio de multi-clonación que comprende uno o más sitios para endonucleasas de restricción se puede insertar en el ácido nucleico para ayudar al aislamiento del polinucleótido. También, se pueden insertar secuencias traducibles para ayudar al aislamiento del polinucleótido traducido de la presente invención. Por ejemplo, una secuencia marcadora de hexa-histidina proporciona un método conveniente para purificar las proteínas de la presente invención. Un polinucleótido de la presente invención se puede anclar a un vector, adaptador, o conector para clonar y/o expresar un polinucleótido de la presente invención. Se pueden añadir secuencias adicionales a tales secuencias de clonación y/o expresión para optimizar su función en la clonación y/o expresión, para ayudar al aislamiento del polinucleótido, o para mejorar la introducción del polinucleótido en una célula. Típicamente, la longitud del ácido nucleico de la presente invención menos la longitud de su polinucleótido de la presente invención es menor de 20 kilopares de base, a menudo menor de 15 kb, y frecuentemente menor de 10 kb. El uso de vectores de clonación, vectores de expresión, adaptadores, y conectores es bien conocido y está ampliamente descrito en el técnica. Para una descripción de diversos ácidos nucleicos véase, por ejemplo, Stratagene Cloning Systems, Catálogos 1995, 1996, 1997 (La Jolla, CA); y, Amersham Life Sciences, Inc, Catálogo '97 (Arlington Heights, IL).

A. Métodos Recombinantes para Construir Ácidos nucleicos

Se pueden obtener composiciones de ácido nucleico aislado de esta invención, tales como ARN, ADNc, ADN genómico, o un híbrido de los mismos, a partir de fuentes biológicas vegetales utilizando cualquiera de las numerosas metodologías de clonación conocidas por los expertos en la técnica. En algunas realizaciones, se utilizan sondas de oligonucleótidos que hibridan selectivamente, en condiciones restrictivas, con los polinucleótidos de la presente invención para identificar la secuencia deseada en una genoteca de ADNc o ADN genómico. Si bien el aislamiento de ARN, y la construcción de genotecas de ADNc y genómicas son bien conocidos por los expertos normales en la técnica, lo siguiente destaca algunos de los métodos empleados.

A1. Aislamiento y Purificación de ARNm

El ARN total de las células vegetales comprende ácidos nucleicos tales como ARN mitocondrial, ARN cloroplástico, ARNr, ARNt, ARNhn y ARNm. La preparación de ARN total implica típicamente la lisis de las células y la eliminación de las proteínas, seguido de la precipitación de los ácidos nucleicos. La extracción del ARN total de las células vegetales se puede completar mediante una variedad de métodos. Frecuentemente, los tampones de extracción incluyen un detergente fuerte tal como SDS y un desnaturizante orgánico tal como isotiocianato de guanidinio, hidrocloreuro de guanidina o fenol. Después del aislamiento del ARN total, se purifica típicamente el ARNm poli(A)⁺ del resto del ARN utilizando celulosa oligo(dT). Los protocolos de aislamiento de ARN total y de ARNm ilustrativos se describen en Plant Molecular Biology: A Laboratory Manual, Clark, Ed., Springer-Verlag, Berlin (1.997); y, Current Protocols in Molecular Biology, Ausubel, *et al.*, Eds., Greene Publishing y Wiley-Interscience, New York (1.995). Se encuentran disponibles en el mercado kits de aislamiento de ARN total y ARNm tales como Stratagene (La Jolla, CA), Clontech (Palo Alto, CA), Pharmacia (Piscataway, NJ), y 5'-3' (Paoli, PA). Véanse también, las Patentes de los Estados Unidos Núms. 5.614.391; y, 5.459.253. El ARNm puede ser fraccionado en poblaciones con intervalos de

tamaño de aproximadamente 0,5, 1,0, 1,5, 2,0, 2,5 o 3,0 kb. El ADNc sintetizado para cada una de estas fracciones se puede seleccionar por tamaños en el mismo intervalo de tamaño que su ARNm antes de la inserción del vector. Este método ayuda a eliminar el ADNc truncado formado por el ARNm sometido a una transcripción inversa incompleta.

A2. Construcción de una Genoteca de ADNc

La construcción de una genoteca de ADNc generalmente abarca cinco etapas. Primero, se inicia la síntesis de la primera hebra del ADNc a partir de un molde de ARNm poli(A)⁺ utilizando un cebador poli(dT) o hexanucleótidos al azar. Segundo, el híbrido de ARN-ADN resultante se convierte en un ADNc de doble hebra, típicamente mediante una combinación de ARNasa H y ADN polimerasa I (o fragmento de Klenow). Tercero, los extremos del ADNc de doble hebra se ligan a los adaptadores. La ligación de los adaptadores producirá extremos cohesivos para la clonación. Cuarto, la selección por tamaños del ADNc de doble hebra elimina el exceso de adaptadores y fragmentos de cebador, y elimina las moléculas de ADNc parcial debido a la degradación de los ARNm o al fracaso de la transcriptasa inversa para sintetizar primeras hebras completas. Quinto, los ADNc se ligan en vectores de clonación y se empaquetan. Los protocolos de síntesis de ADNc son bien conocidos por los expertos y se describen en referencias normalizadas tales como: *Plant Molecular Biology: A Laboratory Manual*, Clark, Ed., Springer-Verlag, Berlin (1.997); y, *Current Protocols in Molecular Biology*, Ausubel, *et al.*, Eds., Greene Publishing and Wiley-Interscience, New York (1.995). Se encuentran disponibles kits para la síntesis de ADNc de una variedad de suministradores comerciales tales como Stratagene o Pharmacia.

Se han descrito numerosos protocolos de síntesis de ADNc que proporcionan genotecas de ADNc completos sustancialmente puros. Se construyen genotecas de ADNc completos sustancialmente puros para que comprendan al menos 90%, y más preferiblemente al menos 93% o 95% de insertos completos entre los insertos que contienen clones. La longitud del inserto en tales genotecas puede ser de 0 a 8, 9, 10, 11, 12, 13, o más kilopares de bases. Los vectores para acomodar los insertos de estos tamaño son conocidos en la técnica y están disponibles en el mercado. Véase, p. ej., Lambda ZAP Express de Stratagene (vector de clonación de ADNc con capacidad para clonar de 0 a 12 kb).

Un método ilustrativo para la construcción de una genoteca de ADNc completo puro en más del 95% es descrito por Carninci *et al.*, *Genomics*, 37:327-336 (1.996). En ese protocolo, se marca químicamente con biotina una estructura protegida terminalmente de ARNm eucariótico. Utilizando cuentas magnéticas recubiertas con estreptavidina, solamente se recuperan selectivamente los híbridos de ADNc/ARNm de la primera hebra completa después del tratamiento con ARNasa I. El método proporciona una genoteca de elevado rendimiento con una representación imparcial de la población de ARNm de partida. Se conocen en la técnica otros métodos para producir genotecas completas. Véase, p. ej., Ederly *et al.*, *Mol. Cell Biol.*, 15(6):3363-3371 (1.995); y, Solicitud PCT WO 96/34981.

A3. Genotecas de ADNc Normalizadas o Sustraídas

Una genoteca de ADNc no normalizada representa la población de ARNm del tejido del cual está elaborada. Puesto que los clones únicos son superados en número por los clones derivados de los genes altamente expresados su aislamiento puede ser laborioso. La normalización de una genoteca de ADNc es el proceso de creación de una genoteca en la cual cada clon está representado más equitativamente.

Se conocen en la técnica numerosos enfoques para normalizar las genotecas de ADNc. Un enfoque se basa en la hibridación con ADN genómico. La frecuencia de cada ADNc hibridado en la genoteca normalizada resultante sería proporcional a la de cada gen correspondiente en el ADN genómico. Otro enfoque se basa en la cinética. Si la reasociación del ADNc sigue una cinética de segundo orden, las especies más raras se asocian menos rápidamente y las fracciones de ADNc de hebra sencilla restantes se vuelven progresivamente más normalizadas durante el transcurso de la hibridación. La pérdida específica de cualquiera de las especies de ADNc, con independencia de su abundancia, no se produce a cualquier valor Cot. La construcción de genotecas normalizadas la describen Ko, en *Nucl. Acids. Res.*, 18(1.9):5705-5711 (1.990); Patanjali *et al.*, *Proc. Natl. Acad. U.S.A.*, 88:1943-1947 (1.991); Patentes de los Estados Unidos 5.482.685, y 5.637.685. En un método ilustrativo descrito por Soares *et al.*, la normalización daba como resultado la reducción de la abundancia de clones a partir de un intervalo de cuatro órdenes de magnitud hasta un intervalo estrecho de solamente 1 orden de magnitud. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 91:9228-9232 (1.994).

Las genotecas de ADNc sustraídas son otro método para incrementar la proporción de especies de ADNc menos abundantes. En este procedimiento, el ADNc preparado a partir de una reserva de ARNm presenta una merma de secuencias presentes en una segunda reserva de ARNm mediante hibridación. Los híbridos de ADNc:ARNm se eliminan y el resto de la reserva de ADNc que no ha hibridado se enriquece en cuanto a secuencias únicas para esa reserva. Véase, Foote *et al.* en, *Plant Molecular Biology: A Laboratory Manual*, Clark, Ed., Springer-Verlag, Berlin (1.997); Kho y Zarbl, *Technique*, 3(2):58-63 (1.991); Sive y St. John, *Nucl. Acids Res.*, 16(22):10937 (1.988); *Current Protocols in Molecular Biology*, Ausubel, *et al.*, Eds., Greene Publishing y Wiley-Interscience, New York (1.995); y, Swaroop *et al.*, *Nucl. Acids Res.*, 19(8):1954 (1.991). Los estuches de sustracción de ADNc se encuentran disponibles en el mercado. Véase, p. ej., PCR-Select (Clontech).

A4. Construcción de una Genoteca Genómica

Para construir genotecas genómicas, se generan grandes segmentos de ADN genómico mediante fragmentación al azar, p. ej. utilizando endonucleasas de restricción, y se ligan con un ADN vector para formar concatámeros que se pueden empaquetar en el vector apropiado. Las metodologías para completar estos extremos, y los métodos de secuenciación para verificar la secuencia de los ácidos nucleicos son bien conocidos en la técnica. Los ejemplos de las técnicas de biología molecular apropiadas y las instrucciones suficientes para dirigir a las personas expertas a través de muchas de las metodologías de construcción, clonación, y escrutinio se encuentran en Sambrook, *et al.*, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2ª Ed., Cold Spring Harbor Laboratory Vols. 1-3 (1989), Methods in Enzymology, Vol. 152: Guide to Molecular Cloning Techniques, Berger y Kimmel, Eds., San Diego: Academic Press, Inc. (1987), Current Protocols in Molecular Biology, Ausubel, *et al.*, Eds., Greene Publishing and Wiley-Interscience, New York (1995); Plant Molecular Biology: A Laboratory Manual, Clark, Ed., Springer-Verlag, Berlin (1997). Los kits para la construcción de genotecas genómicas se encuentran disponibles en el mercado.

A5. Escrutinio de Ácidos nucleicos y Métodos de Aislamiento

La genoteca de ADNc o genómica puede ser escrutada utilizando una sonda basada en la secuencia de un polinucleótido de la presente invención tal como los descritos en la presente memoria. Se pueden utilizar sondas para hibridar con el ADN genómico o secuencias de ADNc para aislar genes homólogos en una especie de planta igual o diferente. Los expertos en la técnica apreciarán que se pueden emplear en este análisis diversos grados de restricción en la hibridación; y pueden ser restrictivos la hibridación o el medio de lavado. A medida que las condiciones de hibridación se vuelven más restrictivas, debe haber un mayor grado de complementariedad entre la sonda y la diana para que se produzca la formación del dúplex. El grado de restricción se puede controlar por medio de la temperatura, la fuerza iónica, el pH y la presencia de un disolvente parcialmente desnaturizante tal como la formamida. Por ejemplo, la restricción de hibridación varía convenientemente cambiando la polaridad de la solución reaccionante por medio de la manipulación de la concentración de formamida dentro en el intervalo del 0% al 50%. El grado de complementariedad (identidad de la secuencia) requerido para una unión detectable variará de acuerdo con la restricción del medio de hibridación y/o el medio de lavado. El grado de complementariedad será óptimamente del 100 por cien; no obstante, se debe entender que las variaciones mínimas de la secuencia en las sondas y cebadores pueden ser compensadas reduciendo la restricción de la hibridación y/o el medio de lavado.

Los ácidos nucleicos de interés también pueden ser amplificados a partir de muestras de ácido nucleico utilizando técnicas de amplificación. Por ejemplo, se puede utilizar la tecnología de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para amplificar las secuencias de polinucleótidos de la presente invención y los genes relacionados directamente a partir de las genotecas de ADN genómico o ADNc. También pueden ser útiles la PCR y otros métodos de amplificación *in vitro*, por ejemplo, para clonar secuencias de ácido nucleico que codifican las proteínas que se van a expresar, para elaborar ácidos nucleicos para utilizarlos como sondas para detectar la presencia del ARNm deseado en las muestras, para la secuenciación de ácido nucleico, o para otros fines. Los ejemplos de las técnicas suficientes para dirigir a los expertos a través de los métodos de amplificación *in vitro* se encuentran en Berger, Sambrook, y Ausubel, así como Mullis *et al.*, Patente de los Estados Unidos Núm. 4.683.202 (1987); y, *PCR Protocols A Guide to Methods and Applications*, Innis *et al.*, Eds., Academic Press Inc., San Diego, CA (1990). Los kits disponibles en el mercado para la amplificación mediante PCR genómica son conocidos en la técnica. Véase, p. ej., Advantage-GC Genomic PCR Kit (Clontech). Se puede utilizar la proteína 32 del gen T4 (Boehringer Mannheim) para mejorar el rendimiento de productos de la PCR largos.

También se han descrito métodos de escrutinio basados en la PCR. Wilfinger *et al.* describen un método basado en la PCR en el cual el ADNc más largo se identifica en la primera etapa de manera que los clones incompletos se pueden eliminar del estudio. BioTechniques, 22(3): 481-486 (1997). En ese método, se sintetiza un par de cebadores con un cebador que se asocia al extremo 5' de la hebra efectora del ADNc deseado y el otro cebador al vector. Los clones se reúnen para permitir el escrutinio a gran escala. Mediante este procedimiento, el clon más largo posible es identificado entre los clones candidato. Adicionalmente, se utiliza solamente el producto de la PCR como diagnóstico para la presencia del ADNc deseado y no se utiliza el propio producto de la PCR. Tales métodos son particularmente eficaces combinados con la metodología de construcción de ADNc completo, anterior.

B. Métodos Sintéticos para Construir Ácidos nucleicos

Los ácidos nucleicos aislados de la presente invención también se pueden preparar mediante síntesis química directa por medio de métodos tales como el método del fosfotriéster de Narang *et al.*, Meth. Enzymol. 68: 90-99 (1979); el método del fosfodiéster de Brown *et al.*, Meth. Enzymol. 68: 109-151 (1979); el método de la dietilfosforamida de Beaucage *et al.*, Tetra. Lett. 22: 1859-1862 (1981); el método del triéster de fosforamida en fase sólida descrito por Beaucage y Caruthers, Tetra. Letts. 22(20): 1859-1862 (1981), p. ej., utilizando un sintetizador automatizado p. ej., como describen Needham-VanDevanter *et al.*, Nucleic Acids Res., 12: 6159-6168 (1984); y, el método del soporte sólido de la Patente de los Estados Unidos Núm. 4.458.066. Generalmente la síntesis química produce un oligonucleótido de hebra sencilla. Este se puede convertir en ADN de doble hebra mediante hibridación con una secuencia complementaria, o mediante polimerización con una ADN polimerasa utilizando la hebra sencilla como molde. Un experto en la técnica reconocerá que mientras la síntesis química de ADN está limitada a secuencias de aproximadamente 100 bases, se pueden obtener secuencias más largas mediante ligación de secuencias más cortas.

Casets de Expresión Recombinantes

La presente invención proporciona adicionalmente casetes de expresión recombinantes que comprenden un ácido nucleico de la presente invención. La secuencia de ácido nucleico que codifica el polinucleótido deseado de la presente invención, por ejemplo un ADNc o una secuencia genómica que codifica un polipéptido completo de la presente invención, se puede utilizar para construir una casete de expresión recombinante que se puede introducir en la célula anfitriona deseada. Una casete de expresión recombinante comprenderá típicamente un polinucleótido de la presente invención conectado operablemente a secuencias reguladoras del inicio de la transcripción que dirigirán la transcripción del polinucleótido en una célula anfitriona deseada, tal como los tejidos de una planta transformada.

Por ejemplo, los vectores de expresión vegetales pueden incluir (1) un gen vegetal clonado bajo el control de secuencias reguladoras 5' y 3' y (2) un marcador seleccionable dominante. Tales vectores de expresión vegetales también pueden contener, si se desea, una región reguladora del promotor (p. ej., una que confiere una expresión inducible o constitutiva, regulada medioambientalmente o evolutivamente, o específica/selectiva de la célula o tejido), un sitio de arranque del inicio de la transcripción, un sitio de unión al ribosoma, una señal de procesamiento del ARN, un sitio de terminación de la transcripción, y/o una señal de poliadenilación.

Se puede emplear un fragmento promotor vegetal que dirija la expresión directa de un polinucleótido de la presente invención en todos los tejidos de una planta regenerada. Tales promotores son referidos en la presente memoria como promotores "constitutivos" y son activos en la mayoría de las condiciones medioambientales y estados de evolución o diferenciación celular. Los ejemplos de los promotores constitutivos incluyen la región de inicio de la transcripción 35S del virus del mosaico de la coliflor (CaMV), el promotor 1' o 2' derivado de ADN-T de *Agrobacterium tumefaciens*, el promotor de la ubiquitina 1, el promotor Smas, el promotor de la cinamil alcohol deshidrogenasa (Patente de los Estados Unidos Núm. 5.683.439), el promotor *Nos*, el promotor pEmu, el promotor de la rubisco, el promotor GRP1-8, el promotor de la actina, el promotor F3.7, y otras regiones de inicio de la transcripción de diversos genes vegetales conocidos por los expertos.

Alternativamente, el promotor vegetal puede dirigir la expresión de un polinucleótido de la presente invención en un tejido específico o puede estar de otro modo bajo el control medioambiental o evolutivo más preciso. Tales promotores son referidos aquí como promotores "inducibles". Las condiciones medioambientales que pueden tener efecto sobre la transcripción mediante promotores inducibles incluyen el ataque de patógenos, las condiciones anaerobias, o la presencia de luz. Los ejemplos de promotores inducibles son el promotor *Adh1* que es inducible por hipoxia o estrés por frío, el promotor *Hsp70* que es inducible por estrés por calor, y el promotor *PDDK* que es inducible por la luz.

Los ejemplos de los promotores bajo el control evolutivo incluyen los promotores que inician la transcripción solamente, o preferentemente, en ciertos tejidos, tales como hojas, raíces, frutos, semillas, o flores. El funcionamiento de un promotor también puede variar dependiendo de su localización en el genoma. De este modo, un promotor inducible se puede volver totalmente o parcialmente constitutivo en ciertas localizaciones.

Se pueden emplear promotores tanto heterólogos como no heterólogos (esto es, endógenos) para dirigir la expresión de los ácidos nucleicos de la presente invención. Estos promotores también se pueden utilizar, por ejemplo, en casetes de expresión recombinantes para dirigir la expresión de ácidos nucleico antisentido para reducir, incrementar, o alterar la concentración y/o composición de las proteínas de la presente invención en un tejido deseado. De este modo, en algunas realizaciones, el constructo de ácido nucleico comprenderá un promotor funcional en una célula vegetal, por ejemplo en *Zea mays*, conectado operablemente a un polinucleótido de la presente invención. Los promotores útiles en estas realizaciones incluyen los promotores endógenos que conducen la expresión de un polipéptido de la presente invención.

En algunas realizaciones, se pueden introducir ácidos nucleicos aislados que sirven como elementos promotores o intensificadores en la posición apropiada (generalmente aguas arriba) de una forma no heteróloga de un polinucleótido de la presente invención con el fin de regular al alza o a la baja la expresión de un polinucleótido de la presente invención. Por ejemplo, se pueden alterar promotores endógenos *in vivo* mediante mutación, delección, y/o sustitución (véase, Kmiec, Patente de los Estados Unidos 5.565.350; Zarling *et al.*, PCT/US93/03868), o se pueden introducir promotores aislados en una célula vegetal en la orientación y a la distancia apropiada de un gen de la presente invención con el fin de controlar la expresión del gen. La expresión del gen puede ser modulada en condiciones adecuadas para el crecimiento de la planta con el fin de alterar la concentración total y/o alterar la composición de los polipéptidos de la presente invención en la célula vegetal. De este modo, la presente invención proporciona composiciones, y métodos para elaborar, promotores y/o intensificadores heterólogos conectados operablemente a una forma nativa, endógena (esto es no heteróloga) de un polinucleótido de la presente invención.

Los métodos para identificar los promotores con un patrón de expresión concreto, en términos, p. ej., del tipo de tejido, tipo de célula, fase de desarrollo, y/o condiciones medioambientales, son bien conocidos en la técnica. Véase, p. ej., *The Maize Handbook*, Capítulos 114-115, Freeling y Walbot, Eds., Springer, New York (1.994); *Corn y Corn Improvement*, 3ª edición, Capítulo 6, Sprague y Dudley, Eds., American Society of Agronomy, Madison, Wisconsin (1.988). Una etapa típica en los métodos de aislamiento de promotores es la identificación de productos génicos que son expresados con cierto grado de especificidad en el tejido diana. En la gama de metodologías se encuentran: hibridación diferencial con genotecas de ADNc; hibridación sustractiva; presentación diferencial; electroforesis en gel de proteína 2-D diferencial; matrices de sondas de ADN; y aislamiento de proteínas conocidas por ser expresadas

con cierta especificidad en el tejido diana. Tales métodos son bien conocidos por los expertos en la técnica. Los productos disponibles en el mercado para identificar promotores son conocidos en la técnica tales como el Universal GenomeWalker Kit de Clontech (Palo Alto, CA).

- 5 Para los métodos basados en proteínas, es útil obtener la secuencia de aminoácidos para al menos una porción de la proteína identificada, y después utilizar la secuencia de la proteína como base para preparar un ácido nucleico que se puede utilizar como sonda para identificar o bien el ADN genómico directamente, o bien preferiblemente, identificar un clon de ADNc de una genoteca preparada a partir del tejido diana. Una vez que semejante clon de ADNc ha sido identificado, se puede utilizar esa secuencia para identificar la secuencia en el extremo 5' del transcrito del gen indicado. Para la hibridación diferencial, la hibridación sustractiva y la presentación diferencial, la secuencia de ácido nucleico identificada como enriquecida en el tejido diana se utiliza para identificar la secuencia en el extremo 5' del transcrito del gen indicado. Una vez que las secuencias son identificadas, partiendo de las secuencias de proteína o de las secuencias de ácido nucleico, se puede utilizar cualquiera de estas secuencias identificadas por ser del transcrito génico para escrutar una genoteca genómica preparada a partir del organismo diana. Los métodos para identificar y
15 confirmar el sitio de inicio de la transcripción son bien conocidos en la técnica.

- En el procedimiento de aislamiento de los promotores expresados en condiciones o tensiones medioambientales concretas, o en tejidos específicos, o en fases del desarrollo concretas, se identifican numerosos genes que son expresados en las circunstancias deseadas, en el tejido deseado, o en la fase deseada. El análisis adicional revelará la expresión de cada gen concreto en uno o más tejidos distintos de la planta. Se puede identificar un promotor con actividad en el tejido o la condición deseada pero ése no tiene actividad en ningún otro tejido común.

- Para identificar la secuencia promotora, se analizan las porciones 5' de los clones descritos aquí en cuanto a las secuencias características de las secuencias promotoras. Por ejemplo, los elementos de la secuencia promotora incluyen la secuencia consenso de la caja TATA (TATAAT), que es normalmente un tramo rico en AT de 5-10 pb localizado aproximadamente 20 a 40 pares de bases aguas arriba del sitio de inicio de la transcripción. La identificación de la caja TATA es bien conocida en la técnica. Por ejemplo, se puede predecir la localización de este elemento para identificar el sitio de inicio de la transcripción utilizando mecanismos de mapeo de ARN normalizados tales como la extensión con cebadores, el análisis con S1, y/o la protección con ARNasa. Para confirmar la presencia de la secuencia rica en AT, se puede realizar un análisis estructura-función que implica la mutagénesis de la supuesta región y la cuantificación del efecto de la mutación sobre la expresión de un gen informador conectado aguas abajo. Véase, p. ej., The Maize Handbook, Capítulo 114, Freeling y Walbot, Eds., Springer, New York, (1.994).

- En las plantas, más aguas arriba de la caja TATA, en las posiciones -80 a -100, existe típicamente un elemento promotor (esto es, la caja CAAT) con una serie de adeninas rodeando el trinucleótido G (o T) N G. J. Messing *et al.*, en Genetic Engineering in Plants, Kosage, Meredith y Hollaender, Eds., págs. 221-227 1.983. En el maíz, no existe una caja CAAT bien conservada, pero existen numerosos motivos de unión a proteína conservados, cortos aguas arriba de la caja TATA. Estos incluyen motivos para factores de transcripción que actúan en trans implicados en la regulación de la luz, la inducción anaerobia, la regulación hormonal, o la biosíntesis de antocianina, según sea apropiado para cada gen.

- Una vez que se conocen las secuencias del promotor y/o el gen, se selecciona una región del tamaño adecuado del ADN genómico que se encuentra 5' con respecto al inicio transcripcional, o el sitio de inicio de la traducción, y tales secuencias se conectan después a una secuencia codificadora. Si se utiliza el sitio de inicio de la transcripción como punto de fusión, se puede utilizar cualquiera de las numerosas regiones no traducidas 5' posibles entre el sitio de inicio de la transcripción y la secuencia codificadora parcial. Si se utiliza el sitio de inicio de la traducción en el extremo 3' del promotor específico, éste se conecta directamente al codón de iniciación metionina de una secuencia codificadora.

- Si se desea la expresión del polipéptido, generalmente es deseable incluir una región de poliadenilación en el extremo 3' de una región codificadora del polinucleótido. La región de poliadenilación puede derivar del gen natural, de una variedad de otros genes vegetales, o del ADN-T. La secuencia del extremo 3' que se va a añadir puede derivar, por ejemplo, de los genes de la nopalina sintasa o la octopina sintasa, o alternativamente de otro gen vegetal, o menos preferiblemente de cualquier otro gen eucariótico.

- Se puede añadir una secuencia intrónica a la región no traducida 5' o la secuencia codificadora de la secuencia codificadora parcial para incrementar la cantidad de mensaje maduro que se acumula en el citosol. Se ha demostrado que la inclusión de un intrón empalmable en la unidad de transcripción en ambos constructos de expresión vegetales y animales incrementa la expresión génica a nivel tanto de ARNm como de proteína hasta 1.000 veces. Buchman y Berg, Mol. Cell Biol. 8: 4395-4405 (1.988); Callis *et al.*, Genes Dev. 1: 1183-1200 (1.987). Semejante potenciación intrónica de la expresión del gen es típicamente máxima cuando se coloca cerca del extremo 5' de la unidad de transcripción. El uso de los intrones de maíz intrón Adh1-S 1, 2, y 6, intrón Bronze-1 es conocido en la técnica. Véase generalmente, The Maize Handbook, Capítulo 116, Freeling y Walbot, Eds., Springer, New York (1.994).

- El vector que comprende las secuencias de un polinucleótido de la presente invención comprenderá típicamente un gen marcador que confiere un fenotipo seleccionable en células vegetales. Normalmente, el gen marcador seleccionable codificará la resistencia a antibióticos, con genes adecuados que incluyen genes que codifican la resistencia al antibiótico espectinomycin (p. ej., el gen aada), el gen de la estreptomycin-fosfotransferasa (SPT) que codifica la resistencia a la estreptomycin, el gen de la neomicin-fosfotransferasa (NPTII) que codifica la resistencia a la kanami-

cina o a la genética, el gen de la higromicina-fosfotransferasa (HPT) que codifica la resistencia a la higromicina, los genes que codifican la resistencia a los herbicidas que actúan inhibiendo la acción de la acetolactato sintasa (ALS), en particular los herbicidas de tipo sulfonilurea (p. ej., el gen de la acetolactato sintasa (ALS) que contiene mutaciones que conducen a semejante resistencia en particular las mutaciones S4 y/o Hra), los genes que codifican la resistencia a herbicidas que actúan inhibiendo la acción de la glutamina sintasa, tales como la fosfinotricina o basta (p. ej., el gen *bar*), u otros genes conocidos en la técnica. El gen *bar* codifica la resistencia al herbicida basta, el gen *nptII* codifica la resistencia a los antibióticos kanamicina y genética, y el gen ALS codifica la resistencia al herbicida clorosulfón.

Los vectores típicos útiles para la expresión de los genes en plantas superiores son bien conocidos en la técnica e incluyen vectores derivados del plásmido inductor de tumores (Ti) de *Agrobacterium tumefaciens* descrito por Rogers *et al.*, Meth. In Enzymol., 153:253-277 (1.987). Estos vectores son vectores integrantes de las plantas, ya que en la transformación los vectores integran una porción del ADN del vector en el genoma de la planta anfitriona. Los vectores de *A. tumefaciens* ilustrativos útiles en la presente memoria son los plásmidos pKYLX6 y pKYLX7 de Schardl *et al.*, Gene, 61:1-11 (1.987) y Berger *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 86:8402-8406 (1.989). Otro vector útil en la presente memoria es el plásmido pBI101.2 que es asequible de Clontech Laboratories, Inc. (Palo Alto, CA).

Un polinucleótido de la presente invención puede ser expresado en orientación efectora o antisentido según se desee. Se apreciará que el control de la expresión génica en orientación tanto efectora como antisentido puede tener un impacto directo sobre las características observables de la planta. La tecnología antisentido se puede utilizar convenientemente para la expresión de genes en plantas. Para lograr esto, se clona un segmento de ácido nucleico del gen deseado y se conecta operablemente a un promotor de manera que se transcriba la hebra antisentido del ARN. El constructo es transformado después en las plantas y se produce la hebra antisentido del ARN. El ARN inhibe la expresión del gen evitando la acumulación del ARNm que codifica la enzima de interés, véase, p. ej., Sheehy *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. (USA) 85: 8805-8809 (1.988); y Hiatt *et al.*, Patente de los Estados Unidos Núm. 4.801.340.

Otro método de supresión es la supresión en sentido. Se ha demostrado que la introducción de ácido nucleico configurado en la orientación sentido es un método eficaz mediante el cual se bloquea la transcripción de los genes diana. Para un ejemplo del uso de este método para modular la expresión de genes endógenos véase, Napoli *et al.*, The Plant Cell 2: 279-289 (1.990) y la Patente de los Estados Unidos Núm. 5.034.323.

También se pueden utilizar moléculas de ARN catalítico o ribozimas para inhibir la expresión de genes vegetales. Es posible diseñar ribozimas que se emparejen específicamente con virtualmente cualquier ARN diana y escinden el esqueleto de fosfodiéster en una localización específica, inactivando de ese modo funcionalmente el ARN diana. Al llevar a cabo esta escisión, la propia ribozima no es alterada, y de este modo es capaz de reciclarse y escindir otras moléculas, convirtiéndola en la verdadera enzima. La inclusión de secuencias de ribozima en los ARN antisentido les confiere actividad de escisión del ARN, aumentando de ese modo la actividad de los constructos. El diseño y uso de las ribozimas específicas del ARN diana lo describen Haseloff *et al.*, en Nature 334: 585-591 (1.988).

Se pueden utilizar una variedad de agentes de entrecruzamiento, agentes alquilantes y especies generadoras de radicales como grupos pendientes en los polinucleótidos de la presente invención para unir, marcar, detectar, y/o escindir los ácidos nucleicos. Por ejemplo, Vlassov, V. V., *et al.*, en Nucleic Acids Res (1.986) 14:4065-4076, describen la unión covalente de un fragmento de ADN de hebra sencilla con derivados alquilantes de nucleótidos complementarios a secuencias diana. Un informe de un trabajo similar del mismo grupo es el de Knorre, D. G., *et al.*, Biochimie (1.985) 67:785-789. Iverson y Dervan también demostraron la escisión específica de la secuencia del ADN de hebra sencilla mediada por la incorporación de un nucleótido modificado que era capaz de activar la escisión (J Am Chem Soc (1.987) 109:1241-1243). Meyer, R. B., *et al.*, J Am Chem Soc (1.989) 111:8517-8519, realizaron el entrecruzamiento covalente con un nucleótido diana utilizando un agente alquilante complementario a la secuencia de nucleótidos diana de hebra sencilla. Lee, B. L., *et al.*, en Biochemistry (1.988) 27:3197-3203 describieron un entrecruzamiento fotoactivado con oligonucleótidos de hebra sencilla mediado por psoraleno. El uso del entrecruzamiento en sondas formadoras de triple hélice también fue descrito por Home, *et al.*, en J Am Chem Soc (1.990) 112:2435-2437. Asimismo se ha descrito el uso de N4,N4-etanocitosina como agente alquilante para el entrecruzamiento con oligonucleótidos de hebra sencilla por Webb y Matteucci, J Am Chem Soc (1.986) 108:2764-2765; Nucleic Acids Res (1.986) 14:7661-7674; Feteritz *et al.*, J. Am. Chem. Soc. 113:4000 (1.991). Se conocen en la técnica diversos compuestos para la unión, detección, marcaje y/o escisión de ácidos nucleicos. Véanse, por ejemplo, las Patentes de los Estados Unidos Núms. 5.543.507; 5.672.593; 5.484.908; 5.256.648; y 5.681.941.

La invención proporciona una proteína aislada que tiene actividad celulosa sintasa y se selecciona entre:

- (a) un polipéptido del SEQ ID NO: 6, 10 o 26; y
- (b) un polipéptido codificado por un ácido nucleico de la invención.

Como apreciarán los expertos, la presente invención incluye los polipéptidos catalíticamente activos de la presente invención (esto es, enzimas). Los polipéptidos catalíticamente activos tienen una actividad específica de al menos un 20%, 30%, o 40%, y preferiblemente al menos un 50%, 60%, o 70%, y muy preferiblemente al menos un 80%, 90%, o 95% la del polipéptido endógeno, nativo (no sintético). Adicionalmente, la especificidad de sustrato (k_{cat}/K_m) es opcionalmente sustancialmente similar a la del polipéptido endógeno, nativo (no sintético). Típicamente, la K_m será

al menos un 30%, 40%, o 50%, la del polipéptido endógeno, nativo (no sintético); y más preferiblemente al menos un 60%, 70%, 80%, o 90%. Los métodos para analizar y cuantificar las medidas de la actividad enzimática y la especificidad de sustrato (k_{cat}/K_m), son bien conocidos por los expertos en la técnica.

Generalmente, las proteínas de la presente invención lograrán, cuando se presenten como inmunógenos, la producción de un anticuerpo específicamente reactivo con un polipéptido de la presente invención. Adicionalmente, las proteínas de la presente invención no se unirán a antisueros originados contra un polipéptido de la presente invención que haya sido totalmente inmuoabsorbido con el mismo polipéptido. Los inmunoanálisis para determinar la unión son bien conocidos por los expertos en la técnica. Un inmunoanálisis preferido es un inmunoanálisis competitivo, como se comenta más abajo. De este modo, las proteínas de la presente invención se pueden emplear como inmunógenos para construir anticuerpos inmunorreactivos con una proteína de la presente invención para utilidades ilustrativas tales como inmunoanálisis o mecanismos de purificación de proteínas.

Expresión de Proteínas en Células Anfitrionas

Utilizando los ácidos nucleicos de la presente invención, se puede expresar una proteína de la presente invención en una célula diseñada recombinantemente tal como una bacteria, levadura, insecto, mamífero, o preferiblemente células vegetales. Las células producen la proteína en condiciones no naturales (p. ej., en cantidad, composición, localización, y/o tiempo), debido a que han sido alteradas genéticamente por la intervención humana para que lo hagan.

Se espera que los expertos en la técnica sean entendidos en los numerosos sistemas de expresión disponibles para la expresión de un ácido nucleico que codifica una proteína de la presente invención. No se realizarán intentos para describir con detalle los diversos métodos conocidos para la expresión de proteínas en procariotas y eucariotas.

En un breve resumen, la expresión de los ácidos nucleicos aislados que codifican una proteína de la presente invención se logrará típicamente conectando operablemente, por ejemplo, el ADN o ADNc a un promotor (que sea constitutivo o inducible), seguido de la incorporación en un vector de expresión. Los vectores pueden ser adecuados para la replicación e integración en procariotas o eucariotas. Los vectores de expresión típicos contienen terminadores de la transcripción y la traducción, secuencias de iniciación, y promotores útiles para la regulación de la expresión del ADN que codifica una proteína de la presente invención. Para obtener un nivel de expresión elevado de un gen clonado, es deseable construir vectores de expresión que contengan, como mínimo, un promotor fuerte para la transcripción directa, un sitio de unión al ribosoma para el inicio de la traducción, y un terminador de la transcripción/traducción. Un experto reconocería que se pueden realizar modificaciones en una proteína de la presente invención sin disminuir su actividad biológica. Se pueden hacer algunas modificaciones para facilitar la clonación, expresión, o incorporación de la molécula diana a una proteína de fusión. Tales modificaciones son bien conocidas por los expertos en la técnica e incluyen, por ejemplo, una metionina añadida en el extremo amino para proporcionar un sitio de iniciación, o aminoácidos adicionales (p. ej., poli His) situados en cualquier extremo para crear secuencias de purificación convenientemente localizadas. También se pueden introducir sitios de restricción o codones de terminación.

A. Expresión en Procariotas

Se pueden utilizar células procarióticas como anfitriones para la expresión. Los procariotas están representados muy frecuentemente por diversas cepas de *E. coli*; no obstante, también se pueden utilizar otras cepas microbianas. Las secuencias de control procarióticas utilizadas comúnmente que se definen en la presente memoria para que incluyan promotores para el inicio de la transcripción, opcionalmente con un operador, junto con secuencias del sitio de unión al ribosoma, incluyen promotores utilizados comúnmente tales como los sistemas promotores de la beta lactamasa (penicilinas) y lactosa (*lac*) (Chang *et al.*, Nature 198:1056 (1.977)), el sistema promotor del triptófano (*trp*) (Goeddel *et al.*, Nucleic Acids Res. 8:4057 (1.980)) y el promotor derivado de lambda P L y el sitio de unión al ribosoma del gen (Shimatake *et al.*, Nature 292:128 (1.981)). La inclusión de marcadores de selección en los vectores de ADN transfectados en *E. coli* también es útil. Los ejemplos de tales marcadores incluyen genes que especifican la resistencia a ampicilina, tetraciclina, o cloramfenicol.

El vector se selecciona para permitir la introducción en la célula anfitriona apropiada. Los vectores bacterianos son típicamente de origen plasmídico o de fagos. Las células bacterianas apropiadas se infectan con partículas vectoras de fagos o se transfectan con ADN de vectores de fagos desnudos. Si se utiliza un vector plasmídico, las células bacterianas son transfectadas con el ADN del vector plasmídico. Los sistemas de expresión para expresar una proteína de la presente invención están disponibles utilizando *Bacillus sp.* y *Salmonella* (Palva, *et al.*, Gene 22: 229-235 (1.983); Mosbach, *et al.*, Nature 302: 543-545 (1.983)).

B. Expresión en Eucariotas

Una variedad de sistemas de expresión eucarióticos tales como levaduras, líneas celulares de insectos, células vegetales y animales, son conocidos por los expertos en la técnica. Como se explica brevemente más abajo, un de la presente invención puede ser expresado en estos sistemas eucarióticos. En algunas realizaciones, las células vegetales transformadas/transfectadas, como se comenta más abajo, se emplean como sistemas de expresión para la producción de las proteínas de la presente invención.

La síntesis de proteínas heterólogas en levaduras es bien conocida. Sherman, F., *et al.*, Methods in Yeast Genetics, Cold Spring Harbor Laboratory (1.982) es un trabajo bien reconocido que describe los diversos métodos disponibles para producir la proteína en levaduras. Dos levaduras ampliamente utilizadas para la producción de proteínas eucarióticas son *Saccharomyces cerevisiae* y *Pichia pastoris*. Los vectores, cepas, y protocolos para la expresión en *Saccharomyces* y *Pichia* son conocidos en la técnica y son asequibles de proveedores comerciales (p. ej., Invitrogen). Los vectores adecuados tienen secuencias de control de la expresión, tales como promotores, incluyendo la 3-fosfoglicerato quinasa o la alcohol oxidasa, y un origen de replicación, secuencias de terminación y similares según se desee.

Una proteína de la presente invención, una vez expresada, puede ser aislada de la levadura mediante lisis de las células y aplicación de técnicas de aislamiento de proteínas normalizadas a los productos lisados. El control de los procedimientos de purificación se puede lograr utilizando técnicas de transferencia Western o radioinmunoanálisis de otras técnicas de inmunoanálisis normalizadas.

La secuencias que codifican las proteínas de la presente invención también pueden ser ligadas a diversos vectores de expresión para su uso en la transfección de cultivos celulares, por ejemplo, de origen mamífero, de insecto, o vegetal. Son ilustrativas de los cultivos celulares útiles para la producción de los péptidos las células de mamífero. Los sistemas celulares de mamífero a menudo estarán en forma de monocapas de células aunque también se pueden utilizar suspensiones de células de mamíferos. Se han desarrollado en la técnica numerosas líneas de células anfitrionas capaces de expresar proteínas intactas, e incluyen las líneas celulares HEK293, BHK21, y CHO. Los vectores de expresión para estas células pueden incluir secuencias de control de la expresión, tales como un origen de replicación, un promotor (p. ej., el promotor de CMV, un promotor *tk* de HSV o un promotor *pgk* (fosfoglicerato quinasa)), un intensificador (Queen *et al.*, Immunol. Rev. 89: 49 (1.986)), y sitios de información del procesamiento necesarios, tales como los sitios de unión al ribosoma, los sitios de empalme de ARN, los sitios de poliadenilación (p. ej., un sitio de adición de poli A del Ag T grande de SV40), y secuencias terminadoras de la transcripción. Otras células animales útiles para la producción de proteínas de la presente invención se encuentran disponibles, por ejemplo, de la Colección Americana de Cultivos Tipo Catálogo de Líneas Celulares e Híbridos (7ª edición, 1.992).

Los vectores apropiados para expresar las proteínas de la presente invención en células de insectos derivan normalmente del baculovirus SF9. Las líneas celulares de insectos adecuadas incluyen larvas de mosquito, gusano de seda, oruga militar, polilla y líneas celulares de *Drosophila* tales como la línea celular de Schneider (Véase Schneider, J. Embryol. Exp. Morphol. 27: 353-365 (1.987)).

Como con las levaduras, cuando se emplean células anfitrionas animales o vegetales, se incorporan típicamente secuencias terminadoras de poliadenilación o transcripción en el vector. Un ejemplo de una secuencia terminadora es la secuencia de poliadenilación del gen de la hormona de crecimiento bovina. También se pueden incluir secuencias para el empalme exacto del transcrito. Un ejemplo de una secuencia de empalme es el intrón VP1 de SV40 (Sprague, *et al.*, J. Virol. 45: 773-781 (1.983)). Adicionalmente, se pueden incorporar al vector secuencias génicas para controlar la replicación en una célula anfitriona tales como las encontradas en los vectores de tipo virus del papiloma bovino. Saveria-Campo, M., Bovine Papilloma Virus DNA a Eukaryotic Cloning Vector in DNA Cloning Vol. II a Practical Approach, D.M. Glover, Ed., IRL Press, Arlington, Virginia págs. 213-238 (1.985).

Transfección/Transformación de Células

El método de transformación/transfección no es crítico para la presente invención; en la actualidad se encuentran disponibles diversos métodos de transformación o transfección. Como se encuentran disponibles métodos más novedosos para transformar cultivos u otras células anfitrionas, estos se pueden aplicar directamente. Por consiguiente, se ha desarrollado una amplia variedad de métodos para insertar una secuencia de ADN en el genoma de una célula anfitriona para obtener la transcripción/traducción de la secuencia para efectuar cambios fenotípicos en el organismo. De este modo, se puede emplear cualquier método que proporcione una transformación/transfección eficaz.

A. Transformación Vegetal

Se utilizará una secuencia de ADN que codifica el polinucleótido deseado de la presente invención, por ejemplo un ADNc o una secuencia genómica que codifica una proteína completa, para construir una casete de expresión recombinante que se puede introducir en la planta deseada.

Los ácidos nucleicos aislados de la presente invención se pueden introducir en plantas de acuerdo con los mecanismos conocidos en la técnica. Generalmente, se preparan casetes de expresión recombinante descritas antes y adecuadas para la transformación de células vegetales. Los mecanismos para transformar una amplia variedad de especies de plantas superiores son bien conocidos en la literatura técnica, científica, y de patentes. Véase, por ejemplo, Weising *et al.*, Ann. Rev. Genet. 22: 421-477 (1.988). Por ejemplo, El constructo de ADN puede ser introducido directamente en el ADN genómico de la célula vegetal utilizando mecanismos tales como la electroporación, la poración con PEG, el bombardeo de partículas, el reparto con fibras de silicio, o la microinyección de protoplastos de células vegetales o callos embriogénicos. Véase, p. ej., Tomes, *et al.*, Direct DNA Transfer into Intact Plant Cells via Microprojectile Bombardment, págs. 197-213 en Plant Cell, Tissue and Organ Culture, Fundamental Methods, (eds. O.L. Gamborg y G.C. Phillips, Springer-Verlag Berlin Heidelberg New York, 1.995). Alternativamente, se pueden combinar los constructos de ADN con regiones limítrofes de ADN T adecuadas e introducirlos en un vector anfitrión de

Agrobacterium tumefaciens convencional. Las funciones de virulencia del anfitrión de *Agrobacterium tumefaciens* dirigirán la inserción del constructo y el marcador adyacente en el ADN de la célula vegetal cuando la célula es infectada por la bacteria. Véase, la Patente de los Estados Unidos Núm. 5.591.616.

- 5 La introducción de constructos de ADN utilizando la precipitación con polietilenglicol los describen Paszkowski *et al.*, en Embo J. 3: 2717-2722 (1.984). Las técnicas de electroporación las describen Fromm *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. 82: 5824 (1.985). Las técnicas de transformación balística las describen Klein *et al.*, en Nature 327: 70-73 (1.987). Las técnicas de transformación mediadas por *Agrobacterium tumefaciens* están bien descritas en la literatura científica. Véase, por ejemplo Horsch *et al.*, Science 233: 496-498 (1.984), y Fraley *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. 80: 4803 (1.983). Aunque *Agrobacterium* es principalmente útil en dicotiledóneas, ciertas monocotiledóneas pueden ser transformadas por *Agrobacterium*. Por ejemplo, se describe la transformación de maíz con *Agrobacterium* en la Patente de los Estados Unidos Núm. 5.550.318.

- 15 Otros métodos de transfección o transformación incluyen (1) la transformación mediada por *Agrobacterium rhizogenes* (véase, p. ej., Lichtenstein y Fuller En: Genetic Engineering, vol. 6, PWJ Rigby, Ed., London, Academic Press, 1.987; y Lichtenstein, C. P., y Draper, J., En: DNA Cloning, Vol. II, D. M. Glover, Ed., Oxford, IRI Press, 1985). En la solicitud PCT/US87/02512 (WO 88/02405 publicada el 7 de Abril de 1.988) se describe el uso de una cepa A4 de *A. rhizogenes* y su plásmido Ri junto con vectores de *A. tumefaciens* pARC8 o pARC16 (2) la absorción de ADN mediada por liposomas (véase, p. ej., Freeman *et al.*, Plant Cell Physiol. 25: 1353, 1.984), (3) el método del vórtice (véase, p. ej., Kindle, Proc. Natl. Acad. Sci., USA 87: 1228, (1.990).

- También se puede introducir ADN en plantas mediante transferencia directa de ADN en polen como describen Zhou *et al.*, Methods in Enzymology, 101:433 (1.983); D. Hess, Intern Rev. Cytol., 107:367 (1.987); Luo *et al.*, Plane Mol. Biol. Reporter, 6:165 (1.988). La expresión de los genes que codifican el polipéptido se puede obtener mediante inyección del ADN en órganos reproductores de una planta como describen Pena *et al.*, Nature, 325:274 (1.987). También se puede inyectar ADN directamente en las células de embriones inmaduros y la rehidratación de los embriones desecados como describen Neuhaus *et al.*, en Theor. Appl. Genet., 75:30 (1.987); y Benbrook *et al.*, en Proceedings Bio Expo 1986, Butterworth, Stoneham, Mass., págs. 27-54 (1.986). Se conoce en la técnica una variedad de virus de plantas que se pueden emplear como vectores e incluyen el virus del mosaico de la coliflor (CaMV), el geminivirus, el virus del mosaico del bromus, y el virus del mosaico del tabaco.

B. Transfección de Procariotas, Eucariotas Inferiores, y Células Animales

- Las células anfitrionas animales y eucarióticas inferiores (p. ej., levaduras) son competentes o se vuelven competentes para la transfección mediante diversos métodos. Existen numerosos métodos bien conocidos para la introducción de ADN en células animales. Estos incluyen: precipitación con fosfato de calcio, fusión de las células receptoras con protoplastos bacterianos que contienen ADN, tratamiento de las células receptoras con liposomas que contienen ADN, DEAE-dextrano, electroporación, métodos biolísticos, y micro-inyección del ADN directamente en las células. Las células transfectadas se cultivan por medios bien conocidos en la técnica. Kuchler, R.J., Biochemical Methods in Cell Culture y Virology, Dowden, Hutchinson y Ross, Inc. (1.977).

Síntesis de Proteínas

- Las proteínas de la presente invención se pueden construir utilizando métodos sintéticos no celulares. La síntesis en fase sólida de proteínas de menos de aproximadamente 50 aminoácidos de longitud se puede completar anclando el aminoácido C-terminal de la secuencia a un soporte insoluble seguido del resto de los aminoácidos de la secuencia. Los mecanismos para la síntesis en fase sólida son descritos por Barany y Merrifield, en Solid-Phase Peptide Synthesis, págs. 3-284 en The Peptides: Analysis, Synthesis, Biology. Vol. 2: Special Methods in Peptide Synthesis, Parte A.; Merrifield, *et al.*, J. Am. Chem. Soc. 85: 2149-2156 (1.963), y Stewart *et al.*, Solid Phase Peptide Synthesis, 2ª ed., Pierce Chem. Co., Rockford, Ill. (1.984). Las proteínas de mayor longitud se pueden sintetizar mediante condensación de los extremos amino y carboxi de fragmentos más cortos. Los métodos de formación de enlaces peptídicos mediante la activación del extremo carboxi terminal (p. ej., mediante el uso del reactivo de acoplamiento N,N'-diciiclohexilcarbodiimida)) es conocido por los expertos.

Purificación de Proteínas

- Las proteínas de la presente invención se pueden purificar mediante mecanismos conocidos por los expertos en la técnica. Las proteínas producidas recombinantemente de la presente invención se pueden expresar directamente o se pueden expresar como una proteína de fusión. La proteína recombinante se purifica mediante una combinación de lisis celular (p. ej., sonicación, prensa French) y cromatografía de afinidad. Para los productos de fusión, la posterior digestión de la proteína de fusión con una enzima proteolítica adecuada libera la proteína recombinante deseada.

- Las proteínas de esta invención, recombinantes o sintéticas, pueden ser purificadas hasta una pureza sustancial mediante mecanismos normalizados bien conocidos en la técnica, incluyendo la solubilización con detergente, la precipitación selectiva con sustancias tales como sulfato de amonio, la cromatografía en columna, los métodos de inmunopurificación, y otros. Véase, por ejemplo, R. Scopes, Protein Purification: Principles and Practice, Springer-Verlag: New York (1.982); Deutscher, Guide to Protein Purification, Academic Press (1.990). Por ejemplo, se pueden producir anticuerpos para las proteínas descritas en la presente memoria. Se puede lograr la purificación a partir de *E. coli*

siguiendo los siguientes procedimientos descritos en la Patente de los Estados Unidos Núm. 4.511.503. La proteína puede ser aislada después de las células expresando la proteína y se puede purificar adicionalmente mediante mecanismos de la química de proteínas normalizada como se describe en la presente memoria. La detección de la proteína expresada se puede lograr mediante métodos conocidos en la técnica e incluyen, por ejemplo, radioinmunoanálisis, mecanismos de transferencia Western o inmunoprecipitación.

Regeneración de Plantas Transgénicas

Las células vegetales transformadas que derivan mediante cualquiera de los mecanismos de transformación anteriores pueden ser cultivadas para regenerar una planta completa que posee el genotipo transformado. Tales mecanismos de regeneración a menudo cuentan con la manipulación de ciertas fitohormonas en un medio de crecimiento para el cultivo de tejidos, contando típicamente con un marcador biocida y/o herbicida que ha sido introducido junto con un polinucleótido de la presente invención. Para la transformación y regeneración de maíz, véase Gordon-Kamm *et al.*, *The Plant Cell*, 2:603-618 (1.990).

Las células vegetales transformadas con un vector de expresión vegetal pueden ser regeneradas, p. ej., a partir de células individuales, tejido de callos o discos foliares de acuerdo con los mecanismos de cultivo de tejidos vegetales normalizados. Es bien sabido en la técnica que las diversas células, tejidos, y órganos de casi cualquier planta pueden ser cultivados con éxito para regenerar una planta completa. La regeneración de plantas a partir de protoplastos cultivados es descrita por Evans *et al.*, en *Protoplasts Isolation and Culture*, Handbook of Plant Cell Culture, Macmillan Publishing Company, New York, págs. 124-176 (1.983); y Binding, *Regeneration of Plants, Plant Protoplasts*, CRC Press, Boca Raton, págs. 21-73 (1.985).

La regeneración de plantas que contienen el gen foráneo introducido por *Agrobacterium* de explantes foliares se puede lograr como describen Horsch *et al.*, en *Science*, 227:1229-1231 (1.985). En este procedimiento, los transformantes se hacen crecer en presencia de un agente de selección y en un medio que induce la regeneración de los vástagos en las especies vegetales que están siendo transformadas como describen Fraley *et al.*, en *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, 80:4803 (1.983). Este procedimiento produce típicamente vástagos en dos a cuatro semanas y estos vástagos transformantes son transferidos después a un medio que induce la formación de raíces apropiado que contiene el agente selectivo y un antibiótico para evitar el crecimiento bacteriano. Las plantas transgénicas de la presente invención pueden ser fértiles o estériles.

También se puede obtener la regeneración a partir de callos, explantes, órganos de plantas, o partes de los mismos. Tales mecanismos de regeneración son descritos generalmente por Klee *et al.*, en *Ann. Rev. of Plant Phys.* 38: 467-486 (1.987). La regeneración de plantas a partir de protoplastos de plantas individuales o de diversos explantes es bien conocida en la técnica. Véase, por ejemplo, *Methods for Plant Molecular Biology*, A. Weissbach y H. Weissbach, eds., Academic Press, Inc., San Diego, Calif. (1.988). Este procedimiento de regeneración y crecimiento incluye las etapas de selección de las células transformantes y los vástagos, enraizamiento de los vástagos transformantes y crecimiento de las plántulas en la tierra. Para el cultivo y regeneración de células de maíz véase generalmente, *The Maize Handbook*, Freeling y Walbot, Eds., Springer, New York (1.994); *Corn and Corn Improvement*, 3ª edición, Sprague and Dudley Eds., American Society of Agronomy, Madison, Wisconsin (1.988).

Un experto reconocerá que una vez que la casete de expresión recombinante es incorporada establemente en las plantas transgénicas y se confirma que es operable, puede ser introducida en otras plantas mediante cruzamiento sexual. Se puede utilizar cualquiera de los numerosos mecanismos de cría normalizados, dependiendo de las especies que se vayan a cruzar.

En los cultivos propagados vegetativamente, las plantas transgénicas maduras se pueden propagar tomando los esquejes o mediante mecanismos de cultivo de tejidos para producir múltiples plantas idénticas. Se realiza la selección de transgénicos deseables y se obtienen nuevas variedades y se propagan vegetativamente para uso comercial. En los cultivos propagados por semillas, las plantas transgénicas maduras pueden ser cruzadas consigo mismas para producir una planta innata homocigota. La planta innata produce semillas que contienen el ácido nucleico heterólogo recién introducido. Estas semillas se pueden hacer crecer para producir plantas que produzcan el fenotipo seleccionado.

Las partes obtenidas de la planta regenerada, tales como flores, semillas, ramas, frutos, y similares están incluidas en la invención, siempre que estas partes comprendan células que comprendan el ácido nucleico aislado de la presente invención. También están incluidos en el alcance de la invención, la progenie y las variantes, y los mutantes de las plantas regeneradas, siempre que estas partes comprendan las secuencias de ácido nucleico introducidas.

Las plantas transgénicas que expresan el marcador seleccionable pueden ser escrutadas en cuanto a la transmisión del ácido nucleico de la presente invención, por ejemplo, mediante mecanismos de inmunotransferencia y detección de ADN normalizados. Las líneas transgénicas también se evalúan típicamente en cuanto a los niveles de expresión del ácido nucleico heterólogo. La expresión a nivel de ARN se puede determinar inicialmente para identificar y cuantificar las plantas con expresión positiva. Se pueden emplear los mecanismos normalizados para el análisis de ARN e incluyen los análisis de amplificación por PCR utilizando cebadores oligonucleotídicos diseñados para amplificar solamente los moldes de ARN heterólogos y los análisis de hibridación en solución utilizando sondas específicas del ácido nucleico heterólogo. Las plantas ARN positivas se pueden analizar después en cuanto a la expresión de la proteína mediante análisis de inmunotransferencia Western utilizando los anticuerpos específicamente reactivos de la presente

invención. Además, se puede realizar la hibridación y la inmunocitoquímica *in situ* según los protocolos normalizados utilizando sondas de polinucleótidos específicas del ácido nucleico y anticuerpos, respectivamente, para localizar los sitios de expresión dentro del tejido transgénico. Generalmente, se escrutan normalmente numerosas líneas transgénicas en cuanto al ácido nucleico incorporado para identificar y seleccionar las plantas con los perfiles de expresión más apropiados.

Una realización preferida es una planta transgénica que es homocigota para el ácido nucleico heterólogo añadido; esto es, una planta transgénica que contiene dos secuencias de ácido nucleico añadidas, un gen en el mismo locus de cada cromosoma de un par de cromosomas. Se puede obtener una planta transgénica homocigota mediante apareamiento sexual (autogamia) de una planta transgénica heterocigota que contiene un único ácido nucleico heterólogo añadido, haciendo germinar algunas de las semillas producidas y analizando las plantas resultantes producidas en cuanto a la expresión alterada de un polinucleótido de la presente invención con respecto a una planta de control (esto es, nativa, no transgénicas). También se contemplan el retrocruzamiento con una planta parental y el cruzamiento ("out-crossing") con una planta no transgénica.

Modulación de los Niveles y/o la Composición Polipeptídicos

La presente invención proporciona adicionalmente un método para modular (esto es, aumentar o disminuir) la concentración o composición de los polipéptidos de la presente invención en una planta o una parte de la misma. La modulación se puede efectuar aumentando o disminuyendo la concentración y/o la composición (esto es, la razón de los polipéptidos de la presente invención) en una planta. El método comprende transformar una célula vegetal con una casete de expresión recombinante que comprende un polinucleótido de la presente invención como se ha descrito antes para obtener una célula vegetal transformada, hacer crecer la célula vegetal transformada en condiciones para formar una planta, e inducir la expresión de un polinucleótido de la presente invención en la planta durante un tiempo suficiente para modular la concentración y/o la composición en la planta o una parte de la planta.

En algunas realizaciones, el contenido y/o la composición de polipéptidos de la presente invención en una planta puede ser modulado alternado, *in vivo* o *in vitro*, el promotor de un gen no aislado de la presente invención para regular al alza o a la baja la expresión del gen. En algunas realizaciones, las regiones codificadoras de los genes nativos de la presente invención se pueden alterar por medio de una sustitución, adición, inserción, o delección para disminuir la actividad de la enzima codificada. Véase, p. ej., Kmiec, Patente de los Estados Unidos 5.565.350; Zarling *et al.*, PCT/US93/03868. Y en algunas realizaciones, se transfecta un ácido nucleico aislado (p. ej., un vector) que comprende una secuencia promotora a una célula vegetal. Con posterioridad, se selecciona una célula vegetal que comprende el promotor conectado operablemente a un polinucleótido de la presente invención mediante métodos conocidos por los expertos en la técnica tales como, pero no limitados a, transferencia Southern, secuenciación de ADN, o análisis mediante PCR utilizando cebadores específicos para el promotor y para el gen y detectando los amplicones producidos a partir de ellos. Una planta o una parte de una planta alterada o modificada mediante las realizaciones anteriores se hace crecer en las condiciones para la formación de plantas durante un tiempo suficiente para modular la concentración Y/o la composición de los polipéptidos de la presente invención en la planta. Las condiciones para la formación de plantas son bien conocidas en la técnica y se han comentado brevemente, más arriba.

En general, la concentración o la composición aumenta o disminuye al menos un 5%, 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, o 90% con respecto a la planta de control nativa, la parte de la planta o la célula que carece de la casete de expresión recombinante mencionada antes. La modulación en la presente invención se puede producir durante y/o después del crecimiento de la planta hasta la fase de desarrollo deseada. La modulación de la expresión del ácido nucleico temporalmente y/o en tejidos concretos se puede controlar empleando el promotor apropiado conectado operablemente a un polinucleótido de la presente invención, por ejemplo, en orientación efectora o antisentido como se ha comentado con más detalle, antes. La inducción de la expresión de un polinucleótido de la presente invención también se puede controlar mediante la administración exógena de una cantidad eficaz de compuesto inductor. Los promotores inducibles y los compuestos inductores que activan la expresión de estos promotores son bien conocidos en la técnica. En las realizaciones preferidas, los polipéptidos de la presente invención son modulados en monocotiledóneas, concretamente en maíz.

Marcadores Moleculares

La presente invención proporciona un método de tipificación genotípica de una planta que comprende un polinucleótido de la presente invención. Preferiblemente, la planta es una monocotiledónea, tal como maíz o sorgo. La tipificación genotípica proporciona un medio para distinguir los homólogos de un par de cromosomas y se puede utilizar para diferenciar los segregantes en una población vegetal. Se pueden utilizar marcadores moleculares para estudios filogenéticos, caracterizando las relaciones genéticas entre las variedades de cultivos, identificando los cruces o híbridos somáticos, localizando los segmentos cromosómicos que afectan a los rasgos monogénicos, la clonación basada en mapas, y el estudio de la herencia cuantitativa. Véase, p. ej., Plant Molecular Biology: A Laboratory Manual, Capítulo 7, Clark, Ed., Springer-Verlag, Berlin (1.997). Para los métodos con marcadores moleculares, véase generalmente, The DNA Revolution by Andrew H. Paterson 1.996 (Capítulo 2) en: Genome Mapping in Plants (ed. Andrew H. Paterson) por Academic Press/R. G. Landis Company, Austin, Texas, págs. 7-21.

El método concreto de tipificación genotípica en la presente invención puede emplear cualquiera de las numerosas técnicas analíticas con marcadores moleculares tales como, pero no limitadas a, los polimorfismos de longitud de los fragmentos de restricción (RFLP). Los RFLP son el producto de las diferencias alélicas entre los fragmentos de restricción del ADN ocasionadas por la variabilidad de la secuencia de nucleótidos. Como es bien sabido por los expertos en la técnica, los RFLP se detectan típicamente mediante extracción del ADN genómico y digestión con una enzima de restricción. Generalmente, los fragmentos resultantes se separan según el tamaño y se hibridan con una sonda; se prefieren las sondas de una sola copia. Los fragmentos de restricción de los cromosomas homólogos se revelan. Las diferencias en el tamaño de los fragmentos entre los alelos representan un RFLP. De este modo, la presente invención proporciona adicionalmente un método para seguir la segregación de un gen o un ácido nucleico de la presente invención así como secuencias cromosómicas conectadas genéticamente a estos genes o ácidos nucleicos utilizando mecanismos tales como el análisis de RFLP. Las secuencias cromosómicas conectadas están en 50 centimorgans (cM), a menudo en 40 o 30 cM, preferiblemente en 20 o 10 cM, más preferiblemente en 5, 3, 2, o 1 cM de un gen de la presente invención.

En la presente invención, las sondas de ácido nucleico empleadas para el mapeo con marcadores moleculares de los genomas nucleares de las plantas hibridan selectivamente, en condiciones de hibridación selectivas, con un gen que codifica un polinucleótido de la presente invención. En realizaciones preferidas, las sondas se seleccionan entre los polinucleótidos de la presente invención. Típicamente, estas sondas son sondas de ADNc o clones genómicos con *Pst* I. La longitud de las sondas se han comentado con mayor detalle, antes, pero tienen típicamente al menos 15 bases de longitud, más preferiblemente al menos 20, 25, 30, 35, 40, o 50 bases de longitud. Generalmente, sin embargo, las sondas son menores de aproximadamente 1 kilobase de longitud. Preferiblemente, las sondas son sondas de una sola copia que hibridan con un locus único en un complemento de un cromosoma haploide. Algunas enzimas de restricción ilustrativas empleadas en el mapeo de RFLP son *Eco*RI, *Eco*Rv, y *Sst*I. Según se utiliza en la presente memoria el término "enzima de restricción" incluye la referencia a una composición que reconoce y, sola o combinada con otra composición, escinde una secuencia de nucleótidos específica.

El método de detección de un RFLP comprende las etapas de (a) digerir el ADN genómico de una planta con una enzima de restricción; (b) hibridar una sonda de ácido nucleico, en condiciones de hibridación selectivas, con una secuencia de un polinucleótido de la presente de dicho ADN genómico; (C) detectar un RFLP a partir de ello. Otros métodos de diferenciación de variantes polimórficas (alélicas) de los polinucleótidos de la presente invención se pueden obtener utilizando mecanismos con marcadores moleculares bien conocidos por los expertos en la técnica incluyendo mecanismos tales como: 1) análisis de conformación de hebra sencilla (SSCP); 2) electroforesis en gel con gradiente desnaturizante (DGGE); 3) análisis de protección con ARNasa; 4) oligonucleótidos alelo-específicos (ASO); 5) el uso de proteínas que reconocen emparejamientos erróneos de nucleótidos, tales como la proteína mutS de *E. coli*; y 6) PCR alelo-específica. Otros enfoques basados en la detección de emparejamientos erróneos entre dos hebras de ADN complementarias incluyen la electroforesis de gel desnaturizante constante (CDGE); análisis de heterodúplex (HA); y escisión química de emparejamientos erróneos (CMC). Las variantes polimórficas ilustrativas se proporcionan en la Tabla I, anterior. De este modo, la presente invención proporciona adicionalmente un método para la tipificación genotípica que comprende las etapas de poner en contacto, en condiciones de hibridación restrictivas, una muestra que se sospecha que comprende un polinucleótido de la presente invención con una sonda de ácido nucleico. Generalmente, la muestra es una muestra vegetal; preferiblemente, una muestra que se sospecha que comprende un polinucleótido de maíz de la presente invención (p. ej., un gen, ARNm). La sonda de ácido nucleico hibrida selectivamente, en condiciones restrictivas, con una subsecuencia de un polinucleótido de la presente invención que comprende un marcador polimórfico. La hibridación selectiva de la sonda de ácido nucleico con el ácido nucleico del marcador polimórfico proporciona un complejo de hibridación. La detección del complejo de hibridación indica la presencia de ese marcador polimórfico en la muestra. En las realizaciones preferidas, la sonda de ácido nucleico comprende un polinucleótido de la presente invención.

UTR y Preferencia del Codón

En general, se ha encontrado que la eficacia traduccional está regulada por elementos de secuencia específica en la región 5' no codificadora o no traducida (5' UTR) del ARN. Los motivos de secuencia positiva incluyen secuencias consenso de inicio de la traducción (Kozak, *Nucleic Acids Res.* 15:8125 (1.987)) y la estructura de protección terminal 7-metilguanosa (Drummond *et al.*, *Nucleic Acids Res.* 13:7375 (1.985)). Los elementos negativos incluyen estructuras en lazo 5' UTR intramoleculares estables (Muesing *et al.*, *Cell* 48:691 (1.987)) y secuencias de AUG o marcos de lectura abiertos cortos precedidos por un AUG en el 5' UTR (Kozak, anterior, Rao *et al.*, *Mol. y Cell. Biol.* 8:284 (1.988)). Por consiguiente, la presente invención proporciona regiones 5' y/o 3' UTR para la modulación de la traducción de secuencias codificadoras heterólogas.

Adicionalmente, los segmentos que codifican polipéptido de los polinucleótidos de la presente invención pueden ser modificados para alterar el uso de los codones. Se puede emplear el uso de codones alterado para alterar la eficacia traduccional y/o para optimizar la secuencia codificadora para la expresión en un anfitrión deseado o para optimizar el uso de codones en una secuencia heteróloga para la expresión en maíz. El uso de codones en las regiones codificadoras de los polinucleótidos de la presente invención se puede analizar estadísticamente utilizando paquetes de soporte lógico disponibles en el mercado tales como "Codon Preference" asequible del University of Wisconsin Genetics Computer Group (véase Devereaux *et al.*, *Nucleic Acids Res.* 12: 387-395 (1.984)) o MacVector 4.1 (Eastman Kodak Co., New Haven, Conn.). De este modo, la presente invención proporciona una frecuencia del uso de codones característica de la región codificadora de al menos uno de los polinucleótidos de la presente invención. El número de polinucleótidos que

se puede utilizar para determinar la frecuencia del uso de codones puede ser cualquier número entero de 1 al número de polinucleótidos de la presente invención proporcionado en la presente memoria. Opcionalmente, los polinucleótidos serán secuencias completas. Un número ilustrativo de secuencias para el análisis estadístico puede ser de al menos 1, 5, 10, 20, 50, o 100.

Barajado de Secuencia

La presente invención hace referencia a métodos para el barajado de la secuencia utilizando los polinucleótidos de la presente invención, y las composiciones resultantes de allí. El barajado de la secuencia se describe en la Publicación PCR Núm. 96/19256. Véase también, Zhang, J.-H., *et al.* Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94:4504-4509 (1.997). Generalmente, el barajado de la secuencia proporciona un método para generar genotecas de polinucleótidos que tienen una característica deseada que pueden ser seleccionados o escrutados. Las genotecas de polinucleótidos recombinantes se generan a partir de una población de polinucleótidos de secuencia relacionada que comprende regiones de secuencia que tienen una identidad de secuencia sustancial y pueden ser recombinados homológamente *in vitro* o *in vivo*. La población de polinucleótidos de secuencia recombinada comprende una subpoblación de polinucleótidos que posee las características deseadas o ventajosas y que pueden ser seleccionadas mediante un método de selección o escrutinio adecuado. Las características pueden ser cualquier propiedad o atributo susceptible de ser seleccionado o detectado en un sistema de escrutinio, y puede incluir propiedades de: una proteína codificada, un elemento transcripcional, una secuencia controladora de la transcripción, tratamiento del ARN, estabilidad del ARN, conformación de cromatina, traducción, u otra propiedad de la expresión de un gen o transgén, un elemento replicativo, un elemento de unión a una proteína, o similar, tal como cualquier rasgo que confiera una propiedad seleccionable o detectable. La característica seleccionada puede ser una K_m disminuida y/o una K_{cat} aumentada en la proteína de tipo salvaje proporcionada en la presente memoria. En otras realizaciones, la proteína o polinucleótido generado a partir del barajado de la secuencia tendrá una afinidad de unión al ligando mayor que la del polinucleótido de tipo salvaje no barajado. El incremento de tales propiedades puede ser de al menos un 110%, 120%, 130%, 140% o al menos 150% del valor de tipo salvaje.

Secuencias Genéricas y Consenso

La presente invención también hace referencia a polinucleótidos y polipéptidos que tienen: (a) una secuencia genérica de al menos dos polinucleótidos o polipéptidos homólogos, respectivamente, de la presente invención; y, (b) una secuencia consenso de al menos tres polinucleótidos o polipéptidos homólogos, respectivamente, de la presente invención. Un polinucleótido que tiene una secuencia consenso de aminoácidos o ácido nucleico puede ser utilizada para generar anticuerpos o producir sondas o cebadores de ácido nucleico para escrutar homólogos en otras especies, géneros, familias, órdenes, clases, fila, o reinos. Por ejemplo, se puede utilizar un polinucleótido que tiene secuencias consenso de una familia de genes de *Zea mays* para generar anticuerpos o sondas o cebadores de ácido nucleico para otra especie de gramínea tal como trigo, arroz, o sorgo. Alternativamente, se puede utilizar un polinucleótido que tiene una secuencia consenso generada a partir de genes ortólogos para identificar o aislar ortólogos de otros taxa. Típicamente, un polinucleótido que tiene una secuencia consenso tendrá al menos 9, 10, 15, 20, 25, 30, o 40 aminoácidos de longitud, o 20, 30, 40, 50, 100, o 150 nucleótidos de longitud. Como saben los expertos en la técnica, se puede utilizar una sustitución de aminoácidos conservativa para los aminoácidos que difieren entre la secuencia alineada pero son del mismo grupo de sustituciones conservativas mencionado antes. Opcionalmente, se sustituyen no más de 1 o 2 aminoácidos conservativos por cada 10 aminoácidos de longitud de la secuencia consenso.

Secuencias similares utilizadas para la generación de una secuencia consenso o genérica incluyen cualquier número y combinación de variantes alélicas del mismo gen, secuencias ortólogas, o parálogas proporcionadas en la presente memoria. Opcionalmente, las secuencias similares utilizadas en la generación de una secuencia consenso o genérica se identifican utilizando la probabilidad del sumatorio más pequeño del algoritmo BLAST (P(N)). En el capítulo 7 de Current Protocols in Molecular Biology, F.M. Ausubel *et al.*, Eds., Current Protocols, una empresa conjunta entre Greene Publishing Associates, Inc. y John Wiley & Sons, Inc. (Suplemento 30) se enumeran diversos proveedores de soporte lógico para el análisis de secuencias. Una secuencia de polinucleótidos se considera similar a una secuencia de referencia si la probabilidad de la suma más pequeña en comparación del ácido nucleico de ensayo con el ácido nucleico de referencia es menor de aproximadamente 0,1, más preferiblemente menor de aproximadamente 0,01, o 0,001, y muy preferiblemente menor de aproximadamente 0,0001, o 0,00001. Los polinucleótidos similares pueden ser alineados y se puede generar una secuencia consenso o genérica generada utilizando los múltiples soportes lógicos para el alineamiento de la secuencia disponibles de numerosos proveedores comerciales tales como el soporte lógico PILEUP del Genetics Computer Group (Madison, WI), ALIGNX de Vector NTI (North Bethesda, MD), o SEQUENCHER de Genecode (Ann Arbor, MI). Convenientemente, se pueden utilizar los parámetros por defecto de semejante soporte lógico para generar secuencias consenso o genéricas.

Detección de Ácidos Nucleicos

La presente invención hace referencia adicionalmente a métodos para detectar un polinucleótido de la presente invención en una muestra de ácido nucleico que se sospecha que comprende un polinucleótido de la presente invención, tal como un producto lisado de células vegetales, concretamente un producto lisado de maíz. En algunas realizaciones, se puede amplificar un gen de la presente invención o una porción del mismo antes de la etapa de contacto de la muestra de ácido nucleico con un polinucleótido de la presente invención. La muestra de ácido nucleico se pone en contacto con el polinucleótido para formar un complejo de hibridación. El polinucleótido hibrida en condiciones restrictivas

con un gen que codifica un polipéptido de la presente invención. La formación del complejo de hibridación se utiliza para detectar un gen que codifica un polipéptido de la presente invención en la muestra de ácido nucleico. Los expertos apreciarán que un ácido nucleico aislado que comprende un polinucleótido de la presente invención debe carecer de secuencias que hibridan de forma cruzada en común con genes no diana que producirían un resultado falso positivo.

La detección del complejo de hibridación se puede lograr utilizando cualquier número de métodos bien conocidos. Por ejemplo, la muestra de ácido nucleico, o una porción de la misma, se puede analizar mediante formatos de hibridación que incluyen pero no están limitados a, fase de solución, fase sólida, fase mixta, o análisis de hibridación *in situ*. Brevemente, en las hibridaciones en fase de solución (o líquida), tanto el ácido nucleico diana como la sonda o el cebador están libres de interacción en la mezcla de reacción. En los análisis de hibridación en fase sólida, las sondas o cebadores están conectados típicamente a un soporte sólido donde están disponibles para la hibridación con un ácido nucleico diana en solución. En la fase mixta, los intermedios de ácido nucleico en solución hibridan con los ácidos nucleicos diana en solución así como con un ácido nucleico conectado a un soporte sólido. En la hibridación *in situ*, el ácido nucleico diana es liberado de su entorno celular de tal manera que esté disponible para la hibridación en la célula a la vez que conserva la morfología celular para la posterior interpretación y análisis. Los siguientes artículos proporcionan una visión de conjunto de los diversos formatos de análisis de hibridación: Singer *et al.*, *Biotechniques* 4(3): 230-250 (1.986); Haase *et al.*, *Methods in Virology*, Vol. VII, págs. 189-226 (1.984); Wilkinson, *The theory and practice of in situ hybridization* en: *In situ Hybridization*, D.G. Wilkinson, Ed., IRL Press, Oxford University Press, Oxford; y *Nucleic Acid Hybridization: A Practical Approach*, Hames, B.D. y Higgins, S.J., Eds., IRL Press (1.987).

Marcas de Ácido Nucleico y Métodos de Detección

Los métodos por los cuales los ácidos nucleicos de la presente invención son marcados no son un aspecto crítico de la presente invención y se pueden completar mediante cualquiera de los numerosos métodos conocidos actualmente o desarrollados más tarde. Las marcas detectables adecuadas para su uso en la presente invención incluyen cualquier composición detectable mediante métodos espectroscópicos, radioisotópicos, fotoquímicos, bioquímicos, inmunoquímicos, eléctricos, ópticos o químicos. Las marcas útiles en la presente invención incluyen biotina para la tinción con un producto conjugado de estreptavidina marcado, cuentas magnéticas, colorantes fluorescentes (p. ej., fluoresceína, rojo texas, rodamina, proteína fluorescente verde, y similares), radiomarcas (p. ej., H^3 , I^{125} , S^{35} , C^{14} , o P^{32}), enzimas (p. ej., peroxidasa de rábano picante, fosfatasa alcalina y otros comúnmente utilizados en un ELISA), y marcas colorimétricas tales como oro coloidal o cuentas de vidrio o plástico coloreado (p. ej., poliestireno, polipropileno, látex, etc.).

Los ácidos nucleicos de la presente invención se pueden marcar mediante uno cualquiera de los diversos métodos utilizados típicamente para detectar la presencia de ácidos nucleicos hibridados. Un método de detección común consiste en el uso de autorradiografías empleando sondas marcadas con H^3 , I^{125} , S^{35} , C^{14} , o P^{32} , o similares. La elección del isótopo radiactivo depende de las preferencias de búsqueda debido a la facilidad de síntesis, la estabilidad, y las vidas medias de los isótopos seleccionados. Otras marcas incluyen ligandos que se unen a anticuerpos marcados con fluoróforos, agentes quimioluminiscentes, y enzimas. Alternativamente, las sondas se pueden conjugar directamente con marcas tales como fluoróforos, agentes quimioluminiscentes o enzimas. La elección de la marca depende de la sensibilidad requerida, la facilidad de conjugación con la sonda, los requerimientos de estabilidad, y el instrumental disponible. El marcaje de los ácidos nucleicos de la presente invención se logra fácilmente mediante el uso de cebadores de PCR marcados.

En algunas realizaciones, la marca se incorpora simultáneamente durante la etapa de amplificación en la preparación de los ácidos nucleicos. De este modo, por ejemplo, la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) con cebadores marcados o nucleótidos marcados proporcionará un producto de amplificación marcado. En otra realización, la amplificación de la transcripción utilizando un nucleótido marcado (p. ej., UTP y/o CTP marcado con fluoresceína) incorpora una marca en los ácidos nucleicos transcritos.

Las sondas no radiactivas se marcan a menudo mediante métodos indirectos. Por ejemplo, una molécula de ligando se une covalentemente a la sonda. El ligando se une después a una molécula anti-ligando que o bien es detectable inherentemente o bien se une covalentemente a un sistema de señal detectable, tal como una enzima, un fluoróforo, o un compuesto quimioluminiscente. Las enzimas de interés como marcas serán principalmente hidrolasas, tales como fosfatasas, esterasas y glicosidasas, u oxidorreductasas, concretamente peroxidasas. Los compuestos fluorescentes incluyen fluoresceína y sus derivados, rodamina y sus derivados, dansilo, umbeliferona, etc. Los quimioluminiscentes incluyen luciferina, y 2,3-dihidroftalazinaodionas, p. ej., luminol. Los ligandos y anti-ligandos pueden variar ampliamente. Cuando un ligando tiene un anti-ligando natural, esto es ligandos tales como biotina, tiroxina, y cortisol, éste se puede utilizar junto con su anti-ligando de origen natural, marcado. Alternativamente, se puede utilizar cualquier compuesto hapténico o antigénico combinado con un anticuerpo.

Las sondas también se pueden marcar mediante conjugación directa con una marca. Por ejemplo, se han acoplado sondas de ADN clonado directamente a peroxidasa de rábano picante o fosfatasa alcalina, (Renz, M., y Kurz, K., *A Colorimetric Method for DNA Hybridization*, *Nucl. Acids Res.* 12: 3435-3444 (1.984)) y se han acoplado oligonucleótidos sintéticos directamente con fosfatasa alcalina (Jablonski, E., *et al.*, *Preparation of Oligodeoxynucleotide-Alkaline Phosphatase Conjugates and Their Use as Hybridization Probes*, *Nuc. Acids Res.* 14: 6115-6128 (1.986); y Li P., *et al.*, *Enzyme-linked Synthetic Oligonucleotide probes: Non-Radioactive Detection of Enterotoxigenic Escherichia Coli in Faeca Specimens*, *Nucl. Acids Res.* 15: 5275-5287 (1.987)).

Los métodos para detectar tales marcas son bien conocidos para los expertos en la técnica. De este modo, por ejemplo, se pueden detectar radiomarcas utilizando película fotográfica o contadores de centelleo, los marcadores fluorescentes se pueden detectar utilizando un fotodetector para detectar la luz emitida. Las marcas enzimáticas se detectan típicamente proporcionando a la enzima un sustrato y detectando el producto de reacción producido por la acción de la enzima sobre el sustrato, y las marcas colorimétricas se detectan simplemente visualizando la marca coloreada.

Anticuerpos para Proteínas

Se pueden producir anticuerpos para una proteína de la presente invención, incluyendo variantes alélicas, de cepas, o de especie, y fragmentos de las mismas, tanto en sus formas de origen natural (completa) como en formas recombinantes. Adicionalmente, se producen anticuerpos para estas proteínas en sus configuraciones nativas o en configuraciones no nativas. También se pueden generar anticuerpos anti-idiotípicos. Los expertos en la técnica conocen muchos métodos de elaborar anticuerpos. La siguiente discusión se presenta como una visión global general de las técnicas disponibles; sin embargo, un experto reconocerá que se conocen muchas variaciones de los siguientes métodos.

Se utilizan numerosos inmunógenos para producir anticuerpos específicamente reactivos con una proteína de la presente invención. Los inmunógenos preferidos (antígenos) para la producción de anticuerpos monoclonales o policlonales son un polinucleótido sintético o nativo, recombinante aislado de la presente invención. Los expertos comprenderán fácilmente que las proteínas de la presente invención son desnaturalizadas típicamente, y opcionalmente reducidas, antes de la formación de anticuerpos para el escrutinio de las genotecas de expresión u otros análisis en los cuales una supuesta proteína de la presente invención es expresada o desnaturalizada en una estructura secundaria, terciaria, o cuaternaria no nativa. Los polipéptidos no aislados de la presente invención se pueden utilizar en forma pura o impura.

Después se inyecta la proteína de la presente invención en un animal capaz de producir anticuerpos. Se pueden generar anticuerpos monoclonales o policlonales para su posterior uso en inmunoanálisis para medir la presencia y cantidad de la proteína de la presente invención. Los métodos para producir anticuerpos policlonales son conocidos por los expertos en la técnica. En resumen, se mezcla un inmunógeno (antígeno), preferiblemente una proteína purificada, una proteína acoplada a un portador apropiado (*p. ej.*, GST, hemocianina de lapa ojo de cerradura, *etc.*), o una proteína incorporada en un vector de inmunización tal como un virus vaccinia recombinante (véase, Patente de los Estados Unidos Núm. 4.722.848) con un coadyuvante y los animales son inmunizados con la mezcla. La respuesta inmunitaria del animal a la preparación de inmunógeno se controla tomando muestras de sangre y determinando el título de reactividad para la proteína de interés. Cuando se obtienen elevados títulos de anticuerpo para el inmunógeno apropiadamente elevados, se recoge la sangre del animal y se preparan antiseros. El fraccionamiento adicional de los antiseros para enriquecerlos en anticuerpos reactivos a la proteína se realiza cuando se desea (Véase, *p. ej.*, Coligan, *Current Protocols in Immunology*, Wiley/Greene, NY (1.991); y Harlow y Lane, *Antibodies: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Press, NY (1.989)).

Los anticuerpos, incluyendo los fragmentos de unión y las versiones recombinantes de cadena sencilla de los mismos, frente a fragmentos predeterminados de una proteína de la presente invención son producidos por animales de inmunización, *p. ej.*, con productos conjugados de los fragmentos con proteínas portadoras como se ha descrito antes. Típicamente, el inmunógeno de interés es una proteína de al menos aproximadamente 5 aminoácidos, más típicamente la proteína tiene 10 aminoácidos de longitud, preferiblemente, 15 aminoácidos de longitud y más preferiblemente la proteína tiene 20 aminoácidos de longitud o más. Los péptidos se acoplan típicamente a una proteína portadora (*p. ej.*, en forma de una proteína de fusión), o se expresan recombinantemente en un vector de inmunización. Los determinantes antigénicos de los péptidos a los cuales se unen los anticuerpos tienen típicamente de 3 a 10 aminoácidos de longitud.

Los anticuerpos monoclonales se preparan a partir de células que secretan el anticuerpo deseado. Los anticuerpos monoclonales se escrutan en cuanto a la unión a una proteína de la cual derivaba el inmunógeno. Los anticuerpos monoclonales y policlonales específicos tendrán normalmente un sitio de unión al anticuerpo con una constante de afinidad para su antígeno monovalente cognado al menos entre 10^6 - 10^7 , normalmente al menos 10^8 , preferiblemente al menos 10^9 , más preferiblemente al menos 10^{10} , y muy preferiblemente al menos 10^{11} litros/mol.

En algunos casos, es deseable preparar anticuerpos monoclonales de diversos anfitriones mamíferos, tales como ratones, roedores, primates, humanos, *etc.* Se encuentran descripciones de las técnicas para preparar tales anticuerpos monoclonales, *p. ej.*, en *Basic and Clinical Immunology*, 4ª ed., Stites *et al.*, Eds., Lange Medical Publications, Los Altos, CA, y referencias citadas allí; Harlow y Lane, *Supra*; Goding, *Monoclonal Antibodies: Principles and Practice*, 2ª ed., Academic Press, New York, NY (1.986); y Kohler y Milstein, *Nature* 256: 495-497 (1.975). Resumido brevemente, este método prosigue inyectando en un animal un inmunógeno que comprende una proteína de la presente invención. Después el animal se sacrifica y se toman células del bazo, que se fusionan con células de mieloma. El resultado es una célula híbrida o "hibridoma" que es capaz de reproducirse *in vitro*. La población de hibridomas se escruta después para aislar clones individuales, cada uno de los cuales secreta una única especie de anticuerpo para el inmunógeno. De esta manera, las especies de anticuerpos individuales obtenidas son los productos de las células B inmortalizadas y clonadas a partir del animal inmune generadas en respuesta a un sitio específico reconocido sobre la sustancia inmunogénica.

Otras técnicas adecuadas implican la selección de genotecas de anticuerpos recombinantes en fagos o vectores similares (véase, *p. ej.*, Huse *et al.*, Science 246: 1275-1281 (1.989); y Ward, *et al.*, Nature 341: 544-546 (1.989); y Vaughan *et al.*, Nature Biotechnology, 14: 309-314 (1.996)). Alternativamente, se pueden obtener anticuerpos monoclonales humanos de gran avidez a partir de ratones transgénicos que comprenden fragmentos de los loci de la Ig de cadena pesada y ligera humana desorganizados (esto es, ratones con transgenes de los miniloci). Fishwild *et al.*, Nature Biotech., 14: 845-851 (1.996). También, se pueden producir inmunoglobulinas recombinantes. Véase, Cabilly, Patente de los Estados Unidos Núm. 4.816.567; y Queen *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. 86: 10029-10033 (1.989).

Los anticuerpos de esta invención también se utilizan para la cromatografía de afinidad en proteínas aisladas de la presente invención. Las columnas se preparan, *p. ej.*, con los anticuerpos conectados a un soporte sólido, *p. ej.*, partículas, tales como agarosa, Sephadex, o similar, donde se hace pasar a través de la columna un producto lisado celular, se lava y se trata con concentraciones crecientes de un desnaturalizante débil, con lo que la proteína purificada es liberada.

Se pueden utilizar los anticuerpos para escrutar las genotecas de expresión en cuanto a productos de expresión concretos tales como una proteína normal o anormal. Normalmente los anticuerpos de semejante procedimiento se marcan con un radical que permite la fácil detección de la presencia de antígenos por la unión del anticuerpo.

Los anticuerpos originados contra una proteína de la presente invención también pueden ser utilizados para originar anticuerpos anti-idiotípicos. Estos son útiles para detectar o diagnosticar diversas afecciones patológicas relacionadas con la presencia de los respectivos antígenos.

Frecuentemente, las proteínas y anticuerpos de la presente invención serán marcados uniendo, ya sea covalentemente o no covalentemente, una sustancia que proporciona una señal detectable. Se conocen una amplia variedad de marcas y mecanismos de conjugación y son referidos ampliamente en la literatura tanto científica como de patentes. Las marcas adecuadas incluyen radionucleótidos, enzimas, sustratos, cofactores, inhibidores, radicales fluorescentes, radicales quimioluminiscentes, partículas magnéticas, y similares.

30 Inmunoanálisis de Proteínas

Los métodos para detectar las proteínas de la presente invención no son aspectos críticos de la presente invención. En una realización preferida, las proteínas se detectan y/o cuantifican utilizando cualquiera de los numerosos análisis de unión inmunológica bien reconocidos (véase, *p. ej.*, Las Patentes de los Estados Unidos 4.366.241; 4.376.110; 4.517.288; y 4.837.168). Para una revisión de los inmunoanálisis generales, véase también Methods in Cell Biology, Vol. 37: Antibodies in Cell Biology, Asai, Ed., Academic Press, Inc. New York (1.993); Basic and Clinical Immunology 7ª Edición, Stites & Terr, Eds. (1.991). Por otra parte, los inmunoanálisis de la presente invención se pueden realizar en cualquiera de las diversas configuraciones, *p. ej.*, aquellas revisadas en Enzyme Immunoassay, Maggio, Ed., CRC Press, Boca Raton, Florida (1.980); Tijan, Practice and Theory of Enzyme Immunoassays, Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, Elsevier Science Publishers B.V., Amsterdam (1.985); Harlow y Lane, antes; Immunoassay: A Practical Guide, Chan, Ed., Academic Press, Orlando, FL (1.987); Principles and Practice of Immunoassays, Price y Newman Eds., Stockton Press, NY (1.991); y Non-isotopic Immunoassays, Ngo, Ed., Plenum Press, NY (1.988). Los análisis de unión inmunológicos (o inmunoanálisis) utilizan típicamente un "agente de captura" para unirse específicamente y a menudo inmovilizar el analito (en este caso, una proteína de la presente invención). El agente de captura es un radical que se une específicamente al analito. En una realización preferida, el agente de captura es un anticuerpo que se une específicamente a una o varias proteínas de la presente invención. El anticuerpo puede ser producido mediante cualquiera de los numerosos métodos conocidos por los expertos en la técnica como se describe en la presente memoria.

Los inmunoanálisis a menudo utilizan también un agente de marcaje para unirse específicamente y marcar el complejo de unión formado por el agente de captura y el analito. El agente de marcaje puede a su vez ser uno de los radicales que comprenden el complejo anticuerpo/analito. De este modo, el agente de marcaje puede ser una proteína marcada de la presente invención o un anticuerpo marcado específicamente reactivo con una proteína de la presente invención. Alternativamente, el agente de marcaje puede ser un tercer radical, tal como otro anticuerpo, que se une específicamente al complejo anticuerpo/proteína.

En una realización preferida, el agente de marcaje es un segundo anticuerpo que lleva una marca. Alternativamente, el segundo anticuerpo puede carecer de marca, pero puede, a su vez, estar unido a un tercer anticuerpo marcado específicamente para los anticuerpos de especies de las cuales deriva el segundo anticuerpo. El segundo puede estar modificado con un radical detectable, tal como biotina, al cual se puede unir específicamente una tercera molécula marcada, tal como una estreptavidina marcada con enzima.

Otras proteínas capaces de unirse específicamente a regiones constantes de inmunoglobulina, tales como la proteína A o la proteína G también se pueden utilizar como agente marcador. Estas proteínas son constituyentes normales de las paredes celulares de las bacterias estreptocócicas. Muestran una fuerte reactividad no inmunogénica con las regiones constantes de inmunoglobulina de una variedad de especies (Véase, generalmente Kronval, *et al.*, J. Immunol. 111: 1401-1406 (1.973), y Akerstrom, *et al.*, J. Immunol. 135: 2589-2542 (1.985)).

En todos los análisis, se pueden requerir etapas de incubación y/o lavado después de cada combinación de reactivos. Las etapas de incubación pueden variar de aproximadamente 5 segundos a varias horas, preferiblemente de aproximadamente 5 minutos a aproximadamente 24 horas. Sin embargo, el tiempo de incubación dependerá del formato del análisis, el analito, el volumen de solución, las concentraciones, y similares. Normalmente, los análisis se llevarán a cabo a la temperatura ambiente, aunque se pueden realizar a lo largo de un intervalo de temperaturas, por ejemplo de 10°C a 40°C.

Si bien los detalles de los inmunoanálisis de la presente invención pueden variar con el formato concreto empleado, el método de detección de la proteína de la presente invención en una muestra biológica comprende generalmente las etapas de poner en contacto la muestra biológica con un anticuerpo que reacciona específicamente, en condiciones inmunológicamente reactivas, con una proteína de la presente invención. Se deja que el anticuerpo se una a la proteína en condiciones inmunológicamente reactivas, y se detecta la presencia del anticuerpo unido directa o indirectamente.

A. Formatos de Análisis No-Competitivos

Los inmunoanálisis para detectar proteínas de la presente invención incluyen formatos competitivos y no competitivos. Los inmunoanálisis no competitivos son análisis en los que la cantidad de analito capturado (esto es, proteína de la presente invención) se mide directamente. En un análisis "sándwich" preferido, por ejemplo, se puede unir directamente el agente de captura (p. ej., anticuerpos específicamente reactivos, en condiciones inmunorreactivas, con una proteína de la presente invención) a un sustrato sólido donde éstos están inmovilizados. Estos anticuerpos inmovilizados capturan después la proteína presente en la muestra de ensayo. La proteína inmovilizada de este modo se une después por medio de un agente de marcaje, tal como un segundo anticuerpo que porta una marca. Alternativamente, el segundo anticuerpo puede carecer de marca, pero puede, estar unido, a su vez, por un tercer anticuerpo marcado específico para los anticuerpos de la especie de la cual deriva el segundo anticuerpo. El segundo puede ser modificado con un radical detectable, tal como biotina, al cual se puede unir específicamente una tercera molécula marcada, tal como estreptavidina marcada con enzima.

B. Formatos de Análisis Competitivos

En los análisis competitivos, la cantidad de analito presente en una muestra se mide indirectamente midiendo la cantidad de un analito añadido (exógeno) (p. ej., una proteína de la presente invención) desplazado (o fuera por competición) del agente de captura (p. ej., un anticuerpo específicamente reactivo, en condiciones inmunorreactivas, con la proteína) por el analito presente en la muestra. En un análisis competitivo, se añade una cantidad conocida de analito a la muestra y después la muestra se pone en contacto con un agente de captura que se une específicamente a una proteína de la presente invención. La cantidad de proteína unida al agente de captura es inversamente proporcional a la concentración de analito presente en la muestra.

En una realización particularmente preferida, el anticuerpo es inmovilizado sobre un sustrato sólido. La cantidad de proteína unida al anticuerpo se puede determinar o bien midiendo la cantidad de proteína presente en un complejo de proteína/anticuerpo, o bien alternativamente midiendo la cantidad de proteína no complejada restante. La cantidad de proteína se puede detectar proporcionando una proteína marcada.

Un análisis de inhibición de hapteno es otro análisis competitivo preferido. En este análisis se inmoviliza un analito conocido, (tal como una proteína de la presente invención) sobre un sustrato sólido. Se añade a la muestra una cantidad conocida de anticuerpo específicamente reactivo, en condiciones inmunorreactivas, con la proteína, y después la muestra se pone en contacto con la proteína inmovilizada. En este caso, la cantidad de anticuerpo unido a la proteína inmovilizada es inversamente proporcional a la cantidad de proteína presente en la muestra. De nuevo, se puede detectar la cantidad de anticuerpo inmovilizado detectando o bien la fracción de anticuerpo inmovilizada o bien la fracción de anticuerpo que permanece en solución. La detección puede ser directa donde el anticuerpo es marcado o indirecta mediante la posterior adición de un radical marcado que se une específicamente al anticuerpo descrito antes.

C. Generación de antiseros reunidos para su uso en inmunoanálisis

Se determina en un inmunoanálisis la proteína que se une específicamente o que es específicamente inmunorreactiva con un anticuerpo generado frente a un inmunógeno definido. El inmunoanálisis utiliza un antisuero policlonal que se origina para un polipéptido de la presente invención (esto es, el polipéptido inmunogénico). Este antisuero se selecciona para que tenga una baja reactividad cruzada frente a otras proteínas y se elimina cualquiera de tales reactividades cruzadas mediante inmunoabsorción antes de su uso en el inmunoanálisis (p. ej., mediante inmunoabsorción del antisuero con una proteína de diferente especificidad de sustrato (p. ej., una enzima diferente) y/o una proteína con la misma especificidad de sustrato pero de una forma diferente).

Con el fin de producir antiseros para su uso en un inmunoanálisis, se aísla un polipéptido de la presente invención como se describe en la presente memoria. Por ejemplo, se puede producir una proteína recombinante en un mamífero u otra línea celular eucariótica. Se inmuniza una cepa de ratón endogámica con la proteína utilizando un coadyuvante normalizado, tal como coadyuvante de Freund, y un protocolo de inmunización de ratón normalizado (Véase Harlow y Lane, antes). Alternativamente, se utiliza un polipéptido sintético derivado de las secuencias descritas en la presente memoria y se conjuga con una proteína portadora como inmunógeno. Se recogen los sueros policlonales y se titulan frente al polipéptido inmunogénico en un inmunoanálisis, por ejemplo, un inmunoanálisis en fase sólida con el inmu-

nógeno inmovilizado sobre un soporte sólido. Los antisueros policlonales con un título de 10^4 o mayor se seleccionan y se someten a ensayo en cuanto a su reactividad cruzada frente a los polipéptidos de diferentes formas o especificidad de sustrato, utilizando un inmunoanálisis de unión competitiva tal como el descrito por Harlow y Lane, antes, en las páginas 570-573. Preferiblemente, se utilizan en esta determinación dos o más formas distintas de polipéptidos. Esos tipos distintos de polipéptidos se utilizan como competidores para identificar anticuerpos que son específicamente unidos por el polipéptido que está siendo analizado. Los polipéptidos competitivos pueden ser producidos como proteínas recombinantes y aislados utilizando las técnicas de la biología molecular y la química de proteínas normalizadas como se describe en la presente memoria.

Se utilizan inmunoanálisis en el formato de unión competitiva para las determinaciones de la reactividad cruzada. Por ejemplo, el polipéptido inmunogénico es inmovilizado en un soporte sólido. Las proteínas añadidas al análisis compiten con la unión del antisuero al antígeno inmovilizado. La capacidad de las proteínas anteriores para competir con la unión del antisuero a la proteína inmovilizada se compara con la del polipéptido inmunogénico. El porcentaje de reactividad cruzada para las proteínas anteriores se calcula utilizando los cálculos normalizados. Aquellos antisueros con menos de un 10% de reactividad cruzada con una forma distinta de polipéptido se seleccionan y se reúnen. Los anticuerpos que presentan reacción cruzada se separan después de los antisueros reunidos mediante inmunoabsorción con una forma distinta de polipéptido.

Los antisueros inmunoabsorbidos y reunidos se utilizan después en un inmunoanálisis de unión competitiva como se describe en la presente memoria para comparar un segundo polipéptido "diana" con el polipéptido inmunogénico. Con el fin de realizar esta comparación, se analizan cada uno de los dos polipéptidos a un amplio intervalo de concentraciones y se determina la cantidad de cada polipéptido requerida para inhibir el 50% de la unión de los antisueros a la proteína inmovilizada utilizando mecanismos normalizados. Si la cantidad del polipéptido diana requerida es menor de dos veces la cantidad de polipéptido inmunogénico requerido, se dice que el polipéptido diana se une específicamente a un anticuerpo generado para la proteína inmunogénica. En cuanto a la determinación final de la especificidad, los antisueros reunidos son totalmente inmunoabsorbidos con el polipéptido inmunogénico hasta que no es detectable unión al polipéptido utilizado en la inmunoabsorción. Después los antisueros completamente inmunoabsorbidos se someten a ensayo en cuanto a la reactividad con el polipéptido de ensayo. Si no se observa reactividad, el polipéptido de ensayo es específicamente unido después por los antisueros logrados por la proteína inmunogénica.

D. Otros Formatos de Análisis

En una realización particularmente preferida, se utiliza el análisis de transferencia Western (inmunotransferencia) para detectar y cuantificar la presencia de la proteína de la presente invención en la muestra. La técnica comprende generalmente separar las proteínas de la muestra mediante electroforesis en gel basándose en el peso molecular, transferir las proteínas separadas a un soporte sólido adecuado, (tal como un filtro de nitrocelulosa, un filtro de nailon, o un filtro de nailon transformado), e incubar la muestra con los anticuerpos que se unen específicamente a la proteína de la presente invención. Los anticuerpos se unen específicamente a la proteína del soporte sólido. Estos anticuerpos se pueden marcar directamente o alternativamente se pueden detectar con posterioridad utilizando anticuerpos marcados (p. ej., anticuerpos anti-ratón de cabra marcados) que se unen específicamente a los anticuerpos.

E. Cuantificación de Proteínas

Las proteínas de la presente invención se pueden detectar y cuantificar mediante cualquiera de los numerosos métodos bien conocidos por los expertos en la técnica. Estos incluyen métodos bioquímicos analíticos tales como la electroforesis, la electroforesis capilar, la cromatografía de líquidos de alta resolución (HPLC), la cromatografía en capa fina (TLC), la cromatografía de hiperdifusión, y similares, y diversos métodos inmunológicos tales como reacciones de precipitación en fluido o gel, inmunodifusión (sencilla o doble), inmunolectroforesis, radioinmunoanálisis (RIA), análisis de inmunoabsorción con enzima ligada (ELISA), análisis inmunofluorescentes, y similares.

F. Reducción de la Unión No Específica

Un experto apreciará que a menudo es deseable reducir la unión no específica en los inmunoanálisis y durante la purificación del analito. Cuando el análisis implica un antígeno, anticuerpo, u otro agente de captura inmovilizado sobre un sustrato sólido, es deseable minimizar la cantidad de unión no específica al sustrato. Los medios para reducir la unión no específica son bien conocidos por los expertos en la técnica. Típicamente, esto implica recubrir el sustrato con una composición proteínica. En particular, se utilizan ampliamente composiciones de proteína tales como serralbúmina bovina (BSA), leche en polvo sin grasa, y gelatina.

G. Marcas de Inmunoanálisis

El agente de marcaje puede ser, p. ej., un anticuerpo monoclonal, un anticuerpo policlonal, una proteína o un complejo de unión, o un polímero tal como una matriz de afinidad, un carbohidrato o un lípido. Las marcas detectables adecuadas para su uso en la presente invención incluyen cualquier composición detectable por métodos espectroscópicos, radioisotópicos, fotoquímicos, bioquímicos, inmunológicos, eléctricos, ópticos o químicos. La detección puede proseguir mediante cualquier método conocido, tal como la inmunotransferencia, el análisis western, los análisis de desplazamiento de la movilidad en gel, análisis de hibridación fluorescente *in situ* (FISH), rastreo de marcadores radiactivos o bioluminiscentes, resonancia magnética nuclear, resonancia paramagnética de electrones, espectroscopia

de flujo detenido, cromatografía en columna, electroforesis capilar, u otros métodos que rastrean una molécula basados en la alteración del tamaño y/o la carga. La marca o grupo detectable concreto utilizado en el análisis no es un aspecto crítico de la invención. El grupo detectable puede ser cualquier material que tenga una propiedad física o química detectable. Tales marcas detectables han sido bien desarrolladas en el campo de los inmunoanálisis y, en general, se puede aplicar a la presente invención cualquier marca útil en tales métodos. De este modo, una marca es cualquier composición detectable mediante métodos espectroscópicos, fotoquímicos, bioquímicos, inmunoquímicos, eléctricos, ópticos o químicos. Las marcas útiles en la presente invención incluyen cuentas magnéticas, colorantes fluorescentes, radiomarcas, enzimas, y marcas colorimétricas o cuentas de vidrio o plástico coloreadas, como se ha comentado para las marcas de ácidos nucleicos, más arriba.

La marca se puede acoplar directamente o indirectamente al componente deseado del análisis según los métodos bien conocidos en la técnica. Como se ha indicado antes, se puede utilizar una amplia variedad de marcas, dependiendo la elección de la marca de la sensibilidad requerida, la facilidad de conjugación del compuesto, los requerimientos de estabilidad, el instrumental disponible, y las estipulaciones de recogida.

A menudo se anclan marcas no radiactivas mediante métodos indirectos. Generalmente, se une covalentemente una molécula de ligando (p. ej., biotina) a la molécula. El ligando se une después a una molécula de anti-ligando (p. ej., estreptavidina) que o bien es detectable inherentemente o bien se une covalentemente a un sistema de señales, tal como una enzima detectable, un compuesto fluorescente, o un compuesto quimioluminiscente. Se pueden utilizar numerosos ligandos y anti-ligandos. Cuando un ligando tiene un anti-ligando natural, por ejemplo, biotina, tiroxina, y cortisol, éste se puede utilizar junto con anti-ligandos de origen natural, marcados. Alternativamente, se puede utilizar cualquier compuesto hapténico o antigénico combinado con un anticuerpo.

Las moléculas también se pueden conjugar directamente con compuestos generadores de señales, p. ej., mediante conjugación con una enzima o fluoróforo. Las enzimas de interés como marcas serán principalmente hidrolasas, particularmente fosfatasas, esterases, y glicosidasas, u oxidorreductasas, particularmente peroxidasas. Los compuestos fluorescentes incluyen fluoresceína y sus derivados, rodamina y sus derivados, dansilo, umbeliferona, etc. Los compuestos quimioluminiscentes incluyen luciferina, y 2,3-dihidroftalazinodionas, p. ej., luminol. Para una revisión de los diversos sistemas de marcaje o producción de señales que pueden utilizar, véase, la Patente de los Estados Unidos Núm. 4.391.904, que se incorpora en la presente memoria como referencia.

Los medios para detectar las marcas son bien conocidos por los expertos en la técnica. De este modo, por ejemplo, cuando la marca es una marca radiactiva, los medios para la detección incluyen un contador de centelleo o una película fotográfica como en la autorradiografía. Cuando la marca es una marca fluorescente, esta puede ser detectada excitando el fluorocromo con la longitud de onda de luz adecuada y detectando la fluorescencia resultante, p. ej., mediante microscopía, inspección visual, por medio de una película fotográfica, mediante el uso de detectores electrónicos tales como los dispositivos de carga acoplada (CCD) o fotomultiplicadores y similares. De un modo similar, se pueden detectar marcas enzimáticas proporcionando sustratos apropiados para la enzima y detectando el producto de reacción resultante. Finalmente, se pueden detectar las marcas colorimétricas simples observando simplemente el color asociado con la marca. De este modo, en diversos análisis con formato de tira ("dipstick"), el oro conjugado a menudo aparece de color rosa, mientras diversas cuentas conjugadas aparecen del color de la cuenta.

Algunos formatos de análisis no requieren el uso de componentes marcados. Por ejemplo, se pueden utilizar análisis de aglutinación para detectar la presencia de los anticuerpos diana. En este caso, las partículas recubiertas con antígeno son aglutinadas por muestras que comprenden los anticuerpos diana. En este formato, ninguno de los componentes necesita estar marcado y la presencia del anticuerpo diana se detecta mediante simple inspección visual.

Análisis para los Compuestos que Modulan la Actividad o la Expresión Enzimática

La presente invención también hace referencia a los métodos para identificar los compuestos que se unen (p. ej., sustratos), y/o aumentan o disminuyen (esto es, modulan) la actividad enzimática de los polipéptidos catalíticamente activos de la presente invención. El método comprende poner en contacto un polipéptido de la presente invención con un compuesto cuya capacidad para unirse a o modular la actividad enzimática va a ser determinada. El polipéptido empleado tendrá al menos un 20%, preferiblemente al menos un 30% o 40%, más preferiblemente al menos un 50% o 60%, y muy preferiblemente al menos un 70% u 80% de la actividad específica del polipéptido completo, nativo de la presente invención (p. ej., enzima). Generalmente, el polipéptido estará presente en un intervalo suficiente para determinar el efecto del compuesto, típicamente aproximadamente de 1 nM a 10 μ M. Del mismo modo, el compuesto estará presente a una concentración de aproximadamente 1 nM a 10 μ M. Los expertos comprenderán que se deberán controlar factores tales como la concentración de enzima, las concentraciones de ligando (esto es, sustratos, productos, inhibidores, activadores), pH, fuerza iónica, y temperatura con el fin de obtener datos cinéticos útiles y determinar la presencia o ausencia de un compuesto que se une a o modula la actividad del polipéptido. Los métodos de medición de la cinética de la enzima son bien conocidos en la técnica. Véase, p. ej., Segel, *Biochemical Calculations*, 2ª ed., John Wiley and Sons, New York (1.976).

Aunque la presente invención se ha descrito con cierto detalle a modo de ilustración y ejemplo para mayor claridad de comprensión, será obvio que se pueden poner en práctica ciertos cambios y modificaciones dentro del alcance de las reivindicaciones adjuntas.

Ejemplo 1

Este ejemplo describe la construcción de genotecas de ADNc.

5 *Aislamiento del ARN Total*

Se aisló el ARN total de tejidos de maíz con TRIzol Reagent (Life Technology Inc. Gaithersburg, MD) utilizando una modificación del procedimiento de isotiocianato de guanidina/fenol ácido descrito por Chomczynski y Sacchi (Chomczynski, P., y Sacchi, N. Anal. Biochem. 162, 156 (1.987)). En resumen, se pulverizaron muestras de tejido vegetal en nitrógeno líquido antes de la adición del TRIzol Reagent, y después se homogeneizaron adicionalmente con un mortero y una mano de mortero. Se llevaron a cabo la adición de cloroformo seguida de centrifugación para la separación de una fase acuosa y una fase orgánica. El ARN total se recuperó mediante precipitación con alcohol isopropílico a partir de la fase acuosa.

15 *Aislamiento de ARN Poli(A)+*

La selección del ARN poli(A)+ a partir del ARN total se realizó utilizando el sistema PolyATact (Promega Corporation, Madison, WI). En resumen, se utilizaron cebadores oligo(dT) biotinilados para hibridar las colas poli(A) 3' en el ARNm. Los híbridos se capturaron utilizando estreptavidina acoplada a partículas paramagnéticas y un equipo de separación magnética. El ARNm se lavó en condiciones muy restrictivas y se hizo eluir por medio de agua desionizada libre de ARNasa.

25 *Construcción de la Genoteca de ADNc*

Se realizó la síntesis de ADNc y se construyeron genotecas de ADNc unidireccionales utilizando el SuperScript Plasmid System (Life Technology Inc. Gaithersburg, MD). La primera hebra de ADNc se sintetizó cebando un cebador oligo(dT) que contenía un sitio Not I. La reacción se catalizó mediante SuperScript Reverse Transcriptase II a 45°C. La segunda hebra de ADNc se marcó con dCTP-P³²-alfa y se analizó una porción de la reacción mediante electroforesis en gel para determinar los tamaños del ADNc. Las moléculas de ADNc más pequeñas de 500 pares de bases y los adaptadores no ligados se separaron mediante cromatografía en Sephacryl-S400. Las moléculas de ADNc seleccionadas se ligaron en el vector pSPORT1 entre los sitios Not I y Sal I.

35 *Ejemplo 2*

Este ejemplo describe la secuenciación de ADN y la sustracción de la genoteca.

40 *Preparación del Molde de Secuenciación*

Se escogieron colonias individuales y se preparó el ADN o bien mediante PCR con cebadores M13 directos y cebadores N13 inversos, o bien mediante aislamiento de plásmidos. Todos los clones de ADNc fueron secuenciados utilizando cebadores M13 inversos.

45 *Procedimiento de Sustracción Q-bot*

Se cultivaron en placa genotecas de ADNc sometidas al procedimiento de sustracción sobre placas de agar de 22 x 22 cm² a una densidad de aproximadamente 3.000 colonias por placa. Las placas se incubaron en una incubadora a 37°C durante 12-24 horas. Las colonias se escogieron en placas de 384 pocillos por medio de un robot seleccionador de colonias Q-bot ("colony picker") (GENETIX (GENETIX Limited)). Estas placas se incubaron durante la noche a 37°C.

Una vez que se hubieron escogido suficientes colonias, se pincharon sobre membranas de nailon de 22 x 22 cm² utilizando Q-bot. Cada membrana contenía 9.216 colonias o 36.864 colonias. Estas membranas se colocaron sobre placas de agar con el antibiótico apropiado. Las placas se incubaron a 37°C durante la noche.

Después de recuperar las colonias el segundo día, se colocaron estos filtros sobre papel de filtro previamente empapado con solución desnaturante durante cuatro minutos, después se incubaron sobre la parte superior de un baño de agua hirviendo durante cuatro minutos más. Los filtros se colocaron después sobre papel de filtro previamente empapado con solución desnaturada durante cuatro minutos. Después de separar el exceso de solución colocando los filtros sobre papeles de filtro secos durante un minuto, los lados de las colonias de los filtros se colocaron en solución de Proteinasa K, se incubaron a 37°C durante 40-50 minutos. Los filtros se colocaron sobre papeles de filtro secos para que se secaran durante la noche. Después el ADN fue entrecruzado en la membrana de nailon mediante tratamiento con luz UV.

La hibridación de colonias se realizó como describen Sambrook, J., Fritsch, E.F. y Maniatis, T., (en *Molecular Cloning: A laboratory Manual*, 2ª Edición). Se utilizaron las siguientes sondas en la hibridación de colonias:

1. Primera hebra de ADNc del mismo tejido del que se había elaborado la genoteca para eliminar los clones más redundantes.

2. 48-192 clones de ADNc más redundantes de la misma genoteca basándose en los datos de secuenciación previos.

3. 192 clones de ADNc más redundantes de la base de datos de la secuencia parcial de maíz completa.

4. Un oligonucleótido Sal-A20: TCG ACC CAC GCG TCC GAA AAA AAA AAA AAA AAA AAA, elimina clones que contienen una cola de poli A pero no ADNc.

5. Clones de ADNc derivados de ARNr.

La imagen de la autorradiografía se escaneó en el ordenador y se analizó la intensidad de la señal y las direcciones de las colonias frías de cada colonia. La re-ordenación de las colonias frías de placas de 384 pocillos a placas de 96 pocillos se realizó utilizando Q-bot.

Ejemplo 3

Este ejemplo describe la identificación del gen de una búsqueda de homología por ordenador. Las identidades de los genes se determinaron realizando búsquedas BLAST (Basic Local Alignment Search Tool; Altschul, S. F., *et al.*, (1.993) *J. Mol. Biol.* 215:403-410; Véase también www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/n) con los parámetros por defecto para la similitud con las secuencias contenidas en la base de datos BLAST “nr” (que comprende todas las traducciones de GenBank CDS no redundantes, secuencias derivadas del Brookhaven Protein Data Bank de estructuras tridimensionales, el último lanzamiento principal de la base de datos de proteínas SWISS-PROT, bases de datos EMBL, y DDBJ). Las secuencias de ADNc fueron analizadas en cuanto a la similitud con todas las secuencias de ADN disponibles públicamente contenidas en la base de datos “nr” utilizando el algoritmo BLASTN. Las secuencias de ADN fueron traducidas en todos los marcos de lectura y comparadas en cuanto a la similitud con todas las secuencias de proteínas disponibles contenidas en las bases de datos “nr” utilizando el algoritmo BLASTX (Gish, W. y States, D. J. (1.993) *Nature Genetics* 3:266-272) proporcionadas por el NCBI. En algunos casos, se utilizaron los datos de secuenciación de dos o más clones que contienen segmentos solapantes de ADN para construir secuencias de ADN contiguas.

Los ejemplos anteriores se proporcionan para ilustrar la invención pero no para limitar su alcance. Otras variantes de la invención pueden ser fácilmente evidentes para un experto en la técnica y están abarcadas por las reivindicaciones adjuntas.

REIVINDICACIONES

1. Un ácido nucleico de celulosa sintasa aislado que codifica un polipéptido que tiene actividad celulosa sintasa y que comprende:
 - (a) un polinucleótido del SEQ ID NO: 5, 9 o 25; o
 - (b) un polinucleótido que codifica un polipéptido del SEQ ID NO: 6, 10 o 26.
2. Una casete de expresión recombinante, que comprende un ácido nucleico de la reivindicación 1 conectado operablemente a un promotor.
3. La casete de expresión de la reivindicación 2, donde dicho promotor es un promotor preferido por un tejido.
4. Una célula anfitriona que comprende una casete de expresión heteróloga de la reivindicación 2 o 3.
5. La célula anfitriona de la reivindicación 4 que es una célula vegetal.
6. Una planta transgénica que comprende una casete de expresión heteróloga de la reivindicación 2 o 3.
7. La planta transgénica de la reivindicación 6, donde la planta es una monocotiledónea.
8. La planta transgénica de la reivindicación 6, donde la planta se selecciona entre maíz, soja, girasol, sorgo, canola, trigo, alfalfa, algodón, arroz, cebada, y mijo.
9. Una semilla transgénica de la planta transgénica de la reivindicación 6, 7 u 8, cuya semilla comprende una casete de expresión heteróloga de la reivindicación 2 o 3.
10. Un método de modulación del nivel de celulosa sintasa en una célula vegetal susceptible de regeneración vegetal, que comprende:
 - (a) transformar la célula vegetal con una casete de expresión que comprende un ácido nucleico de celulosa sintasa de la reivindicación 1 conectado operablemente a un promotor;
 - (b) cultivar la célula vegetal transformada; y
 - (c) expresar dicho polinucleótido durante un tiempo suficiente para modular el nivel de celulosa sintasa en dicha célula vegetal transformada.
11. Un método para producir una planta transgénica en la cual el nivel de celulosa sintasa está modulado por un ácido nucleico de celulosa sintasa de la reivindicación 1, que comprende transformar una célula vegetal con una casete de expresión que comprende dicho ácido nucleico conectado operablemente a un promotor y regenerar a partir de dicha célula vegetal una planta que comprende dicha casete de expresión.
12. El método de la reivindicación 10 u 11 donde la planta se selecciona entre maíz, soja, girasol, sorgo, canola, trigo, alfalfa, algodón, arroz, cebada, y mijo.
13. El método de la reivindicación 10, 11 o 12, donde el promotor es un promotor preferido por el tejido.
14. El método de la reivindicación 10, 11, 12 o 13 donde el nivel de celulosa sintasa está incrementado con respecto al de la célula vegetal antes de la transformación.
15. El método de la reivindicación 11, que comprende adicionalmente obtener una progenie o una planta mutante a partir de dicha planta regenerada, donde dicha progenie o planta mutante comprende dicha casete de expresión.
16. El método de la reivindicación 11 que comprende adicionalmente: proporcionar una planta obtenida mediante el método de la reivindicación 11 que es heterocigota para el ácido nucleico de la reivindicación 1; y obtener una planta que es homocigota para dicho polinucleótido mediante autopolinización en dicha planta transgénica heterocigota, germinación de algunas de las semillas producidas y análisis de las plantas resultantes en cuanto a la expresión alterada de dicho polinucleótido con respecto a una planta de control, o mediante retrocruzamiento con una planta parental o auto-cruzamiento con una planta no transgénica.
17. Una planta de la reivindicación 6, 7 u 8 que es homocigota para el ácido nucleico de la reivindicación 1 contenido en la casete de expresión heteróloga.

ES 2 296 405 T3

18. Una proteína aislada que tiene actividad celulosa sintasa y se selecciona entre:

(a) un polipéptido del SEQ ID NO: 6, 10 o 26; y

5 (b) un polipéptido codificado por un ácido nucleico de la reivindicación 1.

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

ES 2 296 405 T3

LISTA DE SECUENCIAS

<110> Pioneer Hi-Bred International, Inc.

5 <120> Maize Cellulose Synthases and Uses Thereof

<130> 0864-PCT

10 <150> 60/096,822

<151> 17 Agosto, 1.998

<160> 60

15 <170> FastSEQ para Windows Versión 3.0

<210> 1

20 <211> 3568

<212> ADN

<213> *Zea mays*

25 <220>

<221> CDS

<222> (63)...(3237)

30 <400> 1

35	gtcgacccac gcgtccggag ctgctgtctca tccgccgcga tggcgagcca gggccgaagc	60
	cc atg gac cag cgg aac ggc cag gtg tgc cag att tgc ggc gac gac	107
	Met Asp Gln Arg Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Asp	
	1 5 10 15	
40	gtg ggg cgc aac ccc gac ggg gag cct ttc gtg gcc tgc aac gag tgc	155
	Val Gly Arg Asn Pro Asp Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys	
	20 25 30	
45	gcc ttc ccc atc tgc cgg gac tgc tac gag tac gag cgc cgc gag ggc	203
	Ala Phe Pro Ile Cys Arg Asp Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly	
	35 40 45	
50	acg cag aac tgc ccc cag tgc aag acc cgc ttc aag cgc ttc aag ggg	251
	Thr Gln Asn Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Phe Lys Arg Phe Lys Gly	
	50 55 60	
55	tgc gcg cgc gtg ccc ggg gac gag gag gag gac ggc gtc gac gac ctg	299
	Cys Ala Arg Val Pro Gly Asp Glu Glu Glu Asp Gly Val Asp Asp Leu	
	65 70 75	
60	gag aac gag ttc aac tgg agc gac aag cac gac tcc cag tac ctc gcc	347
	Glu Asn Glu Phe Asn Trp Ser Asp Lys His Asp Ser Gln Tyr Leu Ala	
	80 85 90 95	
65	gag tcc atg ctc cac gcc cac atg agc tac ggc cgc ggc gcc gac ctc	395
	Glu Ser Met Leu His Ala His Met Ser Tyr Gly Arg Gly Ala Asp Leu	
	100 105 110	
70	gac ggc gtg ccg cag cca ttc cac ccc atc ccc aat gtt ccc ctc ctc	443

ES 2 296 405 T3

	Asp Gly Val Pro Gln Pro Phe His Pro Ile Pro Asn Val Pro Leu Leu	
	115 120 125	
5	acc aac gga cag atg gtc gat gac atc ccg ccg gac cag cac gcc ctt Thr Asn Gly Gln Met Val Asp Asp Ile Pro Pro Asp Gln His Ala Leu	491
	130 135 140	
10	gtg ccc tcg ttc gtg ggt ggc ggg ggg aag agg att cac cct ctc ccg Val Pro Ser Phe Val Gly Gly Gly Lys Arg Ile His Pro Leu Pro	539
	145 150 155	
	tac gcg gat ccc aac ctt cct gtg caa ccg agg tct atg gac cct tcc Tyr Ala Asp Pro Asn Leu Pro Val Gln Pro Arg Ser Met Asp Pro Ser	587
	160 165 170 175	
15	aag gat ctc gcc gca tat ggc tac ggg agc gta gca tgg aag gag agg Lys Asp Leu Ala Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys Glu Arg	635
	180 185 190	
20	atg gag agc tgg aag cag aag cag gag agg atg cac cag acg agg aac Met Glu Ser Trp Lys Gln Lys Gln Glu Arg Met His Gln Thr Arg Asn	683
	195 200 205	
25	gat ggc ggc ggc gat gat ggt gat gat gca gat cta cca cta atg gat Asp Gly Gly Gly Asp Asp Gly Asp Ala Asp Leu Pro Leu Met Asp	731
	210 215 220	
	gaa gct aga cag cca ttg tcc aga aag atc ccg ctt cct tca agc caa Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Ile Pro Leu Pro Ser Ser Gln	779
	225 230 235	
30	atc aac ccc tat agg atg att ata ata att cgg cta gtg gtt ttg tgt Ile Asn Pro Tyr Arg Met Ile Ile Ile Ile Arg Leu Val Val Leu Cys	827
	240 245 250 255	
35	ttc ttc ttc cac tac cga gtg atg cat ccg gtg cct gat gca ttt gct Phe Phe Phe His Tyr Arg Val Met His Pro Val Pro Asp Ala Phe Ala	875
	260 265 270	
40	tta tgg ctc ata tct gtg atc tgt gaa att tgg ttt gcc atg tct tgg Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Met Ser Trp	923
	275 280 285	
	att ctt gac cag ttt cca aag tgg ttt cct atc gag agg gaa acc tat Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Glu Arg Glu Thr Tyr	971
	290 295 300	
45	ctt gac cgg ctg agt tta agg ttt gac aag gaa ggg cat cct tct caa Leu Asp Arg Leu Ser Leu Arg Phe Asp Lys Glu Gly His Pro Ser Gln	1019
	305 310 315	
50	ctc gcc cct gtt gat ttc ttt gtc agt acg gtt gat ccc ttg aag gaa Leu Ala Pro Val Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu	1067
	320 325 330 335	
55	cct cca ttg gtc act gct aat act gtt cta tct atc ctt tcg gtg gat Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ser Val Asp	1115
	340 345 350	

ES 2 296 405 T3

	tat cca gtt gat aag gtt tca tgc tac gtt tct gat gat ggt gct gcc	1163
	Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala	
	355 360 365	
5	atg ctg aca ttt gaa gca ttg tct gaa aca tct gaa ttt gca aag aaa	1211
	Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala Lys Lys	
	370 375 380	
10	tgg gtt cct ttc tgc aaa aga tat agc ctt gag cct cgt gct cca gag	1259
	Trp Val Pro Phe Cys Lys Arg Tyr Ser Leu Glu Pro Arg Ala Pro Glu	
	385 390 395	
15	tgg tac ttc caa cag aag ata gac tac ctg aaa gac aag gtg gcg cca	1307
	Trp Tyr Phe Gln Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Ala Pro	
	400 405 410 415	
20	aac ttt gtt aga gaa cgg aga gca atg aag aga gag tat gag gaa ttc	1355
	Asn Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe	
	420 425 430	
25	aag gtc aga atc aat gcc ttg gtt gct aaa gcc caa aag gtt cct gag	1403
	Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu	
	435 440 445	
30	gaa gga tgg aca atg cag gat gga act cca tgg ccc gga aat aat gtc	1451
	Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Val	
	450 455 460	
35	cgt gat cat cct gga atg att cag gtt ttc ctt ggt caa agt ggt ggc	1499
	Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Ser Gly Gly	
	465 470 475	
40	cat gat gtg gaa gga aat gag ctg cct cga ttg gtt tat gtt tca aga	1547
	His Asp Val Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg	
	480 485 490 495	
45	gaa aaa cgg cca ggc tac aac cat cac aag aag gct ggt gct atg aat	1595
	Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn	
	500 505 510	
50	gca ttg gtc cga gtc tct gct gta cta act aat gct cct tat ttg ctg	1643
	Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Tyr Leu Leu	
	515 520 525	
55	aac ttg gat tgt gat cac tat atc aat aat agt aag gct ata aag gaa	1691
	Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile Lys Glu	
	530 535 540	
60	gca atg tgt ttt atg atg gat cct ttg ctt gga aag aaa gtt tgc tat	1739
	Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Leu Leu Gly Lys Lys Val Cys Tyr	
	545 550 555	
65	gtg cag ttt cct caa aga ttt gat ggg att gat cgc cat gat cga tat	1787
	Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr	
	560 565 570 575	
	gct aac aga aat gtt gtc ttt ttc gat atc aac atg aaa ggt ttg gat	1835

ES 2 296 405 T3

	Ala	Asn	Arg	Asn	Val	Val	Phe	Phe	Asp	Ile	Asn	Met	Lys	Gly	Leu	Asp	
					580					585					590		
5	ggg	atc	cag	ggc	cca	att	tat	gtg	ggg	act	gga	tgt	gtc	ttc	aga	agg	1883
	Gly	Ile	Gln	Gly	Pro	Ile	Tyr	Val	Gly	Thr	Gly	Cys	Val	Phe	Arg	Arg	
				595					600					605			
10	cag	gca	tta	tat	ggc	tac	gat	gct	ccc	aaa	aca	aag	aag	cca	cca	tca	1931
	Gln	Ala	Leu	Tyr	Gly	Tyr	Asp	Ala	Pro	Lys	Thr	Lys	Lys	Pro	Pro	Ser	
				610				615					620				
15	aga	act	tgc	aac	tgc	tgg	cca	aag	tgg	tgc	att	tgc	tgt	tgc	tgt	ttt	1979
	Arg	Thr	Cys	Asn	Cys	Trp	Pro	Lys	Trp	Cys	Ile	Cys	Cys	Cys	Cys	Phe	
				625			630					635					
20	ggg	aac	agg	aag	acc	aag	aag	aag	acc	aag	acc	tct	aaa	cct	aaa	ttt	2027
	Gly	Asn	Arg	Lys	Thr	Lys	Lys	Lys	Thr	Lys	Thr	Ser	Lys	Pro	Lys	Phe	
						645					650					655	
25	gag	aag	ata	aag	aaa	ctt	ttt	aag	aaa	aag	gaa	aat	caa	gcc	cct	gca	2075
	Glu	Lys	Ile	Lys	Lys	Leu	Phe	Lys	Lys	Lys	Glu	Asn	Gln	Ala	Pro	Ala	
					660					665					670		
30	tat	gct	ctt	ggg	gaa	att	gat	gaa	gcc	gct	cca	gga	gct	gaa	aat	gaa	2123
	Tyr	Ala	Leu	Gly	Glu	Ile	Asp	Glu	Ala	Ala	Pro	Gly	Ala	Glu	Asn	Glu	
				675					680					685			
35	aag	gct	agt	att	gta	aat	caa	cag	aag	ttg	gaa	aag	aaa	ttt	ggc	cag	2171
	Lys	Ala	Ser	Ile	Val	Asn	Gln	Gln	Lys	Leu	Glu	Lys	Lys	Phe	Gly	Gln	
				690				695					700				
40	tct	tca	gtt	ttt	gtt	gca	tcc	aca	ctt	ctt	gag	aat	ggg	gga	acc	ctg	2219
	Ser	Ser	Val	Phe	Val	Ala	Ser	Thr	Leu	Leu	Glu	Asn	Gly	Gly	Thr	Leu	
				705			710					715					
45	aag	agt	gcc	agt	cca	gct	tct	ctt	ctg	aag	gaa	gct	ata	cat	gtc	atc	2267
	Lys	Ser	Ala	Ser	Pro	Ala	Ser	Leu	Leu	Lys	Glu	Ala	Ile	His	Val	Ile	
						725				730					735		
50	agt	tgt	gga	tat	gaa	gac	aaa	aca	ggc	tgg	gga	aaa	gat	att	ggg	tgg	2315
	Ser	Cys	Gly	Tyr	Glu	Asp	Lys	Thr	Gly	Trp	Gly	Lys	Asp	Ile	Gly	Trp	
					740				745					750			
55	att	tat	gga	tca	gtc	aca	gaa	gat	att	ctt	act	ggg	ttt	aag	atg	cac	2363
	Ile	Tyr	Gly	Ser	Val	Thr	Glu	Asp	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	Lys	Met	His	
				755				760						765			
60	tgc	cat	ggg	tgg	cgg	tca	att	tac	tgc	ata	cct	aaa	cgg	gcc	gcc	ttc	2411
	Cys	His	Gly	Trp	Arg	Ser	Ile	Tyr	Cys	Ile	Pro	Lys	Arg	Ala	Ala	Phe	
				770			775						780				
65	aaa	ggg	tcc	gca	cct	ctc	aat	ctt	tcc	gat	cgt	ttt	cac	cag	gtt	ctt	2459
	Lys	Gly	Ser	Ala	Pro	Leu	Asn	Leu	Ser	Asp	Arg	Phe	His	Gln	Val	Leu	
				785			790					795					
70	cgg	tgg	gct	ctt	ggg	tca	att	gaa	att	ttg	ttc	agc	aac	cac	tgc	cct	2507
	Arg	Trp	Ala	Leu	Gly	Ser	Ile	Glu	Ile	Leu	Phe	Ser	Asn	His	Cys	Pro	
						805				810					815		

ES 2 296 405 T3

	ctc tgg tat ggg tat ggt ggt gga cta aag ttc ctg gaa agg ttt tgc	2555
	Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe Ser	
	820 825 830	
5	tac att aac tcc atc gta tac cct tgg aca tct atc ccg ctc ttg gcc	2603
	Tyr Ile Asn Ser Ile Val Tyr Pro Trp Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ala	
	835 840 845	
10	tat tgc aca ttg cct gcc atc tgc ttg ctg aca ggg aaa ttt atc acg	2651
	Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Thr	
	850 855 860	
15	cca gag ctt aac aat gtt gcc agc ctc tgg ttc atg tca ctt ttc atc	2699
	Pro Glu Leu Asn Asn Val Ala Ser Leu Trp Phe Met Ser Leu Phe Ile	
	865 870 875	
	tgc att ttt gct acg agc atc ctg gaa atg aga tgg agt ggt gta ggc	2747
	Cys Ile Phe Ala Thr Ser Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly	
	880 885 890 895	
20	atc gat gac tgg tgg aga aac gag cag ttt tgg gtc att gga ggc gtg	2795
	Ile Asp Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val	
	900 905 910	
25	tct tca cat ctc ttt gct gtg ttc cag gga ctc ctc aag gtc ata gct	2843
	Ser Ser His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Ile Ala	
	915 920 925	
	ggg gta gac acg agc ttc act gtg aca tcc aag ggc gga gac gac gag	2891
	Gly Val Asp Thr Ser Phe Thr Val Thr Ser Lys Gly Gly Asp Asp Glu	
	930 935 940	
30	gag ttc tca gag ctg tac aca ttc aaa tgg acg acc ctt ctg ata cct	2939
	Glu Phe Ser Glu Leu Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro	
	945 950 955	
35	ccg aca acc ctg ctc cta ctg aac ttc att gga gtg gta gct ggc atc	2987
	Pro Thr Thr Leu Leu Leu Asn Phe Ile Gly Val Val Ala Gly Ile	
	960 965 970 975	
40	tcc aat gcg atc aac aac gga tat gaa tca tgg ggc ccc ctg ttc ggg	3035
	Ser Asn Ala Ile Asn Asn Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly	
	980 985 990	
	aag ctc ttc ttt gca ttt tgg gtg atc gtc cat ctt tac ccg ttc ctc	3083
	Lys Leu Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu	
	995 1000 1005	
45	aag ggt ctg gtt ggg agg cag aac agg acg cca acg att gtc att gtc	3131
	Lys Gly Leu Val Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val	
	1010 1015 1020	
50	tgg tcc atc ctc ctg gct tgc atc ttc tgc ctg ctt tgg gtc cgg atc	3179
	Trp Ser Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg Ile	
	1025 1030 1035	
	gac ccg ttc ctt gcg aag gat gat ggt ccc ctg ttg gag gag tgt ggt	3227
55	Asp Pro Phe Leu Ala Lys Asp Asp Gly Pro Leu Leu Glu Glu Cys Gly	
	1040 1045 1050 1055	
60	ctg gat tgc a actaggaggt cagcacgtgg acttccccgt cagtgtgtgg	3277
	Leu Asp Cys	
65	tcgaagaagt atttttgcag atgtttttgtg cccatatttc tttactcaat ttttgtccct	3337
	ctgtagattg aaacaagggg tgaaggggaa aaaaagtact tgtattttctt ttgttccatg	3397
	gtggtggtgg tgggtgggcgg ctccagcctcg tgagtgcgaat attgggcaaa ccggagggtg	3457
	cggcaacctt gtgcagttcg tccacgaatn tactagggat gatcgcgacc aatcaatcaa	3517
	tcgatgaccg agttcaattg ttcaaaaaaa aaaaaaaaaa agggcgggccg c	3568

ES 2 296 405 T3

<210> 2

<211> 1059

<212> PRT

5 <213> *Zea mays*

<400> 2

```

10      Met Asp Gln Arg Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Asp Val
        1          5          10          15
      Gly Arg Asn Pro Asp Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala
        20          25          30
15      Phe Pro Ile Cys Arg Asp Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Thr
        35          40          45
      Gln Asn Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Phe Lys Arg Phe Lys Gly Cys
        50          55          60
      Ala Arg Val Pro Gly Asp Glu Glu Glu Asp Gly Val Asp Asp Leu Glu
        65          70          75          80
20      Asn Glu Phe Asn Trp Ser Asp Lys His Asp Ser Gln Tyr Leu Ala Glu
        85          90          95
      Ser Met Leu His Ala His Met Ser Tyr Gly Arg Gly Ala Asp Leu Asp
        100          105          110
      Gly Val Pro Gln Pro Phe His Pro Ile Pro Asn Val Pro Leu Leu Thr
        115          120          125
25      Asn Gly Gln Met Val Asp Asp Ile Pro Pro Asp Gln His Ala Leu Val
        130          135          140
      Pro Ser Phe Val Gly Gly Gly Gly Lys Arg Ile His Pro Leu Pro Tyr
        145          150          155          160
30      Ala Asp Pro Asn Leu Pro Val Gln Pro Arg Ser Met Asp Pro Ser Lys
        165          170          175
      Asp Leu Ala Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys Glu Arg Met
        180          185          190
      Glu Ser Trp Lys Gln Lys Gln Glu Arg Met His Gln Thr Arg Asn Asp
        195          200          205
35      Gly Gly Gly Asp Asp Gly Asp Asp Ala Asp Leu Pro Leu Met Asp Glu
        210          215          220
      Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Ile Pro Leu Pro Ser Ser Gln Ile
        225          230          235          240
40      Asn Pro Tyr Arg Met Ile Ile Ile Ile Arg Leu Val Val Leu Cys Phe
        245          250          255
      Phe Phe His Tyr Arg Val Met His Pro Val Pro Asp Ala Phe Ala Leu
        260          265          270
      Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Met Ser Trp Ile
        275          280          285
45      Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Glu Arg Glu Thr Tyr Leu
        290          295          300
      Asp Arg Leu Ser Leu Arg Phe Asp Lys Glu Gly His Pro Ser Gln Leu

```

50

55

60

65

ES 2 296 405 T3

305 310 315 320
 Ala Pro Val Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro
 325 330 335
 Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ser Val Asp Tyr
 340 345 350
 Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met
 355 360 365
 Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala Lys Lys Trp
 370 375 380
 Val Pro Phe Cys Lys Arg Tyr Ser Leu Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp
 385 390 395 400
 Tyr Phe Gln Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Ala Pro Asn
 405 410 415
 Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys
 420 425 430
 Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu
 435 440 445
 Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Val Arg
 450 455 460
 Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Ser Gly Gly His
 465 470 475 480
 Asp Val Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu
 485 490 495
 Lys Arg Pro Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala
 500 505 510
 Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Tyr Leu Leu Asn
 515 520 525
 Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile Lys Glu Ala
 530 535 540
 Met Cys Phe Met Met Asp Pro Leu Leu Gly Lys Lys Val Cys Tyr Val
 545 550 555 560
 Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr Ala
 565 570 575
 Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly
 580 585 590
 Ile Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln
 595 600 605
 Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Thr Lys Lys Pro Pro Ser Arg
 610 615 620
 Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Ile Cys Cys Cys Cys Phe Gly
 625 630 635 640
 Asn Arg Lys Thr Lys Lys Thr Lys Thr Ser Lys Pro Lys Phe Glu
 645 650 655
 Lys Ile Lys Lys Leu Phe Lys Lys Lys Glu Asn Gln Ala Pro Ala Tyr
 660 665 670
 Ala Leu Gly Glu Ile Asp Glu Ala Ala Pro Gly Ala Glu Asn Glu Lys
 675 680 685
 Ala Ser Ile Val Asn Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe Gly Gln Ser
 690 695 700
 Ser Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly Thr Leu Lys
 705 710 715 720
 Ser Ala Ser Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser
 725 730 735
 Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Gly Trp Gly Lys Asp Ile Gly Trp Ile
 740 745 750
 Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys
 755 760 765
 His Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Ile Pro Lys Arg Ala Ala Phe Lys

ES 2 296 405 T3

	770		775		780
	Gly Ser Ala Pro Leu	Asn Leu Ser Asp Arg Phe His Gln Val Leu Arg			
	785	790	795	800	
5	Trp Ala Leu Gly Ser	Ile Glu Ile Leu Phe Ser Asn His Cys Pro Leu			
		805	810	815	
	Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe Ser Tyr				
		820	825	830	
	Ile Asn Ser Ile Val Tyr Pro Trp Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ala Tyr				
		835	840	845	
10	Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Thr Pro				
		850	855	860	
	Glu Leu Asn Asn Val Ala Ser Leu Trp Phe Met Ser Leu Phe Ile Cys				
		865	870	875	880
	Ile Phe Ala Thr Ser Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile				
15		885	890	895	
	Asp Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser				
		900	905	910	
	Ser His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Ile Ala Gly				
		915	920	925	
20	Val Asp Thr Ser Phe Thr Val Thr Ser Lys Gly Gly Asp Asp Glu Glu				
		930	935	940	
	Phe Ser Glu Leu Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro				
		945	950	955	960
	Thr Thr Leu Leu Leu Leu Asn Phe Ile Gly Val Val Ala Gly Ile Ser				
25		965	970	975	
	Asn Ala Ile Asn Asn Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys				
		980	985	990	
	Leu Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys				
		995	1000	1005	
30	Gly Leu Val Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val Trp				
		1010	1015	1020	
	Ser Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg Ile Asp				
		1025	1030	1035	1040
	Pro Phe Leu Ala Lys Asp Asp Gly Pro Leu Leu Glu Glu Cys Gly Leu				
35		1045	1050	1055	
	Asp Cys Asn				

<210> 3

40 <211> 25

<212> ADN

<213> *Zea mays*

45 <400> 3

atggaccagc ggaacggcca ggtgt

25

50 <210> 4

<211> 25

<212> DNA

55 <213> *Zea mays*

<400> 4

60 ctagttgcaa tccagaccac actcc

25

<210> 5

<211> 3773

65 <212> ADN

<213> *Zea mays*

ES 2 296 405 T3

<220>

<221> CDS

<222> (338)...(3566)

5

<400> 5

10	gtcgacccac gcgtccgcta ggatcaaaac cgtctcgccg ctgcaataat cttttgtcaa	60
	ttcttaatcc ctgcgctcga cagcgacagc ggaaccaact cacgttgccg cggcttcttc	120
	catcgggtgcg gtgccctgtc cttttctctc gtccctcctc ccccggtata gttaagcccc	180
	gccccgctac tactactact agcagcagca gcgctctcgc agcgggagat gcggtgttga	240
	tccgtgcccc gctcggatct cgggactggt gccggctctg cccaggcccc aggtccagg	300
	ccagctccct cgacgtttct cggcgagctc gcttgcc atg gag ggc gac gcg gac	355
15	Met Glu Gly Asp Ala Asp	
	1 5	
20	ggc gtg aag tcg ggg agg cgc ggt ggc gga cag gtg tgc cag atc tgc	403
	Gly Val Lys Ser Gly Arg Arg Gly Gly Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys	
	10 15 20	
25	ggc gac ggc gtg ggc acc acg gcg gag ggg gac gtc ttc gcc gcc tgc	451
	Gly Asp Gly Val Gly Thr Thr Ala Glu Gly Asp Val Phe Ala Ala Cys	
	25 30 35	
30	gac gtc tgc ggg ttt ccg gtg tgc cgc ccc tgc tac gag tac gag cgc	499
	Asp Val Cys Gly Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg	
	40 45 50	
35	aag gac ggc acg cag gcg tgc ccc cag tgc aag acc aag tac aag cgc	547
	Lys Asp Gly Thr Gln Ala Cys Pro Gln Cys Lys Thr Lys Tyr Lys Arg	
	55 60 65 70	
40	cac aag ggg agc ccg gcg atc cgt ggg gag gaa gga gac gac act gat	595
	His Lys Gly Ser Pro Ala Ile Arg Gly Glu Glu Gly Asp Asp Thr Asp	
	75 80 85	
45	gcc gat agc gac ttc aat tac ctt gca tct ggc aat gag gac cag aag	643
	Ala Asp Ser Asp Phe Asn Tyr Leu Ala Ser Gly Asn Glu Asp Gln Lys	
	90 95 100	
50	cag aag att gcc gac aga atg cgc agc tgg cgc atg aac gtt ggg ggc	691
	Gln Lys Ile Ala Asp Arg Met Arg Ser Trp Arg Met Asn Val Gly Gly	
	105 110 115	
55	agc ggg gat gtt ggt cgc ccc aag tat gac agt ggc gag atc ggg ctt	739
	Ser Gly Asp Val Gly Arg Pro Lys Tyr Asp Ser Gly Glu Ile Gly Leu	
	120 125 130	
60	acc aag tat gac agt ggc gag att cct cgg gga tac atc cca tca gtc	787
	Thr Lys Tyr Asp Ser Gly Glu Ile Pro Arg Gly Tyr Ile Pro Ser Val	
	135 140 145 150	
65	act aac agc cag atc tca gga gaa atc cct ggt gct tcc cct gac cat	835
	Thr Asn Ser Gln Ile Ser Gly Glu Ile Pro Gly Ala Ser Pro Asp His	
	155 160 165	
70	cat atg atg tcc cca act ggg aac att ggc aag cgt gct cca ttt ccc	883

ES 2 296 405 T3

	His	Met	Met	Ser	Pro	Thr	Gly	Asn	Ile	Gly	Lys	Arg	Ala	Pro	Phe	Pro	
				170					175					180			
5	tat	gtg	aac	cat	tcg	cca	aat	ccg	tca	agg	gag	ttc	tct	ggg	agc	att	931
	Tyr	Val	Asn	His	Ser	Pro	Asn	Pro	Ser	Arg	Glu	Phe	Ser	Gly	Ser	Ile	
			185					190					195				
10	ggg	aat	ggt	gcc	tgg	aaa	gag	agg	ggt	gat	ggc	tgg	aaa	atg	aag	cag	979
	Gly	Asn	Val	Ala	Trp	Lys	Glu	Arg	Val	Asp	Gly	Trp	Lys	Met	Lys	Gln	
		200					205					210					
15	gac	aag	ggg	acg	att	ccc	atg	acg	aat	ggc	aca	agc	att	gct	ccc	tct	1027
	Asp	Lys	Gly	Thr	Ile	Pro	Met	Thr	Asn	Gly	Thr	Ser	Ile	Ala	Pro	Ser	
	215					220					225					230	
20	gag	ggt	cgg	ggg	ggt	ggt	gat	att	gat	gca	tca	act	gat	tac	aac	atg	1075
	Glu	Gly	Arg	Gly	Val	Gly	Asp	Ile	Asp	Ala	Ser	Thr	Asp	Tyr	Asn	Met	
					235					240					245		
25	gaa	gat	gcc	tta	ttg	aac	gac	gaa	act	cga	cag	cct	cta	tct	agg	aaa	1123
	Glu	Asp	Ala	Leu	Leu	Asn	Asp	Glu	Thr	Arg	Gln	Pro	Leu	Ser	Arg	Lys	
				250					255					260			
30	ggt	cca	ctt	cct	tcc	tcc	agg	ata	aat	cca	tac	agg	atg	gtc	att	gtg	1171
	Val	Pro	Leu	Pro	Ser	Ser	Arg	Ile	Asn	Pro	Tyr	Arg	Met	Val	Ile	Val	
			265					270					275				
35	ctg	cga	ttg	att	ggt	cta	agc	atc	ttc	ttg	cac	tac	cgt	atc	aca	aat	1219
	Leu	Arg	Leu	Ile	Val	Leu	Ser	Ile	Phe	Leu	His	Tyr	Arg	Ile	Thr	Asn	
		280					285					290					
40	cct	gtg	cgc	aat	gca	tac	cca	tta	tgg	ctt	cta	tct	ggt	ata	tgt	gag	1267
	Pro	Val	Arg	Asn	Ala	Tyr	Pro	Leu	Trp	Leu	Leu	Ser	Val	Ile	Cys	Glu	
	295					300					305				310		
45	atc	tgg	ttt	gct	ctt	tcg	tgg	ata	ttg	gat	cag	ttc	cct	aag	tgg	ttt	1315
	Ile	Trp	Phe	Ala	Leu	Ser	Trp	Ile	Leu	Asp	Gln	Phe	Pro	Lys	Trp	Phe	
				315						320					325		
50	cca	atc	aac	cgg	gag	acg	tac	ctt	gat	agg	ctg	gca	tta	agg	tat	gac	1363
	Pro	Ile	Asn	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg	Leu	Ala	Leu	Arg	Tyr	Asp	
				330					335					340			
55	cgg	gaa	ggg	gag	cca	tct	cag	ttg	gct	gct	ggt	gac	att	ttc	gtc	agt	1411
	Arg	Glu	Gly	Glu	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Ala	Val	Asp	Ile	Phe	Val	Ser	
		345						350					355				
60	aca	gtc	gac	cca	atg	aag	gag	cct	cct	ctt	gtc	act	gcc	aat	acc	gtg	1459
	Thr	Val	Asp	Pro	Met	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu	Val	Thr	Ala	Asn	Thr	Val	
		360					365					370					
65	cta	tcc	att	ctt	gct	gtg	gat	tac	cct	gtg	gat	aag	gtc	tct	tgc	tat	1507
	Leu	Ser	Ile	Leu	Ala	Val	Asp	Tyr	Pro	Val	Asp	Lys	Val	Ser	Cys	Tyr	
	375					380					385					390	
70	gta	tct	gat	gat	gga	gct	gcg	atg	ctg	aca	ttt	gat	gca	cta	gct	gag	1555
	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	Ala	Ala	Met	Leu	Thr	Phe	Asp	Ala	Leu	Ala	Glu	
					395					400					405		

ES 2 296 405 T3

	act tca gag ttt gct aga aaa tgg gta cca ttt gtt aag aag tac aac	1603
	Thr Ser Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Val Lys Lys Tyr Asn	
	410 415 420	
5	att gaa cct aga gct cct gaa tgg tac ttc tcc cag aaa att gat tac	1651
	Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Ser Gln Lys Ile Asp Tyr	
	425 430 435	
10	ttg aag gac aaa gtg cac cct tca ttt gtt aaa gac cgc cgg gcc atg	1699
	Leu Lys Asp Lys Val His Pro Ser Phe Val Lys Asp Arg Arg Ala Met	
	440 445 450	
15	aag aga gaa tat gaa gaa ttc aaa gtt agg gta aat ggc ctt gtt gct	1747
	Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Val Asn Gly Leu Val Ala	
	455 460 465 470	
	aag gca cag aaa gtt cct gag gaa gga tgg atc atg caa gat ggc aca	1795
	Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly Thr	
	475 480 485	
20	cca tgg cca gga aac aat acc mgg gac cat cct gga atg att cag gtt	1843
	Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Xaa Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val	
	490 495 500	
25	ttc ctt ggt cac agt ggt ggc ctt gat act gag ggc aat gag cta ccc	1891
	Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Thr Glu Gly Asn Glu Leu Pro	
	505 510 515	
30	cgt ttg gtc tat gtt tct cgt gaa aag cgt cct gga ttc cag cat cac	1939
	Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His His	
	520 525 530	
	aag aaa gct ggt gcc atg aat gct ctt gtt cgt gtc tca gct gtg ctt	1987
	Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu	
	535 540 545 550	
35	acc aat gga caa tac atg ttg aat ctt gat tgt gat cac tac att aac	2035
	Thr Asn Gly Gln Tyr Met Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn	
	555 560 565	
40	aac agt aag gct ctc agg gaa gct atg tgc ttc ctt atg gac cct aac	2083
	Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro Asn	
	570 575 580	
45	cta gga agg agt gtc tgc tac gtc cag ttt ccc cag aga ttc gat ggc	2131
	Leu Gly Arg Ser Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly	
	585 590 595	
	att gac agg aat gat cga tat gcc aac agg aac acc gtg ttt ttc gat	2179
	Ile Asp Arg Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp	
	600 605 610	
50	att aac ttg aga ggt ctt gat ggc atc caa gga cca gtt tat gtc gga	2227
	Ile Asn Leu Arg Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly	
	615 620 625 630	
55	act ggc tgt gtt ttc aac cga aca gct cta tat ggt tat gag ccc cca	2275
60		
65		

ES 2 296 405 T3

	Thr	Gly	Cys	Val	Phe	Asn	Arg	Thr	Ala	Leu	Tyr	Gly	Tyr	Glu	Pro	Pro	
					635					640					645		
5	att	aag	cag	aag	aag	ggt	ggt	ttc	ttg	tca	tca	cta	tgt	ggc	ggg	agg	2323
	Ile	Lys	Gln	Lys	Lys	Gly	Gly	Phe	Leu	Ser	Ser	Leu	Cys	Gly	Gly	Arg	
				650					655					660			
10	aag	aag	gca	agc	aaa	tca	aag	aag	ggc	tcg	gac	aag	aag	aag	tcg	cag	2371
	Lys	Lys	Ala	Ser	Lys	Ser	Lys	Lys	Gly	Ser	Asp	Lys	Lys	Lys	Ser	Gln	
				665					670					675			
15	aag	cat	gtg	gac	agt	tct	gtg	cca	gta	ttc	aac	ctt	gaa	gat	ata	gag	2419
	Lys	His	Val	Asp	Ser	Ser	Val	Pro	Val	Phe	Asn	Leu	Glu	Asp	Ile	Glu	
				680				685					690				
20	gag	gga	gtt	gaa	ggc	gct	gga	ttt	gac	gac	gag	aaa	tca	ctt	ctt	atg	2467
	Glu	Gly	Val	Glu	Gly	Ala	Gly	Phe	Asp	Asp	Glu	Lys	Ser	Leu	Leu	Met	
						700					705					710	
25	tct	caa	atg	agc	ctg	gag	aag	aga	ttt	ggc	cag	tcc	gca	gcg	ttt	gtt	2515
	Ser	Gln	Met	Ser	Leu	Glu	Lys	Arg	Phe	Gly	Gln	Ser	Ala	Ala	Phe	Val	
					715					720					725		
30	gcc	tcc	act	ctg	atg	gag	tat	ggt	ggt	ggt	cct	cag	tcc	gca	act	ccg	2563
	Ala	Ser	Thr	Leu	Met	Glu	Tyr	Gly	Gly	Val	Pro	Gln	Ser	Ala	Thr	Pro	
				730					735					740			
35	gag	tct	ctt	ctg	aaa	gaa	gct	atc	cat	ggt	ata	agc	tgt	ggc	tat	gag	2611
	Glu	Ser	Leu	Leu	Lys	Glu	Ala	Ile	His	Val	Ile	Ser	Cys	Gly	Tyr	Glu	
				745				750					755				
40	gac	aag	act	gaa	tgg	gga	act	gag	atc	ggg	tgg	atc	tac	ggg	tct	gtg	2659
	Asp	Lys	Thr	Glu	Trp	Gly	Thr	Glu	Ile	Gly	Trp	Ile	Tyr	Gly	Ser	Val	
		760					765				770						
45	aca	gaa	gac	att	ctc	acc	gga	ttc	aag	atg	cac	geg	cga	ggc	tgg	cgg	2707
	Thr	Glu	Asp	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	Lys	Met	His	Ala	Arg	Gly	Trp	Arg	
						780					785				790		
50	tcg	atc	tac	tgc	atg	ccc	aag	cgg	cca	gct	ttc	aag	ggg	tct	gcc	ccc	2755
	Ser	Ile	Tyr	Cys	Met	Pro	Lys	Arg	Pro	Ala	Phe	Lys	Gly	Ser	Ala	Pro	
					795				800						805		
55	atc	aat	ctt	tcg	gac	cgt	ctg	aac	cag	gtg	ctc	cgg	tgg	gct	ctt	ggg	2803
	Ile	Asn	Leu	Ser	Asp	Arg	Leu	Asn	Gln	Val	Leu	Arg	Trp	Ala	Leu	Gly	
				810					815					820			
60	tcc	gtg	gag	atc	ctc	ttc	agc	cgg	cac	tgc	ccc	ctg	tgg	tac	ggc	tac	2851
	Ser	Val	Glu	Ile	Leu	Phe	Ser	Arg	His	Cys	Pro	Leu	Trp	Tyr	Gly	Tyr	
				825				830					835				
65	gga	ggg	cgg	ctc	aag	ttc	ctg	gag	aga	ttc	gcg	tac	atc	aac	acc	acc	2899
	Gly	Gly	Arg	Leu	Lys	Phe	Leu	Glu	Arg	Phe	Ala	Tyr	Ile	Asn	Thr	Thr	
				840				845					850				
70	atc	tac	ccg	ctc	acg	tcc	atc	ccg	ctt	ctc	atc	tac	tgc	atc	ctg	ccc	2947
	Ile	Tyr	Pro	Leu	Thr	Ser	Ile	Pro	Leu	Leu	Ile	Tyr	Cys	Ile	Leu	Pro	
						860					865				870		

ES 2 296 405 T3

```

gcc atc tgt ctg ctc acc gga aag ttc atc att cca gag atc agc aac 2995
Ala Ile Cys Leu Thr Gly Lys Phe Ile Ile Pro Glu Ile Ser Asn
      875      880      885

5   ttc gcc agc atc tgg ttc atc tcc ctc ttc atc tcg atc ttc gcc acg 3043
Phe Ala Ser Ile Trp Phe Ile Ser Leu Phe Ile Ser Ile Phe Ala Thr
      890      895      900

10  ggc atc ctg gag atg agg tgg agc ggg gtg ggc atc gac gag tgg tgg 3091
Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Asp Glu Trp Trp
      905      910      915

15  agg aac gag cag ttc tgg gtg atc ggg ggc atc tcc gcg cac ctc ttc 3139
Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Ile Ser Ala His Leu Phe
      920      925      930

20  gcc gtg ttc cag ggc ctg ctc aag gtg ctg gcc ggc atc gac acc aac 3187
Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn
      935      940      945      950

25  ttc acc gtc acc tcc aag gcc tcg gac gag gac ggc gac ttc gcg gag 3235
Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp Phe Ala Glu
      955      960      965

30  ctg tac atg ttc aag tgg acg acg ctc ctg atc ccg ccc acc acc atc 3283
Leu Tyr Met Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Ile
      970      975      980

35  ctg atc atc aac ctg gtc ggc gtc gtc gcc ggc atc tcc tac gcc atc 3331
Leu Ile Ile Asn Leu Val Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Tyr Ala Ile
      985      990      995

40  aac agc gga tac cag tcg tgg ggc ccg ctc ttc ggc aag ctc ttc ttc 3379
Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe
      1000      1005      1010

45  gcc ttc tgg gtc atc gtc cac ctg tac ccg ttc ctc aag ggc ctc atg 3427
Ala Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met
      1015      1020      1025      1030

50  ggc agg cag aac cgc acc ccg acc atc gtc gtc gtc tgg gcc atc ctg 3475
Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Val Val Trp Ala Ile Leu
      1035      1040      1045

55  ctg gcg tcc atc ttc tcc ttg ctg tgg gtt cgc atc gac ccc ttc acc 3523
Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg Ile Asp Pro Phe Thr
      1050      1055      1060

60  acc cgc gtc act ggc ccg gat acc cag acg tgt ggc atc aac t 3566
Thr Arg Val Thr Gly Pro Asp Thr Gln Thr Cys Gly Ile Asn
      1065      1070      1075

65  gctaggggaag tgggaagggtt gtactttgtg gaaacggagg aataccacgt gccatctgtt 3626
gtctgttaag ttatatatat ataagcagca agtggcggtta ttacagcta cgtacagacc 3686
agtggatatt gtttaccaca aagttttact tgtgttaata tgcattcttt tggtgatata 3746
aaaaaaaaaa aaaaaaaggg cggccgc 3773

```

55 <210> 6
 <211> 1077
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

60

65

ES 2 296 405 T3

<400> 6

5	Met	Glu	Gly	Asp	Ala	Asp	Gly	Val	Lys	Ser	Gly	Arg	Arg	Gly	Gly	Gly
	1				5					10					15	
	Gln	Val	Cys	Gln	Ile	Cys	Gly	Asp	Gly	Val	Gly	Thr	Thr	Ala	Glu	Gly
				20					25					30		
	Asp	Val	Phe	Ala	Ala	Cys	Asp	Val	Cys	Gly	Phe	Pro	Val	Cys	Arg	Pro
			35				40					45				
10	Cys	Tyr	Glu	Tyr	Glu	Arg	Lys	Asp	Gly	Thr	Gln	Ala	Cys	Pro	Gln	Cys
	50						55					60				
	Lys	Thr	Lys	Tyr	Lys	Arg	His	Lys	Gly	Ser	Pro	Ala	Ile	Arg	Gly	Glu
	65					70					75				80	
	Glu	Gly	Asp	Asp	Thr	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Phe	Asn	Tyr	Leu	Ala	Ser
					85					90					95	
15	Gly	Asn	Glu	Asp	Gln	Lys	Gln	Lys	Ile	Ala	Asp	Arg	Met	Arg	Ser	Trp
				100					105					110		
	Arg	Met	Asn	Val	Gly	Gly	Ser	Gly	Asp	Val	Gly	Arg	Pro	Lys	Tyr	Asp
			115					120					125			
20	Ser	Gly	Glu	Ile	Gly	Leu	Thr	Lys	Tyr	Asp	Ser	Gly	Glu	Ile	Pro	Arg
	130						135					140				
	Gly	Tyr	Ile	Pro	Ser	Val	Thr	Asn	Ser	Gln	Ile	Ser	Gly	Glu	Ile	Pro
	145					150					155				160	
	Gly	Ala	Ser	Pro	Asp	His	His	Met	Met	Ser	Pro	Thr	Gly	Asn	Ile	Gly
					165					170					175	
25	Lys	Arg	Ala	Pro	Phe	Pro	Tyr	Val	Asn	His	Ser	Pro	Asn	Pro	Ser	Arg
				180					185					190		
	Glu	Phe	Ser	Gly	Ser	Ile	Gly	Asn	Val	Ala	Trp	Lys	Glu	Arg	Val	Asp
		195					200						205			
30	Gly	Trp	Lys	Met	Lys	Gln	Asp	Lys	Gly	Thr	Ile	Pro	Met	Thr	Asn	Gly
	210						215					220				
	Thr	Ser	Ile	Ala	Pro	Ser	Glu	Gly	Arg	Gly	Val	Gly	Asp	Ile	Asp	Ala
	225				230						235				240	
	Ser	Thr	Asp	Tyr	Asn	Met	Glu	Asp	Ala	Leu	Leu	Asn	Asp	Glu	Thr	Arg
				245					250						255	
35	Gln	Pro	Leu	Ser	Arg	Lys	Val	Pro	Leu	Pro	Ser	Ser	Arg	Ile	Asn	Pro
			260					265						270		
	Tyr	Arg	Met	Val	Ile	Val	Leu	Arg	Leu	Ile	Val	Leu	Ser	Ile	Phe	Leu
			275				280						285			
40	His	Tyr	Arg	Ile	Thr	Asn	Pro	Val	Arg	Asn	Ala	Tyr	Pro	Leu	Trp	Leu
	290						295					300				
	Leu	Ser	Val	Ile	Cys	Glu	Ile	Trp	Phe	Ala	Leu	Ser	Trp	Ile	Leu	Asp
	305				310					315					320	
	Gln	Phe	Pro	Lys	Trp	Phe	Pro	Ile	Asn	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg
					325					330					335	
45	Leu	Ala	Leu	Arg	Tyr	Asp	Arg	Glu	Gly	Glu	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Ala
				340					345					350		
	Val	Asp	Ile	Phe	Val	Ser	Thr	Val	Asp	Pro	Met	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu
			355					360					365			
50	Val	Thr	Ala	Asn	Thr	Val	Leu	Ser	Ile	Leu	Ala	Val	Asp	Tyr	Pro	Val
	370						375						380			
	Asp	Lys	Val	Ser	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	Ala	Ala	Met	Leu	Thr
	385				390						395				400	
	Phe	Asp	Ala	Leu	Ala	Glu	Thr	Ser	Glu	Phe	Ala	Arg	Lys	Trp	Val	Pro
				405						410					415	

ES 2 296 405 T3

Phe Val Lys Lys Tyr Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe
 420 425 430
 Ser Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val His Pro Ser Phe Val
 435 440 445
 Lys Asp Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg
 450 455 460
 Val Asn Gly Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp
 465 470 475 480
 Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Xaa Asp His
 485 490 495
 Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Thr
 500 505 510
 Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg
 515 520 525
 Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val
 530 535 540
 Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Gln Tyr Met Leu Asn Leu Asp
 545 550 555 560
 Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys
 565 570 575
 Phe Leu Met Asp Pro Asn Leu Gly Arg Ser Val Cys Tyr Val Gln Phe
 580 585 590
 Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg
 595 600 605
 Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Leu Arg Gly Leu Asp Gly Ile Gln
 610 615 620
 Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Thr Ala Leu
 625 630 635 640
 Tyr Gly Tyr Glu Pro Pro Ile Lys Gln Lys Lys Gly Gly Phe Leu Ser
 645 650 655
 Ser Leu Cys Gly Gly Arg Lys Lys Ala Ser Lys Ser Lys Lys Gly Ser
 660 665 670
 Asp Lys Lys Lys Ser Gln Lys His Val Asp Ser Ser Val Pro Val Phe
 675 680 685
 Asn Leu Glu Asp Ile Glu Glu Gly Val Glu Gly Ala Gly Phe Asp Asp
 690 695 700
 Glu Lys Ser Leu Leu Met Ser Gln Met Ser Leu Glu Lys Arg Phe Gly
 705 710 715 720
 Gln Ser Ala Ala Phe Val Ala Ser Thr Leu Met Glu Tyr Gly Gly Val
 725 730 735
 Pro Gln Ser Ala Thr Pro Glu Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val
 740 745 750
 Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Thr Glu Ile Gly
 755 760 765
 Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met
 770 775 780
 His Ala Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Lys Arg Pro Ala
 785 790 795 800
 Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val
 805 810 815
 Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Phe Ser Arg His Cys
 820 825 830
 Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Arg Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe
 835 840 845
 Ala Tyr Ile Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Leu Thr Ser Ile Pro Leu Leu
 850 855 860
 Ile Tyr Cys Ile Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile
 865 870 875 880

ES 2 296 405 T3

[illegible]

<210> 7

30 $\langle 211 \rangle$ 25

<212> ADN

<213> *Zea mays*

35 $\langle 400 \rangle$ 7

atggagggcg acgcggacgg cgtga

25

40 $\langle 210 \rangle$ 8

<211> 25

<212> ADN

<213> *Zea mays*

45

<400> 8

ctagcagttg atgccacacg tctgg

25

50

<210> 9

<211> 3780

<212> DNA

55

<213> *Zea mays*

 $\langle 220 \rangle$

60 <221> CDS

$\langle 222 \rangle$ (201)...(3423)

ES 2 296 405 T3

<400> 9

5	gtcgacccac gcgtccgcag cagcagaagc actgcgcggc attgcagcga tcgagcggga	60
	ggaatttggg gcatggtggt cgccaacgcc gctcggatct agaggcccg acgggcccgat	120
	tggctctccgc ccgcctcgtc ggtgttggtg tcggttgccgt gtggagccgt ctcggtggga	180
10	gcagcgggga gggagcggag atg gcg gcc aac aag ggg atg gtg gcg ggc tcg	233
	Met Ala Ala Asn Lys Gly Met Val Ala Gly Ser	
	1 5 10	
15	cac aac cgc aac gag ttc gtc atg atc cgc cac gac ggc gat gtg ccg	281
	His Asn Arg Asn Glu Phe Val Met Ile Arg His Asp Gly Asp Val Pro	
	15 20 25	
20	ggc tcg gct aag ccc aca aag agt gcg aat gga cag gtc tgc cag att	329
	Gly Ser Ala Lys Pro Thr Lys Ser Ala Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile	
	30 35 40	
25	tgc ggt gac tct gtg ggt gtt tca gcc act ggt gat gtc ttt gtt gcc	377
	Cys Gly Asp Ser Val Gly Val Ser Ala Thr Gly Asp Val Phe Val Ala	
	45 50 55	
30	tgc aat gag tgt gcc ttc cct gtc tgc cgc cca tgc tat gag tat gag	425
	Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu	
	60 65 70 75	
35	cgc aag gag ggg aac caa tgc tgc ccc cag tgc aag act aga tac aag	473
	Arg Lys Glu Gly Asn Gln Cys Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys	
	80 85 90	
40	aga cag aaa ggt agc cct cga gtt cat ggt gat gag gat gag gaa gat	521
	Arg Gln Lys Gly Ser Pro Arg Val His Gly Asp Glu Asp Glu Glu Asp	
	95 100 105	
45	ggt gat gac cta gac aat gaa ttc aac tac aag caa ggc agt ggg aaa	569
	Val Asp Asp Leu Asp Asn Glu Phe Asn Tyr Lys Gln Gly Ser Gly Lys	
	110 115 120	
50	ggc cca gag tgg caa ctg caa gga gat gat gct gat ctg tct tca tct	617
	Gly Pro Glu Trp Gln Leu Gln Gly Asp Asp Ala Asp Leu Ser Ser Ser	
	125 130 135	
55	gct cgc cat gag cca cat cat cgg att cca cgc ctg aca agc ggt caa	665
	Ala Arg His Glu Pro His His Arg Ile Pro Arg Leu Thr Ser Gly Gln	
	140 145 150 155	
60	cag ata tct gga gag att cct gat gct tcc cct gac cgt cat tct atc	713
	Gln Ile Ser Gly Glu Ile Pro Asp Ala Ser Pro Asp Arg His Ser Ile	
	160 165 170	
65	cgc agt cca aca tcg agc tat gtt gat cca agc gtc cca gtt cct gtg	761
	Arg Ser Pro Thr Ser Ser Tyr Val Asp Pro Ser Val Pro Val Pro Val	
	175 180 185	
70	agg att gtg gac ccc tcg aag gac ttg aat tcc tat ggg ctt aat agt	809
	Arg Ile Val Asp Pro Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly Leu Asn Ser	
	190 195 200	
75	ggt gac tgg aag gaa aga gtt gag agc tgg agg gtt aaa cag gac aaa	857
	Val Asp Trp Lys Glu Arg Val Glu Ser Trp Arg Val Lys Gln Asp Lys	
	205 210 215	
80	aat atg atg caa gtg act aat aaa tat cca gag gct aga gga gga gac	905
	Asn Met Met Gln Val Thr Asn Lys Tyr Pro Glu Ala Arg Gly Gly Asp	

ES 2 296 405 T3

	220		225		230		235	
5	atg gag ggg act ggc tca aat gga gaa nat atg caa atg gtt gat gat	953						
	Met Glu Gly Thr Gly Ser Asn Gly Glu Xaa Met Gln Met Val Asp Asp							
		240			245		250	
10	gca cgg cta cct ttg agc cgt atc gtg cca att tcc tca aac cag ctc	1001						
	Ala Arg Leu Pro Leu Ser Arg Ile Val Pro Ile Ser Ser Asn Gln Leu							
		255			260		265	
15	aac ctt tac cgg gta gtg atc att ctc cgt ctt atc atc ctg tgc ttc	1049						
	Asn Leu Tyr Arg Val Val Ile Ile Leu Arg Leu Ile Ile Leu Cys Phe							
		270			275		280	
20	ttc ttc cag tat cgt gtc agt cat cca gtg cgt gat gct tat gga tta	1097						
	Phe Phe Gln Tyr Arg Val Ser His Pro Val Arg Asp Ala Tyr Gly Leu							
		285			290		295	
25	tgg cta gta tct gtt atc tgc gag gtc tgg ttt gcc ttg tct tgg ctt	1145						
	Trp Leu Val Ser Val Ile Cys Glu Val Trp Phe Ala Leu Ser Trp Leu							
		300			305		310	
30	cta gat cag ttc cca aaa tgg tat cca atc aac cgt gag aca tat ctt	1193						
	Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Tyr Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Leu							
			320		325		330	
35	gac agg ctt gca ttg agg tat gat aga gag gga gag cca tca cag ctg	1241						
	Asp Arg Leu Ala Leu Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu							
		335			340		345	
40	gct ccc att gat gtc ttc gtc agt aca gtg gat cca ttg aag gaa cct	1289						
	Ala Pro Ile Asp Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro							
		350			355		360	
45	cca ctg atc aca gcc aac act gtt ttg tcc att ctt tct gtg gat tac	1337						
	Pro Leu Ile Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ser Val Asp Tyr							
		365			370		375	
50	cct gtt gac aaa gtg tca tgc tat gtt tct gat gat ggt tca gct atg	1385						
	Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ser Ala Met							
		380			385		390	
55	ctg act ttt gag tct ctc tca gaa acc gca gaa ttt gct aga aag tgg	1433						
	Leu Thr Phe Glu Ser Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg Lys Trp							
		400			405		410	
60	gtt ccc ttt tgt aag aag cac aat att gaa cca aga gct cca gaa ttt	1481						
	Val Pro Phe Cys Lys Lys His Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe							
		415			420		425	
65	tac ttt gct caa aaa ata gat tac ctg aag gac aaa att caa cct tca	1529						
	Tyr Phe Ala Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Ile Gln Pro Ser							
		430			435		440	
70	ttt gtt aag gaa aga cgc gca atg aag agg gag tat gaa gaa ttc aaa	1577						
	Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys							
		445			450		455	

ES 2 296 405 T3

	gta aga atc aat gcc ctt gtt gcc aaa gca cag aaa gtg cct gaa gag	1625
	Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu	
	460 465 470 475	
5	ggg tgg acc atg gct gat gga act gca tgg cct ggg aat aat cct agg	1673
	Gly Trp Thr Met Ala Asp Gly Thr Ala Trp Pro Gly Asn Asn Pro Arg	
	480 485 490	
10	gac cat cct ggc atg att cag gtt ttc ttg ggg cac agt ggt ggg ctc	1721
	Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu	
	495 500 505	
15	gac act gat gga aat gag tta cca cgt ctt gtc tat gtc tct cgt gaa	1769
	Asp Thr Asp Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu	
	510 515 520	
20	aag aga cca ggc ttt cag cat cac aag aag gct ggt gca atg aat gcg	1817
	Lys Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala	
	525 530 535	
25	ctg att cgt gta tct gct gtg ctg aca aat ggt gcc tat ctt ctc aat	1865
	Leu Ile Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr Leu Leu Asn	
	540 545 550 555	
30	gtg gat tgc gac cat tac ttc aat agc agc aaa gct ctt aga gaa gca	1913
	Val Asp Cys Asp His Tyr Phe Asn Ser Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala	
	560 565 570	
35	atg tgc ttc atg atg gat ccg gct cta gga agg aaa act tgt tat gta	1961
	Met Cys Phe Met Met Asp Pro Ala Leu Gly Arg Lys Thr Cys Tyr Val	
	575 580 585	
40	caa ttt cca cag aga ttt gat ggc att gac ttg cac gat cga tat gct	2009
	Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Leu His Asp Arg Tyr Ala	
	590 595 600	
45	aat cgg aac ata gtt ttc ttt gat atc aac atg aaa ggt ctg gat ggc	2057
	Asn Arg Asn Ile Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly	
	605 610 615	
50	att cag ggt cca gtt tac gtg gga aca gga tgc tgt ttc aat aga cag	2105
	Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn Arg Gln	
	620 625 630 635	
55	gct ttg tat gga tac gat cct gtt ttg act gaa gct gat ctg gag cca	2153
	Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Pro Val Leu Thr Glu Ala Asp Leu Glu Pro	
	640 645 650	
60	aac att gtt att aag agc tgc tgt ggt aga agg aag aaa aag aac aag	2201
	Asn Ile Val Ile Lys Ser Cys Cys Gly Arg Arg Lys Lys Lys Asn Lys	
	655 660 665	
65	agt tat atg gat agt caa agc cgt att atg aag aga aca gaa tct tca	2249
	Ser Tyr Met Asp Ser Gln Ser Arg Ile Met Lys Arg Thr Glu Ser Ser	
	670 675 680	
70	gct ccc atc ttc aat atg gaa gac atc gaa gag ggt att gaa ggt tac	2297
	Ala Pro Ile Phe Asn Met Glu Asp Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Tyr	

ES 2 296 405 T3

	685	690	695	
5	gag gat gaa agg tca gtg ctt atg tcc cag agg aaa ttg gag aaa cgc Glu Asp Glu Arg Ser Val Leu Met Ser Gln Arg Lys Leu Glu Lys Arg 700 705 710 715	2345		
10	ttt ggt cag tct cct att ttc att gca tcc acc ttt atg aca caa ggt Phe Gly Gln Ser Pro Ile Phe Ile Ala Ser Thr Phe Met Thr Gln Gly 720 725 730	2393		
15	ggc ata cca cct tca aca aac cca gct tct cta cta aag gaa gct atc Gly Ile Pro Pro Ser Thr Asn Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile 735 740 745	2441		
20	cat gtc atc agt tgt gga tat gag gac aaa act gaa tgg gga aaa gag His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu 750 755 760	2489		
25	att ggc tgg atc tat ggt tca gta acg gag gat att ctg act ggg ttt Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe 765 770 775	2537		
30	aaa atg cat gca agg ggc tgg caa tca atc tac tgc atg cca cca cga Lys Met His Ala Arg Gly Trp Gln Ser Ile Tyr Cys Met Pro Pro Arg 780 785 790 795	2585		
35	cct tgt ttc aag ggt tct gca cca atc aat ctt tcc gat cgt ctt aat Pro Cys Phe Lys Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn 800 805 810	2633		
40	cag gtg ctc cgt tgg gct ctt ggg tca gtg gaa att ctg ctt agt aga Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Leu Ser Arg 815 820 825	2681		
45	cat tgt cct atc tgg tat ggt tac aat gga cga ttg aag ctt ttg gag His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Asn Gly Arg Leu Lys Leu Leu Glu 830 835 840	2729		
50	agg ctg gct tac atc aac act att gta tat cca atc aca tcc att ccg Arg Leu Ala Tyr Ile Asn Thr Ile Val Tyr Pro Ile Thr Ser Ile Pro 845 850 855	2777		
55	ctt att gcc tat tgt gtg ctt ccc gct atc tgc ctc ctt acc aat aaa Leu Ile Ala Tyr Cys Val Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Asn Lys 860 865 870 875	2825		
60	ttt atc att cct gag att agc aat tat gct ggg atg ttc ttc att ctt Phe Ile Ile Pro Glu Ile Ser Asn Tyr Ala Gly Met Phe Phe Ile Leu 880 885 890	2873		
65	ctt ttc gcc tcc att ttt gcc act ggt ata ttg gag ctt aga tgg agt Leu Phe Ala Ser Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Leu Arg Trp Ser 895 900 905	2921		
	ggg gtt ggc att gaa gat tgg tgg aga aat gag cag ttt tgg gtt att Gly Val Gly Ile Glu Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile 910 915 920	2969		

ES 2 296 405 T3

```

    ggt ggc acc tct gcc cat ctc ttc gca gtg ttc cag ggt ctg ctg aaa    3017
    Gly Gly Thr Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys
      925                      930                      935

5    gtg ttg gct ggg att gat acc aac ttc aca gtt acc tca aag gca tct    3065
    Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser
    940                      945                      950                      955

    gat gag gat ggc gac ttt gct gag cta tat gtg ttc aag tgg acc agt    3113
    Asp Glu Asp Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Val Phe Lys Trp Thr Ser
      960                      965                      970

    ttg ctc att cct ccg acc act gtt ctt gtc att aac ctg gtc gga atg    3161
    Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Val Leu Val Ile Asn Leu Val Gly Met
      975                      980                      985

15    gtg gca gga att tct tat gcc att aac agt ggc tac caa tcc tgg ggt    3209
    Val Ala Gly Ile Ser Tyr Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly
      990                      995                      1000

    ccg ctc ttt gga aag ctg ttc ttc tcg atc tgg gtg atc ctc cat ctc    3257
    Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ser Ile Trp Val Ile Leu His Leu
    1005                      1010                      1015

    tac ccc ttc ctc aag ggt ctc atg gga agg cag aac cgc aca cca aca    3305
    Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr
    1020                      1025                      1030                      1035

    atc gtc att gtc tgg tcc atc ctt ctt gca tct atc ttc tcc ttg ctg    3353
    Ile Val Ile Val Trp Ser Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu
      1040                      1045                      1050

30    tgg gtg aag atc gat cct ttc atc tcc ccg aca cag aaa gct gct gcc    3401
    Trp Val Lys Ile Asp Pro Phe Ile Ser Pro Thr Gln Lys Ala Ala Ala
      1055                      1060                      1065

35    ttg ggg caa tgt ggc gtc aac t gctgatcgag acagtgactc ttatttgaag    3453
    Leu Gly Gln Cys Gly Val Asn
      1070

    aggctcaatc aagatctgcc ccctcgtgta aatacctgag gaggctagat gggaattcct    3513
    tttgtttagt gtgaggatgg atttgcatct aagttatgcc tctgttcatt agcttcttcc    3573
    gtgccggtgc tgctgcggac taagaatcac ggagccttcc taccttccat gtagegccag    3633
    ccagcagcgt aagatgtgaa ttttgaagtt ttgttatgcg tgcagtttat tgttttagag    3693
    taaattatca tttgtttgtg ggaactgttc acacgagcct ataatggcaa tgctgttatt    3753
    taaaaaaaaa aaaaaaaggg cggccgc    3780

45
    <210> 10
    <211> 1075
    <212> PRT
    <213> Zea mays

    <400> 10

55
    Met Ala Ala Asn Lys Gly Met Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
      1           5           10           15
    Phe Val Met Ile Arg His Asp Gly Asp Val Pro Gly Ser Ala Lys Pro
      20           25           30
    Thr Lys Ser Ala Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Ser Val

65

```

ES 2 296 405 T3

		35				40				45			
	Gly	Val	Ser	Ala	Thr	Gly	Asp	Val	Phe	Val	Ala	Cys	Asn
		50					55				60		
5	Phe	Pro	Val	Cys	Arg	Pro	Cys	Tyr	Glu	Tyr	Glu	Arg	Lys
		65					70				75		80
	Gln	Cys	Cys	Pro	Gln	Cys	Lys	Thr	Arg	Tyr	Lys	Arg	Gln
					85					90			95
	Pro	Arg	Val	His	Gly	Asp	Glu	Asp	Glu	Glu	Asp	Val	Asp
				100					105				110
10	Asn	Glu	Phe	Asn	Tyr	Lys	Gln	Gly	Ser	Gly	Lys	Gly	Pro
			115						120				125
	Leu	Gln	Gly	Asp	Asp	Ala	Asp	Leu	Ser	Ser	Ser	Ala	Arg
		130					135					140	
	His	His	Arg	Ile	Pro	Arg	Leu	Thr	Ser	Gly	Gln	Gln	Ile
		145				150					155		160
15	Ile	Pro	Asp	Ala	Ser	Pro	Asp	Arg	His	Ser	Ile	Arg	Ser
				165						170			175
	Ser	Tyr	Val	Asp	Pro	Ser	Val	Pro	Val	Pro	Val	Arg	Ile
				180					185				190
	Ser	Lys	Asp	Leu	Asn	Ser	Tyr	Gly	Leu	Asn	Ser	Val	Asp
		195						200				205	
20	Arg	Val	Glu	Ser	Trp	Arg	Val	Lys	Gln	Asp	Lys	Asn	Met
		210					215					220	
	Thr	Asn	Lys	Tyr	Pro	Glu	Ala	Arg	Gly	Gly	Asp	Met	Glu
		225				230					235		240
	Ser	Asn	Gly	Glu	Xaa	Met	Gln	Met	Val	Asp	Asp	Ala	Arg
25				245						250			255
	Ser	Arg	Ile	Val	Pro	Ile	Ser	Ser	Asn	Gln	Leu	Asn	Leu
			260						265				270
	Val	Ile	Ile	Leu	Arg	Leu	Ile	Ile	Leu	Cys	Phe	Phe	Phe
			275					280				285	
30	Val	Ser	His	Pro	Val	Arg	Asp	Ala	Tyr	Gly	Leu	Trp	Leu
		290					295					300	
	Ile	Cys	Glu	Val	Trp	Phe	Ala	Leu	Ser	Trp	Leu	Leu	Asp
		305				310					315		320
	Lys	Trp	Tyr	Pro	Ile	Asn	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg
				325						330			335
35	Arg	Tyr	Asp	Arg	Glu	Gly	Glu	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Pro
				340					345				350
	Phe	Val	Ser	Thr	Val	Asp	Pro	Leu	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu
		355					360					365	
	Asn	Thr	Val	Leu	Ser	Ile	Leu	Ser	Val	Asp	Tyr	Pro	Val
40		370					375					380	
	Ser	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	Ser	Ala	Met	Leu	Thr
		385				390				395			400
	Leu	Ser	Glu	Thr	Ala	Glu	Phe	Ala	Arg	Lys	Trp	Val	Pro
				405					410				415
	Lys	His	Asn	Ile	Glu	Pro	Arg	Ala	Pro	Glu	Phe	Tyr	Phe
45				420					425				430
	Ile	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Ile	Gln	Pro	Ser	Phe	Val
		435						440				445	
	Arg	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	Glu	Phe	Lys	Val	Arg
		450				455					460		
50	Leu	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Val	Pro	Glu	Glu	Gly	Trp
		465				470					475		480
	Asp	Gly	Thr	Ala	Trp	Pro	Gly	Asn	Asn	Pro	Arg	Asp	His
				485					490				495
	Ile	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	His	Ser	Gly	Gly	Leu	Asp	Thr
55												Asp	Gly
													Asn

ES 2 296 405 T3

				500					505					510		
	Glu	Leu	Pro	Arg	Leu	Val	Tyr	Val	Ser	Arg	Glu	Lys	Arg	Pro	Gly	Phe
			515					520					525			
5	Gln	His	His	Lys	Lys	Ala	Gly	Ala	Met	Asn	Ala	Leu	Ile	Arg	Val	Ser
		530					535				540					
	Ala	Val	Leu	Thr	Asn	Gly	Ala	Tyr	Leu	Leu	Asn	Val	Asp	Cys	Asp	His
	545				550				555						560	
	Tyr	Phe	Asn	Ser	Ser	Lys	Ala	Leu	Arg	Glu	Ala	Met	Cys	Phe	Met	Met
				565				570						575		
10	Asp	Pro	Ala	Leu	Gly	Arg	Lys	Thr	Cys	Tyr	Val	Gln	Phe	Pro	Gln	Arg
			580					585						590		
	Phe	Asp	Gly	Ile	Asp	Leu	His	Asp	Arg	Tyr	Ala	Asn	Arg	Asn	Ile	Val
		595					600					605				
	Phe	Phe	Asp	Ile	Asn	Met	Lys	Gly	Leu	Asp	Gly	Ile	Gln	Gly	Pro	Val
15		610					615					620				
	Tyr	Val	Gly	Thr	Gly	Cys	Phe	Asn	Arg	Gln	Ala	Leu	Tyr	Gly	Tyr	
	625				630					635					640	
	Asp	Pro	Val	Leu	Thr	Glu	Ala	Asp	Leu	Glu	Pro	Asn	Ile	Val	Ile	Lys
				645					650					655		
20	Ser	Cys	Cys	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Lys	Asn	Lys	Ser	Tyr	Met	Asp	Ser
			660					665						670		
	Gln	Ser	Arg	Ile	Met	Lys	Arg	Thr	Glu	Ser	Ser	Ala	Pro	Ile	Phe	Asn
		675					680					685				
	Met	Glu	Asp	Ile	Glu	Glu	Gly	Ile	Glu	Gly	Tyr	Glu	Asp	Glu	Arg	Ser
	690						695					700				
25	Val	Leu	Met	Ser	Gln	Arg	Lys	Leu	Glu	Lys	Arg	Phe	Gly	Gln	Ser	Pro
	705				710						715				720	
	Ile	Phe	Ile	Ala	Ser	Thr	Phe	Met	Thr	Gln	Gly	Gly	Ile	Pro	Pro	Ser
				725					730					735		
	Thr	Asn	Pro	Ala	Ser	Leu	Leu	Lys	Glu	Ala	Ile	His	Val	Ile	Ser	Cys
			740					745					750			
30	Gly	Tyr	Glu	Asp	Lys	Thr	Glu	Trp	Gly	Lys	Glu	Ile	Gly	Trp	Ile	Tyr
		755					760					765				
	Gly	Ser	Val	Thr	Glu	Asp	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	Lys	Met	His	Ala	Arg
		770					775				780					
35	Gly	Trp	Gln	Ser	Ile	Tyr	Cys	Met	Pro	Pro	Arg	Pro	Cys	Phe	Lys	Gly
	785				790				795						800	
	Ser	Ala	Pro	Ile	Asn	Leu	Ser	Asp	Arg	Leu	Asn	Gln	Val	Leu	Arg	Trp
				805					810					815		
	Ala	Leu	Gly	Ser	Val	Glu	Ile	Leu	Leu	Ser	Arg	His	Cys	Pro	Ile	Trp
			820					825					830			
40	Tyr	Gly	Tyr	Asn	Gly	Arg	Leu	Lys	Leu	Leu	Glu	Arg	Leu	Ala	Tyr	Ile
		835					840					845				
	Asn	Thr	Ile	Val	Tyr	Pro	Ile	Thr	Ser	Ile	Pro	Leu	Ile	Ala	Tyr	Cys
		850					855					860				
	Val	Leu	Pro	Ala	Ile	Cys	Leu	Leu	Thr	Asn	Lys	Phe	Ile	Ile	Pro	Glu
	865				870				875						880	
45	Ile	Ser	Asn	Tyr	Ala	Gly	Met	Phe	Phe	Ile	Leu	Leu	Phe	Ala	Ser	Ile
				885					890					895		
	Phe	Ala	Thr	Gly	Ile	Leu	Glu	Leu	Arg	Trp	Ser	Gly	Val	Gly	Ile	Glu
			900					905					910			
	Asp	Trp	Trp	Arg	Asn	Glu	Gln	Phe	Trp	Val	Ile	Gly	Gly	Thr	Ser	Ala
		915					920					925				
50	His	Leu	Phe	Ala	Val	Phe	Gln	Gly	Leu	Leu	Lys	Val	Leu	Ala	Gly	Ile
		930					935					940				
	Asp	Thr	Asn	Phe	Thr	Val	Thr	Ser	Lys	Ala	Ser	Asp	Glu	Asp	Gly	Asp
	945				950				955						960	
55	Phe	Ala	Glu	Leu	Tyr	Val	Phe	Lys	Trp	Thr	Ser	Leu	Leu	Ile	Pro	Pro

ES 2 296 405 T3

[illegible]

<210> 11

<211> 25

<212> ADN

<213> *Zea mays*

<400> 11

atggcggcca acaaggggat ggtgg

<210> 12

<211> 25

<212> ADN

<213> *Zea mays*

<400> 12

tcagcagttg acgccacatt gcccc

<210> 13

<211> 3725

<212> ADN

<213> *Zea mays*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (179)...(3398)

<400> 13

gcagcagcag	caccacact	gcgccgcatt	gcagcagca	agcggagg	atctggggca	60
tgggtggcgg	cgctgccgt	gccgctcgga	tctagagg	cgcacggg	gattgccctc	120
cgccggcctc	gtcgggtgt	gtggagtgt	aatcggtgt	tgtaggagga	gcgcggag	178
atg gcg gcc	aac aa	g ggg atg gtg	gca ggc tct	cac aac cgc	aac gag	226
Met Ala Ala Asn Lys Gly Met Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu						
1	5	10	15			

ttc gtc atg atc cgc cac gac ggc gac gcg cct gtc ccg gct aag ccc 274
Phe Val Met Ile Arg His Asp Gly Asp Ala Pro Val Pro Ala Lys Pro
20 25 30

acg aag agt gcg aat ggg cag gtc tgc cag att tgt ggc gac act gtt 322
Thr Lys Ser Ala Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Thr Val
35 40 45

ES 2 296 405 T3

	ggc gtt tca gcc act ggt gat gtc ttt gtt gcc tgc aat gag tgt gcc	370
	Gly Val Ser Ala Thr Gly Asp Val Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala	
	50 55 60	
5	ttc cct gtc tgc cgc cct tgc tat gag tac gag cgc aag gaa ggg aac	418
	Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Glu Gly Asn	
	65 70 75 80	
10	caa tgc tgc cct cag tgc aag act aga tac aag aga cag aaa ggt agc	466
	Gln Cys Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Gln Lys Gly Ser	
	85 90 95	
15	cct cga gtt cat ggt gat gat gag gag gaa gat gtt gat gac ctg gac	514
	Pro Arg Val His Gly Asp Asp Glu Glu Glu Asp Val Asp Asp Leu Asp	
	100 105 110	
20	aat gaa ttc aac tat aag caa ggc aat ggg aag ggc cca gag tgg cag	562
	Asn Glu Phe Asn Tyr Lys Gln Gly Asn Gly Lys Gly Pro Glu Trp Gln	
	115 120 125	
25	ctt caa gga gat gac gct gat ctg tct tca tct gct cgc cat gac cca	610
	Leu Gln Gly Asp Asp Ala Asp Leu Ser Ser Ser Ala Arg His Asp Pro	
	130 135 140	
30	cac cat cgg att cca cgc ctt aca agt gga caa cag ata tct gga gag	658
	His His Arg Ile Pro Arg Leu Thr Ser Gly Gln Gln Ile Ser Gly Glu	
	145 150 155 160	
35	atc cct gat gca tcc cct gac cgt cat tct atc cgc agt cca aca tcg	706
	Ile Pro Asp Ala Ser Pro Asp Arg His Ser Ile Arg Ser Pro Thr Ser	
	165 170 175	
40	agc tat gtt gat cca agc gtt cca gtt cct gtg agg att gtg gac ccc	754
	Ser Tyr Val Asp Pro Ser Val Pro Val Pro Val Arg Ile Val Asp Pro	
	180 185 190	
45	tcg aag gac ttg aat tcc tat ggg ctt aat agt gtt gac tgg aag gaa	802
	Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly Leu Asn Ser Val Asp Trp Lys Glu	
	195 200 205	
50	aga gtt gag agc tgg agg gtt aaa cag gac aaa aat atg ttg caa gtg	850
	Arg Val Glu Ser Trp Arg Val Lys Gln Asp Lys Asn Met Leu Gln Val	
	210 215 220	
55	act aat aaa tat cca gag gct aga gga gac atg gag ggg act ggc tca	898
	Thr Asn Lys Tyr Pro Glu Ala Arg Gly Asp Met Glu Gly Thr Gly Ser	
	225 230 235 240	
60	aat gga gaa gat atg caa atg gtt gat gat gca cgc cta cct ttg agc	946
	Asn Gly Glu Asp Met Gln Met Val Asp Asp Ala Arg Leu Pro Leu Ser	
	245 250 255	
65	cgc att gtg cca att tcc tca aac cag ctc aac ctt tac cgg ata gta	994
	Arg Ile Val Pro Ile Ser Ser Asn Gln Leu Asn Leu Tyr Arg Ile Val	
	260 265 270	
70	atc att ctc cgt ctt atc atc ctg tgc ttc ttc ttc caa tat cgt atc	1042

ES 2 296 405 T3

	Ile	Ile	Leu	Arg	Leu	Ile	Ile	Leu	Cys	Phe	Phe	Phe	Gln	Tyr	Arg	Ile	
			275					280					285				
5	agt	cat	cca	gtg	cgt	aat	gct	tat	gga	ttg	tgg	cta	gta	tct	gtt	atc	1090
	Ser	His	Pro	Val	Arg	Asn	Ala	Tyr	Gly	Leu	Trp	Leu	Val	Ser	Val	Ile	
			290				295					300					
10	tgt	gag	gtc	tgg	ttt	gcc	ttg	tcc	tgg	ctt	cta	gat	cag	ttc	cca	aaa	1138
	Cys	Glu	Val	Trp	Phe	Ala	Leu	Ser	Trp	Leu	Leu	Asp	Gln	Phe	Pro	Lys	
	305					310				315					320		
15	tgg	tat	cca	atc	aac	cgt	gag	aca	tat	ctc	gac	agg	ctt	gca	ttg	agg	1186
	Trp	Tyr	Pro	Ile	Asn	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg	Leu	Ala	Leu	Arg	
					325				330						335		
20	tat	gat	aga	gag	gga	gag	cca	tca	cag	ctg	gct	ccc	att	gat	gtc	ttt	1234
	Tyr	Asp	Arg	Glu	Gly	Glu	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Pro	Ile	Asp	Val	Phe	
				340				345					350				
25	gtc	agt	aca	gtg	gat	cca	ttg	aag	gaa	cct	cca	ctg	atc	aca	gcc	aac	1282
	Val	Ser	Thr	Val	Asp	Pro	Leu	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu	Ile	Thr	Ala	Asn	
			355				360					365					
30	act	gtt	ttg	tcc	att	ctt	gct	gtg	gat	tac	cct	gtt	gac	aaa	gtg	tca	1330
	Thr	Val	Leu	Ser	Ile	Leu	Ala	Val	Asp	Tyr	Pro	Val	Asp	Lys	Val	Ser	
			370				375					380					
35	tgc	tat	gtt	tct	gat	gat	ggc	tca	gct	atg	ctg	act	ttt	gag	tct	ctc	1378
	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	Ser	Ala	Met	Leu	Thr	Phe	Glu	Ser	Leu	
	385				390					395					400		
40	tct	gaa	act	gcc	gaa	ttt	gct	aga	aag	tgg	gtt	ccc	ttt	tgt	aag	aag	1426
	Ser	Glu	Thr	Ala	Glu	Phe	Ala	Arg	Lys	Trp	Val	Pro	Phe	Cys	Lys	Lys	
				405				410						415			
45	cac	aat	att	gaa	cca	aga	gct	cca	gaa	ttt	tac	ttt	gct	caa	aaa	ata	1474
	His	Asn	Ile	Glu	Pro	Arg	Ala	Pro	Glu	Phe	Tyr	Phe	Ala	Gln	Lys	Ile	
				420				425					430				
50	gat	tac	ctg	aag	gac	aaa	att	caa	cct	tca	ttt	gtt	aag	gaa	aga	cga	1522
	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Ile	Gln	Pro	Ser	Phe	Val	Lys	Glu	Arg	Arg	
			435				440					445					
55	gca	atg	aag	aga	gag	tat	gaa	gaa	ttc	aaa	ata	aga	atc	aat	gcc	ctt	1570
	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	Glu	Phe	Lys	Ile	Arg	Ile	Asn	Ala	Leu	
		450				455					460						
60	gtt	gcc	aaa	gca	cag	aaa	gtg	cct	gaa	gag	ggg	tgg	acc	atg	gct	gat	1618
	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Val	Pro	Glu	Glu	Gly	Trp	Thr	Met	Ala	Asp	
	465				470					475					480		
65	gga	act	gct	tgg	cct	ggg	aat	aac	cct	agg	gac	cat	cct	ggc	atg	att	1666
	Gly	Thr	Ala	Trp	Pro	Gly	Asn	Asn	Pro	Arg	Asp	His	Pro	Gly	Met	Ile	
				485					490					495			
70	cag	gtg	ttc	ttg	ggg	cac	agt	ggg	ggg	ctt	gac	act	gat	gga	aat	gaa	1714
	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	His	Ser	Gly	Gly	Leu	Asp	Thr	Asp	Gly	Asn	Glu	
			500					505					510				

ES 2 296 405 T3

	tta cca cgt ctt gtc tat gtc tct cgt gaa aag aga cca ggc ttt cag	1762
	Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln	
	515 520 525	
5	cat cac aag aag gct ggt gca atg aat gca ctg att cgt gta tct gct	1810
	His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Ile Arg Val Ser Ala	
	530 535 540	
10	gtg ctg aca aat ggt gcc tat ctt ctc aat gtg gat tgt gac cat tac	1858
	Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp His Tyr	
	545 550 555 560	
15	ttc aat agc agc aaa gct ctt aga gaa gca atg tgc ttc atg atg gat	1906
	Phe Asn Ser Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp	
	565 570 575	
20	cca gct cta gga agg aaa act tgt tat gta caa ttt cca caa aga ttt	1954
	Pro Ala Leu Gly Arg Lys Thr Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe	
	580 585 590	
25	gat ggc att gac ttg cac gat cga tat gct aat agg aac ata gtc ttc	2002
	Asp Gly Ile Asp Leu His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Ile Val Phe	
	595 600 605	
30	ttt gat atc aac atg aaa ggt cta gat ggc att cag ggt cca gtc tat	2050
	Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr	
	610 615 620	
35	gtg gga aca gga tgc tgt ttc aat agg cag gct ttg tat gga tat gat	2098
	Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp	
	625 630 635 640	
40	cct gtt ttg act gaa gct gat ctg gaa cct aac att gtt gtt aag agc	2146
	Pro Val Leu Thr Glu Ala Asp Leu Glu Pro Asn Ile Val Val Lys Ser	
	645 650 655	
45	tgc tgt ggt aga agg aag aga aag aac aag agt tat atg gat agt caa	2194
	Cys Cys Gly Arg Arg Lys Arg Lys Asn Lys Ser Tyr Met Asp Ser Gln	
	660 665 670	
50	agc cgt att atg aag aga aca gaa tct tca gct ccc atc ttt aac atg	2242
	Ser Arg Ile Met Lys Arg Thr Glu Ser Ser Ala Pro Ile Phe Asn Met	
	675 680 685	
55	gaa gac atc gag gag ggt att gaa ggt tat gag gat gaa agg tca gtg	2290
	Glu Asp Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Tyr Glu Asp Glu Arg Ser Val	
	690 695 700	
60	ctt atg tcc cag agg aaa ttg gag aaa cgc ttt ggt cag tct cca atc	2338
	Leu Met Ser Gln Arg Lys Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Pro Ile	
	705 710 715 720	
65	ttc att gca tcc acc ttt atg act caa ggt ggc ata cca cct tca aca	2386
	Phe Ile Ala Ser Thr Phe Met Thr Gln Gly Gly Ile Pro Pro Ser Thr	
	725 730 735	
70	aac cca gct tct cta ctg aag gaa gct atc cat gtt atc agc tgt ggg	2434

ES 2 296 405 T3

	Asn	Pro	Ala	Ser	Leu	Leu	Lys	Glu	Ala	Ile	His	Val	Ile	Ser	Cys	Gly	
				740					745					750			
5	tac	gag	gac	aaa	act	gaa	tgg	gga	aaa	gag	att	ggc	tgg	atc	tat	ggc	2482
	Tyr	Glu	Asp	Lys	Thr	Glu	Trp	Gly	Lys	Glu	Ile	Gly	Trp	Ile	Tyr	Gly	
			755					760					765				
10	tca	gtt	aca	gag	gat	att	ctg	act	ggg	ttt	aaa	atg	cat	gca	aga	ggc	2530
	Ser	Val	Thr	Glu	Asp	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	Lys	Met	His	Ala	Arg	Gly	
			770					775					780				
15	tgg	caa	tca	atc	tac	tgc	atg	cca	cca	cga	cct	tgt	ttc	aag	ggc	tct	2578
	Trp	Gln	Ser	Ile	Tyr	Cys	Met	Pro	Pro	Arg	Pro	Cys	Phe	Lys	Gly	Ser	
						790					795					800	
20	gca	cca	atc	aat	ctt	tct	gat	cgt	ctt	aat	cag	gtg	ctc	cgt	tgg	gct	2626
	Ala	Pro	Ile	Asn	Leu	Ser	Asp	Arg	Leu	Asn	Gln	Val	Leu	Arg	Trp	Ala	
					805					810					815		
25	ctt	ggg	tca	gtg	gaa	att	ctg	ctt	agc	aga	cat	tgt	cct	ata	tgg	tat	2674
	Leu	Gly	Ser	Val	Glu	Ile	Leu	Leu	Ser	Arg	His	Cys	Pro	Ile	Trp	Tyr	
				820					825					830			
30	ggc	tac	aat	ggg	cga	ttg	aag	ctt	ttg	gag	agg	ctg	gct	tac	att	aac	2722
	Gly	Tyr	Asn	Gly	Arg	Leu	Lys	Leu	Leu	Glu	Arg	Leu	Ala	Tyr	Ile	Asn	
			835					840					845				
35	acc	att	gtt	tat	cca	atc	aca	tct	gtt	ccg	ctt	atc	gcc	tat	tgt	gtg	2770
	Thr	Ile	Val	Tyr	Pro	Ile	Ser	Ser	Val	Pro	Leu	Ile	Ala	Tyr	Cys	Val	
			850				855					860					
40	ctt	cct	gct	atc	tgt	ctt	ctt	acc	aat	aaa	ttt	atc	att	cct	gag	att	2818
	Leu	Pro	Ala	Ile	Cys	Leu	Leu	Thr	Asn	Lys	Phe	Ile	Ile	Pro	Glu	Ile	
			865			870				875						880	
45	agt	aat	tat	gct	gga	atg	ttc	ttc	att	ctt	ctt	ttt	gcc	tcc	att	ttc	2866
	Ser	Asn	Tyr	Ala	Gly	Met	Phe	Phe	Ile	Leu	Leu	Phe	Ala	Ser	Ile	Phe	
				885					890						895		
50	gca	act	ggc	ata	ttg	gag	ctc	aga	tgg	agt	ggc	gtt	ggc	att	gaa	gat	2914
	Ala	Thr	Gly	Ile	Leu	Glu	Leu	Arg	Trp	Ser	Gly	Val	Gly	Ile	Glu	Asp	
				900					905					910			
55	tgg	tgg	aga	aat	gag	cag	ttt	tgg	gtt	att	ggc	ggc	acc	tct	gcc	cat	2962
	Trp	Trp	Arg	Asn	Glu	Gln	Phe	Trp	Val	Ile	Gly	Gly	Thr	Ser	Ala	His	
			915					920					925				
60	ctc	ttc	gcg	gtg	ttc	cag	ggc	ctg	ctg	aaa	gtg	ttg	gct	ggg	att	gat	3010
	Leu	Phe	Ala	Val	Phe	Gln	Gly	Leu	Leu	Lys	Val	Leu	Ala	Gly	Ile	Asp	
			930				935					940					
65	acc	aac	ttc	aca	gtt	acc	tca	aag	gca	tct	gat	gag	gat	ggc	gac	ttt	3058
	Thr	Asn	Phe	Thr	Val	Thr	Ser	Lys	Ala	Ser	Asp	Glu	Asp	Gly	Asp	Phe	
						950				955						960	
70	gct	gag	cta	tat	gtg	ttc	aag	tgg	acc	agt	ttg	ctc	atc	cct	ccg	acc	3106
	Ala	Glu	Leu	Tyr	Val	Phe	Lys	Trp	Thr	Ser	Leu	Leu	Ile	Pro	Pro	Thr	
					965					970					975		

ES 2 296 405 T3

	act gtt ctt gtc att aac ctg gtc gga atg gtg gca gga att tcg tat	3154
	Thr Val Leu Val Ile Asn Leu Val Gly Met Val Ala Gly Ile Ser Tyr	
	980 985 990	
5	gcc att aac agc ggc tac caa tcc tgg ggt ccg ctc ttt gga aag ctg	3202
	Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu	
	995 1000 1005	
10	ttc ttc tcg atc tgg gtg atc ctc cat ctc tac ccc ttc ctc aag ggt	3250
	Phe Phe Ser Ile Trp Val Ile Leu His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly	
	1010 1015 1020	
	ctc atg ggc agg cag aac cgc acg cca aca atc gtc atc gtt tgg tcc	3298
	Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val Trp Ser	
	1025 1030 1035 1040	
15	atc ctc ctt gcg tct atc ttc tcc ttg ctg tgg gtg aag atc gat cct	3346
	Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Lys Ile Asp Pro	
	1045 1050 1055	
20	ttc atc tcc ccg aca cag aaa gct gcc gcc ttg ggg caa tgt ggt gtg	3394
	Phe Ile Ser Pro Thr Gln Lys Ala Ala Ala Leu Gly Gln Cys Gly Val	
	1060 1065 1070	
	aac t gctgatccag attgtgactc ttatctgaag aggctcagcc aaagatctgc	3448
	Asn	
25		
	ccctctgtgt aaatacctga gggggctaga tgggaatttt ttgtttgtaga tgaggatgga	3508
	tctgcatecca agttatgcct ctgtttatta gcttcttcgg tgccggtgct gctgcagaca	3568
	atcatggagc ctttctacct tgcttgtagt gctggccagc agcgtaaatt gtgaattctg	3628
	cattttttta tacgtgggtg ttattgtttt agagtaaatt atcatttgtt tgaggtaact	3688
30	attcacacga actatatggc aatgctgtta tttaaaa	3725

35 <210> 14
 <211> 1074
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

40 $\langle 400 \rangle$ 14

		Met	Ala	Ala	Asn	Lys	Gly	Met	Val	Ala	Gly	Ser	His	Asn	Arg	Asn	Glu
		1				5					10					15	
45		Phe	Val	Met	Ile	Arg	His	Asp	Gly	Asp	Ala	Pro	Val	Pro	Ala	Lys	Pro
				20					25						30		
		Thr	Lys	Ser	Ala	Asn	Gly	Gln	Val	Cys	Gln	Ile	Cys	Gly	Asp	Thr	Val
				35					40					45			
		Gly	Val	Ser	Ala	Thr	Gly	Asp	Val	Phe	Val	Ala	Cys	Asn	Glu	Cys	Ala
			50					55					60				
50		Phe	Pro	Val	Cys	Arg	Pro	Cys	Tyr	Glu	Tyr	Glu	Arg	Lys	Glu	Gly	Asn
						70						75				80	
		Gln	Cys	Cys	Pro	Gln	Cys	Lys	Thr	Arg	Tyr	Lys	Arg	Gln	Lys	Gly	Ser
					85						90				95		
55		Pro	Arg	Val	His	Gly	Asp	Asp	Glu	Glu	Glu	Asp	Val	Asp	Asp	Leu	Asp
					100					105					110		
		Asn	Glu	Phe	Asn	Tyr	Lys	Gln	Gly	Asn	Gly	Lys	Gly	Pro	Glu	Trp	Gln
					115				120					125			
		Leu	Gln	Gly	Asp	Asp	Ala	Asp	Leu	Ser	Ser	Ser	Ala	Arg	His	Asp	Pro

ES 2 296 405 T3

[illegible]

ES 2 296 405 T3

595 600 605
 Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr
 610 615 620
 Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp
 625 630 635 640
 Pro Val Leu Thr Glu Ala Asp Leu Glu Pro Asn Ile Val Val Lys Ser
 645 650 655
 Cys Cys Gly Arg Arg Lys Arg Lys Asn Lys Ser Tyr Met Asp Ser Gln
 660 665 670
 Ser Arg Ile Met Lys Arg Thr Glu Ser Ser Ala Pro Ile Phe Asn Met
 675 680 685
 Glu Asp Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Tyr Glu Asp Glu Arg Ser Val
 690 695 700
 Leu Met Ser Gln Arg Lys Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Pro Ile
 705 710 715 720
 Phe Ile Ala Ser Thr Phe Met Thr Gln Gly Gly Ile Pro Pro Ser Thr
 725 730 735
 Asn Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly
 740 745 750
 Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly
 755 760 765
 Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly
 770 775 780
 Trp Gln Ser Ile Tyr Cys Met Pro Pro Arg Pro Cys Phe Lys Gly Ser
 785 790 795 800
 Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala
 805 810 815
 Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Leu Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr
 820 825 830
 Gly Tyr Asn Gly Arg Leu Lys Leu Leu Glu Arg Leu Ala Tyr Ile Asn
 835 840 845
 Thr Ile Val Tyr Pro Ile Thr Ser Val Pro Leu Ile Ala Tyr Cys Val
 850 855 860
 Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Asn Lys Phe Ile Ile Pro Glu Ile
 865 870 875 880
 Ser Asn Tyr Ala Gly Met Phe Phe Ile Leu Leu Phe Ala Ser Ile Phe
 885 890 895
 Ala Thr Gly Ile Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Glu Asp
 900 905 910
 Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Thr Ser Ala His
 915 920 925
 Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp
 930 935 940
 Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp Phe
 945 950 955 960
 Ala Glu Leu Tyr Val Phe Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro Pro Thr
 965 970 975
 Thr Val Leu Val Ile Asn Leu Val Gly Met Val Ala Gly Ile Ser Tyr
 980 985 990
 Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu
 995 1000 1005
 Phe Phe Ser Ile Trp Val Ile Leu His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly
 1010 1015 1020
 Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val Trp Ser
 1025 1030 1035 1040
 Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Lys Ile Asp Pro
 1045 1050 1055
 Phe Ile Ser Pro Thr Gln Lys Ala Ala Leu Gly Gln Cys Gly Val

55

1060 1065 1070
 Asn Cys

60

<210> 15

<211> 25

<212> DNA

65

<213> *Zea mays*

ES 2 296 405 T3

<400> 15

atggcggcca acaaggggat ggtgg

25

5

<210> 16

<211> 25

<212> ADNA

10 <213> *Zea mays*

<400> 16

15 tcagcagttc acaccacatt gcccc

25

<210> 17

<211> 3969

20 <212> ADN

<213> *Zea mays*

<220>

25 <221> CDS

<222> (144)...(3399)

<400> 17

30

cttctccctc gtcggtgcgg cgtgggcggg ctcggcggtc ggtgagaaac cactcggggg	60
atgaggatct gctgctagag tgagaggagc tacggtcagt atcctctgcc ttcgtcggcg	120
gcggaagtgg aggggaggaa gcg atg gag gcg agc gcc ggg ctg gtg gcc ggc	173
Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly	
1 5 10	

35

tcc cac aac cgc aac gag ctc gtc gtc atc cgc cgc gac ggc gat ccc	221
Ser His Asn Arg Asn Glu Leu Val Val Ile Arg Arg Asp Gly Asp Pro	
15 20 25	

40

ggg ccg aag ccg ccg cgg gag cag aac ggg cag gtg tgc cag att tgc	269
Gly Pro Lys Pro Pro Arg Glu Gln Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys	
30 35 40	

45

ggc gac gac gtc ggc ctt gcc ccc ggc ggg gac ccc ttc gtg gcg tgc	317
Gly Asp Asp Val Gly Leu Ala Pro Gly Gly Asp Pro Phe Val Ala Cys	
45 50 55	

50

aac gag tgc gcc ttc ccc gtc tgc cgg gac tgc tac gaa tac gag cgc	365
Asn Glu Cys Ala Phe Pro Val Cys Arg Asp Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg	
60 65 70	

55

cgg gag ggc acg cag aac tgc ccc cag tgc aag act cga tac aag cgc	413
Arg Glu Gly Thr Gln Asn Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg	
75 80 85 90	

60

65

ES 2 296 405 T3

	ctc aag ggc tgc caa cgt gtg acc ggt gac gag gag gag gac ggc gtc	461
	Leu Lys Gly Cys Gln Arg Val Thr Gly Asp Glu Glu Glu Asp Gly Val	
	95 100 105	
5	gat gac ctg gac aac gag ttc aac tgg gac ggc cat gac tcg cag tct	509
	Asp Asp Leu Asp Asn Glu Phe Asn Trp Asp Gly His Asp Ser Gln Ser	
	110 115 120	
10	gtg gcc gag tcc atg ctc tac ggc cac atg agc tac ggc cgt gga ggt	557
	Val Ala Glu Ser Met Leu Tyr Gly His Met Ser Tyr Gly Arg Gly Gly	
	125 130 135	
15	gac cct aat ggc gcg cca caa gct ttc cag ctc aac ccc aat gtt cca	605
	Asp Pro Asn Gly Ala Pro Gln Ala Phe Gln Leu Asn Pro Asn Val Pro	
	140 145 150	
20	ctc ctc acc aac ggg caa atg gtg gat gac atc cca ccg gag cag cac	653
	Leu Leu Thr Asn Gly Gln Met Val Asp Asp Ile Pro Pro Glu Gln His	
	155 160 165 170	
25	gcg ctg gtg cct tct ttc atg ggt ggt ggg gga aag agg ata cat ccc	701
	Ala Leu Val Pro Ser Phe Met Gly Gly Gly Gly Lys Arg Ile His Pro	
	175 180 185	
30	ctt cct tat gcg gat ccc agc tta cct gtg caa ccc agg tct atg gac	749
	Leu Pro Tyr Ala Asp Pro Ser Leu Pro Val Gln Pro Arg Ser Met Asp	
	190 195 200	
35	cca tcc aag gat ctt gct gca tat ggg tat ggt agt gtt gct tgg aag	797
	Pro Ser Lys Asp Leu Ala Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys	
	205 210 215	
40	gaa cgg atg gag aat tgg aag cag aga caa gag agg atg cac cag acg	845
	Glu Arg Met Glu Asn Trp Lys Gln Arg Gln Glu Arg Met His Gln Thr	
	220 225 230	
45	ggg aat gat ggt ggt ggt gat gat ggt gac gat gct gat cta cca cta	893
	Gly Asn Asp Gly Gly Gly Asp Asp Gly Asp Ala Asp Leu Pro Leu	
	235 240 245 250	
50	atg gat gaa gca aga caa caa ctg tcc agg aaa att cca ctt cca tca	941
	Met Asp Glu Ala Arg Gln Gln Leu Ser Arg Lys Ile Pro Leu Pro Ser	
	255 260 265	
55	agc cag att aat cca tat agg atg att atc att att cgg ctt gtg gtt	989
	Ser Gln Ile Asn Pro Tyr Arg Met Ile Ile Ile Ile Arg Leu Val Val	
	270 275 280	
60	ttg ggg ttc ttc ttc cac tac cga gtg atg cat ccg gtg aat gat gca	1037
	Leu Gly Phe Phe Phe His Tyr Arg Val Met His Pro Val Asn Asp Ala	
	285 290 295	
65	ttt gct ttg tgg ctc ata tct gtt atc tgt gaa atc tgg ttt gcc atg	1085
	Phe Ala Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Met	
	300 305 310	
70	tct tgg att ctt gat caa ttc cca aag tgg ttc cct att gag aga gag	1133
	Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Glu Arg Glu	

ES 2 296 405 T3

	315		320		325		330	
5	act tac cta gac cgg ctg tca ctg agg ttc gac aag gaa ggc cag cca							1181
	Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu Arg Phe Asp Lys Glu Gly Gln Pro							
		335			340		345	
10	tct caa ctt gct cca att gat ttc ttt gtc agt acg gtt gat ccc tta							1229
	Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu							
		350			355		360	
15	aag gaa cct cct ttg gtc aca aca aat act gtt cta tct atc ctt tcg							1277
	Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ser							
		365			370		375	
20	gtg gat tat cct gtt gat aag gtt tct tgc tat gtt tct gat gat ggt							1325
	Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly							
		380			385		390	
25	gct gca atg cta acg ttt gaa gca tta tct gaa aca tct gaa ttt gca							1373
	Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala							
		395			400		405	410
30	aag aaa tgg gtt cct ttc tgc aaa cgg tac aat att gaa cct cgc gct							1421
	Lys Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Arg Tyr Asn Ile Glu Pro Arg Ala							
		415			420		425	
35	cca gag tgg tac ttc caa cag aag ata gac tac ttg aaa gac aag gtg							1469
	Pro Glu Trp Tyr Phe Gln Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val							
		430			435		440	
40	gca gca aac ttt gtt agg gag agg aga gca atg aag aga gag tat gag							1517
	Ala Ala Asn Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu							
		445			450		455	
45	gaa ttc aag gtg aga atc aat gcc tta gtt gcc aaa gcc cag aaa gtt							1565
	Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val							
		460			465		470	
50	cct gaa gaa gga tgg aca atg caa gat gga acc ccc tgg cct gga aac							1613
	Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn							
		475			480		485	490
55	aat gtt cgt gat cat cct gga atg att cag gtc ttc ctt ggc caa agc							1661
	Asn Val Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Ser							
		495			500		505	
60	gga ggc ctt gac tgt gag gga aat gaa ctg cca cga ttg gtt tat gtt							1709
	Gly Gly Leu Asp Cys Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val							
		510			515		520	
65	tct aga gag aaa cga cca ggc tat aac cat cat aag aaa gct ggt gct							1757
	Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala Gly Ala							
		525			530		535	
70	atg aat gca ttg gtc cga gtc tct gct gta cta aca aat gct cca tat							1805
	Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Tyr							
		540			545		550	

ES 2 296 405 T3

	ttg tta aac ttg gat tgt gat cac tac atc aac aac agc aag gct ata	1853
	Leu Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile	
	555 560 565 570	
5	aag gaa gca atg tgt ttt atg atg gac cct tta cta gga aag aag gtt	1901
	Lys Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Leu Leu Gly Lys Lys Val	
	575 580 585	
10	tgc tat gta cag ttc cct caa aga ttt gat ggg att gat cgc cat gac	1949
	Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp	
	590 595 600	
15	cga tat gct aac cgg aat gtt gtc ttt ttt gat atc aac atg aaa ggt	1997
	Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly	
	605 610 615	
20	ttg gat ggt att cag ggt cca att tat gtt ggt act gga tgt gta ttt	2045
	Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe	
	620 625 630	
25	aga agg cag gca tta tat ggt tat gat gcc ccc aaa aca aag aag cca	2093
	Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Thr Lys Lys Pro	
	635 640 645 650	
30	cca tca agg act tgc aac tgc tgg ccc aag tgg tgc ttt tgc tgt tgc	2141
	Pro Ser Arg Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Phe Cys Cys Cys	
	655 660 665	
35	tgc ttt ggc aat agg aag caa aag aag act acc aaa ccc aaa aca gag	2189
	Cys Phe Gly Asn Arg Lys Gln Lys Lys Thr Thr Lys Pro Lys Thr Glu	
	670 675 680	
40	aag aaa aag tta tta ttt ttc aag aaa gaa gag aac caa tcc cct gca	2237
	Lys Lys Lys Leu Leu Phe Phe Lys Lys Glu Glu Asn Gln Ser Pro Ala	
	685 690 695	
45	tat gct ctt ggt gaa att gac gaa gct gct cca gga gct gag aat gaa	2285
	Tyr Ala Leu Gly Glu Ile Asp Glu Ala Ala Pro Gly Ala Glu Asn Glu	
	700 705 710	
50	aag gcc ggt att gta aat caa caa aaa tta gaa aag aaa ttt ggc caa	2333
	Lys Ala Gly Ile Val Asn Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe Gly Gln	
	715 720 725 730	
55	tct tct gtt ttt gtt aca tcc aca ctt ctc gag aat ggt gga acc ttg	2381
	Ser Ser Val Phe Val Thr Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly Thr Leu	
	735 740 745	
60	aag agt gca agt cct gct tct ctt ttg aaa gaa gct ata cat gtc att	2429
	Lys Ser Ala Ser Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile	
	750 755 760	
65	agt tgt ggt tat gaa gac aag aca gac tgg gga aaa gag att ggc tgg	2477
	Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Asp Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp	
	765 770 775	
	atc tat gga tca gtt aca gaa gat att cta act ggt ttc aag atg cat	2525
	Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His	

ES 2 296 405 T3

	780	785	790	
5	tgt cat ggt tgg cgg tca att tac tgc ata cct aaa cgg gtt gca ttc Cys His Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Ile Pro Lys Arg Val Ala Phe 795 800 805 810	2573		
10	aaa ggt tct gca cct ctg aat ctt tca gat cgt ctt cac cag gtg ctt Lys Gly Ser Ala Pro Leu Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu 815 820 825	2621		
15	cgg tgg gct ctt ggg tct att gag atc ttc ttc agc aat cat tgc cct Arg Trp Ala Leu Gly Ser Ile Glu Ile Phe Phe Ser Asn His Cys Pro 830 835 840	2669		
20	ctt tgg tat ggg tat ggt ggc ggt ctg aaa ttt ttg gaa aga ttt tcc Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe Ser 845 850 855	2717		
25	tac atc aac tcc atc gtg tat cct tgg aca tct att ccc ctc ttg gct Tyr Ile Asn Ser Ile Val Tyr Pro Trp Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ala 860 865 870	2765		
30	tac tgt aca ttg cct gcc atc tgt tta ttg aca ggg aaa ttt atc act Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Thr 875 880 885 890	2813		
35	cca gag ctg aat aat gtt gcc agc ctg tgg ttc atg tca ctt ttt atc Pro Glu Leu Asn Asn Val Ala Ser Leu Trp Phe Met Ser Leu Phe Ile 895 900 905	2861		
40	tgc att ttt gct acg agc atc cta gaa atg aga tgg agt ggt gtt gga Cys Ile Phe Ala Thr Ser Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly 910 915 920	2909		
45	att gat gac tgg tgg agg aat gag cag ttc tgg gtc att gga ggt gtg Ile Asp Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val 925 930 935	2957		
50	tcc tca cac ctc ttt gct gtg ttc cag gga ctt ctc aag gtc ata gct Ser Ser His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Ile Ala 940 945 950	3005		
55	ggt gtt gat aca agc ttc acc gtg aca tca aag ggt gga gat gat gag Gly Val Asp Thr Ser Phe Thr Val Thr Ser Lys Gly Gly Asp Asp Glu 955 960 965 970	3053		
60	gag ttc tca gag cta tat aca ttc aaa tgg act acc tta ttg ata cct Glu Phe Ser Glu Leu Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro 975 980 985	3101		
65	cct acc acc ttg ctt cta ttg aac ttc att ggt gtg gtc gct ggc gtt Pro Thr Thr Leu Leu Leu Asn Phe Ile Gly Val Val Ala Gly Val 990 995 1000	3149		
	tca aat gcg atc aat aac gga tat gag tca tgg ggc ccc ctc ttt ggg Ser Asn Ala Ile Asn Asn Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly 1005 1010 1015	3197		

ES 2 296 405 T3

aag cta ttc ttt gca ttt tgg gtg att gtc cat ctt tat ccc ttt ctc 3245
 Lys Leu Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu
 1020 1025 1030

5 aaa ggt ttg gtt gga agg caa aac agg aca cca acg att gtc atc gtc 3293
 Lys Gly Leu Val Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val
 1035 1040 1045 1050

10 tgg tcc att ctg ctg gct tca atc ttc tgg ctc ctt tgg gtt cgg att 3341
 Trp Ser Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg Ile
 1055 1060 1065

15 gat cct ttc ctt gcg aag gat gat ggt ccg ctt ctt gag gag tgt ggt 3389
 Asp Pro Phe Leu Ala Lys Asp Asp Gly Pro Leu Leu Glu Glu Cys Gly
 1070 1075 1080

ttg gat tgc a actaggatgt cagtgcacatca gctcccccaa tctgcatatg 3439
 Leu Asp Cys
 1085

20 cttgaagtat attttctggt gtttgcctcc atattcagtg tctgtagata agagacatga 3499
 aatgtcccaa gtttcttttg atccatggtg aacactactta atatctgaga gatatactgg 3559
 gggaaaatgg aggcgcgcgc aatccttggt cagttgggccc gtggaataca gcatatgcaa 3619
 gtgtttgatt gtgcagcatt ctttattact tgggtcgcaat atagatgggc tgagccgaac 3679
 agcaagggtat tttgattctg cactgcctccc gtgtacaaac ttgggttctca ataaggcagg 3739
 25 caggaatgca tctgccagtg gaacagagca acctgcacat tatttatgta tgcctgttca 3799
 ttggagggtct tgttcattac atgttcgtct atactagaaa aaacagaata ttagcattaa 3859
 tctatagtta attaaagtat gtaaatgcgc ctgttttttg ttgtgtactg taatcatctg 3919
 agttgggtttt gtgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3969

30 <210> 18
 <211> 1086
 <212> PRT

35 <213> *Zea mays*
 <400> 18

40 Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
 1 5 10 15
 Leu Val Val Ile Arg Arg Asp Gly Asp Pro Gly Pro Lys Pro Pro Arg
 20 25 30

45 Glu Gln Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Asp Val Gly Leu
 35 40 45
 Ala Pro Gly Gly Asp Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro
 50 55 60
 Val Cys Arg Asp Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Thr Gln Asn
 65 70 75 80

50 Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Cys Gln Arg
 85 90 95
 Val Thr Gly Asp Glu Glu Glu Asp Gly Val Asp Asp Leu Asp Asn Glu
 100 105 110

55 Phe Asn Trp Asp Gly His Asp Ser Gln Ser Val Ala Glu Ser Met Leu
 115 120 125
 Tyr Gly His Met Ser Tyr Gly Arg Gly Gly Asp Pro Asn Gly Ala Pro
 130 135 140

60 Gln Ala Phe Gln Leu Asn Pro Asn Val Pro Leu Leu Thr Asn Gly Gln
 145 150 155 160
 Met Val Asp Asp Ile Pro Pro Glu Gln His Ala Leu Val Pro Ser Phe
 165 170 175

ES 2 296 405 T3

	Met	Gly	Gly	Gly	Gly	Lys	Arg	Ile	His	Pro	Leu	Pro	Tyr	Ala	Asp	Pro
				180					185						190	
	Ser	Leu	Pro	Val	Gln	Pro	Arg	Ser	Met	Asp	Pro	Ser	Lys	Asp	Leu	Ala
			195					200					205			
5	Ala	Tyr	Gly	Tyr	Gly	Ser	Val	Ala	Trp	Lys	Glu	Arg	Met	Glu	Asn	Trp
			210				215					220				
	Lys	Gln	Arg	Gln	Glu	Arg	Met	His	Gln	Thr	Gly	Asn	Asp	Gly	Gly	Gly
						230					235				240	
	Asp	Asp	Gly	Asp	Asp	Ala	Asp	Leu	Pro	Leu	Met	Asp	Glu	Ala	Arg	Gln
10						245				250					255	
	Gln	Leu	Ser	Arg	Lys	Ile	Pro	Leu	Pro	Ser	Ser	Gln	Ile	Asn	Pro	Tyr
				260					265					270		
	Arg	Met	Ile	Ile	Ile	Ile	Arg	Leu	Val	Val	Leu	Gly	Phe	Phe	Phe	His
				275				280					285			
15	Tyr	Arg	Val	Met	His	Pro	Val	Asn	Asp	Ala	Phe	Ala	Leu	Trp	Leu	Ile
				290			295					300				
	Ser	Val	Ile	Cys	Glu	Ile	Trp	Phe	Ala	Met	Ser	Trp	Ile	Leu	Asp	Gln
						310					315				320	
	Phe	Pro	Lys	Trp	Phe	Pro	Ile	Glu	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg	Leu
					325					330					335	
20	Ser	Leu	Arg	Phe	Asp	Lys	Glu	Gly	Gln	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Pro	Ile
				340					345					350		
	Asp	Phe	Phe	Val	Ser	Thr	Val	Asp	Pro	Leu	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu	Val
				355				360					365			
	Thr	Thr	Asn	Thr	Val	Leu	Ser	Ile	Leu	Ser	Val	Asp	Tyr	Pro	Val	Asp
25				370			375				380					
	Lys	Val	Ser	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	Ala	Ala	Met	Leu	Thr	Phe
					390					395					400	
	Glu	Ala	Leu	Ser	Glu	Thr	Ser	Glu	Phe	Ala	Lys	Lys	Trp	Val	Pro	Phe
				405					410					415		
30	Cys	Lys	Arg	Tyr	Asn	Ile	Glu	Pro	Arg	Ala	Pro	Glu	Trp	Tyr	Phe	Gln
				420					425					430		
	Gln	Lys	Ile	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Val	Ala	Ala	Asn	Phe	Val	Arg
			435					440					445			
	Glu	Arg	Arg	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	Glu	Phe	Lys	Val	Arg	Ile
				450			455					460				
35	Asn	Ala	Leu	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Val	Pro	Glu	Glu	Gly	Trp	Thr
				465			470				475				480	
	Met	Gln	Asp	Gly	Thr	Pro	Trp	Pro	Gly	Asn	Asn	Val	Arg	Asp	His	Pro
				485					490					495		
	Gly	Met	Ile	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	Gln	Ser	Gly	Gly	Leu	Asp	Cys	Glu
				500				505					510			
40	Gly	Asn	Glu	Leu	Pro	Arg	Leu	Val	Tyr	Val	Ser	Arg	Glu	Lys	Arg	Pro
				515				520					525			
	Gly	Tyr	Asn	His	His	Lys	Lys	Ala	Gly	Ala	Met	Asn	Ala	Leu	Val	Arg
				530			535					540				
	Val	Ser	Ala	Val	Leu	Thr	Asn	Ala	Pro	Tyr	Leu	Leu	Asn	Leu	Asp	Cys
45						550					555				560	
	Asp	His	Tyr	Ile	Asn	Asn	Ser	Lys	Ala	Ile	Lys	Glu	Ala	Met	Cys	Phe
				565					570					575		
	Met	Met	Asp	Pro	Leu	Leu	Gly	Lys	Lys	Val	Cys	Tyr	Val	Gln	Phe	Pro
				580				585						590		
50	Gln	Arg	Phe	Asp	Gly	Ile	Asp	Arg	His	Asp	Arg	Tyr	Ala	Asn	Arg	Asn
			595				600						605			
	Val	Val	Phe	Phe	Asp	Ile	Asn	Met	Lys	Gly	Leu	Asp	Gly	Ile	Gln	Gly
			610				615					620				
	Pro	Ile	Tyr	Val	Gly	Thr	Gly	Cys	Val	Phe	Arg	Arg	Gln	Ala	Leu	Tyr
55						630					635					640

ES 2 296 405 T3

Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Thr Lys Lys Pro Pro Ser Arg Thr Cys Asn
 645 650 655
 Cys Trp Pro Lys Trp Cys Phe Cys Cys Cys Phe Gly Asn Arg Lys
 660 665 670
 5 Gln Lys Lys Thr Thr Lys Pro Lys Thr Glu Lys Lys Lys Leu Leu Phe
 675 680 685
 Phe Lys Lys Glu Glu Asn Gln Ser Pro Ala Tyr Ala Leu Gly Glu Ile
 690 695 700
 10 Asp Glu Ala Ala Pro Gly Ala Glu Asn Glu Lys Ala Gly Ile Val Asn
 705 710 715 720
 Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ser Val Phe Val Thr
 725 730 735
 Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly Thr Leu Lys Ser Ala Ser Pro Ala
 740 745 750
 15 Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp
 755 760 765
 Lys Thr Asp Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr
 770 775 780
 20 Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys His Gly Trp Arg Ser
 785 790 795 800
 Ile Tyr Cys Ile Pro Lys Arg Val Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Leu
 805 810 815
 Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser
 820 825 830
 25 Ile Glu Ile Phe Phe Ser Asn His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly
 835 840 845
 Gly Gly Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe Ser Tyr Ile Asn Ser Ile Val
 850 855 860
 Tyr Pro Trp Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala
 865 870 875 880
 30 Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Thr Pro Glu Leu Asn Asn Val
 885 890 895
 Ala Ser Leu Trp Phe Met Ser Leu Phe Ile Cys Ile Phe Ala Thr Ser
 900 905 910
 35 Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Asp Asp Trp Trp Arg
 915 920 925
 Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ser His Leu Phe Ala
 930 935 940
 Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Ile Ala Gly Val Asp Thr Ser Phe
 945 950 955 960
 40 Thr Val Thr Ser Lys Gly Gly Asp Asp Glu Glu Phe Ser Glu Leu Tyr
 965 970 975
 Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Leu Leu
 980 985 990
 Leu Asn Phe Ile Gly Val Val Ala Gly Val Ser Asn Ala Ile Asn Asn
 995 1000 1005
 Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ala Phe
 1010 1015 1020
 Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Val Gly Arg
 1025 1030 1035 1040
 50 Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val Trp Ser Ile Leu Leu Ala
 1045 1050 1055
 Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg Ile Asp Pro Phe Leu Ala Lys
 1060 1065 1070
 Asp Asp Gly Pro Leu Leu Glu Glu Cys Gly Leu Asp Cys Asn
 1075 1080 1085

<210> 19

<211> 25

60 <212> ADN

<213> *Zea mays*

<400> 19

65 atggaggcga gcgccgggct ggtgg

25

ES 2 296 405 T3

<210> 20

<211> 25

<212> ADN

5 <213> *Zea mays*

<400> 20

10 ctagttgcaa tccaaaccac actcc

25

<210> 21

<211> 3725

15 <212> ADNA

<213> *Zea mays*

<220>

20 <221> CDS

<222> (179)...(3398)

<400> 21

25

```
gcagcagcag caccaccact gcgcggcatt gcagcgagca agcgggaggg atctggggca 60
tggtggcggt cgctgccgct gccgctcgga tctagagggc cgcacgggct gattgccctc 120
cgccggcctc gtcgggtgtcg gtggagtgtg aatcggtgtg tgtaggagga gcgcggag 178
atg gcg gcc aac aag ggg atg gtg gca ggc tct cac aac cgc aac gag 226
Met Ala Ala Asn Lys Gly Met Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1 5 10 15

ttc gtc atg atc cgc cac gac ggc gac gcg cct gtc ccg gct aag ccc 274
Phe Val Met Ile Arg His Asp Gly Asp Ala Pro Val Pro Ala Lys Pro
20 25 30

acg aag agt gcg aat ggg cag gtc tgc cag att tgt ggc gac act gtt 322
Thr Lys Ser Ala Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Thr Val
35 40 45

ggc gtt tca gcc act ggt gat gtc ttt gtt gcc tgc aat gag tgt gcc 370
Gly Val Ser Ala Thr Gly Asp Val Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala
50 55 60

ttc cct gtc tgc cgc cct tgc tat gag tac gag cgc aag gaa ggg aac 418
Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Glu Gly Asn
65 70 75 80

caa tgc tgc cct cag tgc aag act aga tac aag aga cag aaa ggt agc 466
Gln Cys Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Gln Lys Gly Ser
85 90 95

cct cga gtt cat ggt gat gat gag gag gaa gat gtt gat gac ctg gac 514
Pro Arg Val His Gly Asp Asp Glu Glu Glu Asp Val Asp Asp Leu Asp
100 105 110
```

60

65

ES 2 296 405 T3

	aat gaa ttc aac tat aag caa ggc aat ggg aag ggc cca gag tgg cag	562
	Asn Glu Phe Asn Tyr Lys Gln Gly Asn Gly Lys Gly Pro Glu Trp Gln	
	115 120 125	
5	ctt caa gga gat gac gct gat ctg tct tca tct gct cgc cat gac cca	610
	Leu Gln Gly Asp Asp Ala Asp Leu Ser Ser Ser Ala Arg His Asp Pro	
	130 135 140	
10	cac cat cgg att cca cgc ctt aca agt gga caa cag ata tct gga gag	658
	His His Arg Ile Pro Arg Leu Thr Ser Gly Gln Gln Ile Ser Gly Glu	
	145 150 155 160	
15	atc cct gat gca tcc cct gac cgt cat tct atc cgc agt cca aca tcg	706
	Ile Pro Asp Ala Ser Pro Asp Arg His Ser Ile Arg Ser Pro Thr Ser	
	165 170 175	
20	agc tat gtt gat cca agc gtt cca gtt cct gtg agg att gtg gac ccc	754
	Ser Tyr Val Asp Pro Ser Val Pro Val Pro Val Arg Ile Val Asp Pro	
	180 185 190	
25	tcg aag gac ttg aat tcc tat ggg ctt aat agt gtt gac tgg aag gaa	802
	Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly Leu Asn Ser Val Asp Trp Lys Glu	
	195 200 205	
30	aga gtt gag agc tgg agg gtt aaa cag gac aaa aat atg ttg caa gtg	850
	Arg Val Glu Ser Trp Arg Val Lys Gln Asp Lys Asn Met Leu Gln Val	
	210 215 220	
35	act aat aaa tat cca gag gct aga gga gac atg gag ggg act ggc tca	898
	Thr Asn Lys Tyr Pro Glu Ala Arg Gly Asp Met Glu Gly Thr Gly Ser	
	225 230 235 240	
40	aat gga gaa gat atg caa atg gtt gat gat gca cgc cta cct ttg agc	946
	Asn Gly Glu Asp Met Gln Met Val Asp Asp Ala Arg Leu Pro Leu Ser	
	245 250 255	
45	cgc att gtg cca att tcc tca aac cag ctc aac ctt tac cgg ata gta	994
	Arg Ile Val Pro Ile Ser Ser Asn Gln Leu Asn Leu Tyr Arg Ile Val	
	260 265 270	
50	atc att ctc cgt ctt atc atc ctg tgc ttc ttc ttc caa tat cgt atc	1042
	Ile Ile Leu Arg Leu Ile Ile Leu Cys Phe Phe Phe Gln Tyr Arg Ile	
	275 280 285	
55	agt cat cca gtg cgt aat gct tat gga ttg tgg cta gta tct gtt atc	1090
	Ser His Pro Val Arg Asn Ala Tyr Gly Leu Trp Leu Val Ser Val Ile	
	290 295 300	
60	tgt gag gtc tgg ttt gcc ttg tcc tgg ctt cta gat cag ttc cca aaa	1138
	Cys Glu Val Trp Phe Ala Leu Ser Trp Leu Leu Asp Gln Phe Pro Lys	
	305 310 315 320	
65	tgg tat cca atc aac cgt gag aca tat ctc gac agg ctt gca ttg agg	1186
	Trp Tyr Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala Leu Arg	
	325 330 335	
70	tat gat aga gag gga gag cca tca cag ctg gct ccc att gat gtc ttt	1234
	Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp Val Phe	

ES 2 296 405 T3

	340	345	350	
5	gtc agt aca gtg gat cca ttg aag gaa cct cca ctg atc aca gcc aac Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr Ala Asn 355 360 365	1282		
10	act gtt ttg tcc att ctt gct gtg gat tac cct gtt gac aaa gtg tca Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser 370 375 380	1330		
15	tgc tat gtt tct gat gat ggc tca gct atg ctg act ttt gag tct ctc Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ser Ala Met Leu Thr Phe Glu Ser Leu 385 390 395 400	1378		
20	tct gaa act gcc gaa ttt gct aga aag tgg gtt ccc ttt tgt aag aag Ser Glu Thr Ala Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys 405 410 415	1426		
25	cac aat att gaa cca aga gct cca gaa ttt tac ttt gct caa aaa ata His Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Ala Gln Lys Ile 420 425 430	1474		
30	gat tac ctg aag gac aaa att caa cct tca ttt gtt aag gaa aga cga Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Ile Gln Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg Arg 435 440 445	1522		
35	gca atg aag aga gag tat gaa gaa ttc aaa ata aga atc aat gcc ctt Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Ile Arg Ile Asn Ala Leu 450 455 460	1570		
40	gtt gcc aaa gca cag aaa gtg cct gaa gag ggg tgg acc atg gct gat Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Ala Asp 465 470 475 480	1618		
45	gga act gct tgg cct ggg aat aac cct agg gac cat cct ggc atg att Gly Thr Ala Trp Pro Gly Asn Asn Pro Arg Asp His Pro Gly Met Ile 485 490 495	1666		
50	cag gtg ttc ttg ggg cac agt ggt ggg ctt gac act gat gga aat gaa Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Thr Asp Gly Asn Glu 500 505 510	1714		
55	tta cca cgt ctt gtc tat gtc tct cgt gaa aag aga cca ggc ttt cag Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln 515 520 525	1762		
60	cat cac aag aag gct ggt gca atg aat gca ctg att cgt gta tct gct His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Ile Arg Val Ser Ala 530 535 540	1810		
65	gtg ctg aca aat ggt gcc tat ctt ctc aat gtg gat tgt gac cat tac Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp His Tyr 545 550 555 560	1858		
	ttc aat agc agc aaa gct ctt aga gaa gca atg tgc ttc atg atg gat Phe Asn Ser Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp 565 570 575	1906		

ES 2 296 405 T3

	cca gct cta gga agg aaa act tgt tat gta caa ttt cca caa aga ttt	1954
	Pro Ala Leu Gly Arg Lys Thr Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe	
	580 585 590	
5	gat ggc att gac ttg cac gat cga tat gct aat agg aac ata gtc ttc	2002
	Asp Gly Ile Asp Leu His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Ile Val Phe	
	595 600 605	
10	ttt gat atc aac atg aaa ggt cta gat ggc att cag ggt cca gtc tat	2050
	Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr	
	610 615 620	
15	gtg gga aca gga tgc tgt ttc aat agg cag gct ttg tat gga tat gat	2098
	Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp	
	625 630 635 640	
20	cct gtt ttg act gaa gct gat ctg gaa cct aac att gtt gtt aag agc	2146
	Pro Val Leu Thr Glu Ala Asp Leu Glu Pro Asn Ile Val Val Lys Ser	
	645 650 655	
25	tgc tgt ggt aga agg aag aga aag aac aag agt tat atg gat agt caa	2194
	Cys Cys Gly Arg Arg Lys Arg Lys Asn Lys Ser Tyr Met Asp Ser Gln	
	660 665 670	
30	agc cgt att atg aag aga aca gaa tct tca gct ccc atc ttt aac atg	2242
	Ser Arg Ile Met Lys Arg Thr Glu Ser Ser Ala Pro Ile Phe Asn Met	
	675 680 685	
35	gaa gac atc gag gag ggt att gaa ggt tat gag gat gaa agg tca gtg	2290
	Glu Asp Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Tyr Glu Asp Glu Arg Ser Val	
	690 695 700	
40	ctt atg tcc cag agg aaa ttg gag aaa cgc ttt ggt cag tct cca atc	2338
	Leu Met Ser Gln Arg Lys Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Pro Ile	
	705 710 715 720	
45	ttc att gca tcc acc ttt atg act caa ggt ggc ata cca cct tca aca	2386
	Phe Ile Ala Ser Thr Phe Met Thr Gln Gly Gly Ile Pro Pro Ser Thr	
	725 730 735	
50	aac cca gct tct cta ctg aag gaa gct atc cat gtt atc agc tgt ggg	2434
	Asn Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly	
	740 745 750	
55	tac gag gac aaa act gaa tgg gga aaa gag att ggc tgg atc tat ggt	2482
	Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly	
	755 760 765	
60	tca gtt aca gag gat att ctg act ggg ttt aaa atg cat gca aga ggc	2530
	Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly	
	770 775 780	
65	tgg caa tca atc tac tgc atg cca cca cga cct tgt ttc aag ggt tct	2578
	Trp Gln Ser Ile Tyr Cys Met Pro Pro Arg Pro Cys Phe Lys Gly Ser	
	785 790 795 800	
70	gca cca atc aat ctt tct gat cgt ctt aat cag gtg ctc cgt tgg gct	2626
	Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala	

ES 2 296 405 T3

	805	810	815	
5	ctt ggg tca gtg gaa att ctg ctt agc aga cat tgt cct ata tgg tat Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Leu Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr 820 825 830	2674		
10	ggc tac aat ggg cga ttg aag ctt ttg gag agg ctg gct tac att aac Gly Tyr Asn Gly Arg Leu Lys Leu Leu Glu Arg Leu Ala Tyr Ile Asn 835 840 845	2722		
15	acc att gtt tat cca atc aca tct gtt ccg ctt atc gcc tat tgt gtg Thr Ile Val Tyr Pro Ile Thr Ser Val Pro Leu Ile Ala Tyr Cys Val 850 855 860	2770		
20	ctt cct gct atc tgt ctt ctt acc aat aaa ttt atc att cct gag att Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Asn Lys Phe Ile Ile Pro Glu Ile 865 870 875 880	2818		
25	agt aat tat gct gga atg ttc ttc att ctt ctt ttt gcc tcc att ttc Ser Asn Tyr Ala Gly Met Phe Phe Ile Leu Leu Phe Ala Ser Ile Phe 885 890 895	2866		
30	gca act ggt ata ttg gag ctc aga tgg agt ggt gtt ggc att gaa gat Ala Thr Gly Ile Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Glu Asp 900 905 910	2914		
35	tgg tgg aga aat gag cag ttt tgg gtt att ggt ggc acc tct gcc cat Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Thr Ser Ala His 915 920 925	2962		
40	ctc ttc gcg gtg ttc cag ggt ctg ctg aaa gtg ttg gct ggg att gat Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp 930 935 940	3010		
45	acc aac ttc aca gtt acc tca aag gca tct gat gag gat ggc gac ttt Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp Phe 945 950 955 960	3058		
50	gct gag cta tat gtg ttc aag tgg acc agt ttg ctc atc cct ccg acc Ala Glu Leu Tyr Val Phe Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro Pro Thr 965 970 975	3106		
55	act gtt ctt gtc att aac ctg gtc gga atg gtg gca gga att tcg tat Thr Val Leu Val Ile Asn Leu Val Gly Met Val Ala Gly Ile Ser Tyr 980 985 990	3154		
60	gcc att aac agc ggc tac caa tcc tgg ggt ccg ctc ttt gga aag ctg Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu 995 1000 1005	3202		
65	ttc ttc tcg atc tgg gtg atc ctc cat ctc tac ccc ttc ctc aag ggt Phe Phe Ser Ile Trp Val Ile Leu His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly 1010 1015 1020	3250		
70	ctc atg ggc agg cag aac cgc acg cca aca atc gtc atc gtt tgg tcc Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val Trp Ser 1025 1030 1035 1040	3298		

ES 2 296 405 T3

atc ctc ctt gcg tct atc ttc tcc ttg ctg tgg gtg aag atc gat cct 3346
 Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Lys Ile Asp Pro
 1045 1050 1055
 5 ttc atc tcc ccg aca cag aaa gct gcc gcc ttg ggg caa tgt ggt gtg 3394
 Phe Ile Ser Pro Thr Gln Lys Ala Ala Ala Leu Gly Gln Cys Gly Val
 1060 1065 1070
 10 aac t gctgatccag attgtgactc ttatctgaag aggctcagcc aaagatctgc 3448
 Asn
 15 cccctcgtgt aaatacctga gggggctaga tgggaatddd ttgtttaga tgaggatgga 3508
 tctgcatcca agttatgcct ctgtttatta gcttcttcgg tgccggtgct gctgcagaca 3568
 atcatggagc ctttctacct tgctttagt gctggccagc agcgtaaatt gtgaattctg 3628
 cattttttta tacgtggtgt ttattgtttt agagtaaatt atcatttgtt tgaggtaact 3688
 attcacacga actatatggc aatgctgtta tttaaaa 3725
 20 <210> 22
 <211> 1074
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*
 25 <400> 22
 30 Met Ala Ala Asn Lys Gly Met Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
 1 5 10 15
 Phe Val Met Ile Arg His Asp Gly Asp Ala Pro Val Pro Ala Lys Pro
 20 25 30
 Thr Lys Ser Ala Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Thr Val
 35 40 45
 Gly Val Ser Ala Thr Gly Asp Val Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala
 50 55 60
 Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Glu Gly Asn
 65 70 75 80
 Gln Cys Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Gln Lys Gly Ser
 85 90 95
 40 Pro Arg Val His Gly Asp Asp Glu Glu Glu Asp Val Asp Asp Leu Asp
 100 105 110
 Asn Glu Phe Asn Tyr Lys Gln Gly Asn Gly Lys Gly Pro Glu Trp Gln
 115 120 125
 Leu Gln Gly Asp Asp Ala Asp Leu Ser Ser Ser Ala Arg His Asp Pro
 130 135 140
 45 His His Arg Ile Pro Arg Leu Thr Ser Gly Gln Gln Ile Ser Gly Glu
 145 150 155 160
 Ile Pro Asp Ala Ser Pro Asp Arg His Ser Ile Arg Ser Pro Thr Ser
 165 170 175
 50 Ser Tyr Val Asp Pro Ser Val Pro Val Pro Val Arg Ile Val Asp Pro
 180 185 190
 Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly Leu Asn Ser Val Asp Trp Lys Glu
 195 200 205
 Arg Val Glu Ser Trp Arg Val Lys Gln Asp Lys Asn Met Leu Gln Val
 210 215 220
 55 Thr Asn Lys Tyr Pro Glu Ala Arg Gly Asp Met Glu Gly Thr Gly Ser
 225 230 235 240
 Asn Gly Glu Asp Met Gln Met Val Asp Asp Ala Arg Leu Pro Leu Ser
 245 250 255
 60 Arg Ile Val Pro Ile Ser Ser Asn Gln Leu Asn Leu Tyr Arg Ile Val
 260 265 270

ES 2 296 405 T3

	Ile	Ile	Leu	Arg	Leu	Ile	Ile	Leu	Cys	Phe	Phe	Phe	Gln	Tyr	Arg	Ile
			275					280					285			
	Ser	His	Pro	Val	Arg	Asn	Ala	Tyr	Gly	Leu	Trp	Leu	Val	Ser	Val	Ile
			290				295					300				
5	Cys	Glu	Val	Trp	Phe	Ala	Leu	Ser	Trp	Leu	Leu	Asp	Gln	Phe	Pro	Lys
	305				310						315					320
	Trp	Tyr	Pro	Ile	Asn	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg	Leu	Ala	Leu	Arg
				325						330					335	
	Tyr	Asp	Arg	Glu	Gly	Glu	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Pro	Ile	Asp	Val	Phe
				340					345						350	
10	Val	Ser	Thr	Val	Asp	Pro	Leu	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu	Ile	Thr	Ala	Asn
			355					360					365			
	Thr	Val	Leu	Ser	Ile	Leu	Ala	Val	Asp	Tyr	Pro	Val	Asp	Lys	Val	Ser
			370				375					380				
	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	Ser	Ala	Met	Leu	Thr	Phe	Glu	Ser	Leu
15						390					395					400
	Ser	Glu	Thr	Ala	Glu	Phe	Ala	Arg	Lys	Trp	Val	Pro	Phe	Cys	Lys	Lys
				405						410					415	
	His	Asn	Ile	Glu	Pro	Arg	Ala	Pro	Glu	Phe	Tyr	Phe	Ala	Gln	Lys	Ile
				420					425					430		
20	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Ile	Gln	Pro	Ser	Phe	Val	Lys	Glu	Arg	Arg
			435					440					445			
	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	Glu	Phe	Lys	Ile	Arg	Ile	Asn	Ala	Leu
			450				455					460				
	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Val	Pro	Glu	Glu	Gly	Trp	Thr	Met	Ala	Asp
25					470						475					480
	Gly	Thr	Ala	Trp	Pro	Gly	Asn	Asn	Pro	Arg	Asp	His	Pro	Gly	Met	Ile
				485					490					495		
	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	His	Ser	Gly	Gly	Leu	Asp	Thr	Asp	Gly	Asn	Glu
			500					505					510			
30	Leu	Pro	Arg	Leu	Val	Tyr	Val	Ser	Arg	Glu	Lys	Arg	Pro	Gly	Phe	Gln
			515					520					525			
	His	His	Lys	Lys	Ala	Gly	Ala	Met	Asn	Ala	Leu	Ile	Arg	Val	Ser	Ala
			530				535					540				
	Val	Leu	Thr	Asn	Gly	Ala	Tyr	Leu	Leu	Asn	Val	Asp	Cys	Asp	His	Tyr
				545		550				555						560
35	Phe	Asn	Ser	Ser	Lys	Ala	Leu	Arg	Glu	Ala	Met	Cys	Phe	Met	Met	Asp
				565					570						575	
	Pro	Ala	Leu	Gly	Arg	Lys	Thr	Cys	Tyr	Val	Gln	Phe	Pro	Gln	Arg	Phe
			580					585					590			
	Asp	Gly	Ile	Asp	Leu	His	Asp	Arg	Tyr	Ala	Asn	Arg	Asn	Ile	Val	Phe
			595				600					605				
40	Phe	Asp	Ile	Asn	Met	Lys	Gly	Leu	Asp	Gly	Ile	Gln	Gly	Pro	Val	Tyr
			610				615					620				
	Val	Gly	Thr	Gly	Cys	Cys	Phe	Asn	Arg	Gln	Ala	Leu	Tyr	Gly	Tyr	Asp
			625			630				635					640	
	Pro	Val	Leu	Thr	Glu	Ala	Asp	Leu	Glu	Pro	Asn	Ile	Val	Val	Lys	Ser
45				645					650						655	
	Cys	Cys	Gly	Arg	Arg	Lys	Arg	Lys	Asn	Lys	Ser	Tyr	Met	Asp	Ser	Gln
			660					665					670			
	Ser	Arg	Ile	Met	Lys	Arg	Thr	Glu	Ser	Ser	Ala	Pro	Ile	Phe	Asn	Met
			675				680					685				
	Glu	Asp	Ile	Glu	Glu	Gly	Ile	Glu	Gly	Tyr	Glu	Asp	Glu	Arg	Ser	Val
50			690			695					700					
	Leu	Met	Ser	Gln	Arg	Lys	Leu	Glu	Lys	Arg	Phe	Gly	Gln	Ser	Pro	Ile
			705			710				715					720	
	Phe	Ile	Ala	Ser	Thr	Phe	Met	Thr	Gln	Gly	Ile	Pro	Pro	Ser	Thr	
55				725					730					735		

ES 2 296 405 T3

		Asn	Pro	Ala	Ser	Leu	Leu	Lys	Glu	Ala	Ile	His	Val	Ile	Ser	Cys	Gly
					740					745					750		
		Tyr	Glu	Asp	Lys	Thr	Glu	Trp	Gly	Lys	Glu	Ile	Gly	Trp	Ile	Tyr	Gly
			755						760					765			
5		Ser	Val	Thr	Glu	Asp	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	Lys	Met	His	Ala	Arg	Gly
			770					775					780				
		Trp	Gln	Ser	Ile	Tyr	Cys	Met	Pro	Pro	Arg	Pro	Cys	Phe	Lys	Gly	Ser
			785				790					795					800
10		Ala	Pro	Ile	Asn	Leu	Ser	Asp	Arg	Leu	Asn	Gln	Val	Leu	Arg	Trp	Ala
					805						810					815	
		Leu	Gly	Ser	Val	Glu	Ile	Leu	Leu	Ser	Arg	His	Cys	Pro	Ile	Trp	Tyr
					820					825					830		
		Gly	Tyr	Asn	Gly	Arg	Leu	Lys	Leu	Leu	Glu	Arg	Leu	Ala	Tyr	Ile	Asn
				835					840					845			
15		Thr	Ile	Val	Tyr	Pro	Ile	Thr	Ser	Val	Pro	Leu	Ile	Ala	Tyr	Cys	Val
			850					855					860				
		Leu	Pro	Ala	Ile	Cys	Leu	Leu	Thr	Asn	Lys	Phe	Ile	Ile	Pro	Glu	Ile
			865				870					875					880
		Ser	Asn	Tyr	Ala	Gly	Met	Phe	Phe	Ile	Leu	Leu	Phe	Ala	Ser	Ile	Phe
					885						890					895	
20		Ala	Thr	Gly	Ile	Leu	Glu	Leu	Arg	Trp	Ser	Gly	Val	Gly	Ile	Glu	Asp
					900					905					910		
		Trp	Trp	Arg	Asn	Glu	Gln	Phe	Trp	Val	Ile	Gly	Gly	Thr	Ser	Ala	His
				915					920					925			
25		Leu	Phe	Ala	Val	Phe	Gln	Gly	Leu	Leu	Lys	Val	Leu	Ala	Gly	Ile	Asp
			930					935				940					
		Thr	Asn	Phe	Thr	Val	Thr	Ser	Lys	Ala	Ser	Asp	Glu	Asp	Gly	Asp	Phe
			945				950					955					960
		Ala	Glu	Leu	Tyr	Val	Phe	Lys	Trp	Thr	Ser	Leu	Leu	Ile	Pro	Pro	Thr
					965						970				975		
30		Thr	Val	Leu	Val	Ile	Asn	Leu	Val	Gly	Met	Val	Ala	Gly	Ile	Ser	Tyr
					980					985					990		
		Ala	Ile	Asn	Ser	Gly	Tyr	Gln	Ser	Trp	Gly	Pro	Leu	Phe	Gly	Lys	Leu
				995					1000					1005			
		Phe	Phe	Ser	Ile	Trp	Val	Ile	Leu	His	Leu	Tyr	Pro	Phe	Leu	Lys	Gly
			1010					1015				1020					
35		Leu	Met	Gly	Arg	Gln	Asn	Arg	Thr	Pro	Thr	Ile	Val	Ile	Val	Trp	Ser
						1030						1035					1040
		Ile	Leu	Leu	Ala	Ser	Ile	Phe	Ser	Leu	Leu	Trp	Val				

45 <210> 23
 <211> 25
 <212> ADN
 <213> *Zea mays*

50 <400> 23

atggcggcca acaaggggat ggtgg

25

55 <210> 24
<211> 25
<212> DNA
<213> *Zea mays*

60
 $\langle 400 \rangle$ 24

tcagcagttc acaccacatt gcccc

25

<210> 25
<211> 3813

ES 2 296 405 T3

<212> DNA

<213> *Zea mays*

5 <220>

<221> CDS

<222> (215)...(3494)

10 <400> 25

```

ccacagctca tataccaaga gccggagcag cttagcgcag cccagagcgg cgcgcgccca    60
agcacaaccc ccacccgccca cagccgcgtg cgcattgtgag cggtcgccgc gcccgggaga    120
ccagaggagg ggaggactac gtgcatttcg ctgtgccgcc gcccggggggt tcgtgcgcga    180
gcgagatccg gcggggcggg gcgggggggcc tgag atg gag gct agc gcg ggg ctg    235
                               Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu
                               1           5

gtg gcc ggc tgc cat aac cgg aac gag ctg gtg gtg atc cgc cgc gac    283
Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu Leu Val Val Ile Arg Arg Asp
      10           15           20

cgc gag tgc gga gcc gcg gcc gcc gcc gcc gcg gcg cgc cgg gcc gag gcc    331
Arg Glu Ser Gly Ala Ala Gly Gly Gly Ala Ala Arg Arg Ala Glu Ala
      25           30           35

ccg tgc cag ata tgc gcc gac gag gtc ggg gtg gcc ttc gac ggg gag    379
Pro Cys Gln Ile Cys Gly Asp Glu Val Gly Val Gly Phe Asp Gly Glu
      40           45           50           55

ccc ttc gtg gcg tgc aac gag tgc gcc ttc ccc gtc tgc cgc gcc tgc    427
Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro Val Cys Arg Ala Cys
      60           65           70

tac gag tac gag cgc cgc gag gcc tgc caa gcg tgc ccg cag tgc agg    475
Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Ser Gln Ala Cys Pro Gln Cys Arg
      75           80           85

acc cgc tac aag cgc ctc aag gcc tgc ccg cgg gtg gcc gcc gac gag    523
Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Cys Pro Arg Val Ala Gly Asp Glu
      90           95          100

gag gag gac gcc gtc gac gac ctg gag gcc gag ttc gcc ctg cag gac    571
Glu Glu Asp Gly Val Asp Asp Leu Glu Gly Glu Phe Gly Leu Gln Asp
     105          110          115

gcc gcc gcc cac gag gac gac ccg cag tac gtc gcc gag tcc atg ctc    619
Gly Ala Ala His Glu Asp Asp Pro Gln Tyr Val Ala Glu Ser Met Leu
     120          125          130          135

agg gcg cag atg agc tac gcc cgc gcc gcc gac gcg cac ccc gcc ttc    667
Arg Ala Gln Met Ser Tyr Gly Arg Gly Gly Asp Ala His Pro Gly Phe
     140          145          150

```

55

60

65

ES 2 296 405 T3

	agc ccc gtc ccc aac gtg ccg ctc ctc acc aac ggc cag atg gtt gat	715
	Ser Pro Val Pro Asn Val Pro Leu Leu Thr Asn Gly Gln Met Val Asp	
	155 160 165	
5	gac atc ccg ccg gag cag cac gcg ctc gtg ccg tcc tac atg agc ggc	763
	Asp Ile Pro Pro Glu Gln His Ala Leu Val Pro Ser Tyr Met Ser Gly	
	170 175 180	
10	ggc ggc ggc ggg ggc aag agg atc cac ccg ctc cct ttc gca gat ccc	811
	Gly Gly Gly Gly Gly Lys Arg Ile His Pro Leu Pro Phe Ala Asp Pro	
	185 190 195	
15	aac ctt cca gtg caa ccg aga tcc atg gac ccg tcc aag gat ctg gcc	859
	Asn Leu Pro Val Gln Pro Arg Ser Met Asp Pro Ser Lys Asp Leu Ala	
	200 205 210 215	
20	gcc tac gga tat ggc agc gtg gcc tgg aag gag aga atg gag ggc tgg	907
	Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys Glu Arg Met Glu Gly Trp	
	220 225 230	
25	aag cag aag cag gag cgc ctg cag cat gtc agg agc gag ggt ggc ggt	955
	Lys Gln Lys Gln Glu Arg Leu Gln His Val Arg Ser Glu Gly Gly Gly	
	235 240 245	
30	gat tgg gat ggc gac gat gca gat ctg cca cta atg gat gaa gct agg	1003
	Asp Trp Asp Gly Asp Asp Ala Asp Leu Pro Leu Met Asp Glu Ala Arg	
	250 255 260	
35	cag cca ttg tcc aga aaa gtc cct ata tca tca agc cga att aat ccc	1051
	Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile Ser Ser Ser Arg Ile Asn Pro	
	265 270 275	
40	tac agg atg att atc gtt atc cgg ttg gtg gtt ttg ggt ttc ttc ttc	1099
	Tyr Arg Met Ile Ile Val Ile Arg Leu Val Leu Gly Phe Phe Phe	
	280 285 290 295	
45	cac tac cga gtg atg cat ccg gcg aaa gat gca ttt gca ttg tgg ctc	1147
	His Tyr Arg Val Met His Pro Ala Lys Asp Ala Phe Ala Leu Trp Leu	
	300 305 310	
50	ata tct gta atc tgt gaa atc tgg ttt gcg atg tcc tgg att ctt gat	1195
	Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Met Ser Trp Ile Leu Asp	
	315 320 325	
55	cag ttc cca aag tgg ctt cca atc gag aga gag act tac ctg gac cgt	1243
	Gln Phe Pro Lys Trp Leu Pro Ile Glu Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg	
	330 335 340	
60	ttg tca cta agg ttt gac aag gaa ggt caa ccc tct cag ctt gct cca	1291
	Leu Ser Leu Arg Phe Asp Lys Glu Gly Gln Pro Ser Gln Leu Ala Pro	
	345 350 355	
65	atc gac ttc ttt gtc agt acg gtt gat ccc aca aag gaa cct ccc ttg	1339
	Ile Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Thr Lys Glu Pro Pro Leu	
	360 365 370 375	
70	gtc aca gcg aac act gtc ctt tcc atc ctt tct gtg gat tat ccg gtt	1387
	Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ser Val Asp Tyr Pro Val	

ES 2 296 405 T3

	380	385	390	
5	gag aag gtc tcc tgc tat gtt tct gat gat ggt gct gca atg ctt acg Glu Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr 395 400 405	1435		
10	ttt gaa gca ttg tct gaa aca tct gaa ttt gca aag aaa tgg gtt cct Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala Lys Lys Trp Val Pro 410 415 420	1483		
15	ttc agc aaa aag ttt aat atc gag cct cgt gct cct gag tgg tac ttc Phe Ser Lys Lys Phe Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe 425 430 435	1531		
20	caa cag aag ata gac tac ctg aaa gac aag gtt gct gct tca ttt gtt Gln Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Ala Ala Ser Phe Val 440 445 450 455	1579		
25	agg gag agg agg gcg atg aag aga gaa tac gag gaa ttc aag gta agg Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg 460 465 470	1627		
30	atc aat gcc ttg gtt gca aaa gcc caa aag gtt cct gag gaa gga tgg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp 475 480 485	1675		
35	aca atg caa gat gga agc ccc tgg cct gga aac aac gta cgc gat cat Thr Met Gln Asp Gly Ser Pro Trp Pro Gly Asn Asn Val Arg Asp His 490 495 500	1723		
40	cct gga atg att cag gta ttc ctt gcc caa agt gcc ggt cgt gat gtg Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Ser Gly Gly Arg Asp Val 505 510 515	1771		
45	gaa gga aat gag ttg cct cgc ctg gtt tat gtc tcg aga gaa aag agg Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg 520 525 530 535	1819		
50	cca ggt tat aac cat cac aag aag gct ggt gcc atg aat gca ctg gtc Pro Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val 540 545 550	1867		
55	cgt gtc tct gct gtc tta tca aat gct gca tac cta ttg aac ttg gac Arg Val Ser Ala Val Leu Ser Asn Ala Ala Tyr Leu Leu Asn Leu Asp 555 560 565	1915		
60	tgt gat cac tac atc aac aat agc aag gcc ata aaa gag gct atg tgt Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile Lys Glu Ala Met Cys 570 575 580	1963		
65	ttc atg atg gat cct ttg gtg ggg aag aaa gtg tgc tat gta cag ttc Phe Met Met Asp Pro Leu Val Gly Lys Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe 585 590 595	2011		
	cct cag agg ttt gat ggt att gac aaa aat gat cga tac gct aac agg Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Lys Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg 600 605 610 615	2059		

ES 2 296 405 T3

	aac gtt gtc ttt ttt gac atc aac atg aaa ggt ttg gac ggt att caa	2107
	Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln	
	620 625 630	
5	gga ccc att tat gtg ggt act gga tgt gtt ttc aga cgg cag gca ctg	2155
	Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu	
	635 640 645	
10	tat ggt tat gat gct cct aaa acg aag aag cca cca tca aga act tgc	2203
	Tyr Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Thr Lys Lys Pro Pro Ser Arg Thr Cys	
	650 655 660	
15	aac tgc tgg ccc aag tgg tgc ctc tct tgc tgc tgc agc agg aac aag	2251
	Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Leu Ser Cys Cys Cys Ser Arg Asn Lys	
	665 670 675	
	aat aaa aag aag act aca aaa cca aag acg gag aag aag aaa aga tta	2299
	Asn Lys Lys Lys Thr Thr Lys Pro Lys Thr Glu Lys Lys Lys Arg Leu	
	680 685 690 695	
20	ttt ttc aag aaa gca gaa aac cca tct cct gca tat gct ttg ggt gaa	2347
	Phe Phe Lys Lys Ala Glu Asn Pro Ser Pro Ala Tyr Ala Leu Gly Glu	
	700 705 710	
25	att gat gaa ggt gct cca ggt gct gat atc gag aag gcc gga atc gta	2395
	Ile Asp Glu Gly Ala Pro Gly Ala Asp Ile Glu Lys Ala Gly Ile Val	
	715 720 725	
30	aat caa cag aaa cta gag aag aaa ttt ggg cag tct tct gtt ttt gtc	2443
	Asn Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ser Val Phe Val	
	730 735 740	
	gca tca aca ctt ctt gag aac gga ggg acc ctg aag agc gca agt cca	2491
	Ala Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly Thr Leu Lys Ser Ala Ser Pro	
	745 750 755	
35	gct tct ctt ctg aag gaa gct ata cat gtt atc agc tgc ggc tac gaa	2539
	Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu	
	760 765 770 775	
40	gac aag acc gac tgg gga aaa gag att ggc tgg att tac gga tcg atc	2587
	Asp Lys Thr Asp Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Ile	
	780 785 790	
45	aca gag gat atc ttg act gga ttt aag atg cac tgc cat ggc tgg cgg	2635
	Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys His Gly Trp Arg	
	795 800 805	
	tct att tac tgc atc ccg aag cgg cct gca ttc aaa ggt tct gcg cct	2683
	Ser Ile Tyr Cys Ile Pro Lys Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro	
	810 815 820	
50	ctg aac ctt tcc gac cgt ctt cac cag gtc ctt cgc tgg gcc ctt ggg	2731
	Leu Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly	
	825 830 835	
55	tcc gtc gaa att ttc ttc agc aag cac tgc cca ctt tgg tac gga tac	2779
	Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser Lys His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr	

ES 2 296 405 T3

	840	845	850	855	
5	ggc ggc ggc cta aaa ttc ctg gaa agg ttt tct tat atc aac tcc atc Gly Gly Gly Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe Ser Tyr Ile Asn Ser Ile 860 865 870	2827			
	gtt tat ccc tgg acg tcc att cct ctc ctg gct tac tgt acc ttg cct Val Tyr Pro Trp Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ala Tyr Cys Thr Leu Pro 875 880 885	2875			
10	gcc atc tgc ctg ctc acg ggg aag ttt atc aca cca gag ctt acc aat Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Thr Pro Glu Leu Thr Asn 890 895 900	2923			
15	gtc gcc agt atc tgg ttc atg gca ctt ttc atc tgc atc tcc gtg acc Val Ala Ser Ile Trp Phe Met Ala Leu Phe Ile Cys Ile Ser Val Thr 905 910 915	2971			
20	ggc atc ctg gaa atg agg tgg agt ggc gtg gcc atc gac gac tgg tgg Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Ala Ile Asp Asp Trp Trp 920 925 930 935	3019			
	agg aac gag cag ttc tgg gtc atc gga ggc gtt tcg gcg cat ctg ttc Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe 940 945 950	3067			
25	gcg gtg ttc cag ggc ctg ctg aag gtg ttc gcc ggc atc gac acg agc Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Phe Ala Gly Ile Asp Thr Ser 955 960 965	3115			
30	ttc acc gtg acg tcg aag gcc ggg gac gac gag gag ttc tcg gag ctg Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Gly Asp Asp Glu Glu Phe Ser Glu Leu 970 975 980	3163			
35	tac acg ttc aag tgg acc acc ctg ctg ata ccc ccg acc acg ctc ctc Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Leu 985 990 995	3211			
	ctg ctg aac ttc atc ggg gtg gtg gcc ggg atc tcg aac gcg atc aac Leu Leu Asn Phe Ile Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Asn Ala Ile Asn 1000 1005 1010 1015	3259			
40	aac ggg tac gag tcg tgg ggc ccc ctg ttc ggg aag ctc ttc ttc gcc Asn Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ala 1020 1025 1030	3307			
45	ttc tgg gtg atc gtc cac ctg tac ccg ttc ctc aag ggt ctg gtg ggg Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Val Gly 1035 1040 1045	3355			
50	agg cag aac agg acg ccg acg atc gtc atc gtc tgg tcc atc ctg ctg Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val Trp Ser Ile Leu Leu 1050 1055 1060	3403			
	gcc tcg atc ttc tcg ctc ctg tgg gtc cgc gtc gac ccg ttc ctc gcc Ala Ser Ile Phe Ser Leu Trp Val Arg Val Asp Pro Phe Leu Ala 1065 1070 1075	3451			
55	aag agc aac ggc ccg ctc ctg gag gag tgt ggc ctg gac tgc a Lys Ser Asn Gly Pro Leu Leu Glu Glu Cys Gly Leu Asp Cys 1080 1085 1090	3494			
60	actgaagtgg gggccccctg tcactcgaag ttctgtcacg ggccaattac gcctgatttt ttgttgttgt tgttgttgga attctttgct gtagatagaa accacatgtc cacggcatct ctgctgtgtc cattggagca ggagagaggt gcctgctgct gtttgttgag taaattaaaa gttttaaaagt tatacagtga tgcacattcc agtgcccagt gtattccctt tttacagtct gtatatttagc gacaaaggac atattgggta ggagtttgat tcttttgtaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa	3554 3614 3674 3734 3794 3813			
65					

ES 2 296 405 T3

<210> 26

<211> 1094

<212> PRT

5 <213> *Zea mays*

<400> 26

```

10      Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
        1          5          10          15
      Leu Val Val Ile Arg Arg Asp Arg Glu Ser Gly Ala Ala Gly Gly Gly
        20          25          30
15      Ala Ala Arg Arg Ala Glu Ala Pro Cys Gln Ile Cys Gly Asp Glu Val
        35          40          45
      Gly Val Gly Phe Asp Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala
        50          55          60
      Phe Pro Val Cys Arg Ala Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Ser
        65          70          75          80
20      Gln Ala Cys Pro Gln Cys Arg Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Cys
        85          90          95
      Pro Arg Val Ala Gly Asp Glu Glu Glu Asp Gly Val Asp Asp Leu Glu
        100          105          110
      Gly Glu Phe Gly Leu Gln Asp Gly Ala Ala His Glu Asp Asp Pro Gln
        115          120          125
25      Tyr Val Ala Glu Ser Met Leu Arg Ala Gln Met Ser Tyr Gly Arg Gly
        130          135          140
      Gly Asp Ala His Pro Gly Phe Ser Pro Val Pro Asn Val Pro Leu Leu
        145          150          155          160
30      Thr Asn Gly Gln Met Val Asp Asp Ile Pro Pro Glu Gln His Ala Leu
        165          170          175
      Val Pro Ser Tyr Met Ser Gly Gly Gly Gly Gly Gly Lys Arg Ile His
        180          185          190
      Pro Leu Pro Phe Ala Asp Pro Asn Leu Pro Val Gln Pro Arg Ser Met
        195          200          205
35      Asp Pro Ser Lys Asp Leu Ala Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp
        210          215          220
      Lys Glu Arg Met Glu Gly Trp Lys Gln Lys Gln Glu Arg Leu Gln His
        225          230          235          240
40      Val Arg Ser Glu Gly Gly Asp Trp Asp Gly Asp Asp Ala Asp Leu
        245          250          255
      Pro Leu Met Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile
        260          265          270
      Ser Ser Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg Met Ile Ile Val Ile Arg Leu
        275          280          285
45      Val Val Leu Gly Phe Phe Phe His Tyr Arg Val Met His Pro Ala Lys
        290          295          300
      Asp Ala Phe Ala Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe
        305          310          315          320
      Ala Met Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Leu Pro Ile Glu

```

50

55

60

65

ES 2 296 405 T3

				325					330				335			
	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg	Leu	Ser	Leu	Arg	Phe	Asp	Lys	Glu	Gly
				340					345				350			
5	Gln	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Pro	Ile	Asp	Phe	Phe	Val	Ser	Thr	Val	Asp
			355					360					365			
	Pro	Thr	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu	Val	Thr	Ala	Asn	Thr	Val	Leu	Ser	Ile
			370				375					380				
	Leu	Ser	Val	Asp	Tyr	Pro	Val	Glu	Lys	Val	Ser	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp
	385					390				395					400	
10	Asp	Gly	Ala	Ala	Met	Leu	Thr	Phe	Glu	Ala	Leu	Ser	Glu	Thr	Ser	Glu
				405						410					415	
	Phe	Ala	Lys	Lys	Trp	Val	Pro	Phe	Ser	Lys	Lys	Phe	Asn	Ile	Glu	Pro
			420						425					430		
	Arg	Ala	Pro	Glu	Trp	Tyr	Phe	Gln	Gln	Lys	Ile	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp
			435					440				445				
15	Lys	Val	Ala	Ala	Ser	Phe	Val	Arg	Glu	Arg	Arg	Ala	Met	Lys	Arg	Glu
			450				455					460				
	Tyr	Glu	Glu	Phe	Lys	Val	Arg	Ile	Asn	Ala	Leu	Val	Ala	Lys	Ala	Gln
	465					470				475					480	
	Lys	Val	Pro	Glu	Glu	Trp	Thr	Met	Gln	Asp	Gly	Ser	Pro	Trp	Pro	
20				485					490					495		
	Gly	Asn	Asn	Val	Arg	Asp	His	Pro	Gly	Met	Ile	Gln	Val	Phe	Leu	Gly
			500					505					510			
	Gln	Ser	Gly	Gly	Arg	Asp	Val	Glu	Gly	Asn	Glu	Leu	Pro	Arg	Leu	Val
			515					520					525			
25	Tyr	Val	Ser	Arg	Glu	Lys	Arg	Pro	Gly	Tyr	Asn	His	His	Lys	Lys	Ala
			530				535					540				
	Gly	Ala	Met	Asn	Ala	Leu	Val	Arg	Val	Ser	Ala	Val	Leu	Ser	Asn	Ala
					550					555					560	
	Ala	Tyr	Leu	Leu	Asn	Leu	Asp	Cys	Asp	His	Tyr	Ile	Asn	Asn	Ser	Lys
				565					570					575		
30	Ala	Ile	Lys	Glu	Ala	Met	Cys	Phe	Met	Met	Asp	Pro	Leu	Val	Gly	Lys
			580					585					590			
	Lys	Val	Cys	Tyr	Val	Gln	Phe	Pro	Gln	Arg	Phe	Asp	Gly	Ile	Asp	Lys
			595					600				605				
35	Asn	Asp	Arg	Tyr	Ala	Asn	Arg	Asn	Val	Val	Phe	Phe	Asp	Ile	Asn	Met
			610				615					620				
	Lys	Gly	Leu	Asp	Gly	Ile	Gln	Gly	Pro	Ile	Tyr	Val	Gly	Thr	Gly	Cys
					630						635				640	
	Val	Phe	Arg	Arg	Gln	Ala	Leu	Tyr	Gly	Tyr	Asp	Ala	Pro	Lys	Thr	Lys
				645					650					655		
40	Lys	Pro	Pro	Ser	Arg	Thr	Cys	Asn	Cys	Trp	Pro	Lys	Trp	Cys	Leu	Ser
			660					665					670			
	Cys	Cys	Cys	Ser	Arg	Asn	Lys	Asn	Lys	Lys	Lys	Thr	Thr	Lys	Pro	Lys
			675					680				685				
	Thr	Glu	Lys	Lys	Lys	Arg	Leu	Phe	Phe	Lys	Lys	Ala	Glu	Asn	Pro	Ser
			690				695					700				
45	Pro	Ala	Tyr	Ala	Leu	Gly	Glu	Ile	Asp	Glu	Gly	Ala	Pro	Gly	Ala	Asp
					710						715				720	
	Ile	Glu	Lys	Ala	Gly	Ile	Val	Asn	Gln	Gln	Lys	Leu	Glu	Lys	Lys	Phe
				725					730					735		
	Gly	Gln	Ser	Ser	Val	Phe	Val	Ala	Ser	Thr	Leu	Leu	Glu	Asn	Gly	Gly
			740					745					750			
50	Thr	Leu	Lys	Ser	Ala	Ser	Pro	Ala	Ser	Leu	Leu	Lys	Glu	Ala	Ile	His
			755					760					765			
	Val	Ile	Ser	Cys	Gly	Tyr	Glu	Asp	Lys	Thr	Asp	Trp	Gly	Lys	Glu	Ile
			770				775					780				
55	Gly	Trp	Ile	Tyr	Gly	Ser	Ile	Thr	Glu	Asp	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	Lys

ES 2 296 405 T3

785 790 795 800
 Met His Cys His Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Ile Pro Lys Arg Pro
 805 810 815
 5 Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Leu Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln
 820 825 830
 Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser Lys His
 835 840 845
 Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Glu Lys Phe Leu Glu Arg
 850 855 860
 10 Phe Ser Tyr Ile Asn Ser Ile Val Tyr Pro Trp Thr Ser Ile Pro Leu
 865 870 875 880
 Leu Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe
 885 890 895
 15 Ile Thr Pro Glu Leu Thr Asn Val Ala Ser Ile Trp Phe Met Ala Leu
 900 905 910
 Phe Ile Cys Ile Ser Val Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly
 915 920 925
 Val Ala Ile Asp Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly
 930 935 940
 20 Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val
 945 950 955 960
 Phe Ala Gly Ile Asp Thr Ser Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Gly Asp
 965 970 975
 Asp Glu Glu Phe Ser Glu Leu Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu
 980 985 990
 25 Ile Pro Pro Thr Thr Leu Leu Leu Leu Asn Phe Ile Gly Val Val Ala
 995 1000 1005
 Gly Ile Ser Asn Ala Ile Asn Asn Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu
 1010 1015 1020
 30 Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro
 1025 1030 1035 1040
 Phe Leu Lys Gly Leu Val Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val
 1045 1050 1055
 Ile Val Trp Ser Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val
 1060 1065 1070
 35 Arg Val Asp Pro Phe Leu Ala Lys Ser Asn Gly Pro Leu Leu Glu Glu
 1075 1080 1085
 Cys Gly Leu Asp Cys Asn
 1090

40 <210> 27
 <211> 25
 <212> ADN
 <213> *Zea mays*
 45
 <400> 27

50 atggaggcta gcgcggggct ggtgg

25

<210> 28
 <211> 25
 <212> DNA
 55 <213> *Zea mays*

 <400> 28

60 tcagttgcag tccaggccac actcc

25

<210> 29
 <211> 3746
 65 <212> ADN
 <213> *Zea mays*

ES 2 296 405 T3

<220>

<221> CDS

<222> (321)...(3549)

5

<400> 29

10	ctaggatcaa aaccgtctcg ccgctgcaat aatcttttgt caattcttaa tccctcgcgt	60
	cgacagcgac agcggaacca actcacgttg ccgcggcttc ctccatcggg gcggtgccct	120
	gtccttttct ctcgctccctc ctccccccgt atagttaagc cccgccccgc tactactact	180
	actagcagca gcagcgtctc cgcagcggga gatgcgggtg tgatccgtgc cccgctcgga	240
	tctcgggact ggtgcccgtc ctgcccaggc cccaggctcc aggccagctc cctcgacgtt	300
15	tctcggcgag ctcgcttgcc atg gag ggc gac gcg gac ggc gtg aag tcg ggg	353
	Met Glu Gly Asp Ala Asp Gly Val Lys Ser Gly	
	1 5 10	
20	agg cgc ggt ggc gga cag gtg tgc cag atc tgc ggc gac ggc gtg ggc	401
	Arg Arg Gly Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Gly Val Gly	
	15 20 25	
25	acc acg gcg gag ggg gac gtc ttc gcc gcc tgc gac gtc tgc ggg ttt	449
	Thr Thr Ala Glu Gly Asp Val Phe Ala Ala Cys Asp Val Cys Gly Phe	
	30 35 40	
30	ccg gtg tgc cgc ccc tgc tac gag tac gag cgc aag gac ggc acg cag	497
	Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Thr Gln	
	45 50 55	
35	gcg tgc ccc cag tgc aag acc aag tac aag cgc cac aag ggg agc ccg	545
	Ala Cys Pro Gln Cys Lys Thr Lys Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser Pro	
	60 65 70 75	
40	gcg atc cgt ggg gag gaa gga gac gac act gat gcc gat agc gac ttc	593
	Ala Ile Arg Gly Glu Glu Gly Asp Asp Thr Asp Ala Asp Ser Asp Phe	
	80 85 90	
45	aat tac ctt gca tct ggc aat gag gac cag aag cag aag att gcc gac	641
	Asn Tyr Leu Ala Ser Gly Asn Glu Asp Gln Lys Gln Lys Ile Ala Asp	
	95 100 105	
50	aga atg cgc agc tgg cgc atg aac gtt ggg ggc agc ggg gat gtt ggt	689
	Arg Met Arg Ser Trp Arg Met Asn Val Gly Gly Ser Gly Asp Val Gly	
	110 115 120	
55	cgc ccc aag tat gac agt ggc gag atc ggg ctt acc aag tat gac agt	737
	Arg Pro Lys Tyr Asp Ser Gly Glu Ile Gly Leu Thr Lys Tyr Asp Ser	
	125 130 135	
60	ggc gag att cct cgg gga tac atc cca tca gtc act aac agc cag atc	785
	Gly Glu Ile Pro Arg Gly Tyr Ile Pro Ser Val Thr Asn Ser Gln Ile	
	140 145 150 155	
65	tca gga gaa atc cct ggt gct tcc cct gac cat cat atg atg tcc cca	833
	Ser Gly Glu Ile Pro Gly Ala Ser Pro Asp His His Met Met Ser Pro	
	160 165 170	

ES 2 296 405 T3

	act ggg aac att ggc aag cgt gct cca ttt ccc tat gtg aac cat tcg	881
	Thr Gly Asn Ile Gly Lys Arg Ala Pro Phe Pro Tyr Val Asn His Ser	
	175 180 185	
5	cca aat ccg tca agg gag ttc tct ggt agc att ggg aat gtt gcc tgg	929
	Pro Asn Pro Ser Arg Glu Phe Ser Gly Ser Ile Gly Asn Val Ala Trp	
	190 195 200	
10	aaa gag agg gtt gat ggc tgg aaa atg aag cag gac aag ggg acg att	977
	Lys Glu Arg Val Asp Gly Trp Lys Met Lys Gln Asp Lys Gly Thr Ile	
	205 210 215	
15	ccc atg acg aat ggc aca agc att gct ccc tct gag ggt cgg ggt gtt	1025
	Pro Met Thr Asn Gly Thr Ser Ile Ala Pro Ser Glu Gly Arg Gly Val	
	220 225 230 235	
20	ggg gat att gat gca tca act gat tac aac atg gaa gat gcc tta ttg	1073
	Gly Asp Ile Asp Ala Ser Thr Asp Tyr Asn Met Glu Asp Ala Leu Leu	
	240 245 250	
25	aac gac gaa act cga cag cct cta tct agg aaa gtt cca ctt cct tcc	1121
	Asn Asp Glu Thr Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Leu Pro Ser	
	255 260 265	
30	tcc agg ata aat cca tac agg atg gtc att gtg ctg cga ttg att gtt	1169
	Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Val Leu Arg Leu Ile Val	
	270 275 280	
35	cta agc atc ttc ttg cac tac cgt atc aca aat cct gtg cgc aat gca	1217
	Leu Ser Ile Phe Leu His Tyr Arg Ile Thr Asn Pro Val Arg Asn Ala	
	285 290 295	
40	tac cca tta tgg ctt cta tct gtt ata tgt gag atc tgg ttt gct ctt	1265
	Tyr Pro Leu Trp Leu Leu Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Leu	
	300 305 310 315	
45	tcg tgg ata ttg gat cag ttc cct aag tgg ttt cca atc aac cgg gag	1313
	Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Asn Arg Glu	
	320 325 330	
50	acg tac ctt gat agg ctg gca tta agg tat gac cgg gaa ggt gag cca	1361
	Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala Leu Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro	
	335 340 345	
55	tct cag ttg gct gct gtt gac att ttc gtc agt aca gtc gac cca atg	1409
	Ser Gln Leu Ala Ala Val Asp Ile Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met	
	350 355 360	
60	aag gag cct cct ctt gtc act gcc aat acc gtg cta tcc att ctt gct	1457
	Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala	
	365 370 375	
65	gtg gat tac cct gtg gat aag gtc tct tgc tat gta tct gat gat gga	1505
	Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly	
	380 385 390 395	
70	gct gcg atg ctg aca ttt gat gca cta gct gag act tca gag ttt gct	1553

ES 2 296 405 T3

	Ala	Ala	Met	Leu	Thr	Phe	Asp	Ala	Leu	Ala	Glu	Thr	Ser	Glu	Phe	Ala	
				400						405					410		
5	aga	aaa	tgg	gta	cca	ttt	gtt	aag	aag	tac	aac	att	gaa	cct	aga	gct	1601
	Arg	Lys	Trp	Val	Pro	Phe	Val	Lys	Lys	Tyr	Asn	Ile	Glu	Pro	Arg	Ala	
			415					420					425				
10	cct	gaa	tgg	tac	ttc	tcc	cag	aaa	att	gat	tac	ttg	aag	gac	aaa	gtg	1649
	Pro	Glu	Trp	Tyr	Phe	Ser	Gln	Lys	Ile	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Val	
			430				435					440					
15	cac	cct	tca	ttt	gtt	aaa	gac	cgc	cgg	gcc	atg	aag	aga	gaa	tat	gaa	1697
	His	Pro	Ser	Phe	Val	Lys	Asp	Arg	Arg	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	
		445					450					455					
20	gaa	ttc	aaa	gtt	agg	gta	aat	ggc	ctt	gtt	gct	aag	gca	cag	aaa	gtt	1745
	Glu	Phe	Lys	Val	Arg	Val	Asn	Gly	Leu	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Val	
	460					465				470					475		
25	cct	gag	gaa	gga	tgg	atc	atg	caa	gat	ggc	aca	cca	tgg	cca	gga	aac	1793
	Pro	Glu	Glu	Gly	Trp	Ile	Met	Gln	Asp	Gly	Thr	Pro	Trp	Pro	Gly	Asn	
				480				485						490			
30	aat	acc	mgg	gac	cat	cct	gga	atg	att	cag	gtt	ttc	ctt	ggt	cac	agt	1841
	Asn	Thr	Xaa	Asp	His	Pro	Gly	Met	Ile	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	His	Ser	
			495				500						505				
35	ggt	ggc	ctt	gat	act	gag	ggc	aat	gag	cta	ccc	cgt	ttg	gtc	tat	gtt	1889
	Gly	Gly	Leu	Asp	Thr	Glu	Gly	Asn	Glu	Leu	Pro	Arg	Leu	Val	Tyr	Val	
		510					515					520					
40	tct	cgt	gaa	aag	cgt	cct	gga	ttc	cag	cat	cac	aag	aaa	gct	ggt	gcc	1937
	Ser	Arg	Glu	Lys	Arg	Pro	Gly	Phe	Gln	His	His	Lys	Lys	Ala	Gly	Ala	
		525				530					535						
45	atg	aat	gct	ctt	gtt	cgt	gtc	tca	gct	gtg	ctt	acc	aat	gga	caa	tac	1985
	Met	Asn	Ala	Leu	Val	Arg	Val	Ser	Ala	Val	Leu	Thr	Asn	Gly	Gln	Tyr	
	540				545			550					555				
50	atg	ttg	aat	ctt	gat	tgt	gat	cac	tac	att	aac	aac	agt	aag	gct	ctc	2033
	Met	Leu	Asn	Leu	Asp	Cys	Asp	His	Tyr	Ile	Asn	Asn	Ser	Lys	Ala	Leu	
				560				565					570				
55	agg	gaa	gct	atg	tgc	ttc	ctt	atg	gac	cct	aac	cta	gga	agg	agt	gtc	2081
	Arg	Glu	Ala	Met	Cys	Phe	Leu	Met	Asp	Pro	Asn	Leu	Gly	Arg	Ser	Val	
			575				580					585					
60	tgc	tac	gtc	cag	ttt	ccc	cag	aga	ttc	gat	ggc	att	gac	agg	aat	gat	2129
	Cys	Tyr	Val	Gln	Phe	Pro	Gln	Arg	Phe	Asp	Gly	Ile	Asp	Arg	Asn	Asp	
		590				595				600							
65	cga	tat	gcc	aac	agg	aac	acc	gtg	ttt	ttc	gat	att	aac	ttg	aga	ggt	2177
	Arg	Tyr	Ala	Asn	Arg	Asn	Thr	Val	Phe	Phe	Asp	Ile	Asn	Leu	Arg	Gly	
		605				610					615						
70	ctt	gat	ggc	atc	caa	gga	cca	gtt	tat	gtc	gga	act	ggc	tgt	gtt	ttc	2225
	Leu	Asp	Gly	Ile	Gln	Gly	Pro	Val	Tyr	Val	Gly	Thr	Gly	Cys	Val	Phe	
		620			625			630							635		

ES 2 296 405 T3

	aac cga aca gct cta tat ggt tat gag ccc cca att aag cag aag aag	2273
	Asn Arg Thr Ala Leu Tyr Gly Tyr Glu Pro Pro Ile Lys Gln Lys Lys	
	640 645 650	
5	ggt ggt ttc ttg tca tca cta tgt ggc ggt agg aag aag gca agc aaa	2321
	Gly Gly Phe Leu Ser Ser Leu Cys Gly Gly Arg Lys Lys Ala Ser Lys	
	655 660 665	
10	tca aag aag ggc tcg gac aag aag aag tcg cag aag cat gtg gac agt	2369
	Ser Lys Lys Gly Ser Asp Lys Lys Lys Ser Gln Lys His Val Asp Ser	
	670 675 680	
15	tct gtg cca gta ttc aac ctt gaa gat ata gag gag gga gtt gaa ggc	2417
	Ser Val Pro Val Phe Asn Leu Glu Asp Ile Glu Glu Gly Val Glu Gly	
	685 690 695	
20	gct gga ttt gac gac gag aaa tca ctt ctt atg tct caa atg agc ctg	2465
	Ala Gly Phe Asp Asp Glu Lys Ser Leu Leu Met Ser Gln Met Ser Leu	
	700 705 710 715	
25	gag aag aga ttt ggc cag tcc gca gcg ttt gtt gcc tcc act ctg atg	2513
	Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Ala Ala Phe Val Ala Ser Thr Leu Met	
	720 725 730	
30	gag tat ggt ggt gtt cct cag tcc gca act ccg gag tct ctt ctg aaa	2561
	Glu Tyr Gly Gly Val Pro Gln Ser Ala Thr Pro Glu Ser Leu Leu Lys	
	735 740 745	
35	gaa gct atc cat gtt ata agc tgt ggc tat gag gac aag act gaa tgg	2609
	Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp	
	750 755 760	
40	gga act gag atc ggg tgg atc tac ggt tct gtg aca gaa gac att ctc	2657
	Gly Thr Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu	
	765 770 775	
45	acc gga ttc aag atg cac gcg cga ggc tgg cgg tcg atc tac tgc atg	2705
	Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met	
	780 785 790 795	
50	ccc aag cgg cca gct ttc aag ggg tct gcc ccc atc aat ctt tcg gac	2753
	Pro Lys Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp	
	800 805 810	
55	cgt ctg aac cag gtg ctc cgg tgg gct ctt ggg tcc gtg gag atc ctc	2801
	Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu	
	815 820 825	
60	ttc agc cgg cac tgc ccc ctg tgg tac ggc tac gga ggg cgg ctc aag	2849
	Phe Ser Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Arg Leu Lys	
	830 835 840	
65	ttc ctg gag aga ttc gcg tac atc aac acc acc atc tac ccg ctc acg	2897
	Phe Leu Glu Arg Phe Ala Tyr Ile Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Leu Thr	
	845 850 855	
	tcc atc ccg ctt ctc atc tac tgc atc ctg ccc gcc atc tgt ctg ctc	2945

ES 2 296 405 T3

	Ser 860	Ile 861	Pro 862	Leu 863	Leu 864	Ile 865	Tyr 866	Cys 867	Ile 868	Leu 869	Pro 870	Ala 871	Ile 872	Cys 873	Leu 874	Leu 875	
5	acc	gga	aag	ttc	atc	att	cca	gag	atc	agc	aac	ttc	gcc	agc	atc	tgg	2993
	Thr	Gly	Lys	Phe	Ile	Ile	Pro	Glu	Ile	Ser	Asn	Phe	Ala	Ser	Ile	Trp	
					880					885					890		
10	ttc	atc	tcc	ctc	ttc	atc	tcg	atc	ttc	gcc	acg	ggc	atc	ctg	gag	atg	3041
	Phe	Ile	Ser	Leu	Phe	Ile	Ser	Ile	Phe	Ala	Thr	Gly	Ile	Leu	Glu	Met	
				895					900					905			
15	agg	tgg	agc	ggg	gtg	ggc	atc	gac	gag	tgg	tgg	agg	aac	gag	cag	ttc	3089
	Arg	Trp	Ser	Gly	Val	Gly	Ile	Asp	Glu	Trp	Trp	Arg	Asn	Glu	Gln	Phe	
			910					915					920				
20	tgg	gtg	atc	ggg	ggc	atc	tcc	gcg	cac	ctc	ttc	gcc	gtg	ttc	cag	ggc	3137
	Trp	Val	Ile	Gly	Gly	Ile	Ser	Ala	His	Leu	Phe	Ala	Val	Phe	Gln	Gly	
		925					930					935					
25	ctg	ctc	aag	gtg	ctg	gcc	ggc	atc	gac	acc	aac	ttc	acc	gtc	acc	tcc	3185
	Leu	Leu	Lys	Val	Leu	Ala	Gly	Ile	Asp	Thr	Asn	Phe	Thr	Val	Thr	Ser	
	940					945					950					955	
30	aag	gcc	tcg	gac	gag	gac	ggc	gac	ttc	gcg	gag	ctg	tac	atg	ttc	aag	3233
	Lys	Ala	Ser	Asp	Glu	Asp	Gly	Asp	Phe	Ala	Glu	Leu	Tyr	Met	Phe	Lys	
				960						965					970		
35	tgg	acg	acg	ctc	ctg	atc	ccg	ccc	acc	acc	atc	ctg	atc	atc	aac	ctg	3281
	Trp	Thr	Thr	Leu	Leu	Ile	Pro	Pro	Thr	Thr	Ile	Leu	Ile	Ile	Asn	Leu	
				975					980					985			
40	gtc	ggc	gtc	gtc	gcc	ggc	atc	tcc	tac	gcc	atc	aac	agc	gga	tac	cag	3329
	Val	Gly	Val	Val	Ala	Gly	Ile	Ser	Tyr	Ala	Ile	Asn	Ser	Gly	Tyr	Gln	
			990					995					1000				
45	tcg	tgg	ggc	ccg	ctc	ttc	ggc	aag	ctc	ttc	ttc	gcc	ttc	tgg	gtc	atc	3377
	Ser	Trp	Gly	Pro	Leu	Phe	Gly	Lys	Leu	Phe	Phe	Ala	Phe	Trp	Val	Ile	
		1005					1010					1015					
50	gtc	cac	ctg	tac	ccg	ttc	ctc	aag	ggc	ctc	atg	ggc	agg	cag	aac	cgc	3425
	Val	His	Leu	Tyr	Pro	Phe	Leu	Lys	Gly	Leu	Met	Gly	Arg	Gln	Asn	Arg	
	1020					1025					1030					1035	
55	acc	ccg	acc	atc	gtc	gtc	gtc	tgg	gcc	atc	ctg	ctg	gcg	tcc	atc	ttc	3473
	Thr	Pro	Thr	Ile	Val	Val	Val	Trp	Ala	Ile	Leu	Leu	Ala	Ser	Ile	Phe	
				1040					1045					1050			
60	tcc	ttg	ctg	tgg	gtt	cgc	atc	gac	ccc	ttc	acc	acc	cgc	gtc	act	ggc	3521
	Ser	Leu	Leu	Trp	Val	Arg	Ile	Asp	Pro	Phe	Thr						

<210> 30

<211> 1077

60 <212> PRT

<213> *Zea mays*

65

ES 2 296 405 T3

<400> 30

5	Met	Glu	Gly	Asp	Ala	Asp	Gly	Val	Lys	Ser	Gly	Arg	Arg	Gly	Gly	Gly
	1				5					10					15	
	Gln	Val	Cys	Gln	Ile	Cys	Gly	Asp	Gly	Val	Gly	Thr	Thr	Ala	Glu	Gly
				20					25					30		
	Asp	Val	Phe	Ala	Ala	Cys	Asp	Val	Cys	Gly	Phe	Pro	Val	Cys	Arg	Pro
			35					40					45			
10	Cys	Tyr	Glu	Tyr	Glu	Arg	Lys	Asp	Gly	Thr	Gln	Ala	Cys	Pro	Gln	Cys
	50						55					60				
	Lys	Thr	Lys	Tyr	Lys	Arg	His	Lys	Gly	Ser	Pro	Ala	Ile	Arg	Gly	Glu
	65					70					75				80	
	Glu	Gly	Asp	Asp	Thr	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Phe	Asn	Tyr	Leu	Ala	Ser
					85					90					95	
15	Gly	Asn	Glu	Asp	Gln	Lys	Gln	Lys	Ile	Ala	Asp	Arg	Met	Arg	Ser	Trp
				100					105					110		
	Arg	Met	Asn	Val	Gly	Gly	Ser	Gly	Asp	Val	Gly	Arg	Pro	Lys	Tyr	Asp
			115					120					125			
20	Ser	Gly	Glu	Ile	Gly	Leu	Thr	Lys	Tyr	Asp	Ser	Gly	Glu	Ile	Pro	Arg
			130					135					140			
	Gly	Tyr	Ile	Pro	Ser	Val	Thr	Asn	Ser	Gln	Ile	Ser	Gly	Glu	Ile	Pro
	145					150					155				160	
	Gly	Ala	Ser	Pro	Asp	His	His	Met	Met	Ser	Pro	Thr	Gly	Asn	Ile	Gly
					165					170				175		
25	Lys	Arg	Ala	Pro	Phe	Pro	Tyr	Val	Asn	His	Ser	Pro	Asn	Pro	Ser	Arg
				180					185					190		
	Glu	Phe	Ser	Gly	Ser	Ile	Gly	Asn	Val	Ala	Trp	Lys	Glu	Arg	Val	Asp
			195					200					205			
30	Gly	Trp	Lys	Met	Lys	Gln	Asp	Lys	Gly	Thr	Ile	Pro	Met	Thr	Asn	Gly
		210					215					220				
	Thr	Ser	Ile	Ala	Pro	Ser	Glu	Gly	Arg	Gly	Val	Gly	Asp	Ile	Asp	Ala
	225				230						235				240	
	Ser	Thr	Asp	Tyr	Asn	Met	Glu	Asp	Ala	Leu	Leu	Asn	Asp	Glu	Thr	Arg
					245					250				255		
35	Gln	Pro	Leu	Ser	Arg	Lys	Val	Pro	Leu	Pro	Ser	Ser	Arg	Ile	Asn	Pro
				260					265					270		
	Tyr	Arg	Met	Val	Ile	Val	Leu	Arg	Leu	Ile	Val	Leu	Ser	Ile	Phe	Leu
			275					280					285			
40	His	Tyr	Arg	Ile	Thr	Asn	Pro	Val	Arg	Asn	Ala	Tyr	Pro	Leu	Trp	Leu
		290					295					300				
	Leu	Ser	Val	Ile	Cys	Glu	Ile	Trp	Phe	Ala	Leu	Ser	Trp	Ile	Leu	Asp
	305				310						315				320	
	Gln	Phe	Pro	Lys	Trp	Phe	Pro	Ile	Asn	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg
					325					330				335		
45	Leu	Ala	Leu	Arg	Tyr	Asp	Arg	Glu	Gly	Glu	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Ala
				340					345					350		
	Val	Asp	Ile	Phe	Val	Ser	Thr	Val	Asp	Pro	Met	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu
			355					360					365			
50	Val	Thr	Ala	Asn	Thr	Val	Leu	Ser	Ile	Leu	Ala	Val	Asp	Tyr	Pro	Val
		370					375					380				
	Asp	Lys	Val	Ser	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	Ala	Ala	Met	Leu	Thr
	385					390					395				400	
	Phe	Asp	Ala	Leu	Ala	Glu	Thr	Ser	Glu	Phe	Ala	Arg	Lys	Trp	Val	Pro

ES 2 296 405 T3

				405					410				415
	Phe	Val	Lys	Lys	Tyr	Asn	Ile	Glu	Pro	Arg	Ala	Pro	Glu
				420					425				430
5	Ser	Gln	Lys	Ile	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Val	His	Pro
			435					440				445	
	Lys	Asp	Arg	Arg	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	Glu	Phe
			450				455				460		
	Val	Asn	Gly	Leu	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Val	Pro	Glu
	465					470				475			480
10	Ile	Met	Gln	Asp	Gly	Thr	Pro	Trp	Pro	Gly	Asn	Asn	Thr
				485					490				495
	Pro	Gly	Met	Ile	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	His	Ser	Gly	Gly
			500					505				510	
	Glu	Gly	Asn	Glu	Leu	Pro	Arg	Leu	Val	Tyr	Val	Ser	Arg
			515				520					525	
15	Pro	Gly	Phe	Gln	His	His	Lys	Lys	Ala	Gly	Ala	Met	Asn
			530				535				540		
	Arg	Val	Ser	Ala	Val	Leu	Thr	Asn	Gly	Gln	Tyr	Met	Leu
	545					550				555			560
	Cys	Asp	His	Tyr	Ile	Asn	Asn	Ser	Lys	Ala	Leu	Arg	Glu
20				565					570				575
	Phe	Leu	Met	Asp	Pro	Asn	Leu	Gly	Arg	Ser	Val	Cys	Tyr
			580					585				590	
	Pro	Gln	Arg	Phe	Asp	Gly	Ile	Asp	Arg	Asn	Asp	Arg	Tyr
			595				600					605	
25	Asn	Thr	Val	Phe	Phe	Asp	Ile	Asn	Leu	Arg	Gly	Leu	Asp
			610				615				620		
	Gly	Pro	Val	Tyr	Val	Gly	Thr	Gly	Cys	Val	Phe	Asn	Arg
	625					630				635			640
	Tyr	Gly	Tyr	Glu	Pro	Pro	Ile	Lys	Gln	Lys	Lys	Gly	Gly
				645					650				655
30	Ser	Leu	Cys	Gly	Arg	Lys	Lys	Ala	Ser	Lys	Ser	Lys	Lys
			660					665				670	
	Asp	Lys	Lys	Lys	Ser	Gln	Lys	His	Val	Asp	Ser	Ser	Val
			675				680					685	
	Asn	Leu	Glu	Asp	Ile	Glu	Glu	Gly	Val	Glu	Gly	Ala	Gly
			690				695				700		
35	Glu	Lys	Ser	Leu	Leu	Met	Ser	Gln	Met	Ser	Leu	Glu	Lys
	705					710					715		
	Gln	Ser	Ala	Ala	Phe	Val	Ala	Ser	Thr	Leu	Met	Glu	Tyr
						725				730			735
40	Pro	Gln	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Leu	Leu	Lys	Glu	Ala
				740					745				750
	Ile	Ser	Cys	Gly	Tyr	Glu	Asp	Lys	Thr	Glu	Trp	Gly	Thr
			755				760					765	
	Trp	Ile	Tyr	Gly	Ser	Val	Thr	Glu	Asp	Ile	Leu	Thr	Gly
			770				775				780		
45	His	Ala	Arg	Gly	Trp	Arg	Ser	Ile	Tyr	Cys	Met	Pro	Lys
	785					790				795			800
	Phe	Lys	Gly	Ser	Ala	Pro	Ile	Asn	Leu	Ser	Asp	Arg	Leu
				805					810				815
	Leu	Arg	Trp	Ala	Leu	Gly	Ser	Val	Glu	Ile	Leu	Phe	Ser
			820					825				830	
50	Pro	Leu	Trp	Tyr	Gly	Tyr	Gly	Gly	Arg	Leu	Lys	Phe	Leu
			835					840				845	
	Ala	Tyr	Ile	Asn	Thr	Thr	Ile	Tyr	Pro	Leu	Thr	Ser	Ile
			850				855				860		
55	Ile	Tyr	Cys	Ile	Leu	Pro	Ala	Ile	Cys	Leu	Leu	Thr	Gly
60													
65													

ES 2 296 405 T3

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

30 <210> 31
<211> 25
<212> ADN
<213> *Zea mays*
35 <400> 31

40 atggagggcg acgcggacgg cgtga

25

<210> 32
<211> 25
<212> DNA
45 <213> *Zea mays*

<400> 32

50 ctagcagttg atgccacacg tctgg

25

<210> 33
<211> 3753
55 <212> DNA
<213> *Zea mays*

<220>
60 <221> CDS
<222> (184)...(3406)

65

ES 2 296 405 T3

<400> 33

5	cagcagcaga agcactgcgc ggcattgcag cgatcgagcg ggaggaatctt ggggcatggg	60
	ggtcgccaac gccgctcgga tctagaggcc cgcacggggc gattgggtctc cgcccgcctc	120
10	gtcgggtgttg gtgtcgttgg cgtgtggagc cgtctcgggtg ggagcagcgg ggagggagcg	180
	gag atg gcg gcc aac aag ggg atg gtg gcg ggc tcg cac aac cgc aac	228
	Met Ala Ala Asn Lys Gly Met Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn	
	1 5 10 15	
15	gag ttc gtc atg atc cgc cac gac ggc gat gtg ccg ggc tcg gct aag	276
	Glu Phe Val Met Ile Arg His Asp Gly Asp Val Pro Gly Ser Ala Lys	
	20 25 30	
20	ccc aca aag agt gcg aat gga cag gtc tgc cag att tgc ggt gac tct	324
	Pro Thr Lys Ser Ala Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Ser	
	35 40 45	
25	gtg ggt gtt tca gcc act ggt gat gtc ttt gtt gcc tgc aat gag tgt	372
	Val Gly Val Ser Ala Thr Gly Asp Val Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys	
	50 55 60	
30	gcc ttc cct gtc tgc cgc cca tgc tat gag tat gag cgc aag gag ggg	420
	Ala Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Glu Gly	
	65 70 75	
35	aac caa tgc tgc ccc cag tgc aag act aga tac aag aga cag aaa ggt	468
	Asn Gln Cys Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Gln Lys Gly	
	80 85 90 95	
40	agc cct cga gtt cat ggt gat gag gat gag gaa gat gtt gat gac cta	516
	Ser Pro Arg Val His Gly Asp Glu Asp Glu Glu Asp Val Asp Asp Leu	
	100 105 110	
45	gac aat gaa ttc aac tac aag caa ggc agt ggg aaa ggc cca gag tgg	564
	Asp Asn Glu Phe Asn Tyr Lys Gln Ser Gly Lys Gly Pro Glu Trp	
	115 120 125	
50	caa ctg caa gga gat gat gct gat ctg tct tca tct gct cgc cat gag	612
	Gln Leu Gln Gly Asp Asp Ala Asp Leu Ser Ser Ser Ala Arg His Glu	
	130 135 140	
55	cca cat cat cgg att cca cgc ctg aca agc ggt caa cag ata tct gga	660
	Pro His His Arg Ile Pro Arg Leu Thr Ser Gly Gln Gln Ile Ser Gly	
	145 150 155	
60	gag att cct gat gct tcc cct gac cgt cat tct atc cgc agt cca aca	708
	Glu Ile Pro Asp Ala Ser Pro Asp Arg His Ser Ile Arg Ser Pro Thr	
	160 165 170 175	
65	tcg agc tat gtt gat cca agc gtc cca gtt cct gtg agg att gtg gac	756
	Ser Ser Tyr Val Asp Pro Ser Val Pro Val Pro Val Arg Ile Val Asp	
	180 185 190	
70	ccc tcg aag gac ttg aat tcc tat ggg ctt aat agt gtt gac tgg aag	804
	Pro Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly Leu Asn Ser Val Asp Trp Lys	
	195 200 205	
75	gaa aga gtt gag agc tgg agg gtt aaa cag gac aaa aat atg atg caa	852
	Glu Arg Val Glu Ser Trp Arg Val Lys Gln Asp Lys Asn Met Met Gln	
	210 215 220	
80	gtg act aat aaa tat cca gag gct aga gga gga gac atg gag ggg act	900

ES 2 296 405 T3

	Val	Thr	Asn	Lys	Tyr	Pro	Glu	Ala	Arg	Gly	Gly	Asp	Met	Glu	Gly	Thr	
	225						230					235					
5	ggc	tca	aat	gga	gaa	nat	atg	caa	atg	gtt	gat	gat	gca	cgg	cta	cct	948
	Gly	Ser	Asn	Gly	Glu	Xaa	Met	Gln	Met	Val	Asp	Asp	Ala	Arg	Leu	Pro	
	240					245					250					255	
10	ttg	agc	cgt	atc	gtg	cca	att	tcc	tca	aac	cag	ctc	aac	ctt	tac	cgg	996
	Leu	Ser	Arg	Ile	Val	Pro	Ile	Ser	Ser	Asn	Gln	Leu	Asn	Leu	Tyr	Arg	
					260					265					270		
15	gta	gtg	atc	att	ctc	cgt	ctt	atc	atc	ctg	tgc	ttc	ttc	ttc	cag	tat	1044
	Val	Val	Ile	Ile	Leu	Arg	Leu	Ile	Ile	Leu	Cys	Phe	Phe	Phe	Gln	Tyr	
				275					280					285			
20	cgt	gtc	agt	cat	cca	gtg	cgt	gat	gct	tat	gga	tta	tgg	cta	gta	tct	1092
	Arg	Val	Ser	His	Pro	Val	Arg	Asp	Ala	Tyr	Gly	Leu	Trp	Leu	Val	Ser	
			290					295					300				
25	gtt	atc	tgc	gag	gtc	tgg	ttt	gcc	ttg	tct	tgg	ctt	cta	gat	cag	ttc	1140
	Val	Ile	Cys	Glu	Val	Trp	Phe	Ala	Leu	Ser	Trp	Leu	Leu	Asp	Gln	Phe	
		305					310					315					
30	cca	aaa	tgg	tat	cca	atc	aac	cgt	gag	aca	tat	ctt	gac	agg	ctt	gca	1188
	Pro	Lys	Trp	Tyr	Pro	Ile	Asn	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg	Leu	Ala	
	320					325					330					335	
35	ttg	agg	tat	gat	aga	gag	gga	gag	cca	tca	cag	ctg	gct	ccc	att	gat	1236
	Leu	Arg	Tyr	Asp	Arg	Glu	Gly	Glu	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Pro	Ile	Asp	
					340					345					350		
40	gtc	ttc	gtc	agt	aca	gtg	gat	cca	ttg	aag	gaa	cct	cca	ctg	atc	aca	1284
	Val	Phe	Val	Ser	Thr	Val	Asp	Pro	Leu	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu	Ile	Thr	
					355				360					365			
45	gcc	aac	act	gtt	ttg	tcc	att	ctt	tct	gtg	gat	tac	cct	gtt	gac	aaa	1332
	Ala	Asn	Thr	Val	Leu	Ser	Ile	Leu	Ser	Val	Asp	Tyr	Pro	Val	Asp	Lys	
			370					375					380				
50	gtg	tca	tgc	tat	gtt	tct	gat	gat	ggg	tca	gct	atg	ctg	act	ttt	gag	1380
	Val	Ser	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	Ser	Ala	Met	Leu	Thr	Phe	Glu	
		385					390					395					
55	tct	ctc	tca	gaa	acc	gca	gaa	ttt	gct	aga	aag	tgg	gtt	ccc	ttt	tgt	1428
	Ser	Leu	Ser	Glu	Thr	Ala	Glu	Phe	Ala	Arg	Lys	Trp	Val	Pro	Phe	Cys	
	400					405					410					415	
60	aag	aag	cac	aat	att	gaa	cca	aga	gct	cca	gaa	ttt	tac	ttt	gct	caa	1476
	Lys	Lys	His	Asn	Ile	Glu	Pro	Arg	Ala	Pro	Glu	Phe	Tyr	Phe	Ala	Gln	
					420					425					430		
65	aaa	ata	gat	tac	ctg	aag	gac	aaa	att	caa	cct	tca	ttt	gtt	aag	gaa	1524
	Lys	Ile	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Ile	Gln	Pro	Ser	Phe	Val	Lys	Glu	
				435					440					445			
70	aga	cgc	gca	atg	aag	agg	gag	tat	gaa	gaa	ttc	aaa	gta	aga	atc	aat	1572
	Arg	Arg	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	Glu	Phe	Lys	Val	Arg	Ile	Asn	
			450					455					460				

ES 2 296 405 T3

	gcc ctt gtt gcc aaa gca cag aaa gtg cct gaa gag ggg tgg acc atg	1620
	Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met	
	465 470 475	
5	gct gat gga act gca tgg cct ggg aat aat cct agg gac cat cct ggc	1668
	Ala Asp Gly Thr Ala Trp Pro Gly Asn Asn Pro Arg Asp His Pro Gly	
	480 485 490 495	
10	atg att cag gtt ttc ttg ggg cac agt ggt ggg ctc gac act gat gga	1716
	Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Thr Asp Gly	
	500 505 510	
15	aat gag tta cca cgt ctt gtc tat gtc tct cgt gaa aag aga cca ggc	1764
	Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly	
	515 520 525	
	ttt cag cat cac aag aag gct ggt gca atg aat gcg ctg att cgt gta	1812
	Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Ile Arg Val	
	530 535 540	
20	tct gct gtg ctg aca aat ggt gcc tat ctt ctc aat gtg gat tgc gac	1860
	Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp	
	545 550 555	
25	cat tac ttc aat agc agc aaa gct ctt aga gaa gca atg tgc ttc atg	1908
	His Tyr Phe Asn Ser Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met	
	560 565 570 575	
30	atg gat ccg gct cta gga agg aaa act tgt tat gta caa ttt cca cag	1956
	Met Asp Pro Ala Leu Gly Arg Lys Thr Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln	
	580 585 590	
	aga ttt gat ggc att gac ttg cac gat cga tat gct aat cgg aac ata	2004
	Arg Phe Asp Gly Ile Asp Leu His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Ile	
	595 600 605	
35	gtt ttc ttt gat atc aac atg aaa ggt ctg gat ggc att cag ggt cca	2052
	Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro	
	610 615 620	
40	gtt tac gtg gga aca gga tgc tgt ttc aat aga cag gct ttg tat gga	2100
	Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly	
	625 630 635	
45	tac gat cct gtt ttg act gaa gct gat ctg gag cca aac att gtt att	2148
	Tyr Asp Pro Val Leu Thr Glu Ala Asp Leu Glu Pro Asn Ile Val Ile	
	640 645 650 655	
	aag agc tgc tgt ggt aga agg aag aaa aag aac aag agt tat atg gat	2196
	Lys Ser Cys Cys Gly Arg Arg Lys Lys Lys Asn Lys Ser Tyr Met Asp	
	660 665 670	
50	agt caa agc cgt att atg aag aga aca gaa tct tca gct ccc atc ttc	2244
	Ser Gln Ser Arg Ile Met Lys Arg Thr Glu Ser Ser Ala Pro Ile Phe	
	675 680 685	
55	aat atg gaa gac atc gaa gag ggt att gaa ggt tac gag gat gaa agg	2292
60		
65		

ES 2 296 405 T3

	Asn Met Glu Asp Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Tyr Glu Asp Glu Arg	
	690 695 700	
5	tca gtg ctt atg tcc cag agg aaa ttg gag aaa cgc ttt ggt cag tct Ser Val Leu Met Ser Gln Arg Lys Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser	2340
	705 710 715	
10	cct att ttc att gca tcc acc ttt atg aca caa ggt ggc ata cca cct Pro Ile Phe Ile Ala Ser Thr Phe Met Thr Gln Gly Gly Ile Pro Pro	2388
	720 725 730 735	
15	tca aca aac cca gct tct cta cta aag gaa gct atc cat gtc atc agt Ser Thr Asn Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser	2436
	740 745 750	
20	tgt gga tat gag gac aaa act gaa tgg gga aaa gag att ggc tgg atc Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile	2484
	755 760 765	
25	tat ggt tca gta acg gag gat att ctg act ggg ttt aaa atg cat gca Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala	2532
	770 775 780	
30	agg ggc tgg caa tca atc tac tgc atg cca cca cga cct tgt ttc aag Arg Gly Trp Gln Ser Ile Tyr Cys Met Pro Pro Arg Pro Cys Phe Lys	2580
	785 790 795	
35	ggg tct gca cca atc aat ctt tcc gat cgt ctt aat cag gtg ctc cgt Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg	2628
	800 805 810 815	
40	tgg gct ctt ggg tca gtg gaa att ctg ctt agt aga cat tgt cct atc Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Leu Ser Arg His Cys Pro Ile	2676
	820 825 830	
45	tgg tat ggt tac aat gga cga ttg aag ctt ttg gag agg ctg gct tac Trp Tyr Gly Tyr Asn Gly Arg Leu Lys Leu Leu Glu Arg Leu Ala Tyr	2724
	835 840 845	
50	atc aac act att gta tat cca atc aca tcc att ccg ctt att gcc tat Ile Asn Thr Ile Val Tyr Pro Ile Thr Ser Ile Pro Leu Ile Ala Tyr	2772
	850 855 860	
55	tgt gtg ctt ccc gct atc tgc ctc ctt acc aat aaa ttt atc att cct Cys Val Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Asn Lys Phe Ile Ile Pro	2820
	865 870 875	
60	gag att agc aat tat gct ggg atg ttc ttc att ctt ctt ttc gcc tcc Glu Ile Ser Asn Tyr Ala Gly Met Phe Phe Ile Leu Leu Phe Ala Ser	2868
	880 885 890 895	
65	att ttt gcc act ggt ata ttg gag ctt aga tgg agt ggt gtt ggc att Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile	2916
	900 905 910	
70	gaa gat tgg tgg aga aat gag cag ttt tgg gtt att ggt ggc acc tct Glu Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Thr Ser	2964
	915 920 925	

ES 2 296 405 T3

gcc cat ctc ttc gca gtg ttc cag ggt ctg ctg aaa gtg ttg gct ggg 3012
Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly
930 935 940

5 att gat acc aac ttc aca gtt acc tca aag gca tct gat gag gat ggc 3060
Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly
945 950 955

10 gac ttt gct gag cta tat gtg ttc aag tgg acc agt ttg ctc att cct 3108
Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Val Phe Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro
960 965 970 975

15 ccg acc act gtt ctt gtc att aac ctg gtc gga atg gtg gca gga att 3156
Pro Thr Thr Val Leu Val Ile Asn Leu Val Gly Met Val Ala Gly Ile
980 985 990

tct tat gcc att aac agt ggc tac caa tcc tgg ggt ccg ctc ttt gga 3204
Ser Tyr Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly
995 1000 1005

20 aag ctg ttc ttc tcg atc tgg gtg atc ctc cat ctc tac ccc ttc ctc 3252
Lys Leu Phe Phe Ser Ile Trp Val Ile Leu His Leu Tyr Pro Phe Leu
1010 1015 1020

25 aag ggt ctc atg gga agg cag aac cgc aca cca aca atc gtc att gtc 3300
Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val
1025 1030 1035

30 tgg tcc atc ctt ctt gca tct atc ttc tcc ttg ctg tgg gtg aag atc 3348
Trp Ser Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Lys Ile
1040 1045 1050 1055

gat cct ttc atc tcc ccg aca cag aaa gct gct gcc ttg ggg caa tgt 3396
Asp Pro Phe Ile Ser Pro Thr Gln Lys Ala Ala Ala Leu Gly Gln Cys
1060 1065 1070

35 ggc gtc aac t gctgatcgag acagtgactc ttatttgaag aggctcaatc 3446
Gly Val Asn

40 aagatctgcc ccctcgtgta aatacctgag gaggctagat gggaattcct tttgtttag 3506
gtgaggatgg atttgcattc aagttatgcc tctgttcatt agcttcttcc gtgccggtgc 3566
tgctgcggac taagaatcac ggagccttcc taccttccat gttagcgccag ccagcagcgt 3626
aagatgtgaa ttttgaagtt ttgttatgcg tgcagtttat tgttttagag taaattatca 3686
tttgtttgtg ggaactgttc acacgagctt ataattggcaa tgctgttatt taaaaaaaaa 3746
aaaaaaa 3753

45

<210> 34

<211> 1075

50 <212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 34

55

Met Ala Ala Asn Lys Gly Met Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1 5 10 15
Phe Val Met Ile Arg His Asp Gly Asp Val Pro Gly Ser Ala Lys Pro
20 25 30

60

65

ES 2 296 405 T3

Thr Lys Ser Ala Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Ser Val
 35 40 45
 Gly Val Ser Ala Thr Gly Asp Val Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala
 50 55 60
 Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Glu Gly Asn
 65 70 75 80
 Gln Cys Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Gln Lys Gly Ser
 85 90 95
 Pro Arg Val His Gly Asp Glu Asp Glu Glu Asp Val Asp Asp Leu Asp
 100 105 110
 Asn Glu Phe Asn Tyr Lys Gln Gly Ser Gly Lys Gly Pro Glu Trp Gln
 115 120 125
 Leu Gln Gly Asp Asp Ala Asp Leu Ser Ser Ser Ala Arg His Glu Pro
 130 135 140
 His His Arg Ile Pro Arg Leu Thr Ser Gly Gln Gln Ile Ser Gly Glu
 145 150 155 160
 Ile Pro Asp Ala Ser Pro Asp Arg His Ser Ile Arg Ser Pro Thr Ser
 165 170 175
 Ser Tyr Val Asp Pro Ser Val Pro Val Pro Val Arg Ile Val Asp Pro
 180 185 190
 Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly Leu Asn Ser Val Asp Trp Lys Glu
 195 200 205
 Arg Val Glu Ser Trp Arg Val Lys Gln Asp Lys Asn Met Met Gln Val
 210 215 220
 Thr Asn Lys Tyr Pro Glu Ala Arg Gly Gly Asp Met Glu Gly Thr Gly
 225 230 235 240
 Ser Asn Gly Glu Xaa Met Gln Met Val Asp Asp Ala Arg Leu Pro Leu
 245 250 255
 Ser Arg Ile Val Pro Ile Ser Ser Asn Gln Leu Asn Leu Tyr Arg Val
 260 265 270
 Val Ile Ile Leu Arg Leu Ile Ile Leu Cys Phe Phe Phe Gln Tyr Arg
 275 280 285
 Val Ser His Pro Val Arg Asp Ala Tyr Gly Leu Trp Leu Val Ser Val
 290 295 300
 Ile Cys Glu Val Trp Phe Ala Leu Ser Trp Leu Leu Asp Gln Phe Pro
 305 310 315 320
 Lys Trp Tyr Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala Leu
 325 330 335
 Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp Val
 340 345 350
 Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr Ala
 355 360 365
 Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ser Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val
 370 375 380
 Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ser Ala Met Leu Thr Phe Glu Ser
 385 390 395 400
 Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys
 405 410 415
 Lys His Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Ala Gln Lys
 420 425 430
 Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Ile Gln Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg
 435 440 445
 Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala
 450 455 460
 Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Ala
 465 470 475 480
 Asp Gly Thr Ala Trp Pro Gly Asn Asn Pro Arg Asp His Pro Gly Met
 485 490 495

ES 2 296 405 T3

	Ile	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	His	Ser	Gly	Gly	Leu	Asp	Thr	Asp	Gly	Asn
				500					505					510		
	Glu	Leu	Pro	Arg	Leu	Val	Tyr	Val	Ser	Arg	Glu	Lys	Arg	Pro	Gly	Phe
			515					520					525			
5	Gln	His	His	Lys	Lys	Ala	Gly	Ala	Met	Asn	Ala	Leu	Ile	Arg	Val	Ser
				530			535					540				
	Ala	Val	Leu	Thr	Asn	Gly	Ala	Tyr	Leu	Leu	Asn	Val	Asp	Cys	Asp	His
	545				550					555						560
	Tyr	Phe	Asn	Ser	Ser	Lys	Ala	Leu	Arg	Glu	Ala	Met	Cys	Phe	Met	Met
10				565						570					575	
	Asp	Pro	Ala	Leu	Gly	Arg	Lys	Thr	Cys	Tyr	Val	Gln	Phe	Pro	Gln	Arg
				580					585					590		
	Phe	Asp	Gly	Ile	Asp	Leu	His	Asp	Arg	Tyr	Ala	Asn	Arg	Asn	Ile	Val
			595					600					605			
15	Phe	Phe	Asp	Ile	Asn	Met	Lys	Gly	Leu	Asp	Gly	Ile	Gln	Gly	Pro	Val
			610				615					620				
	Tyr	Val	Gly	Thr	Gly	Cys	Phe	Asn	Arg	Gln	Ala	Leu	Tyr	Gly	Tyr	
	625				630					635					640	
	Asp	Pro	Val	Leu	Thr	Glu	Ala	Asp	Leu	Glu	Pro	Asn	Ile	Val	Ile	Lys
20				645						650					655	
	Ser	Cys	Cys	Gly	Arg	Arg	Lys	Lys	Lys	Asn	Lys	Ser	Tyr	Met	Asp	Ser
				660					665					670		
	Gln	Ser	Arg	Ile	Met	Lys	Arg	Thr	Glu	Ser	Ser	Ala	Pro	Ile	Phe	Asn
			675					680					685			
25	Met	Glu	Asp	Ile	Glu	Glu	Gly	Ile	Glu	Gly	Tyr	Glu	Asp	Glu	Arg	Ser
			690				695					700				
	Val	Leu	Met	Ser	Gln	Arg	Lys	Leu	Glu	Lys	Arg	Phe	Gly	Gln	Ser	Pro
	705				710						715					720
	Ile	Phe	Ile	Ala	Ser	Thr	Phe	Met	Thr	Gln	Gly	Gly	Ile	Pro	Pro	Ser
				725						730					735	
30	Thr	Asn	Pro	Ala	Ser	Leu	Leu	Lys	Glu	Ala	Ile	His	Val	Ile	Ser	Cys
				740					745					750		
	Gly	Tyr	Glu	Asp	Lys	Thr	Glu	Trp	Gly	Lys	Glu	Ile	Gly	Trp	Ile	Tyr
			755				760						765			
	Gly	Ser	Val	Thr	Glu	Asp	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	Lys	Met	His	Ala	Arg
			770				775					780				
35	Gly	Trp	Gln	Ser	Ile	Tyr	Cys	Met	Pro	Pro	Arg	Pro	Cys	Phe	Lys	Gly
	785				790						795					800
	Ser	Ala	Pro	Ile	Asn	Leu	Ser	Asp	Arg	Leu	Asn	Gln	Val	Leu	Arg	Trp
				805						810					815	
40	Ala	Leu	Gly	Ser	Val	Glu	Ile	Leu	Leu	Ser	Arg	His	Cys	Pro	Ile	Trp
				820					825					830		
	Tyr	Gly	Tyr	Asn	Gly	Arg	Leu	Lys	Leu	Leu	Glu	Arg	Leu	Ala	Tyr	Ile
			835				840						845			
	Asn	Thr	Ile	Val	Tyr	Pro	Ile	Thr	Ser	Ile	Pro	Leu	Ile	Ala	Tyr	Cys
			850				855					860				
45	Val	Leu	Pro	Ala	Ile	Cys	Leu	Leu	Thr	Asn	Lys	Phe	Ile	Ile	Pro	Glu
	865				870					875						880
	Ile	Ser	Asn	Tyr	Ala	Gly	Met	Phe	Phe	Ile	Leu	Leu	Phe	Ala	Ser	Ile
				885						890					895	
	Phe	Ala	Thr	Gly	Ile	Leu	Glu	Leu	Arg	Trp	Ser	Gly	Val	Gly	Ile	Glu
				900					905					910		
50	Asp	Trp	Trp	Arg	Asn	Glu	Gln	Phe	Trp	Val	Ile	Gly	Gly	Thr	Ser	Ala
				915				920					925			
	His	Leu	Phe	Ala	Val	Phe	Gln	Gly	Leu	Leu	Lys	Val	Leu	Ala	Gly	Ile
				930			935					940				
55	Asp	Thr	Asn	Phe	Thr	Val	Thr	Ser	Lys	Ala	Ser	Asp	Glu	Asp	Gly	Asp
	945				950						955					960

ES 2 296 405 T3

	Phe	Ala	Glu	Leu	Tyr	Val	Phe	Lys	Trp	Thr	Ser	Leu	Leu	Ile	Pro	Pro	
					965					970					975		
	Thr	Thr	Val	Leu	Val	Ile	Asn	Leu	Val	Gly	Met	Val	Ala	Gly	Ile	Ser	
				980					985					990			
5	Tyr	Ala	Ile	Asn	Ser	Gly	Tyr	Gln	Ser	Trp	Gly	Pro	Leu	Phe	Gly	Lys	
			995					1000					1005				
	Leu	Phe	Phe	Ser	Ile	Trp	Val	Ile	Leu	His	Leu	Tyr	Pro	Phe	Leu	Lys	
			1010				1015					1020					
10	Gly	Leu	Met	Gly	Arg	Gln	Asn	Arg	Thr	Pro	Thr	Ile	Val	Ile	Val	Trp	
			1025			1030				1035						1040	
	Ser	Ile	Leu	Leu	Ala	Ser	Ile	Phe	Ser	Leu	Leu	Trp	Val	Lys	Ile	Asp	
					1045				1050					1055			
15	Pro	Phe	Ile	Ser	Pro	Thr	Gln	Lys	Ala	Ala	Ala	Leu	Gly	Gln	Cys	Gly	
				1060				1065					1070				
	Val	Asn	Cys														
				1075													
	<210> 35																
20	<211> 25																
	<212> ADN																
	<213> <i>Zea mays</i>																
25	<400> 35																
	atggcggcca acaaggggat ggtgg																25
30	<210> 36																
	<211> 25																
	<212> DNA																
35	<213> <i>Zea mays</i>																
	<400> 36																
40	tcagcagttg acgccacatt gcccc																25
	<210> 37																
	<211> 3969																
45	<212> ADN																
	<213> <i>Zea mays</i>																
	<220>																
50	<221> CDS																
	<222> (144)...(3399)																
	<400> 37																
55	cttctccctc	gtcgggtgcgg	cgtgggcgcgg	ctcggcgcttc	ggtgagaaac	cactcggggg										60	
	atgaggatct	gctgctagag	tgagaggagc	tacggtcagt	atcctctgcc	ttcgtcggcg										120	
	gcggaagtgg	aggggaggaa	gcg atg gag gcg agc gcc ggg ctg gtg gcc ggc													173	
			Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly														
			1		5										10		
60	tcc cac aac cgc aac gag ctc gtc gtc atc cgc cgc gac ggc gat ccc															221	
	Ser His Asn Arg Asn Glu Leu Val Val Ile Arg Arg Asp Gly Asp Pro																
			15			20							25				
65	ggg ccg aag ccg ccg cgg gag cag aac ggg cag gtg tgc cag att tgc															269	
	Gly Pro Lys Pro Pro Arg Glu Gln Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys																
			30			35							40				

ES 2 296 405 T3

	ggc gac gac gtc ggc ctt gcc ccc ggc ggg gac ccc ttc gtg gcg tgc	317
	Gly Asp Asp Val Gly Leu Ala Pro Gly Gly Asp Pro Phe Val Ala Cys	
	45 50 55	
5	aac gag tgc gcc ttc ccc gtc tgc cgg gac tgc tac gaa tac gag cgc	365
	Asn Glu Cys Ala Phe Pro Val Cys Arg Asp Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg	
	60 65 70	
10	cgg gag ggc acg cag aac tgc ccc cag tgc aag act cga tac aag cgc	413
	Arg Glu Gly Thr Gln Asn Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg	
	75 80 85 90	
15	ctc aag ggc tgc caa cgt gtg acc ggt gac gag gag gag gac ggc gtc	461
	Leu Lys Gly Cys Gln Arg Val Thr Gly Asp Glu Glu Glu Asp Gly Val	
	95 100 105	
20	gat gac ctg gac aac gag ttc aac tgg gac ggc cat gac tgc cag tct	509
	Asp Asp Leu Asp Asn Glu Phe Asn Trp Asp Gly His Asp Ser Gln Ser	
	110 115 120	
25	gtg gcc gag tcc atg ctc tac ggc cac atg agc tac ggc cgt gga ggt	557
	Val Ala Glu Ser Met Leu Tyr Gly His Met Ser Tyr Gly Arg Gly Gly	
	125 130 135	
30	gac cct aat ggc gcg cca caa gct ttc cag ctc aac ccc aat gtt cca	605
	Asp Pro Asn Gly Ala Pro Gln Ala Phe Gln Leu Asn Pro Asn Val Pro	
	140 145 150	
35	ctc ctc acc aac ggc caa atg gtg gat gac atc cca ccg gag cag cac	653
	Leu Leu Thr Asn Gly Gln Met Val Asp Asp Ile Pro Pro Glu Gln His	
	155 160 165 170	
40	gcg ctg gtg cct tct ttc atg ggt ggt ggg gga aag agg ata cat ccc	701
	Ala Leu Val Pro Ser Phe Met Gly Gly Gly Lys Arg Ile His Pro	
	175 180 185	
45	ctt cct tat gcg gat ccc agc tta cct gtg caa ccc agg tct atg gac	749
	Leu Pro Tyr Ala Asp Pro Ser Leu Pro Val Gln Pro Arg Ser Met Asp	
	190 195 200	
50	cca tcc aag gat ctt gct gca tat ggg tat ggt agt gtt gct tgg aag	797
	Pro Ser Lys Asp Leu Ala Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys	
	205 210 215	
55	gaa cgg atg gag aat tgg aag cag aga caa gag agg atg cac cag acg	845
	Glu Arg Met Glu Asn Trp Lys Gln Arg Gln Glu Arg Met His Gln Thr	
	220 225 230	
60	ggg aat gat ggt ggt ggt gat gat ggt gac gat gct gat cta cca cta	893
	Gly Asn Asp Gly Gly Gly Asp Asp Gly Asp Asp Ala Asp Leu Pro Leu	
	235 240 245 250	
65	atg gat gaa gca aga caa caa ctg tcc agg aaa att cca ctt cca tca	941
	Met Asp Glu Ala Arg Gln Gln Leu Ser Arg Lys Ile Pro Leu Pro Ser	
	255 260 265	
70	agc cag att aat cca tat agg atg att atc att att cgg ctt gtg gtt	989

ES 2 296 405 T3

	Ser	Gln	Ile	Asn	Pro	Tyr	Arg	Met	Ile	Ile	Ile	Ile	Arg	Leu	Val	Val	
				270					275					280			
5	ttg	ggg	ttc	ttc	ttc	cac	tac	cga	gtg	atg	cat	ccg	gtg	aat	gat	gca	1037
	Leu	Gly	Phe	Phe	Phe	His	Tyr	Arg	Val	Met	His	Pro	Val	Asn	Asp	Ala	
			285					290				295					
10	ttt	gct	ttg	tgg	ctc	ata	tct	gtt	atc	tgt	gaa	atc	tgg	ttt	gcc	atg	1085
	Phe	Ala	Leu	Trp	Leu	Ile	Ser	Val	Ile	Cys	Glu	Ile	Trp	Phe	Ala	Met	
		300					305				310						
15	tct	tgg	att	ctt	gat	caa	ttc	cca	aag	tgg	ttc	cct	att	gag	aga	gag	1133
	Ser	Trp	Ile	Leu	Asp	Gln	Phe	Pro	Lys	Trp	Phe	Pro	Ile	Glu	Arg	Glu	
	315					320					325					330	
20	act	tac	cta	gac	cgg	ctg	tca	ctg	agg	ttc	gac	aag	gaa	ggc	cag	cca	1181
	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg	Leu	Ser	Leu	Arg	Phe	Asp	Lys	Glu	Gly	Gln	Pro	
				335					340						345		
25	tct	caa	ctt	gct	cca	att	gat	ttc	ttt	gtc	agt	acg	gtt	gat	ccc	tta	1229
	Ser	Gln	Leu	Ala	Pro	Ile	Asp	Phe	Phe	Val	Ser	Thr	Val	Asp	Pro	Leu	
			350					355						360			
30	aag	gaa	cct	cct	ttg	gtc	aca	aca	aat	act	gtt	cta	tct	atc	ctt	tgc	1277
	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu	Val	Thr	Thr	Asn	Thr	Val	Leu	Ser	Ile	Leu	Ser	
			365				370					375					
35	gtg	gat	tat	cct	gtt	gat	aag	gtt	tct	tgc	tat	gtt	tct	gat	gat	ggt	1325
	Val	Asp	Tyr	Pro	Val	Asp	Lys	Val	Ser	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	
		380				385					390						
40	gct	gca	atg	cta	acg	ttt	gaa	gca	tta	tct	gaa	aca	tct	gaa	ttt	gca	1373
	Ala	Ala	Met	Leu	Thr	Phe	Glu	Ala	Leu	Ser	Glu	Thr	Ser	Glu	Phe	Ala	
		395				400					405					410	
45	aag	aaa	tgg	gtt	cct	ttc	tgc	aaa	cgg	tac	aat	att	gaa	cct	cgc	gct	1421
	Lys	Lys	Trp	Val	Pro	Phe	Cys	Lys	Arg	Tyr	Asn	Ile	Glu	Pro	Arg	Ala	
				415						420					425		
50	cca	gag	tgg	tac	ttc	caa	cag	aag	ata	gac	tac	ttg	aaa	gac	aag	gtg	1469
	Pro	Glu	Trp	Tyr	Phe	Gln	Gln	Lys	Ile	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Val	
			430					435						440			
55	gca	gca	aac	ttt	gtt	agg	gag	agg	aga	gca	atg	aag	aga	gag	tat	gag	1517
	Ala	Ala	Asn	Phe	Val	Arg	Glu	Arg	Arg	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	
			445					450					455				
60	gaa	ttc	aag	gtg	aga	atc	aat	gcc	tta	gtt	gcc	aaa	gcc	cag	aaa	gtt	1565
	Glu	Phe	Lys	Val	Arg	Ile	Asn	Ala	Leu	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Val	
		460					465				470						
65	cct	gaa	gaa	gga	tgg	aca	atg	caa	gat	gga	acc	ccc	tgg	cct	gga	aac	1613
	Pro	Glu	Glu	Gly	Trp	Thr	Met	Gln	Asp	Gly	Thr	Pro	Trp	Pro	Gly	Asn	
		475				480					485					490	
70	aat	gtt	cgt	gat	cat	cct	gga	atg	att	cag	gtc	ttc	ctt	ggc	caa	agc	1661
	Asn	Val	Arg	Asp	His	Pro	Gly	Met	Ile	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	Gln	Ser	
					495					500					505		

ES 2 296 405 T3

		gga ggc ctt gac tgt gag gga aat gaa ctg cca cga ttg gtt tat gtt	1709
		Gly Gly Leu Asp Cys Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val	
		510 515 520	
5		tct aga gag aaa cga cca ggc tat aac cat cat aag aaa gct ggt gct	1757
		Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala Gly Ala	
		525 530 535	
10		atg aat gca ttg gtc cga gtc tct gct gta cta aca aat gct cca tat	1805
		Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Tyr	
		540 545 550	
15		ttg tta aac ttg gat tgt gat cac tac atc aac aac agc aag gct ata	1853
		Leu Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile	
		555 560 565 570	
		aag gaa gca atg tgt ttt atg atg gac cct tta cta gga aag aag gtt	1901
		Lys Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Leu Leu Gly Lys Lys Val	
		575 580 585	
20		tgc tat gta cag ttc cct caa aga ttt gat ggg att gat cgc cat gac	1949
		Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp	
		590 595 600	
25		cga tat gct aac cgg aat gtt gtc ttt ttt gat atc aac atg aaa ggt	1997
		Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly	
		605 610 615	
30		ttg gat ggt att cag ggt cca att tat gtt ggt act gga tgt gta ttt	2045
		Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe	
		620 625 630	
		aga agg cag gca tta tat ggt tat gat gcc ccc aaa aca aag aag cca	2093
		Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Thr Lys Lys Pro	
		635 640 645 650	
35		cca tca agg act tgc aac tgc tgg ccc aag tgg tgc ttt tgc tgt tgc	2141
		Pro Ser Arg Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Phe Cys Cys Cys	
		655 660 665	
40		tgc ttt ggc aat agg aag caa aag aag act acc aaa ccc aaa aca gag	2189
		Cys Phe Gly Asn Arg Lys Gln Lys Lys Thr Thr Lys Pro Lys Thr Glu	
		670 675 680	
45		aag aaa aag tta tta ttt ttc aag aaa gaa gag aac caa tcc cct gca	2237
		Lys Lys Lys Leu Leu Phe Phe Lys Lys Glu Glu Asn Gln Ser Pro Ala	
		685 690 695	
		tat gct ctt ggt gaa att gac gaa gct gct cca gga gct gag aat gaa	2285
		Tyr Ala Leu Gly Glu Ile Asp Glu Ala Ala Pro Gly Ala Glu Asn Glu	
		700 705 710	
50		aag gcc ggt att gta aat caa caa aaa tta gaa aag aaa ttt ggc caa	2333
		Lys Ala Gly Ile Val Asn Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe Gly Gln	
		715 720 725 730	
55		tct tct gtt ttt gtt aca tcc aca ctt ctc gag aat ggt gga acc ttg	2381
60			
65			

ES 2 296 405 T3

	Ser	Ser	Val	Phe	Val	Thr	Ser	Thr	Leu	Leu	Glu	Asn	Gly	Gly	Thr	Leu	
					735					740					745		
5	aag	agt	gca	agt	cct	gct	tct	ctt	ttg	aaa	gaa	gct	ata	cat	gtc	att	2429
	Lys	Ser	Ala	Ser	Pro	Ala	Ser	Leu	Leu	Lys	Glu	Ala	Ile	His	Val	Ile	
				750					755						760		
10	agt	tgt	ggc	tat	gaa	gac	aag	aca	gac	tgg	gga	aaa	gag	att	ggc	tgg	2477
	Ser	Cys	Gly	Tyr	Glu	Asp	Lys	Thr	Asp	Trp	Gly	Lys	Glu	Ile	Gly	Trp	
			765					770					775				
15	atc	tat	gga	tca	gtt	aca	gaa	gat	att	cta	act	ggc	ttc	aag	atg	cat	2525
	Ile	Tyr	Gly	Ser	Val	Thr	Glu	Asp	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	Lys	Met	His	
			780					785					790				
20	tgt	cat	ggc	tgg	cgg	tca	att	tac	tgc	ata	cct	aaa	cgg	gtt	gca	ttc	2573
	Cys	His	Gly	Trp	Arg	Ser	Ile	Tyr	Cys	Ile	Pro	Lys	Arg	Val	Ala	Phe	
						800					805					810	
25	aaa	ggc	tct	gca	cct	ctg	aat	ctt	tca	gat	cgt	ctt	cac	cag	gtg	ctt	2621
	Lys	Gly	Ser	Ala	Pro	Leu	Asn	Leu	Ser	Asp	Arg	Leu	His	Gln	Val	Leu	
					815					820					825		
30	cgg	tgg	gct	ctt	ggg	tct	att	gag	atc	ttc	ttc	agc	aat	cat	tgc	cct	2669
	Arg	Trp	Ala	Leu	Gly	Ser	Ile	Glu	Ile	Phe	Phe	Ser	Asn	His	Cys	Pro	
					830				835						840		
35	ctt	tgg	tat	ggg	tat	ggc	ggc	ggc	ctg	aaa	ttt	ttg	gaa	aga	ttt	tcc	2717
	Leu	Trp	Tyr	Gly	Tyr	Gly	Gly	Gly	Leu	Lys	Phe	Leu	Glu	Arg	Phe	Ser	
			845					850					855				
40	tac	atc	aac	tcc	atc	gtg	tat	cct	tgg	aca	tct	att	ccc	ctc	ttg	gct	2765
	Tyr	Ile	Asn	Ser	Ile	Val	Tyr	Pro	Trp	Thr	Ser	Ile	Pro	Leu	Leu	Ala	
			860					865					870				
45	tac	tgt	aca	ttg	cct	gcc	atc	tgt	tta	ttg	aca	ggg	aaa	ttt	atc	act	2813
	Tyr	Cys	Thr	Leu	Pro	Ala	Ile	Cys	Leu	Leu	Thr	Gly	Lys	Phe	Ile	Thr	
						880					885					890	
50	cca	gag	ctg	aat	aat	gtt	gcc	agc	ctg	tgg	ttc	atg	tca	ctt	ttt	atc	2861
	Pro	Glu	Leu	Asn	Asn	Val	Ala	Ser	Leu	Trp	Phe	Met	Ser	Leu	Phe	Ile	
					895					900					905		
55	tgc	att	ttt	gct	acg	agc	atc	cta	gaa	atg	aga	tgg	agt	ggc	gtt	gga	2909
	Cys	Ile	Phe	Ala	Thr	Ser	Ile	Leu	Glu	Met	Arg	Trp	Ser	Gly	Val	Gly	
				910					915						920		
60	att	gat	gac	tgg	tgg	agg	aat	gag	cag	ttc	tgg	gtc	att	gga	ggc	gtg	2957
	Ile	Asp	Asp	Trp	Trp	Arg	Asn	Glu	Gln	Phe	Trp	Val	Ile	Gly	Gly	Val	
				925				930					935				
65	tcc	tca	cac	ctc	ttt	gct	gtg	ttc	cag	gga	ctt	ctc	aag	gtc	ata	gct	3005
	Ser	Ser	His	Leu	Phe	Ala	Val	Phe	Gln	Gly	Leu	Leu	Lys	Val	Ile	Ala	
				940				945					950				
70	ggc	gtt	gat	aca	agc	ttc	acc	gtg	aca	tca	aag	ggc	gga	gat	gat	gag	3053
	Gly	Val	Asp	Thr	Ser	Phe	Thr	Val	Thr	Ser	Lys	Gly	Gly	Asp	Asp	Glu	
						960						965				970	

ES 2 296 405 T3

gag ttc tca gag cta tat aca ttc aaa tgg act acc tta ttg ata cct 3101
 Glu Phe Ser Glu Leu Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro
 975 980 985

5 cct acc acc ttg ctt cta ttg aac ttc att ggt gtg gtc gct ggc gtt 3149
 Pro Thr Thr Leu Leu Leu Leu Asn Phe Ile Gly Val Val Ala Gly Val
 990 995 1000

10 tca aat gcg atc aat aac gga tat gag tca tgg ggc ccc ctc ttt ggg 3197
 Ser Asn Ala Ile Asn Asn Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly
 1005 1010 1015

15 aag cta ttc ttt gca ttt tgg gtg att gtc cat ctt tat ccc ttt ctc 3245
 Lys Leu Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu
 1020 1025 1030

20 aaa ggt ttg gtt gga agg caa aac agg aca cca acg att gtc atc gtc 3293
 Lys Gly Leu Val Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val
 1035 1040 1045 1050

25 tgg tcc att ctg ctg gct tca atc ttc tcg ctc ctt tgg gtt cgg att 3341
 Trp Ser Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg Ile
 1055 1060 1065

30 gat cct ttc ctt gcg aag gat gat ggt ccg ctt ctt gag gag tgt ggt 3389
 Asp Pro Phe Leu Ala Lys Asp Asp Gly Pro Leu Leu Glu Glu Cys Gly
 1070 1075 1080

35 ttg gat tgc a actaggatgt cagtgcacat gctcccccaa tctgcatatg 3439
 Leu Asp Cys
 1085

40 cttgaagtat attttctggt gtttgcctcc atattcagtg tctgtagata agagacatga 3499
 aatgtcccaa gtttcttttg atccatgggt aacctactta atatctgaga gatatactgg 3559
 gggaaaatgg aggtcgccgc aatccttggt cagttgggccc gtggaataca gcatatgcaa 3619
 gtgtttgatt gtgcagcatt ctttattact tggtcgcaat atagatgggc tgagccgaac 3679
 35 agcaaggat tttgattctg cactgctccc gtgtacaaac ttggttctca ataaggcagg 3739
 caggaatgca tctgccagtg gaacagagca acctgcacat ttttatgta tgctgttca 3799
 ttggagggtc tgttcattac atgttcgtct atactagaaa aaacagaata ttagcattaa 3859
 tctatagtta attaaagtat gtaaatgcgc ctgttttttg ttgtgtactg taatcatctg 3919
 agtttggttt gtgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3969

45 <210> 38
 <211> 1086
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

50 <400> 38

55 Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
 1 5 10 15
 Leu Val Val Ile Arg Arg Asp Gly Asp Pro Gly Pro Lys Pro Pro Arg
 20 25 30

60 Glu Gln Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Asp Val Gly Leu
 35 40 45
 Ala Pro Gly Gly Asp Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro
 50 55 60
 Val Cys Arg Asp Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Thr Gln Asn

ES 2 296 405 T3

	65				70				75				80
	Cys	Pro	Gln	Cys	Lys	Thr	Arg	Tyr	Lys	Arg	Leu	Lys	Gln
					85				90				95
5	Val	Thr	Gly	Asp	Glu	Glu	Glu	Asp	Gly	Val	Asp	Asp	Leu
				100					105				110
	Phe	Asn	Trp	Asp	Gly	His	Asp	Ser	Gln	Ser	Val	Ala	Glu
				115					120				125
	Tyr	Gly	His	Met	Ser	Tyr	Gly	Arg	Gly	Gly	Asp	Pro	Asn
				130					135				140
10	Gln	Ala	Phe	Gln	Leu	Asn	Pro	Asn	Val	Pro	Leu	Thr	Asn
				145					150				155
	Met	Val	Asp	Asp	Ile	Pro	Pro	Glu	Gln	His	Ala	Leu	Val
				165					170				175
	Met	Gly	Gly	Gly	Gly	Lys	Arg	Ile	His	Pro	Leu	Pro	Tyr
				180					185				190
15	Ser	Leu	Pro	Val	Gln	Pro	Arg	Ser	Met	Asp	Pro	Ser	Lys
				195					200				205
	Ala	Tyr	Gly	Tyr	Gly	Ser	Val	Ala	Trp	Lys	Glu	Arg	Met
				210					215				220
20	Lys	Gln	Arg	Gln	Glu	Arg	Met	His	Gln	Thr	Gly	Asn	Asp
				225					230				235
	Asp	Asp	Gly	Asp	Asp	Ala	Asp	Leu	Pro	Leu	Met	Asp	Glu
				245					250				255
	Gln	Leu	Ser	Arg	Lys	Ile	Pro	Leu	Pro	Ser	Ser	Gln	Ile
				260					265				270
25	Arg	Met	Ile	Ile	Ile	Ile	Arg	Leu	Val	Val	Leu	Gly	Phe
				275					280				285
	Tyr	Arg	Val	Met	His	Pro	Val	Asn	Asp	Ala	Phe	Ala	Leu
				290					295				300
	Ser	Val	Ile	Cys	Glu	Ile	Trp	Phe	Ala	Met	Ser	Trp	Ile
				305					310				315
30	Phe	Pro	Lys	Trp	Phe	Pro	Ile	Glu	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu
				325					330				335
	Ser	Leu	Arg	Phe	Asp	Lys	Glu	Gly	Gln	Pro	Ser	Gln	Leu
				340					345				350
	Asp	Phe	Phe	Val	Ser	Thr	Val	Asp	Pro	Leu	Lys	Glu	Pro
				355					360				365
35	Thr	Thr	Asn	Thr	Val	Leu	Ser	Ile	Leu	Ser	Val	Asp	Tyr
				370					375				380
	Lys	Val	Ser	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	Ala	Ala	Met
				385					390				395
40	Glu	Ala	Leu	Ser	Glu	Thr	Ser	Glu	Phe	Ala	Lys	Lys	Trp
				405					410				415
	Cys	Lys	Arg	Tyr	Asn	Ile	Glu	Pro	Arg	Ala	Pro	Glu	Trp
				420					425				430
	Gln	Lys	Ile	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Val	Ala	Ala	Asn
				435					440				445
45	Glu	Arg	Arg	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	Glu	Phe	Lys
				450					455				460
	Asn	Ala	Leu	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Val	Pro	Glu	Glu
				465					470				475
	Met	Gln	Asp	Gly	Thr	Pro	Trp	Pro	Gly	Asn	Asn	Val	Arg
				485					490				495
50	Gly	Met	Ile	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	Gln	Ser	Gly	Gly	Leu
				500					505				510
	Gly	Asn	Glu	Leu	Pro	Arg	Leu	Val	Tyr	Val	Ser	Arg	Glu
				515					520				525
	Gly	Tyr	Asn	His	His	Lys	Lys	Ala	Gly	Ala	Met	Asn	Ala
55													Leu
													Val
													Arg

ES 2 296 405 T3

	530		535		540	
	Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Tyr Leu Leu Asn Leu Asp Cys					
	545		550		555	560
	Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile Lys Glu Ala Met Cys Phe					
5		565		570		575
	Met Met Asp Pro Leu Leu Gly Lys Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro					
		580		585		590
	Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn					
		595		600		605
10	Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly					
		610		615		620
	Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr					
		625		630		635
	Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Thr Lys Lys Pro Pro Ser Arg Thr Cys Asn					
		645		650		655
15	Cys Trp Pro Lys Trp Cys Phe Cys Cys Cys Cys Phe Gly Asn Arg Lys					
		660		665		670
	Gln Lys Lys Thr Thr Lys Pro Lys Thr Glu Lys Lys Lys Leu Phe					
		675		680		685
	Phe Lys Lys Glu Glu Asn Gln Ser Pro Ala Tyr Ala Leu Gly Glu Ile					
		690		695		700
20	Asp Glu Ala Ala Pro Gly Ala Glu Asn Glu Lys Ala Gly Ile Val Asn					
		705		710		715
	Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ser Val Phe Val Thr					
		725		730		735
	Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly Thr Leu Lys Ser Ala Ser Pro Ala					
		740		745		750
25	Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp					
		755		760		765
	Lys Thr Asp Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr					
		770		775		780
	Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys His Gly Trp Arg Ser					
		785		790		795
30	Ile Tyr Cys Ile Pro Lys Arg Val Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Leu					
		805		810		815
	Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser					
		820		825		830
35	Ile Glu Ile Phe Phe Ser Asn His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly					
		835		840		845
	Gly Gly Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe Ser Tyr Ile Asn Ser Ile Val					
		850		855		860
	Tyr Pro Trp Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala					
		865		870		875
40	Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Thr Pro Glu Leu Asn Asn Val					
		885		890		895
	Ala Ser Leu Trp Phe Met Ser Leu Phe Ile Cys Ile Phe Ala Thr Ser					
		900		905		910
	Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Asp Asp Trp Trp Arg					
		915		920		925
45	Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ser His Leu Phe Ala					
		930		935		940
	Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Ile Ala Gly Val Asp Thr Ser Phe					
		945		950		955
50	Thr Val Thr Ser Lys Gly Gly Asp Asp Glu Glu Phe Ser Glu Leu Tyr					
		965		970		975
	Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Leu Leu					
		980		985		990
	Leu Asn Phe Ile Gly Val Val Ala Gly Val Ser Asn Ala Ile Asn Asn					
		995		1000		1005
55	Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ala Phe					
		1010		1015		1020
	Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Val Gly Arg					
		1025		1030		1035
	Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val Trp Ser Ile Leu Leu Ala					
		1045		1050		1055
60	Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg Ile Asp Pro Phe Leu Ala Lys					
		1060		1065		1070
	Asp Asp Gly Pro Leu Leu Glu Glu Cys Gly Leu Asp Cys Asn					
		1075		1080		1085

ES 2 296 405 T3

<210> 39
 <211> 25
 <212> ADN
 5 <213> *Zea mays*

 <400> 39

 10 atggaggcga gcgccgggct ggtgg 25

 <210> 40
 <211> 25
 15 <212> ADN
 <213> *Zea mays*

 <400> 40
 20 ctagttgcaa tccaaaccac actcc 25

 <210> 41
 25 <211> 3725
 <212> DNA
 <213> *Zea mays*

 30 <220>
 <221> CDS
 <222> (179)...(3398)
 35 <400> 41

 gcagcagcag caccaccact gcgcggcatt gcagcagca agcgggaggg atctggggca 60
 40 tgggtggcggc cgctgccgct gccgctcgga tctagagggc cgcacgggct gattgccctc 120
 cgccggcctc gtcgggtgtcg gtggagtgtg aatcgggtgtg tgtaggagga gcgcggag 178
 atg gcg gcc aac aag ggg atg gtg gca ggc tct cac aac cgc aac gag 226
 Met Ala Ala Asn Lys Gly Met Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
 1 5 10 15

 45 ttc gtc atg atc cgc cac gac ggc gac gcg cct gtc ccg gct aag ccc 274
 Phe Val Met Ile Arg His Asp Gly Asp Ala Pro Val Pro Ala Lys Pro
 20 25 30

 acg aag agt gcg aat ggg cag gtc tgc cag att tgt ggc gac act gtt 322
 50 Thr Lys Ser Ala Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Thr Val
 35 40 45

 ggc gtt tca gcc act ggt gat gtc ttt gtt gcc tgc aat gag tgt gcc 370
 Gly Val Ser Ala Thr Gly Asp Val Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala
 50 55 60

 55

 60

 65

ES 2 296 405 T3

	ttc cct gtc tgc cgc cct tgc tat gag tac gag cgc aag gaa ggg aac	418
	Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Glu Gly Asn	
	65 70 75 80	
5	caa tgc tgc cct cag tgc aag act aga tac aag aga cag aaa ggt agc	466
	Gln Cys Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Gln Lys Gly Ser	
	85 90 95	
10	cct cga gtt cat ggt gat gat gag gag gaa gat gtt gat gac ctg gac	514
	Pro Arg Val His Gly Asp Asp Glu Glu Glu Asp Val Asp Asp Leu Asp	
	100 105 110	
15	aat gaa ttc aac tat aag caa ggc aat ggg aag ggc cca gag tgg cag	562
	Asn Glu Phe Asn Tyr Lys Gln Gly Asn Gly Lys Gly Pro Glu Trp Gln	
	115 120 125	
20	ctt caa gga gat gac gct gat ctg tct tca tct gct cgc cat gac cca	610
	Leu Gln Gly Asp Asp Ala Asp Leu Ser Ser Ser Ala Arg His Asp Pro	
	130 135 140	
25	cac cat cgg att cca cgc ctt aca agt gga caa cag ata tct gga gag	658
	His His Arg Ile Pro Arg Leu Thr Ser Gly Gln Gln Ile Ser Gly Glu	
	145 150 155 160	
30	atc cct gat gca tcc cct gac cgt cat tct atc cgc agt cca aca tcg	706
	Ile Pro Asp Ala Ser Pro Asp Arg His Ser Ile Arg Ser Pro Thr Ser	
	165 170 175	
35	agc tat gtt gat cca agc gtt cca gtt cct gtg agg att gtg gac ccc	754
	Ser Tyr Val Pro Ser Val Pro Val Pro Val Arg Ile Val Asp Pro	
	180 185 190	
40	tcg aag gac ttg aat tcc tat ggg ctt aat agt gtt gac tgg aag gaa	802
	Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly Leu Asn Ser Val Asp Trp Lys Glu	
	195 200 205	
45	aga gtt gag agc tgg agg gtt aaa cag gac aaa aat atg ttg caa gtg	850
	Arg Val Glu Ser Trp Arg Val Lys Gln Asp Lys Asn Met Leu Gln Val	
	210 215 220	
50	act aat aaa tat cca gag gct aga gga gac atg gag ggg act ggc tca	898
	Thr Asn Lys Tyr Pro Glu Ala Arg Gly Asp Met Glu Gly Thr Gly Ser	
	225 230 235 240	
55	aat gga gaa gat atg caa atg gtt gat gat gca cgc cta cct ttg agc	946
	Asn Gly Glu Asp Met Gln Met Val Asp Asp Ala Arg Leu Pro Leu Ser	
	245 250 255	
60	cgc att gtg cca att tcc tca aac cag ctc aac ctt tac cgg ata gta	994
	Arg Ile Val Pro Ile Ser Ser Asn Gln Leu Asn Leu Tyr Arg Ile Val	
	260 265 270	
65	atc att ctc cgt ctt atc atc ctg tgc ttc ttc ttc caa tat cgt atc	1042
	Ile Ile Leu Arg Leu Ile Ile Leu Cys Phe Phe Phe Gln Tyr Arg Ile	
	275 280 285	
70	agt cat cca gtg cgt aat gct tat gga ttg tgg cta gta tct gtt atc	1090

ES 2 296 405 T3

	Ser	His	Pro	Val	Arg	Asn	Ala	Tyr	Gly	Leu	Trp	Leu	Val	Ser	Val	Ile	
	290						295					300					
5	tgt	gag	gtc	tgg	ttt	gcc	ttg	tcc	tgg	ctt	cta	gat	cag	ttc	cca	aaa	1138
	Cys	Glu	Val	Trp	Phe	Ala	Leu	Ser	Trp	Leu	Leu	Asp	Gln	Phe	Pro	Lys	
	305					310				315					320		
	tgg	tat	cca	atc	aac	cgt	gag	aca	tat	ctc	gac	agg	ctt	gca	ttg	agg	1186
10	Trp	Tyr	Pro	Ile	Asn	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg	Leu	Ala	Leu	Arg	
					325					330					335		
	tat	gat	aga	gag	gga	gag	cca	tca	cag	ctg	gct	ccc	att	gat	gtc	ttt	1234
	Tyr	Asp	Arg	Glu	Gly	Glu	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Pro	Ile	Asp	Val	Phe	
				340					345					350			
15	gtc	agt	aca	gtg	gat	cca	ttg	aag	gaa	cct	cca	ctg	atc	aca	gcc	aac	1282
	Val	Ser	Thr	Val	Asp	Pro	Leu	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu	Ile	Thr	Ala	Asn	
			355				360						365				
20	act	gtt	ttg	tcc	att	ctt	gct	gtg	gat	tac	cct	gtt	gac	aaa	gtg	tca	1330
	Thr	Val	Leu	Ser	Ile	Leu	Ala	Val	Asp	Tyr	Pro	Val	Asp	Lys	Val	Ser	
		370				375						380					
	tgc	tat	gtt	tct	gat	gat	ggc	tca	gct	atg	ctg	act	ttt	gag	tct	ctc	1378
25	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	Ser	Ala	Met	Leu	Thr	Phe	Glu	Ser	Leu	
	385					390					395				400		
	tct	gaa	act	gcc	gaa	ttt	gct	aga	aag	tgg	gtt	ccc	ttt	tgt	aag	aag	1426
	Ser	Glu	Thr	Ala	Glu	Phe	Ala	Arg	Lys	Trp	Val	Pro	Phe	Cys	Lys	Lys	
				405					410					415			
30	cac	aat	att	gaa	cca	aga	gct	cca	gaa	ttt	tac	ttt	gct	caa	aaa	ata	1474
	His	Asn	Ile	Glu	Pro	Arg	Ala	Pro	Glu	Phe	Tyr	Phe	Ala	Gln	Lys	Ile	
				420					425					430			
	gat	tac	ctg	aag	gac	aaa	att	caa	cct	tca	ttt	gtt	aag	gaa	aga	cga	1522
35	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Ile	Gln	Pro	Ser	Phe	Val	Lys	Glu	Arg	Arg	
			435					440					445				
	gca	atg	aag	aga	gag	tat	gaa	gaa	ttc	aaa	ata	aga	atc	aat	gcc	ctt	1570
40	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	Glu	Phe	Lys	Ile	Arg	Ile	Asn	Ala	Leu	
		450					455					460					
	gtt	gcc	aaa	gca	cag	aaa	gtg	cct	gaa	gag	ggg	tgg	acc	atg	gct	gat	1618
	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Val	Pro	Glu	Glu	Gly	Trp	Thr	Met	Ala	Asp	
	465					470					475				480		
45	gga	act	gct	tgg	cct	ggg	aat	aac	cct	agg	gac	cat	cct	ggc	atg	att	1666
	Gly	Thr	Ala	Trp	Pro	Gly	Asn	Asn	Pro	Arg	Asp	His	Pro	Gly	Met	Ile	
					485				490					495			
	cag	gtg	ttc	ttg	ggg	cac	agt	ggt	ggg	ctt	gac	act	gat	gga	aat	gaa	1714
50	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	His	Ser	Gly	Gly	Leu	Asp	Thr	Asp	Gly	Asn	Glu	
				500					505					510			
	tta	cca	cgt	ctt	gtc	tat	gtc	tct	cgt	gaa	aag	aga	cca	ggc	ttt	cag	1762
55	Leu	Pro	Arg	Leu	Val	Tyr	Val	Ser	Arg	Glu	Lys	Arg	Pro	Gly	Phe	Gln	
			515					520					525				
60																	
65																	

ES 2 296 405 T3

	cat cac aag aag gct ggt gca atg aat gca ctg att cgt gta tct gct	1810
	His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Ile Arg Val Ser Ala	
	530 535 540	
5	gtg ctg aca aat ggt gcc tat ctt ctc aat gtg gat tgt gac cat tac	1858
	Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp His Tyr	
	545 550 555 560	
10	ttc aat agc agc aaa gct ctt aga gaa gca atg tgc ttc atg atg gat	1906
	Phe Asn Ser Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp	
	565 570 575	
15	cca gct cta gga agg aaa act tgt tat gta caa ttt cca caa aga ttt	1954
	Pro Ala Leu Gly Arg Lys Thr Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe	
	580 585 590	
20	gat ggc att gac ttg cac gat cga tat gct aat agg aac ata gtc ttc	2002
	Asp Gly Ile Asp Leu His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Ile Val Phe	
	595 600 605	
25	ttt gat atc aac atg aaa ggt cta gat ggc att cag ggt cca gtc tat	2050
	Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr	
	610 615 620	
30	gtg gga aca gga tgc tgt ttc aat agg cag gct ttg tat gga tat gat	2098
	Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp	
	625 630 635 640	
35	cct gtt ttg act gaa gct gat ctg gaa cct aac att gtt gtt aag agc	2146
	Pro Val Leu Thr Glu Ala Asp Leu Glu Pro Asn Ile Val Val Lys Ser	
	645 650 655	
40	tgc tgt ggt aga agg aag aga aag aac aag agt tat atg gat agt caa	2194
	Cys Cys Gly Arg Arg Lys Arg Lys Asn Lys Ser Tyr Met Asp Ser Gln	
	660 665 670	
45	agc cgt att atg aag aga aca gaa tct tca gct ccc atc ttt aac atg	2242
	Ser Arg Ile Met Lys Arg Thr Glu Ser Ser Ala Pro Ile Phe Asn Met	
	675 680 685	
50	gaa gac atc gag gag ggt att gaa ggt tat gag gat gaa agg tca gtg	2290
	Glu Asp Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Tyr Glu Asp Glu Arg Ser Val	
	690 695 700	
55	ctt atg tcc cag agg aaa ttg gag aaa cgc ttt ggt cag tct cca atc	2338
	Leu Met Ser Gln Arg Lys Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Pro Ile	
	705 710 715 720	
60	ttc att gca tcc acc ttt atg act caa ggt ggc ata cca cct tca aca	2386
	Phe Ile Ala Ser Thr Phe Met Thr Gln Gly Gly Ile Pro Pro Ser Thr	
	725 730 735	
65	aac cca gct tct cta ctg aag gaa gct atc cat gtt atc agc tgt ggg	2434
	Asn Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly	
	740 745 750	
70	tac gag gac aaa act gaa tgg gga aaa gag att ggc tgg atc tat ggt	2482

ES 2 296 405 T3

	Tyr	Glu	Asp	Lys	Thr	Glu	Trp	Gly	Lys	Glu	Ile	Gly	Trp	Ile	Tyr	Gly	
			755					760					765				
5	tca	ggt	aca	gag	gat	att	ctg	act	ggg	ttt	aaa	atg	cat	gca	aga	ggc	2530
	Ser	Val	Thr	Glu	Asp	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	Lys	Met	His	Ala	Arg	Gly	
			770				775					780					
	tgg	caa	tca	atc	tac	tgc	atg	cca	cca	cga	cct	tgt	ttc	aag	ggg	tct	2578
10	Trp	Gln	Ser	Ile	Tyr	Cys	Met	Pro	Pro	Arg	Pro	Cys	Phe	Lys	Gly	Ser	
			785				790					795				800	
	gca	cca	atc	aat	ctt	tct	gat	cgt	ctt	aat	cag	gtg	ctc	cgt	tgg	gct	2626
	Ala	Pro	Ile	Asn	Leu	Ser	Asp	Arg	Leu	Asn	Gln	Val	Leu	Arg	Trp	Ala	
					805					810					815		
15	ctt	ggg	tca	gtg	gaa	att	ctg	ctt	agc	aga	cat	tgt	cct	ata	tgg	tat	2674
	Leu	Gly	Ser	Val	Glu	Ile	Leu	Leu	Ser	Arg	His	Cys	Pro	Ile	Trp	Tyr	
					820				825						830		
20	ggc	tac	aat	ggg	cga	ttg	aag	ctt	ttg	gag	agg	ctg	gct	tac	att	aac	2722
	Gly	Tyr	Asn	Gly	Arg	Leu	Lys	Leu	Leu	Glu	Arg	Leu	Ala	Tyr	Ile	Asn	
			835					840					845				
	acc	att	ggt	tat	cca	atc	aca	tct	ggt	ccg	ctt	atc	gcc	tat	tgt	gtg	2770
25	Thr	Ile	Val	Tyr	Pro	Ile	Thr	Ser	Val	Pro	Leu	Ile	Ala	Tyr	Cys	Val	
					850			855					860				
	ctt	cct	gct	atc	tgt	ctt	ctt	acc	aat	aaa	ttt	atc	att	cct	gag	att	2818
	Leu	Pro	Ala	Ile	Cys	Leu	Leu	Thr	Asn	Lys	Phe	Ile	Ile	Pro	Glu	Ile	
						865		870			875					880	
30	agt	aat	tat	gct	gga	atg	ttc	ttc	att	ctt	ctt	ttt	gcc	tcc	att	ttc	2866
	Ser	Asn	Tyr	Ala	Gly	Met	Phe	Phe	Ile	Leu	Leu	Phe	Ala	Ser	Ile	Phe	
					885					890					895		
35	gca	act	ggg	ata	ttg	gag	ctc	aga	tgg	agt	ggg	gtt	ggc	att	gaa	gat	2914
	Ala	Thr	Gly	Ile	Leu	Glu	Leu	Arg	Trp	Ser	Gly	Val	Gly	Ile	Glu	Asp	
					900				905						910		
	tgg	tgg	aga	aat	gag	cag	ttt	tgg	gtt	att	ggg	ggc	acc	tct	gcc	cat	2962
40	Trp	Trp	Arg	Asn	Glu	Gln	Phe	Trp	Val	Ile	Gly	Gly	Thr	Ser	Ala	His	
					915			920						925			
	ctc	ttc	gcg	gtg	ttc	cag	ggg	ctg	ctg	aaa	gtg	ttg	gct	ggg	att	gat	3010
	Leu	Phe	Ala	Val	Phe	Gln	Gly	Leu	Leu	Lys	Val	Leu	Ala	Gly	Ile	Asp	
							935					940					
45	acc	aac	ttc	aca	gtt	acc	tca	aag	gca	tct	gat	gag	gat	ggc	gac	ttt	3058
	Thr	Asn	Phe	Thr	Val	Thr	Ser	Lys	Ala	Ser	Asp	Glu	Asp	Gly	Asp	Phe	
						945		950			955					960	
	gct	gag	cta	tat	gtg	ttc	aag	tgg	acc	agt	ttg	ctc	atc	cct	ccg	acc	3106
50	Ala	Glu	Leu	Tyr	Val	Phe	Lys	Trp	Thr	Ser	Leu	Leu	Ile	Pro	Pro	Thr	
						965				970						975	
	act	gtt	ctt	gtc	att	aac	ctg	gtc	gga	atg	gtg	gca	gga	att	tcg	tat	3154
55	Thr	Val	Leu	Val	Ile	Asn	Leu	Val	Gly	Met	Val	Ala	Gly	Ile	Ser	Tyr	
						980				985						990	
60																	
65																	

ES 2 296 405 T3

```

gcc att aac agc ggc tac caa tcc tgg ggt ccg ctc ttt gga aag ctg      3202
Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu
      995              1000              1005

5   ttc ttc tcg atc tgg gtg atc ctc cat ctc tac ccc ttc ctc aag ggt      3250
Phe Phe Ser Ile Trp Val Ile Leu His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly
      1010              1015              1020

10  ctc atg ggc agg cag aac cgc acg cca aca atc gtc atc gtt tgg tcc      3298
Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val Trp Ser
      1025              1030              1035              1040

15  atc ctc ctt gcg tct atc ttc tcc ttg ctg tgg gtg aag atc gat cct      3346
Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Lys Ile Asp Pro
      1045              1050              1055

20  ttc atc tcc ccg aca cag aaa gct gcc gcc ttg ggg caa tgt ggt gtg      3394
Phe Ile Ser Pro Thr Gln Lys Ala Ala Ala Leu Gly Gln Cys Gly Val
      1060              1065              1070

20  aac t gctgatccag attgtgactc ttatctgaag aggctcagcc aaagatctgc      3448
Asn

25  cccctcgtgt aaatacctga gggggctaga tgggaatttt ttgttgtaga tgaggatgga      3508
tctgcatcca agttatgcct ctgtttatta gcttcttcgg tgccgggtgct gctgcagaca      3568
atcatggagc ctttctacct tgctttagt gctggccagc agcgtaaatt gtgaattctg      3628
cattttttta tacgtgggtg ttattgtttt agagtaaatt atcatttgtt tgaggtaact      3688
attcacacga actatatggc aatgctgtta tttaaaa      3725

30  <210> 42
    <211> 1074
    <212> PRT
35  <213> Zea mays

    <400> 42

40  Met Ala Ala Asn Lys Gly Met Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
      1           5           10           15
Phe Val Met Ile Arg His Asp Gly Asp Ala Pro Val Pro Ala Lys Pro
      20           25           30
Thr Lys Ser Ala Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Thr Val
      35           40           45
45  Gly Val Ser Ala Thr Gly Asp Val Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala
      50           55           60
Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Glu Gly Asn
      65           70           75           80
50  Gln Cys Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Gln Lys Gly Ser
      85           90           95
Pro Arg Val His Gly Asp Asp Glu Glu Asp Val Asp Asp Leu Asp
      100          105          110
Asn Glu Phe Asn Tyr Lys Gln Gly Asn Gly Lys Gly Pro Glu Trp Gln
      115          120          125
55  Leu Gln Gly Asp Asp Ala Asp Leu Ser Ser Ser Ala Arg His Asp Pro
      130          135          140
His His Arg Ile Pro Arg Leu Thr Ser Gly Gln Gln Ile Ser Gly Glu
      145          150          155          160
60  Ile Pro Asp Ala Ser Pro Asp Arg His Ser Ile Arg Ser Pro Thr Ser

```

ES 2 296 405 T3

				165				170				175
	Ser	Tyr	Val	Asp	Pro	Ser	Val	Pro	Val	Arg	Ile	Val
				180				185				190
5	Ser	Lys	Asp	Leu	Asn	Ser	Tyr	Gly	Leu	Asn	Ser	Val
				195				200				205
	Arg	Val	Glu	Ser	Trp	Arg	Val	Lys	Gln	Asp	Lys	Asn
				210				215				220
	Thr	Asn	Lys	Tyr	Pro	Glu	Ala	Arg	Gly	Asp	Met	Glu
				225				230				235
10	Asn	Gly	Glu	Asp	Met	Gln	Met	Val	Asp	Asp	Ala	Arg
				245								250
	Arg	Ile	Val	Pro	Ile	Ser	Ser	Asn	Gln	Leu	Asn	Leu
				260								265
	Ile	Ile	Leu	Arg	Leu	Ile	Ile	Leu	Cys	Phe	Phe	Phe
				275				280				285
15	Ser	His	Pro	Val	Arg	Asn	Ala	Tyr	Gly	Leu	Trp	Leu
				290				295				300
	Cys	Glu	Val	Trp	Phe	Ala	Leu	Ser	Trp	Leu	Leu	Asp
				305				310				315
	Trp	Tyr	Pro	Ile	Asn	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg
				325								330
20	Tyr	Asp	Arg	Glu	Gly	Glu	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Pro
				340								345
	Val	Ser	Thr	Val	Asp	Pro	Leu	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu
				355				360				365
25	Thr	Val	Leu	Ser	Ile	Leu	Ala	Val	Asp	Tyr	Pro	Val
				370				375				380
	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	Ser	Ala	Met	Leu	Thr
				385				390				395
	Ser	Glu	Thr	Ala	Glu	Phe	Ala	Arg	Lys	Trp	Val	Pro
				405								410
30	His	Asn	Ile	Glu	Pro	Arg	Ala	Pro	Glu	Phe	Tyr	Phe
				420								425
	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Ile	Gln	Pro	Ser	Phe	Val
				435				440				445
	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	Glu	Phe	Lys	Ile	Arg
				450				455				460
35	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Val	Pro	Glu	Glu	Gly	Trp
				465				470				475
	Gly	Thr	Ala	Trp	Pro	Gly	Asn	Asn	Pro	Arg	Asp	His
				485								490
	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	His	Ser	Gly	Gly	Leu	Asp	Thr
				500				505				510
40	Leu	Pro	Arg	Leu	Val	Tyr	Val	Ser	Arg	Glu	Lys	Arg
				515				520				525
	His	His	Lys	Lys	Ala	Gly	Ala	Met	Asn	Ala	Leu	Ile
				530				535				540
45	Val	Leu	Thr	Asn	Gly	Ala	Tyr	Leu	Leu	Asn	Val	Asp
				545				550				555
	Phe	Asn	Ser	Ser	Lys	Ala	Leu	Arg	Glu	Ala	Met	Cys
				565								570
	Pro	Ala	Leu	Gly	Arg	Lys	Thr	Cys	Tyr	Val	Gln	Phe
				580				585				590
50	Asp	Gly	Ile	Asp	Leu	His	Asp	Arg	Tyr	Ala	Asn	Arg
				595				600				605
	Phe	Asp	Ile	Asn	Met	Lys	Gly	Leu	Asp	Gly	Ile	Gln
				610				615				620
55	Val	Gly	Thr	Gly	Cys	Cys	Phe	Asn	Arg	Gln	Ala	Leu

ES 2 296 405 T3

625 630 635 640
 Pro Val Leu Thr Glu Ala Asp Leu Glu Pro Asn Ile Val Val Lys Ser
 645 650 655
 Cys Cys Gly Arg Arg Lys Arg Lys Asn Lys Ser Tyr Met Asp Ser Gln
 660 665 670
 Ser Arg Ile Met Lys Arg Thr Glu Ser Ser Ala Pro Ile Phe Asn Met
 675 680 685
 Glu Asp Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Tyr Glu Asp Glu Arg Ser Val
 690 695 700
 Leu Met Ser Gln Arg Lys Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Pro Ile
 705 710 715 720
 Phe Ile Ala Ser Thr Phe Met Thr Gln Gly Gly Ile Pro Pro Ser Thr
 725 730 735
 Asn Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly
 740 745 750
 Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly
 755 760 765
 Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly
 770 775 780
 Trp Gln Ser Ile Tyr Cys Met Pro Pro Arg Pro Cys Phe Lys Gly Ser
 785 790 795 800
 Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala
 805 810 815
 Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Leu Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr
 820 825 830
 Gly Tyr Asn Gly Arg Leu Lys Leu Leu Glu Arg Leu Ala Tyr Ile Asn
 835 840 845
 Thr Ile Val Tyr Pro Ile Thr Ser Val Pro Leu Ile Ala Tyr Cys Val
 850 855 860
 Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Asn Lys Phe Ile Ile Pro Glu Ile
 865 870 875 880
 Ser Asn Tyr Ala Gly Met Phe Phe Ile Leu Leu Phe Ala Ser Ile Phe
 885 890 895
 Ala Thr Gly Ile Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Glu Asp
 900 905 910
 Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Thr Ser Ala His
 915 920 925
 Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp
 930 935 940
 Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp Phe
 945 950 955 960
 Ala Glu Leu Tyr Val Phe Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro Pro Thr
 965 970 975
 Thr Val Leu Val Ile Asn Leu Val Gly Met Val Ala Gly Ile Ser Tyr
 980 985 990
 Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu
 995 1000 1005
 Phe Phe Ser Ile Trp Val Ile Leu His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly
 1010 1015 1020
 Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val Trp Ser
 1025 1030 1035 1040
 Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Lys Ile Asp Pro
 1045 1050 1055
 Phe Ile Ser Pro Thr Gln Lys Ala Ala Ala Leu Gly Gln Cys Gly Val
 1060 1065 1070
 Asn Cys

<210> 43

<211> 25

<212> ADN

<213> *Zea mays*

<400> 43

atggcggcca acaaggggat ggtgg

ES 2 296 405 T3

<210> 44
 <211> 25
 <212> ADN
 5 <213> *Zea mays*

 <400> 44

 10 tcagcagttc acaccacatt gcccc 25

 <210> 45
 <211> 3813
 15 <212> ADN
 <213> *Zea mays*

 <220>
 20 <221> CDS
 <222> (215)...(3494)

 <400> 45
 25

 ccacagctca tataccaaga gccggagcag cttagcgcag cccagagcgg cgccgcgcca 60
 agcacaaacc ccaccgcga cagccgcgtg cgcattgtgag cggtcgcgc ggccgggaga 120
 ccagaggagg ggaggactac gtgcatttcg ctgtgccgcc gccgcgggggt tcgtgcgcga 180
 30 gcgagatccg gcggggcggg gcggggggcc tgag atg gag gct agc gcg ggg ctg 235
 Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu
 1 5

 gtg gcc ggc tcg cat aac cgg aac gag ctg gtg gtg atc cgc cgc gac 283
 35 Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu Leu Val Val Ile Arg Arg Asp
 10 15 20

 cgc gag tcg gga gcc gcg ggc ggc ggc gcg gcg cgc cgg gcg gag gcg 331
 Arg Glu Ser Gly Ala Ala Gly Gly Gly Ala Ala Arg Arg Ala Glu Ala
 25 30 35
 40
 ccg tgc cag ata tgc ggc gac gag gtc ggg gtg ggc ttc gac ggg gag 379
 Pro Cys Gln Ile Cys Gly Asp Glu Val Gly Val Gly Phe Asp Gly Glu
 40 45 50 55
 45
 ccc ttc gtg gcg .tgc aac gag tgc gcc ttc ccc gtc tgc cgc gcc tgc 427
 Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro Val Cys Arg Ala Cys
 60 65 70
 50
 tac gag tac gag cgc cgc gag ggc tcg caa gcg tgc ccg cag tgc agg 475
 Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Ser Gln Ala Cys Pro Gln Cys Arg
 75 80 85
 55
 acc cgc tac aag cgc ctc aag ggc tgc ccg cgg gtg gcc ggc gac gag 523
 Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Cys Pro Arg Val Ala Gly Asp Glu
 90 95 100
 60

 65

ES 2 296 405 T3

	gag gag gac ggc gtc gac gac ctg gag ggc gag ttc ggc ctg cag gac Glu Glu Asp Gly Val Asp Asp Leu Glu Gly Glu Phe Gly Leu Gln Asp 105 110 115	571
5	ggc gcc gcc cac gag gac gac ccg cag tac gtc gcc gag tcc atg ctc Gly Ala Ala His Glu Asp Asp Pro Gln Tyr Val Ala Glu Ser Met Leu 120 125 130 135	619
10	agg gcg cag atg agc tac ggc cgc ggc ggc gac gcg cac ccc ggc ttc Arg Ala Gln Met Ser Tyr Gly Arg Gly Gly Asp Ala His Pro Gly Phe 140 145 150	667
15	agc ccc gtc ccc aac gtg ccg ctc ctc acc aac ggc cag atg gtt gat Ser Pro Val Pro Asn Val Pro Leu Leu Thr Asn Gly Gln Met Val Asp 155 160 165	715
	gac atc ccg ccg gag cag cac gcg ctc gtg ccg tcc tac atg agc ggc Asp Ile Pro Pro Glu Gln His Ala Leu Val Pro Ser Tyr Met Ser Gly 170 175 180	763
20	ggc ggc ggc ggc ggc aag agg atc cac ccg ctc cct ttc gca gat ccc Gly Gly Gly Gly Gly Lys Arg Ile His Pro Leu Pro Phe Ala Asp Pro 185 190 195	811
25	aac ctt cca gtg caa ccg aga tcc atg gac ccg tcc aag gat ctg gcc Asn Leu Pro Val Gln Pro Arg Ser Met Asp Pro Ser Lys Asp Leu Ala 200 205 210 215	859
30	gcc tac gga tat ggc agc gtg gcc tgg aag gag aga atg gag ggc tgg Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys Glu Arg Met Glu Gly Trp 220 225 230	907
	aag cag aag cag gag cgc ctg cag cat gtc agg agc gag ggt ggc ggt Lys Gln Lys Gln Glu Arg Leu Gln His Val Arg Ser Glu Gly Gly Gly 235 240 245	955
35	gat tgg gat ggc gac gat gca gat ctg cca cta atg gat gaa gct agg Asp Trp Asp Gly Asp Asp Ala Asp Leu Pro Leu Met Asp Glu Ala Arg 250 255 260	1003
40	cag cca ttg tcc aga aaa gtc cct ata tca tca agc cga att aat ccc Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile Ser Ser Ser Arg Ile Asn Pro 265 270 275	1051
45	tac agg atg att atc gtt atc cgg ttg gtg gtt ttg ggt ttc ttc ttc Tyr Arg Met Ile Ile Val Ile Arg Leu Val Val Leu Gly Phe Phe Phe 280 285 290 295	1099
	cac tac cga gtg atg cat ccg gcg aaa gat gca ttt gca ttg tgg ctc His Tyr Arg Val Met His Pro Ala Lys Asp Ala Phe Ala Leu Trp Leu 300 305 310	1147
50	ata tct gta atc tgt gaa atc tgg ttt gcg atg tcc tgg att ctt gat Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Met Ser Trp Ile Leu Asp 315 320 325	1195
55	cag ttc cca aag tgg ctt cca atc gag aga gag act tac ctg gac cgt	1243

ES 2 296 405 T3

	Gln	Phe	Pro	Lys	Trp	Leu	Pro	Ile	Glu	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg	
			330					335					340				
5	ttg	tca	cta	agg	ttt	gac	aag	gaa	ggt	caa	ccc	tct	cag	ctt	gct	cca	1291
	Leu	Ser	Leu	Arg	Phe	Asp	Lys	Glu	Gly	Gln	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Pro	
			345				350					355					
10	atc	gac	ttc	ttt	gtc	agt	acg	gtt	gat	ccc	aca	aag	gaa	cct	ccc	ttg	1339
	Ile	Asp	Phe	Phe	Val	Ser	Thr	Val	Asp	Pro	Thr	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu	
	360					365				370						375	
15	gtc	aca	gcg	aac	act	gtc	ctt	tcc	atc	ctt	tct	gtg	gat	tat	ccg	gtt	1387
	Val	Thr	Ala	Asn	Thr	Val	Leu	Ser	Ile	Leu	Ser	Val	Asp	Tyr	Pro	Val	
				380					385						390		
20	gag	aag	gtc	tcc	tgc	tat	gtt	tct	gat	gat	ggt	gct	gca	atg	ctt	acg	1435
	Glu	Lys	Val	Ser	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	Ala	Ala	Met	Leu	Thr	
				395				400					405				
25	ttt	gaa	gca	ttg	tct	gaa	aca	tct	gaa	ttt	gca	aag	aaa	tgg	gtt	cct	1483
	Phe	Glu	Ala	Leu	Ser	Glu	Thr	Ser	Glu	Phe	Ala	Lys	Lys	Trp	Val	Pro	
			410					415					420				
30	ttc	agc	aaa	aag	ttt	aat	atc	gag	cct	cgt	gct	cct	gag	tgg	tac	ttc	1531
	Phe	Ser	Lys	Lys	Phe	Asn	Ile	Glu	Pro	Arg	Ala	Pro	Glu	Trp	Tyr	Phe	
			425			430						435					
35	caa	cag	aag	ata	gac	tac	ctg	aaa	gac	aag	gtt	gct	gct	tca	ttt	gtt	1579
	Gln	Gln	Lys	Ile	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Val	Ala	Ala	Ser	Phe	Val	
	440				445					450						455	
40	agg	gag	agg	agg	gcg	atg	aag	aga	gaa	tac	gag	gaa	ttc	aag	gta	agg	1627
	Arg	Glu	Arg	Arg	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	Glu	Phe	Lys	Val	Arg	
					460				465						470		
45	atc	aat	gcc	ttg	gtt	gca	aaa	gcc	caa	aag	gtt	cct	gag	gaa	gga	tgg	1675
	Ile	Asn	Ala	Leu	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Val	Pro	Glu	Glu	Gly	Trp	
				475				480						485			
50	aca	atg	caa	gat	gga	agc	ccc	tgg	cct	gga	aac	aac	gta	cgc	gat	cat	1723
	Thr	Met	Gln	Asp	Gly	Ser	Pro	Trp	Pro	Gly	Asn	Asn	Val	Arg	Asp	His	
			490					495					500				
55	cct	gga	atg	att	cag	gta	ttc	ctt	ggc	caa	agt	ggc	ggt	cgt	gat	gtg	1771
	Pro	Gly	Met	Ile	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	Gln	Ser	Gly	Gly	Arg	Asp	Val	
			505			510						515					
60	gaa	gga	aat	gag	ttg	cct	cgc	ctg	gtt	tat	gtc	tcg	aga	gaa	aag	agg	1819
	Glu	Gly	Asn	Glu	Leu	Pro	Arg	Leu	Val	Tyr	Val	Ser	Arg	Glu	Lys	Arg	
	520					525					530					535	
65	cca	ggt	tat	aac	cat	cac	aag	aag	gct	ggt	gcc	atg	aat	gca	ctg	gtc	1867
	Pro	Gly	Tyr	Asn	His	His	Lys	Lys	Ala	Gly	Ala	Met	Asn	Ala	Leu	Val	
				540					545					550			
70	cgt	gtc	tct	gct	gtc	tta	tca	aat	gct	gca	tac	cta	ttg	aac	ttg	gac	1915
	Arg	Val	Ser	Ala	Val	Leu	Ser	Asn	Ala	Ala	Tyr	Leu	Leu	Asn	Leu	Asp	
				555				560						565			

ES 2 296 405 T3

	tgt gat cac tac atc aac aat agc aag gcc ata aaa gag gct atg tgt	1963
	Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile Lys Glu Ala Met Cys	
	570 575 580	
5	ttc atg atg gat cct ttg gtg ggg aag aaa gtg tgc tat gta cag ttc	2011
	Phe Met Met Asp Pro Leu Val Gly Lys Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe	
	585 590 595	
10	cct cag agg ttt gat ggt att gac aaa aat gat cga tac gct aac agg	2059
	Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Lys Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg	
	600 605 610 615	
15	aac gtt gtc ttt ttt gac atc aac atg aaa ggt ttg gac ggt att caa	2107
	Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln	
	620 625 630	
	gga ccc att tat gtg ggt act gga tgt gtt ttc aga cgg cag gca ctg	2155
	Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu	
	635 640 645	
20	tat ggt tat gat gct cct aaa acg aag aag cca cca tca aga act tgc	2203
	Tyr Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Thr Lys Lys Pro Pro Ser Arg Thr Cys	
	650 655 660	
25	aac tgc tgg ccc aag tgg tgc ctc tct tgc tgc tgc agc agg aac aag	2251
	Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Leu Ser Cys Cys Ser Arg Asn Lys	
	665 670 675	
30	aat aaa aag aag act aca aaa cca aag acg gag aag aag aaa aga tta	2299
	Asn Lys Lys Lys Thr Thr Lys Pro Lys Thr Glu Lys Lys Lys Arg Leu	
	680 685 690 695	
	ttt ttc aag aaa gca gaa aac cca tct cct gca tat gct ttg ggt gaa	2347
	Phe Phe Lys Lys Ala Glu Asn Pro Ser Pro Ala Tyr Ala Leu Gly Glu	
	700 705 710	
35	att gat gaa ggt gct cca ggt gct gat atc gag aag gcc gga atc gta	2395
	Ile Asp Glu Gly Ala Pro Gly Ala Asp Ile Glu Lys Ala Gly Ile Val	
	715 720 725	
40	aat caa cag aaa cta gag aag aaa ttt ggg cag tct tct gtt ttt gtc	2443
	Asn Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ser Val Phe Val	
	730 735 740	
45	gca tca aca ctt ctt gag aac gga ggg acc ctg aag agc gca agt cca	2491
	Ala Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly Thr Leu Lys Ser Ala Ser Pro	
	745 750 755	
	gct tct ctt ctg aag gaa gct ata cat gtt atc agc tgc ggc tac gaa	2539
	Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu	
	760 765 770 775	
50	gac aag acc gac tgg gga aaa gag att ggc tgg att tac gga tcg atc	2587
	Asp Lys Thr Asp Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Ile	
	780 785 790	
55	aca gag gat atc ttg act gga ttt aag atg cac tgc cat ggc tgg cgg	2635
60		
65		

ES 2 296 405 T3

	Thr	Glu	Asp	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	Lys	Met	His	Cys	His	Gly	Trp	Arg	
				795					800					805			
5	tct	att	tac	tgc	atc	ccg	aag	cgg	cct	gca	ttc	aaa	ggg	tct	gcg	cct	2683
	Ser	Ile	Tyr	Cys	Ile	Pro	Lys	Arg	Pro	Ala	Phe	Lys	Gly	Ser	Ala	Pro	
			810					815					820				
10	ctg	aac	ctt	tcc	gac	cgt	ctt	cac	cag	gtc	ctt	cgc	tgg	gcc	ctt	ggg	2731
	Leu	Asn	Leu	Ser	Asp	Arg	Leu	His	Gln	Val	Leu	Arg	Trp	Ala	Leu	Gly	
		825						830					835				
15	tcc	gtc	gaa	att	ttc	ttc	agc	aag	cac	tgc	cca	ctt	tgg	tac	gga	tac	2779
	Ser	Val	Glu	Ile	Phe	Phe	Ser	Lys	His	Cys	Pro	Leu	Trp	Tyr	Gly	Tyr	
		840				845					850					855	
20	ggc	ggc	ggg	cta	aaa	ttc	ctg	gaa	agg	ttt	tct	tat	atc	aac	tcc	atc	2827
	Gly	Gly	Gly	Leu	Lys	Phe	Leu	Glu	Arg	Phe	Ser	Tyr	Ile	Asn	Ser	Ile	
					860					865					870		
25	gtt	tat	ccc	tgg	acg	tcc	att	cct	ctc	ctg	gct	tac	tgt	acc	ttg	cct	2875
	Val	Tyr	Pro	Trp	Thr	Ser	Ile	Pro	Leu	Ala	Tyr	Cys	Thr	Leu	Pro		
				875					880					885			
30	gcc	atc	tgc	ctg	ctc	acg	ggg	aag	ttt	atc	aca	cca	gag	ctt	acc	aat	2923
	Ala	Ile	Cys	Leu	Leu	Thr	Gly	Lys	Phe	Ile	Thr	Pro	Glu	Leu	Thr	Asn	
			890					895					900				
35	gtc	gcc	agt	atc	tgg	ttc	atg	gca	ctt	ttc	atc	tgc	atc	tcc	gtg	acc	2971
	Val	Ala	Ser	Ile	Trp	Phe	Met	Ala	Leu	Phe	Ile	Cys	Ile	Ser	Val	Thr	
		905					910					915					
40	ggc	atc	ctg	gaa	atg	agg	tgg	agt	ggc	gtg	gcc	atc	gac	gac	tgg	tgg	3019
	Gly	Ile	Leu	Glu	Met	Arg	Trp	Ser	Gly	Val	Ala	Ile	Asp	Asp	Trp	Trp	
		920				925					930					935	
45	agg	aac	gag	cag	ttc	tgg	gtc	atc	gga	ggc	gtt	tcg	gcg	cat	ctg	ttc	3067
	Arg	Asn	Glu	Gln	Phe	Trp	Val	Ile	Gly	Gly	Val	Ser	Ala	His	Leu	Phe	
				940						945					950		
50	gcg	gtg	ttc	cag	ggc	ctg	ctg	aag	gtg	ttc	gcc	ggc	atc	gac	acg	agc	3115
	Ala	Val	Phe	Gln	Gly	Leu	Leu	Lys	Val	Phe	Ala	Gly	Ile	Asp	Thr	Ser	
			955						960					965			
55	ttc	acc	gtg	acg	tcg	aag	gcc	ggg	gac	gac	gag	gag	ttc	tcg	gag	ctg	3163
	Phe	Thr	Val	Thr	Ser	Lys	Ala	Gly	Asp	Asp	Glu	Glu	Phe	Ser	Glu	Leu	
			970					975					980				
60	tac	acg	ttc	aag	tgg	acc	acc	ctg	ctg	ata	ccc	ccg	acc	acg	ctc	ctc	3211
	Tyr	Thr	Phe	Lys	Trp	Thr	Thr	Leu	Leu	Ile	Pro	Pro	Thr	Thr	Leu	Leu	
			985					990					995				
65	ctg	ctg	aac	ttc	atc	ggg	gtg	gtg	gcc	ggg	atc	tcg	aac	gcg	atc	aac	3259
	Leu	Leu	Asn	Phe	Ile	Gly	Val	Val	Ala	Gly	Ile	Ser	Asn	Ala	Ile	Asn	
		1000				1005					1010				1015		
70	aac	ggg	tac	gag	tcg	tgg	ggc	ccc	ctg	ttc	ggg	aag	ctc	ttc	ttc	gcc	3307
	Asn	Gly	Tyr	Glu	Ser	Trp	Gly	Pro	Leu	Phe	Gly	Lys	Leu	Phe	Phe	Ala	
				1020						1025					1030		

ES 2 296 405 T3

ttc tgg gtg atc gtc cac ctg tac ccg ttc ctc aag ggt ctg gtg ggg 3355
 Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Val Gly
 1035 1040 1045
 5 agg cag aac agg acg ccg acg atc gtc atc gtc tgg tcc atc ctg ctg 3403
 Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val Trp Ser Ile Leu Leu
 1050 1055 1060
 gcc tcg atc ttc tcg ctc ctg tgg gtc cgc gtc gac ccg ttc ctc gcc 3451
 10 Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg Val Asp Pro Phe Leu Ala
 1065 1070 1075
 aag agc aac ggc ccg ctc ctg gag gag tgt ggc ctg gac tgc a 3494
 15 Lys Ser Asn Gly Pro Leu Leu Glu Glu Cys Gly Leu Asp Cys
 1080 1085 1090
 actgaagtgg gggccccctg tcactcgaag ttctgtcacg ggccaattac gcctgatttt 3554
 ttgtgtgtgt tgggtgttga attctttgct gtagatagaa accacatgtc caccggcatct 3614
 ctgctgtgtc cattggagca ggagagaggt gcctgctgct gtttgttgag taaattaaaa 3674
 20 gttttaaagt tatacagtga tgcacattcc agtgcccagt gtattccctt tttacagtct 3734
 gtatattagc gacaaaggac atattggtta ggagtttgat tcttttgtaa aaaaaaaaaa 3794
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3813

<210> 46

<211> 1094

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 46

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

ES 2 296 405 T3

Lys Glu Arg Met Glu Gly Trp Lys Gln Lys Gln Glu Arg Leu Gln His
 225 230 235 240
 Val Arg Ser Glu Gly Gly Gly Asp Trp Asp Gly Asp Asp Ala Asp Leu
 245 250 255
 5 Pro Leu Met Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile
 260 265 270
 Ser Ser Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg Met Ile Ile Val Ile Arg Leu
 275 280 285
 10 Val Val Leu Gly Phe Phe Phe His Tyr Arg Val Met His Pro Ala Lys
 290 295 300
 Asp Ala Phe Ala Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe
 305 310 315 320
 Ala Met Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Leu Pro Ile Glu
 325 330 335
 15 Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu Arg Phe Asp Lys Glu Gly
 340 345 350
 Gln Pro Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp
 355 360 365
 Pro Thr Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile
 370 375 380
 20 Leu Ser Val Asp Tyr Pro Val Glu Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp
 385 390 395 400
 Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu
 405 410 415
 Phe Ala Lys Lys Trp Val Pro Phe Ser Lys Lys Phe Asn Ile Glu Pro
 420 425 430
 25 Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Gln Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp
 435 440 445
 Lys Val Ala Ala Ser Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu
 450 455 460
 30 Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln
 465 470 475 480
 Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Ser Pro Trp Pro
 485 490 495
 Gly Asn Asn Val Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly
 500 505 510
 35 Gln Ser Gly Gly Arg Asp Val Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val
 515 520 525
 Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asn His Lys Lys Ala
 530 535 540
 Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Ser Asn Ala
 545 550 555 560
 40 Ala Tyr Leu Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys
 565 570 575
 Ala Ile Lys Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Leu Val Gly Lys
 580 585 590
 45 Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Lys
 595 600 605
 Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met
 610 615 620
 Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys
 625 630 635 640
 50 Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Thr Lys
 645 650 655
 Lys Pro Pro Ser Arg Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Leu Ser
 660 665 670
 Cys Cys Cys Ser Arg Asn Lys Asn Lys Lys Lys Thr Thr Lys Pro Lys
 675 680 685

ES 2 296 405 T3

	Thr	Glu	Lys	Lys	Lys	Arg	Leu	Phe	Phe	Lys	Lys	Ala	Glu	Asn	Pro	Ser
	690						695					700				
	Pro	Ala	Tyr	Ala	Leu	Gly	Glu	Ile	Asp	Glu	Gly	Ala	Pro	Gly	Ala	Asp
	705					710					715					720
5	Ile	Glu	Lys	Ala	Gly	Ile	Val	Asn	Gln	Gln	Lys	Leu	Glu	Lys	Lys	Phe
					725					730					735	
	Gly	Gln	Ser	Ser	Val	Phe	Val	Ala	Ser	Thr	Leu	Leu	Glu	Asn	Gly	Gly
					740				745					750		
10	Thr	Leu	Lys	Ser	Ala	Ser	Pro	Ala	Ser	Leu	Leu	Lys	Glu	Ala	Ile	His
			755					760					765			
	Val	Ile	Ser	Cys	Gly	Tyr	Glu	Asp	Lys	Thr	Asp	Trp	Gly	Lys	Glu	Ile
			770				775					780				
	Gly	Trp	Ile	Tyr	Gly	Ser	Ile	Thr	Glu	Asp	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	Lys
	785					790					795					800
15	Met	His	Cys	His	Gly	Trp	Arg	Ser	Ile	Tyr	Cys	Ile	Pro	Lys	Arg	Pro
					805					810					815	
	Ala	Phe	Lys	Gly	Ser	Ala	Pro	Leu	Asn	Leu	Ser	Asp	Arg	Leu	His	Gln
					820				825				830			
20	Val	Leu	Arg	Trp	Ala	Leu	Gly	Ser	Val	Glu	Ile	Phe	Phe	Ser	Lys	His
			835				840						845			
	Cys	Pro	Leu	Trp	Tyr	Gly	Tyr	Gly	Gly	Gly	Leu	Lys	Phe	Leu	Glu	Arg
			850				855					860				
	Phe	Ser	Tyr	Ile	Asn	Ser	Ile	Val	Tyr	Pro	Trp	Thr	Ser	Ile	Pro	Leu
	865				870					875						880
25	Leu	Ala	Tyr	Cys	Thr	Leu	Pro	Ala	Ile	Cys	Leu	Leu	Thr	Gly	Lys	Phe
					885					890					895	
	Ile	Thr	Pro	Glu	Leu	Thr	Asn	Val	Ala	Ser	Ile	Trp	Phe	Met	Ala	Leu
				900					905					910		
30	Phe	Ile	Cys	Ile	Ser	Val	Thr	Gly	Ile	Leu	Glu	Met	Arg	Trp	Ser	Gly
			915					920					925			
	Val	Ala	Ile	Asp	Asp	Trp	Trp	Arg	Asn	Glu	Gln	Phe	Trp	Val	Ile	Gly
			930				935					940				
	Gly	Val	Ser	Ala	His	Leu	Phe	Ala	Val	Phe	Gln	Gly	Leu	Leu	Lys	Val
	945				950						955					960
35	Phe	Ala	Gly	Ile	Asp	Thr	Ser	Phe	Thr	Val	Thr	Ser	Lys	Ala	Gly	Asp
					965					970					975	
	Asp	Glu	Glu	Phe	Ser	Glu	Leu	Tyr	Thr	Phe	Lys	Trp	Thr	Thr	Leu	Leu
					980				985					990		
40	Ile	Pro	Pro	Thr	Thr	Leu	Leu	Leu	Leu	Asn	Phe	Ile	Gly	Val	Val	Ala
			995					1000					1005			
	Gly	Ile	Ser	Asn	Ala	Ile	Asn	Asn	Gly	Tyr	Glu	Ser	Trp	Gly	Pro	Leu
			1010				1015					1020				
	Phe	Gly	Lys	Leu	Phe	Phe	Ala	Phe	Trp	Val	Ile	Val	His	Leu	Tyr	Pro
	1025				1030						1035					1040
45	Phe	Leu	Lys	Gly	Leu	Val	Gly	Arg	Gln	Asn	Arg	Thr	Pro	Thr	Ile	Val
					1045					1050					1055	
	Ile	Val	Trp	Ser	Ile	Leu	Leu	Ala	Ser	Ile	Phe	Ser	Leu	Leu	Trp	Val
					1060				1065				1070			
	Arg	Val	Asp	Pro	Phe	Leu	Ala	Lys	Ser	Asn	Gly	Pro	Leu	Leu	Glu	Glu
			1075					1080					1085			
50	Cys	Gly	Leu	Asp	Cys	Asn										
					1090											

55 <210> 47
 <211> 25
 <212> ADN
 <213> *Zea mays*
 60 <400> 47

atggaggcta gcgcggggct ggtgg

65 <210> 48
 <211> 25

ES 2 296 405 T3

<212> DNA

<213> *Zea mays*

5 <400> 48

tcagttgcag tccaggccac actcc

25

10 <210> 49

<211> 3746

<212> DNA

<213> *Zea mays*

15

<220>

<221> CDS

<222> (321)...(3449)

20

<400> 49

25	ctaggatcaa aaccgtctcg ccgctgcaat aatcttttgt caattcttaa tccctcgcgt	60
	cgacagcgac agcggaaacca actcacgttg ccgcggcttc ctccatcggt gcggtgccct	120
	gtccttttct ctcgtccctc ctccccccgt atagttaagc ccgcgccgc tactactact	180
	actagcagca gcagcgtctc cgcagcggga gatgcggtgt tgatccgtgc cccgctcggga	240
	tctcgggact ggtgccggct ctgccaggc cccaggtcc aggccagctc cctcgacgtt	300
	tctcggcgag ctcgcttgcc atg gag ggc gac gcg gac ggc gtg aag tcg ggg	353
30	Met Glu Gly Asp Ala Asp Gly Val Lys Ser Gly	
	1 5 10	
	agg cgc ggt ggc gga cag gtg tgc cag atc tgc ggc gac ggc gtg ggc	401
	Arg Arg Gly Gly Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Gly Val Gly	
	15 20 25	
35	acc acg gcg gag ggg gac gtc ttc gcc gcc tgc gac gtc tgc ggg ttt	449
	Thr Thr Ala Glu Gly Asp Val Phe Ala Ala Cys Asp Val Cys Gly Phe	
	30 35 40	
40	ccg gtg tgc cgc ccc tgc tac gag tac gag cgc aag gac ggc acg cag	497
	Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Thr Gln	
	45 50 55	
	gcg tgc ccc cag tgc aag acc aag tac aag cgc cac aag ggg agc ccg	545
45	Ala Cys Pro Gln Cys Lys Thr Lys Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser Pro	
	60 65 70 75	
	gcg atc cgt ggg gag gaa gga gac gac act gat gcc gat agc gac ttc	593
	Ala Ile Arg Gly Glu Glu Gly Asp Asp Thr Asp Ala Asp Ser Asp Phe	
	80 85 90	
50	aat tac ctt gca tct ggc aat gag gac cag aag cag aag att gcc gac	641
	Asn Tyr Leu Ala Ser Gly Asn Glu Asp Gln Lys Gln Lys Ile Ala Asp	
	95 100 105	
55	aga atg cgc agc tgg cgc atg aac gtt ggg ggc agc ggg gat gtt ggt	689
	Arg Met Arg Ser Trp Arg Met Asn Val Gly Gly Ser Gly Asp Val Gly	

60

65

ES 2 296 405 T3

	110	115	120	
5	cgc ccc aag tat gac agt ggc gag atc ggg ctt acc aag tat gac agt Arg Pro Lys Tyr Asp Ser Gly Glu Ile Gly Leu Thr Lys Tyr Asp Ser 125 130 135	737		
10	ggc gag att cct cgg gga tac atc cca tca gtc act aac agc cag atc Gly Glu Ile Pro Arg Gly Tyr Ile Pro Ser Val Thr Asn Ser Gln Ile 140 145 150 155	785		
15	tca gga gaa atc cct ggt gct tcc cct gac cat cat atg atg tcc cca Ser Gly Glu Ile Pro Gly Ala Ser Pro Asp His His Met Met Ser Pro 160 165 170	833		
20	act ggg aac att ggc aag cgt gct cca ttt ccc tat gtg aac cat tcg Thr Gly Asn Ile Gly Lys Arg Ala Pro Phe Pro Tyr Val Asn His Ser 175 180 185	881		
25	cca aat ccg tca agg gag ttc tct ggt agc att ggg aat gtt gcc tgg Pro Asn Pro Ser Arg Glu Phe Ser Gly Ser Ile Gly Asn Val Ala Trp 190 195 200	929		
30	aaa gag agg gtt gat ggc tgg aaa atg aag cag gac aag ggg acg att Lys Glu Arg Val Asp Gly Trp Lys Met Lys Gln Asp Lys Gly Thr Ile 205 210 215	977		
35	ccc atg acg aat ggc aca agc att gct ccc tct gag ggt cgg ggt gtt Pro Met Thr Asn Gly Thr Ser Ile Ala Pro Ser Glu Gly Arg Gly Val 220 225 230 235	1025		
40	ggg gat att gat gca tca act gat tac aac atg gaa gat gcc tta ttg Gly Asp Ile Asp Ala Ser Thr Asp Tyr Asn Met Glu Asp Ala Leu Leu 240 245 250	1073		
45	aac gac gaa act cga cag cct cta tct agg aaa gtt cca ctt cct tcc Asn Asp Glu Thr Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Leu Pro Ser 255 260 265	1121		
50	tcc agg ata aat cca tac agg atg gtc att gtg ctg cga ttg att gtt Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Val Leu Arg Leu Ile Val 270 275 280	1169		
55	cta agc atc ttc ttg cac tac cgt atc aca aat cct gtg cgc aat gca Leu Ser Ile Phe Leu His Tyr Arg Ile Thr Asn Pro Val Arg Asn Ala 285 290 295	1217		
60	tac cca tta tgg ctt cta tct gtt ata tgt gag atc tgg ttt gct ctt Tyr Pro Leu Trp Leu Leu Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Leu 300 305 310 315	1265		
65	tcg tgg ata ttg gat cag ttc cct aag tgg ttt cca atc aac cgg gag Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Asn Arg Glu 320 325 330	1313		
	acg tac ctt gat agg ctg gca tta agg tat gac cgg gaa ggt gag cca Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala Leu Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro 335 340 345	1361		

ES 2 296 405 T3

	tct cag ttg gct gct gtt gac att ttc gtc agt aca gtc gac cca atg	1409
	Ser Gln Leu Ala Ala Val Asp Ile Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met	
	350 355 360	
5	aag gag cct cct ctt gtc act gcc aat acc gtg cta tcc att ctt gct	1457
	Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala	
	365 370 375	
10	gtg gat tac cct gtg gat aag gtc tct tgc tat gta tct gat gat gga	1505
	Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly	
	380 385 390 395	
15	gct gcg atg ctg aca ttt gat gca cta gct gag act tca gag ttt gct	1553
	Ala Ala Met Leu Thr Phe Asp Ala Leu Ala Glu Thr Ser Glu Phe Ala	
	400 405 410	
20	aga aaa tgg gta cca ttt gtt aag aag tac aac att gaa cct aga gct	1601
	Arg Lys Trp Val Pro Phe Val Lys Lys Tyr Asn Ile Glu Pro Arg Ala	
	415 420 425	
25	cct gaa tgg tac ttc tcc cag aaa att gat tac ttg aag gac aaa gtg	1649
	Pro Glu Trp Tyr Phe Ser Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val	
	430 435 440	
30	cac cct tca ttt gtt aaa gac cgc cgg gcc atg aag aga gaa tat gaa	1697
	His Pro Ser Phe Val Lys Asp Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu	
	445 450 455	
35	gaa ttc aaa gtt agg gta aat ggc ctt gtt gct aag gca cag aaa gtt	1745
	Glu Phe Lys Val Arg Val Asn Gly Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val	
	460 465 470 475	
40	cct gag gaa gga tgg atc atg caa gat ggc aca cca tgg cca gga aac	1793
	Pro Glu Glu Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn	
	480 485 490	
45	aat acc mgg gac cat cct gga atg att cag gtt ttc ctt ggt cac agt	1841
	Asn Thr Xaa Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser	
	495 500 505	
50	ggt ggc ctt gat act gag ggc aat gag cta ccc cgt ttg gtc tat gtt	1889
	Gly Gly Leu Asp Thr Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val	
	510 515 520	
55	tct cgt gaa aag cgt cct gga ttc cag cat cac aag aaa gct ggt gcc	1937
	Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala	
	525 530 535	
60	atg aat gct ctt gtt cgt gtc tca gct gtg ctt acc aat gga caa tac	1985
	Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Gln Tyr	
	540 545 550 555	
65	atg ttg aat ctt gat tgt gat cac tac att aac aac agt aag gct ctc	2033
	Met Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu	
	560 565 570	
70	agg gaa gct atg tgc ttc ctt atg gac cct aac cta gga agg agt gtc	2081
	Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro Asn Leu Gly Arg Ser Val	

ES 2 296 405 T3

	575	580	585	
5	tgc tac gtc cag ttt ccc cag aga ttc gat ggc att gac agg aat gat Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Asn Asp 590 595 600	2129		
10	cga tat gcc aac agg aac acc gtg ttt ttc gat att aac ttg aga ggt Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Leu Arg Gly 605 610 615	2177		
15	ctt gat ggc atc caa gga cca gtt tat gtc gga act ggc tgt gtt ttc Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe 620 625 630 635	2225		
20	aac cga aca gct cta tat ggt tat gag ccc cca att aag cag aag aag Asn Arg Thr Ala Leu Tyr Gly Tyr Glu Pro Ile Lys Gln Lys Lys 640 645 650	2273		
25	ggt ggt ttc ttg tca tca cta tgt ggc ggt agg aag aag gca agc aaa Gly Gly Phe Leu Ser Ser Leu Cys Gly Gly Arg Lys Lys Ala Ser Lys 655 660 665	2321		
30	tca aag aag ggc tcg gac aag aag aag tcg cag aag cat gtg gac agt Ser Lys Lys Gly Ser Asp Lys Lys Lys Ser Gln Lys His Val Asp Ser 670 675 680	2369		
35	tct gtg cca gta ttc aac ctt gaa gat ata gag gag gga gtt gaa ggc Ser Val Pro Val Phe Asn Leu Glu Asp Ile Glu Glu Gly Val Glu Gly 685 690 695	2417		
40	gct gga ttt gac gac gag aaa tca ctt ctt atg tct caa atg agc ctg Ala Gly Phe Asp Asp Glu Lys Ser Leu Leu Met Ser Gln Met Ser Leu 700 705 710 715	2465		
45	gag aag aga ttt ggc cag tcc gca gcg ttt gtt gcc tcc act ctg atg Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Ala Ala Phe Val Ala Ser Thr Leu Met 720 725 730	2513		
50	gag tat ggt ggt gtt cct cag tcc gca act ccg gag tct ctt ctg aaa Glu Tyr Gly Gly Val Pro Gln Ser Ala Thr Pro Glu Ser Leu Leu Lys 735 740 745	2561		
55	gaa gct atc cat gtt ata agc tgt ggc tat gag gac aag act gaa tgg Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp 750 755 760	2609		
60	gga act gag atc ggg tgg atc tac ggt tct gtg aca gaa gac att ctc Gly Thr Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu 765 770 775	2657		
65	acc gga ttc aag atg cac gcg cga ggc tgg cgg tcg atc tac tgc atg Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met 780 785 790 795	2705		
	ccc aag cgg cca gct ttc aag ggg tct gcc ccc atc aat ctt tcg gac Pro Lys Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp 800 805 810	2753		

ES 2 296 405 T3

	cgt ctg aac cag gtg ctc cgg tgg gct ctt ggg tcc gtg gag atc ctc	2801
	Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu	
	815 820 825	
5	ttc agc cgg cac tgc ccc ctg tgg tac ggc tac gga ggg cgg ctc aag	2849
	Phe Ser Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Arg Leu Lys	
	830 835 840	
10	ttc ctg gag aga ttc gcg tac atc aac acc acc atc tac ccg ctc acg	2897
	Phe Leu Glu Arg Phe Ala Tyr Ile Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Leu Thr	
	845 850 855	
15	tcc atc ccg ctt ctc atc tac tgc atc ctg ccc gcc atc tgt ctg ctc	2945
	Ser Ile Pro Leu Leu Ile Tyr Cys Ile Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu	
	860 865 870 875	
	acc gga aag ttc atc att cca gag atc agc aac ttc gcc agc atc tgg	2993
	Thr Gly Lys Phe Ile Ile Pro Glu Ile Ser Asn Phe Ala Ser Ile Trp	
	880 885 890	
20	ttc atc tcc ctc ttc atc tcg atc ttc gcc acg ggc atc ctg gag atg	3041
	Phe Ile Ser Leu Phe Ile Ser Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met	
	895 900 905	
25	agg tgg agc ggg gtg ggc atc gac gag tgg tgg agg aac gag cag ttc	3089
	Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Asp Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe	
	910 915 920	
30	tgg gtg atc ggg ggc atc tcc gcg cac ctc ttc gcc gtg ttc cag ggc	3137
	Trp Val Ile Gly Gly Ile Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly	
	925 930 935	
	ctg ctc aag gtg ctg gcc ggc atc gac acc aac ttc acc gtc acc tcc	3185
	Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser	
	940 945 950 955	
35	aag gcc tcg gac gag gac ggc gac ttc gcg gag ctg tac atg ttc aag	3233
	Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Met Phe Lys	
	960 965 970	
40	tgg acg acg ctc ctg atc ccg ccc acc acc atc ctg atc atc aac ctg	3281
	Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Ile Leu Ile Ile Asn Leu	
	975 980 985	
45	gtc ggc gtc gtc gcc ggc atc tcc tac gcc atc aac agc gga tac cag	3329
	Val Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Tyr Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln	
	990 995 1000	
	tcg tgg ggc ccg ctc ttc ggc aag ctc ttc ttc gcc ttc tgg gtc atc	3377
	Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile	
	1005 1010 1015	
50	gtc cac ctg tac ccg ttc ctc aag ggc ctc atg ggc agg cag aac cgc	3425
	Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg	
	1020 1025 1030 1035	
55	acc ccg acc atc gtc gtc gtc tgg gccatcctgc tggcgctccat cttctccttg	3479
	Thr Pro Thr Ile Val Val Val Trp	
	1040	
60	ctgtgggttc gcatcgaccc cttcaccacc cgcgtcactg gcccggtatc ccagacgtgt	3539
	ggcatcaact gctaggggaag tggaaggttt gtactttgta gaaacggagg aataccacgt	3599
	gccatctgtt gtctgttaag ttatatatat ataagcagca agtggcggtta tttacagcta	3659
	cgtacagacc agtggataatt gtttaccaca aagttttact tgtgttaata tgcattcttt	3719
	tgttgatata aaaaaaaaaa aaaaaaa	3746
65		

ES 2 296 405 T3

<210> 50

<211> 1043

<212> PRT

5 <213> *Zea mays*

<400> 50

10	Met	Glu	Gly	Asp	Ala	Asp	Gly	Val	Lys	Ser	Gly	Arg	Arg	Gly	Gly	Gly
	1				5					10					15	
	Gln	Val	Cys	Gln	Ile	Cys	Gly	Asp	Gly	Val	Gly	Thr	Thr	Ala	Glu	Gly
				20					25					30		
	Asp	Val	Phe	Ala	Ala	Cys	Asp	Val	Cys	Gly	Phe	Pro	Val	Cys	Arg	Pro
15			35					40					45			
	Cys	Tyr	Glu	Tyr	Glu	Arg	Lys	Asp	Gly	Thr	Gln	Ala	Cys	Pro	Gln	Cys
			50				55					60				
	Lys	Thr	Lys	Tyr	Lys	Arg	His	Lys	Gly	Ser	Pro	Ala	Ile	Arg	Gly	Glu
	65					70					75				80	
20	Glu	Gly	Asp	Asp	Thr	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Phe	Asn	Tyr	Leu	Ala	Ser
					85					90					95	
	Gly	Asn	Glu	Asp	Gln	Lys	Gln	Lys	Ile	Ala	Asp	Arg	Met	Arg	Ser	Trp
				100					105					110		
	Arg	Met	Asn	Val	Gly	Gly	Ser	Gly	Asp	Val	Gly	Arg	Pro	Lys	Tyr	Asp
			115					120					125			
25	Ser	Gly	Glu	Ile	Gly	Leu	Thr	Lys	Tyr	Asp	Ser	Gly	Glu	Ile	Pro	Arg
			130				135					140				
	Gly	Tyr	Ile	Pro	Ser	Val	Thr	Asn	Ser	Gln	Ile	Ser	Gly	Glu	Ile	Pro
	145					150					155				160	
	Gly	Ala	Ser	Pro	Asp	His	His	Met	Met	Ser	Pro	Thr	Gly	Asn	Ile	Gly
30					165					170					175	
	Lys	Arg	Ala	Pro	Phe	Pro	Tyr	Val	Asn	His	Ser	Pro	Asn	Pro	Ser	Arg
				180					185					190		
	Glu	Phe	Ser	Gly	Ser	Ile	Gly	Asn	Val	Ala	Trp	Lys	Glu	Arg	Val	Asp
			195					200					205			
35	Gly	Trp	Lys	Met	Lys	Gln	Asp	Lys	Gly	Thr	Ile	Pro	Met	Thr	Asn	Gly
			210				215					220				
	Thr	Ser	Ile	Ala	Pro	Ser	Glu	Gly	Arg	Gly	Val	Gly	Asp	Ile	Asp	Ala
	225					230					235				240	
	Ser	Thr	Asp	Tyr	Asn	Met	Glu	Asp	Ala	Leu	Leu	Asn	Asp	Glu	Thr	Arg
					245				250						255	
40	Gln	Pro	Leu	Ser	Arg	Lys	Val	Pro	Leu	Pro	Ser	Ser	Arg	Ile	Asn	Pro
				260					265					270		
	Tyr	Arg	Met	Val	Ile	Val	Leu	Arg	Leu	Ile	Val	Leu	Ser	Ile	Phe	Leu
			275					280					285			
	His	Tyr	Arg	Ile	Thr	Asn	Pro	Val	Arg	Asn	Ala	Tyr	Pro	Leu	Trp	Leu
45						295						300				
	Leu	Ser	Val	Ile	Cys	Glu	Ile	Trp	Phe	Ala	Leu	Ser	Trp	Ile	Leu	Asp
	305					310					315				320	
	Gln	Phe	Pro	Lys	Trp	Phe	Pro	Ile	Asn	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg
					325					330					335	
50	Leu	Ala	Leu	Arg	Tyr	Asp	Arg	Glu	Gly	Glu	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Ala
				340					345					350		

55

60

65

ES 2 296 405 T3

Val Asp Ile Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met Lys Glu Pro Pro Leu
 355 360 365
 Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val
 370 375 380
 Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr
 385 390 395 400
 Phe Asp Ala Leu Ala Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro
 405 410 415
 Phe Val Lys Lys Tyr Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe
 420 425 430
 Ser Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val His Pro Ser Phe Val
 435 440 445
 Lys Asp Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg
 450 455 460
 Val Asn Gly Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp
 465 470 475 480
 Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Xaa Asp His
 485 490 495
 Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Thr
 500 505 510
 Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg
 515 520 525
 Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val
 530 535 540
 Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Gln Tyr Met Leu Asn Leu Asp
 545 550 555 560
 Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys
 565 570 575
 Phe Leu Met Asp Pro Asn Leu Gly Arg Ser Val Cys Tyr Val Gln Phe
 580 585 590
 Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg
 595 600 605
 Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Leu Arg Gly Leu Asp Gly Ile Gln
 610 615 620
 Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Thr Ala Leu
 625 630 635 640
 Tyr Gly Tyr Glu Pro Pro Ile Lys Gln Lys Lys Gly Gly Phe Leu Ser
 645 650 655
 Ser Leu Cys Gly Glu Arg Lys Lys Ala Ser Lys Ser Lys Lys Gly Ser
 660 665 670
 Asp Lys Lys Lys Ser Gln Lys His Val Asp Ser Ser Val Pro Val Phe
 675 680 685
 Asn Leu Glu Asp Ile Glu Glu Gly Val Glu Gly Ala Gly Phe Asp Asp
 690 695 700
 Glu Lys Ser Leu Leu Met Ser Gln Met Ser Leu Glu Lys Arg Phe Gly
 705 710 715 720
 Gln Ser Ala Ala Phe Val Ala Ser Thr Leu Met Glu Tyr Gly Gly Val
 725 730 735
 Pro Gln Ser Ala Thr Pro Glu Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val
 740 745 750
 Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Thr Glu Ile Gly
 755 760 765
 Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met
 770 775 780
 His Ala Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Lys Arg Pro Ala
 785 790 795 800
 Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val
 805 810 815

ES 2 296 405 T3

5 Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Phe Ser Arg His Cys
 820 825 830
 Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Arg Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe
 835 840 845
 Ala Tyr Ile Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Leu Thr Ser Ile Pro Leu Leu
 850 855 860
 Ile Tyr Cys Ile Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile
 865 870 875 880
 10 Ile Pro Glu Ile Ser Asn Phe Ala Ser Ile Trp Phe Ile Ser Leu Phe
 885 890 895
 Ile Ser Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val
 900 905 910
 Gly Ile Asp Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly
 915 920 925
 15 Ile Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu
 930 935 940
 Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu
 945 950 955 960
 Asp Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Met Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu
 965 970 975
 20 Ile Pro Pro Thr Thr Ile Leu Ile Ile Asn Leu Val Gly Val Val Ala
 980 985 990
 Gly Ile Ser Tyr Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu
 995 1000 1005
 25 Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro
 1010 1015 1020
 Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val
 1025 1030 1035 1040
 Val Val Trp

30 <210> 51
 <211> 25
 <212> ADN
 35 <213> *Zea mays*

<400> 51

40 atggagggcg acgcgacgg cgtga

25

<210> 52
 <211> 25
 45 <212> DNA
 <213> *Zea mays*

<400> 52

50 ctagcagttg atgccacacg tctgg

25

<210> 53
 55 <211> 3753
 <212> ADN
 <213> *Zea mays*

60 <220>
 <221> CDS
 <222> (184) ... (3406)

65

ES 2 296 405 T3

<400> 53

5	cagcagcaga agcactgcgc ggcattgcag cgatecgagcg ggaggaattt ggggcatggt ggtcgccaac gccgctcgga tctagaggcc cgcacgggcc gattggtctc cgcccgctc gtcgggtgtg gtgctggtgg cgtgtggagc cgtctcgggtg ggagcagcgg ggagggagcgg gag atg gcg gcc aac aag ggg atg gtg gcg ggc tcg cac aac cgc aac Met Ala Ala Asn Lys Gly Met Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn 1 5 10 15	60 120 180 228
10	gag ttc gtc atg atc cgc cac gac ggc gat gtg ccg ggc tcg gct aag Glu Phe Val Met Ile Arg His Asp Gly Asp Val Pro Gly Ser Ala Lys 20 25 30	276
15	ccc aca aag agt gcg aat gga cag gtc tgc cag att tgc ggt gac tct Pro Thr Lys Ser Ala Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Ser 35 40 45	324
20	gtg ggt gtt tca gcc act ggt gat gtc ttt gtt gcc tgc aat gag tgt Val Gly Val Ser Ala Thr Gly Asp Val Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys 50 55 60	372
25	gcc ttc cct gtc tgc cgc cca tgc tat gag tat gag cgc aag gag ggg Ala Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Glu Gly 65 70 75	420
30	aac caa tgc tgc ccc cag tgc aag act aga tac aag aga cag aaa ggt Asn Gln Cys Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Gln Lys Gly 80 85 90 95	468
35	agc cct cga gtt cat ggt gat gag gat gag gaa gat gtt gat gac cta Ser Pro Arg Val His Gly Asp Glu Asp Glu Glu Asp Val Asp Asp Leu 100 105 110	516
40	gac aat gaa ttc aac tac aag caa ggc agt ggg aaa ggc cca gag tgg Asp Asn Glu Phe Asn Tyr Lys Gln Gly Ser Gly Lys Gly Pro Glu Trp 115 120 125	564
45	caa ctg caa gga gat gat gct gat ctg tct tca tct gct cgc cat gag Gln Leu Gln Gly Asp Asp Ala Asp Leu Ser Ser Ser Ala Arg His Glu 130 135 140	612
50	cca cat cat cgg att cca cgc ctg aca agc ggt caa cag ata tct gga Pro His His Arg Ile Pro Arg Leu Thr Ser Gly Gln Gln Ile Ser Gly 145 150 155	660
55	gag att cct gat gct tcc cct gac cgt cat tct atc cgc agt cca aca Glu Ile Pro Asp Ala Ser Pro Asp Arg His Ser Ile Arg Ser Pro Thr 160 165 170 175	708
60	tcg agc tat gtt gat cca agc gtc cca gtt cct gtg agg att gtg gac Ser Ser Tyr Val Asp Pro Ser Val Pro Val Pro Val Arg Ile Val Asp 180 185 190	756
65	ccc tcg aag gac ttg aat tcc tat ggg ctt aat agt gtt gac tgg aag Pro Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly Leu Asn Ser Val Asp Trp Lys 195 200 205	804
	gaa aga gtt gag agc tgg agg gtt aaa cag gac aaa aat atg atg caa Glu Arg Val Glu Ser Trp Arg Val Lys Gln Asp Lys Asn Met Met Gln	852

ES 2 296 405 T3

	210	215	220	
5	gtg act aat aaa tat cca gag gct aga gga gga gac atg gag ggg act Val Thr Asn Lys Tyr Pro Glu Ala Arg Gly Gly Asp Met Glu Gly Thr 225 230 235	900		
10	ggc tca aat gga gaa nat atg caa atg gtt gat gat gca cgg cta cct Gly Ser Asn Gly Glu Xaa Met Gln Met Val Asp Asp Ala Arg Leu Pro 240 245 250 255	948		
15	ttg agc cgt atc gtg cca att tcc tca aac cag ctc aac ctt tac cgg Leu Ser Arg Ile Val Pro Ile Ser Ser Asn Gln Leu Asn Leu Tyr Arg 260 265 270	996		
20	gta gtg atc att ctc cgt ctt atc atc ctg tgc ttc ttc ttc cag tat Val Val Ile Ile Leu Arg Leu Ile Ile Leu Cys Phe Phe Phe Gln Tyr 275 280 285	1044		
25	cgt gtc agt cat cca gtg cgt gat gct tat gga tta tgg cta gta tct Arg Val Ser His Pro Val Arg Asp Ala Tyr Gly Leu Trp Leu Val Ser 290 295 300	1092		
30	gtt atc tgc gag gtc tgg ttt gcc ttg tct tgg ctt cta gat cag ttc Val Ile Cys Glu Val Trp Phe Ala Leu Ser Trp Leu Leu Asp Gln Phe 305 310 315	1140		
35	cca aaa tgg tat cca atc aac cgt gag aca tat ctt gac agg ctt gca Pro Lys Trp Tyr Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala 320 325 330 335	1188		
40	ttg agg tat gat aga gag gga gag cca tca cag ctg gct ccc att gat Leu Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp 340 345 350	1236		
45	gtc ttc gtc agt aca gtg gat cca ttg aag gaa cct cca ctg atc aca Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr 355 360 365	1284		
50	gcc aac act gtt ttg tcc att ctt tct gtg gat tac cct gtt gac aaa Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ser Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys 370 375 380	1332		
55	gtg tca tgc tat gtt tct gat gat ggt tca gct atg ctg act ttt gag Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ser Ala Met Leu Thr Phe Glu 385 390 395	1380		
60	tct ctc tca gaa acc gca gaa ttt gct aga aag tgg gtt ccc ttt tgt Ser Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys 400 405 410 415	1428		
65	aag aag cac aat att gaa cca aga gct cca gaa ttt tac ttt gct caa Lys Lys His Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Ala Gln 420 425 430	1476		
	aaa ata gat tac ctg aag gac aaa att caa cct tca ttt gtt aag gaa Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Ile Gln Pro Ser Phe Val Lys Glu 435 440 445	1524		

ES 2 296 405 T3

	aga cgc gca atg aag agg gag tat gaa gaa ttc aaa gta aga atc aat	1572
	Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn	
	450 455 460	
5	gcc ctt gtt gcc aaa gca cag aaa gtg cct gaa gag ggg tgg acc atg	1620
	Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met	
	465 470 475	
10	gct gat gga act gca tgg cct ggg aat aat cct agg gac cat cct ggc	1668
	Ala Asp Gly Thr Ala Trp Pro Gly Asn Asn Pro Arg Asp His Pro Gly	
	480 485 490 495	
15	atg att cag gtt ttc ttg ggg cac agt ggt ggg ctc gac act gat gga	1716
	Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Thr Asp Gly	
	500 505 510	
	aat gag tta cca cgt ctt gtc tat gtc tct cgt gaa aag aga cca ggc	1764
	Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly	
	515 520 525	
20	ttt cag cat cac aag aag gct ggt gca atg aat gcg ctg att cgt gta	1812
	Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Ile Arg Val	
	530 535 540	
25	tct gct gtg ctg aca aat ggt gcc tat ctt ctc aat gtg gat tgc gac	1860
	Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp	
	545 550 555	
30	cat tac ttc aat agc agc aaa gct ctt aga gaa gca atg tgc ttc atg	1908
	His Tyr Phe Asn Ser Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met	
	560 565 570 575	
	atg gat ccg gct cta gga agg aaa act tgt tat gta caa ttt cca cag	1956
	Met Asp Pro Ala Leu Gly Arg Lys Thr Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln	
	580 585 590	
35	aga ttt gat ggc att gac ttg cac gat cga tat gct aat cgg aac ata	2004
	Arg Phe Asp Gly Ile Asp Leu His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Ile	
	595 600 605	
40	gtt ttc ttt gat atc aac atg aaa ggt ctg gat ggc att cag ggt cca	2052
	Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro	
	610 615 620	
45	gtt tac gtg gga aca gga tgc tgt ttc aat aga cag gct ttg tat gga	2100
	Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly	
	625 630 635	
	tac gat cct gtt ttg act gaa gct gat ctg gag cca aac att gtt att	2148
	Tyr Asp Pro Val Leu Thr Glu Ala Asp Leu Glu Pro Asn Ile Val Ile	
	640 645 650 655	
50	aag agc tgc tgt ggt aga agg aag aaa aag aac aag agt tat atg gat	2196
	Lys Ser Cys Cys Gly Arg Arg Lys Lys Lys Asn Lys Ser Tyr Met Asp	
	660 665 670	
55	agt caa agc cgt att atg aag aga aca gaa tct tca gct ccc atc ttc	2244
	Ser Gln Ser Arg Ile Met Lys Arg Thr Glu Ser Ser Ala Pro Ile Phe	

ES 2 296 405 T3

	675	680	685	
5	aat atg gaa gac atc gaa gag ggt att gaa ggt tac gag gat gaa agg Asn Met Glu Asp Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Tyr Glu Asp Glu Arg 690 695 700	2292		
10	tca gtg ctt atg tcc cag agg aaa ttg gag aaa cgc ttt ggt cag tct Ser Val Leu Met Ser Gln Arg Lys Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser 705 710 715	2340		
15	cct att ttc att gca tcc acc ttt atg aca caa ggt ggc ata cca cct Pro Ile Phe Ile Ala Ser Thr Phe Met Thr Gln Gly Gly Ile Pro Pro 720 725 730 735	2388		
20	tca aca aac cca gct tct cta cta aag gaa gct atc cat gtc atc agt Ser Thr Asn Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser 740 745 750	2436		
25	tgt gga tat gag gac aaa act gaa tgg gga aaa gag att ggc tgg atc Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile 755 760 765	2484		
30	tat ggt tca gta acg gag gat att ctg act ggg ttt aaa atg cat gca Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala 770 775 780	2532		
35	agg ggc tgg caa tca atc tac tgc atg cca cca cga cct tgt ttc aag Arg Gly Trp Gln Ser Ile Tyr Cys Met Pro Pro Arg Pro Cys Phe Lys 785 790 795	2580		
40	ggg tct gca cca atc aat ctt tcc gat cgt ctt aat cag gtg ctc cgt Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg 800 805 810 815	2628		
45	tgg gct ctt ggg tca gtg gaa att ctg ctt agt aga cat tgt cct atc Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Leu Ser Arg His Cys Pro Ile 820 825 830	2676		
50	tgg tat ggt tac aat gga cga ttg aag ctt ttg gag agg ctg gct tac Trp Tyr Gly Tyr Asn Gly Arg Leu Lys Leu Leu Glu Arg Leu Ala Tyr 835 840 845	2724		
55	atc aac act att gta tat cca atc aca tcc att ccg ctt att gcc tat Ile Asn Thr Ile Val Tyr Pro Ile Thr Ser Ile Pro Leu Ile Ala Tyr 850 855 860	2772		
60	tgt gtg ctt ccc gct atc tgc ctc ctt acc aat aaa ttt atc att cct Cys Val Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Asn Lys Phe Ile Ile Pro 865 870 875	2820		
65	gag att agc aat tat gct ggg atg ttc ttc att ctt ctt ttc gcc tcc Glu Ile Ser Asn Tyr Ala Gly Met Phe Phe Ile Leu Leu Phe Ala Ser 880 885 890 895	2868		
	att ttt gcc act ggt ata ttg gag ctt aga tgg agt ggt gtt ggc att Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile 900 905 910	2916		

ES 2 296 405 T3

	gaa gat tgg tgg aga aat gag cag ttt tgg gtt att ggt ggc acc tct	2964
	Glu Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Thr Ser	
	915 920 925	
5	gcc cat ctc ttc gca gtg ttc cag ggt ctg ctg aaa gtg ttg gct ggg	3012
	Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly	
	930 935 940	
10	att gat acc aac ttc aca gtt acc tca aag gca tct gat gag gat ggc	3060
	Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly	
	945 950 955	
15	gac ttt gct gag cta tat gtg ttc aag tgg acc agt ttg ctc att cct	3108
	Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Val Phe Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro	
	960 965 970 975	
20	ccg acc act gtt ctt gtc att aac ctg gtc gga atg gtg gca gga att	3156
	Pro Thr Thr Val Leu Val Ile Asn Leu Val Gly Met Val Ala Gly Ile	
	980 985 990	
25	tct tat gcc att aac agt ggc tac caa tcc tgg ggt ccg ctc ttt gga	3204
	Ser Tyr Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Trp Gly Pro Leu Phe Gly	
	995 1000 1005	
30	aag ctg ttc ttc tcc atc tgg gtg atc ctc cat ctc tac ccc ttc ctc	3252
	Lys Leu Phe Phe Ser Ile Trp Val Ile Leu His Leu Tyr Pro Phe Leu	
	1010 1015 1020	
35	aag ggt ctc atg gga agg cag aac cgc aca cca aca atc gtc att gtc	3300
	Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val	
	1025 1030 1035	
40	tgg tcc atc ctt ctt gca tct atc ttc tcc ttg ctg tgg gtg aag atc	3348
	Trp Ser Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Lys Ile	
	1040 1045 1050 1055	
45	gat cct ttc atc tcc ccg aca cag aaa gct gct gcc ttg ggg caa tgt	3396
	Asp Pro Phe Ile Ser Pro Thr Gln Lys Ala Ala Ala Leu Gly Gln Cys	
	1060 1065 1070	
50	ggc gtc aac t gctgatcgag acagtgactc ttatttgaag aggctcaatc	3446
	Gly Val Asn	
55	aagatctgcc ccctcgtgta aatacctgag gaggctagat gggaattcct tttgtttag	3506
	gtgagggatgg atttgcatct aagttatgcc tctgttcatt agcttcttcc gtgccggtgc	3566
	tgctgaggac taagaatcac ggagccttcc taccttccat gtagcgccag ccagcagcgt	3626
	aagatgtgaa ttttgaagtt ttgttatgcy tgcagtttat tgtttttagag taaattatca	3686
	tttgtttgtg ggaactgttc acacgagctt ataatggcaa tgctgttatt taaaaaaaaa	3746
	aaaaaaaa	3753

50 <210> 54
 <211> 1075
 <212> PRT
 55 <213> *Zea mays*

60

65

ES 2 296 405 T3

<400> 54

	Met	Ala	Ala	Asn	Lys	Gly	Met	Val	Ala	Gly	Ser	His	Asn	Arg	Asn	Glu
	1				5					10					15	
5	Phe	Val	Met	Ile	Arg	His	Asp	Gly	Asp	Val	Pro	Gly	Ser	Ala	Lys	Pro
				20					25					30		
	Thr	Lys	Ser	Ala	Asn	Gly	Gln	Val	Cys	Gln	Ile	Cys	Gly	Asp	Ser	Val
			35					40					45			
	Gly	Val	Ser	Ala	Thr	Gly	Asp	Val	Phe	Val	Ala	Cys	Asn	Glu	Cys	Ala
		50					55					60				
10	Phe	Pro	Val	Cys	Arg	Pro	Cys	Tyr	Glu	Tyr	Glu	Arg	Lys	Glu	Gly	Asn
	65					70					75					80
	Gln	Cys	Cys	Pro	Gln	Cys	Lys	Thr	Arg	Tyr	Lys	Arg	Gln	Lys	Gly	Ser
				85						90					95	
15	Pro	Arg	Val	His	Gly	Asp	Glu	Asp	Glu	Glu	Asp	Val	Asp	Asp	Leu	Asp
				100					105					110		
	Asn	Glu	Phe	Asn	Tyr	Lys	Gln	Gly	Ser	Gly	Lys	Gly	Pro	Glu	Trp	Gln
			115					120					125			
	Leu	Gln	Gly	Asp	Asp	Ala	Asp	Leu	Ser	Ser	Ser	Ala	Arg	His	Glu	Pro
		130					135					140				
20	His	His	Arg	Ile	Pro	Arg	Leu	Thr	Ser	Gly	Gln	Gln	Ile	Ser	Gly	Glu
	145					150					155					160
	Ile	Pro	Asp	Ala	Ser	Pro	Asp	Arg	His	Ser	Ile	Arg	Ser	Pro	Thr	Ser
				165						170					175	
	Ser	Tyr	Val	Asp	Pro	Ser	Val	Pro	Val	Pro	Val	Arg	Ile	Val	Asp	Pro
				180					185					190		
25	Ser	Lys	Asp	Leu	Asn	Ser	Tyr	Gly	Leu	Asn	Ser	Val	Asp	Trp	Lys	Glu
			195					200					205			
	Arg	Val	Glu	Ser	Trp	Arg	Val	Lys	Gln	Asp	Lys	Asn	Met	Met	Gln	Val
		210					215					220				
30	Thr	Asn	Lys	Tyr	Pro	Glu	Ala	Arg	Gly	Gly	Asp	Met	Glu	Gly	Thr	Gly
	225					230					235					240
	Ser	Asn	Gly	Glu	Xaa	Met	Gln	Met	Val	Asp	Asp	Ala	Arg	Leu	Pro	Leu
				245							250				255	
	Ser	Arg	Ile	Val	Pro	Ile	Ser	Ser	Asn	Gln	Leu	Asn	Leu	Tyr	Arg	Val
				260					265					270		
35	Val	Ile	Ile	Leu	Arg	Leu	Ile	Ile	Leu	Cys	Phe	Phe	Phe	Gln	Tyr	Arg
		275						280					285			
	Val	Ser	His	Pro	Val	Arg	Asp	Ala	Tyr	Gly	Leu	Trp	Leu	Val	Ser	Val
		290					295					300				
	Ile	Cys	Glu	Val	Trp	Phe	Ala	Leu	Ser	Trp	Leu	Leu	Asp	Gln	Phe	Pro
	305					310					315					320
40	Lys	Trp	Tyr	Pro	Ile	Asn	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg	Leu	Ala	Leu
				325							330				335	
	Arg	Tyr	Asp	Arg	Glu	Gly	Glu	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Pro	Ile	Asp	Val
			340						345					350		
	Phe	Val	Ser	Thr	Val	Asp	Pro	Leu	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu	Ile	Thr	Ala
		355						360					365			
45	Asn	Thr	Val	Leu	Ser	Ile	Leu	Ser	Val	Asp	Tyr	Pro	Val	Asp	Lys	Val
		370					375					380				
	Ser	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	Ser	Ala	Met	Leu	Thr	Phe	Glu	Ser
	385				390						395					400
50	Leu	Ser	Glu	Thr	Ala	Glu	Phe	Ala	Arg	Lys	Trp	Val	Pro	Phe	Cys	Lys
				405						410				415		
	Lys	His	Asn	Ile	Glu	Pro	Arg	Ala	Pro	Glu	Phe	Tyr	Phe	Ala	Gln	Lys
				420					425					430		
	Ile	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Ile	Gln	Pro	Ser	Phe	Val	Lys	Glu	Arg
		435						440					445			
55	Arg	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	Glu	Phe	Lys	Val	Arg	Ile	Asn	Ala
		450					455					460				
	Leu	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Val	Pro	Glu	Glu	Gly	Trp	Thr	Met	Ala

ES 2 296 405 T3

465 470 475 480
 Asp Gly Thr Ala Trp Pro Gly Asn Asn Pro Arg Asp His Pro Gly Met
 485 490 495
 Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Thr Asp Gly Asn
 500 505 510
 Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe
 515 520 525
 Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Ile Arg Val Ser
 530 535 540
 Ala Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp His
 545 550 555 560
 Tyr Phe Asn Ser Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met
 565 570 575
 Asp Pro Ala Leu Gly Arg Lys Thr Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg
 580 585 590
 Phe Asp Gly Ile Asp Leu His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Ile Val
 595 600 605
 Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val
 610 615 620
 Tyr Val Gly Thr Gly Cys Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr
 625 630 635 640
 Asp Pro Val Leu Thr Glu Ala Asp Leu Glu Pro Asn Ile Val Ile Lys
 645 650 655
 Ser Cys Cys Gly Arg Arg Lys Lys Lys Asn Lys Ser Tyr Met Asp Ser
 660 665 670
 Gln Ser Arg Ile Met Lys Arg Thr Glu Ser Ser Ala Pro Ile Phe Asn
 675 680 685
 Met Glu Asp Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Tyr Glu Asp Glu Arg Ser
 690 695 700
 Val Leu Met Ser Gln Arg Lys Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Pro
 705 710 715 720
 Ile Phe Ile Ala Ser Thr Phe Met Thr Gln Gly Gly Ile Pro Pro Ser
 725 730 735
 Thr Asn Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys
 740 745 750
 Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr
 755 760 765
 Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg
 770 775 780
 Gly Trp Gln Ser Ile Tyr Cys Met Pro Pro Arg Pro Cys Phe Lys Gly
 785 790 795 800
 Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp
 805 810 815
 Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Leu Ser Arg His Cys Pro Ile Trp
 820 825 830
 Tyr Gly Tyr Asn Gly Arg Leu Lys Leu Leu Glu Arg Leu Ala Tyr Ile
 835 840 845
 Asn Thr Ile Val Tyr Pro Ile Thr Ser Ile Pro Leu Ile Ala Tyr Cys
 850 855 860
 Val Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Asn Lys Phe Ile Ile Pro Glu
 865 870 875 880
 Ile Ser Asn Tyr Ala Gly Met Phe Phe Ile Leu Leu Phe Ala Ser Ile
 885 890 895
 Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Glu
 900 905 910
 Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Thr Ser Ala
 915 920 925
 His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile

ES 2 296 405 T3

```

          930          935          940
Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp
945          950          955          960
Phe Ala Glu Leu Tyr Val Phe Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro Pro
5          965          970          975
Thr Thr Val Leu Val Ile Asn Leu Val Gly Met Val Ala Gly Ile Ser
          980          985          990
Tyr Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys
          995          1000          1005
10      Leu Phe Phe Ser Ile Trp Val Ile Leu His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys
          1010          1015          1020
Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val Trp
1025          1030          1035          1040
Ser Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Lys Ile Asp
15          1045          1050          1055
Pro Phe Ile Ser Pro Thr Gln Lys Ala Ala Ala Leu Gly Gln Cys Gly
          1060          1065          1070
Val Asn Cys
20          1075
<210> 55
<211> 25
<212> ADN
25 <213> Zea mays

<400> 55

30      atggcggcca acaaggggat ggtgg
25

<210> 56
<211> 25
35 <212> ADN
<213> Zea mays

<400> 56

40      tcagcagttg acgccacatt gcccc
25

<210> 57
45 <211> 3704
<212> ADN
<213> Zea mays

50 <220>
<221> CDS
<222> (272) ... (3497)

55 <400> 57
gtcgacccac gcttcgggtc ggttcgcgct ccccttttccc ctccccctc cgtegcgcgc 60
tcgagcgagc tccaccactt gctcctgcgc gaggtgaaca ctgggtagg gccactgcca 120
ccgctgggct gcctctgctt ctgcctctcc cgccagcgcg cgagcccggg ggcgattcgg 180
cgccggcacg cgggagggga agccgaggaa tgcggtgagt cggcgggggt ccggcggttg 240
tgaactcgtg gagggctcgg attggtgcgc c atg gac ggc ggc gac gcc acg 292
Met Asp Gly Gly Asp Ala Thr
1 5
65 aat tcg ggg aag cat gtg gcc ggg cag gtg tgc cag atc tgc ggc gac 340
Asn Ser Gly Lys His Val Ala Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp

```

ES 2 296 405 T3

	10	15	20	
5	ggc gtg ggc acc gcg gcg gac ggc gac ctc ttc acc gcc tgc gac gtc Gly Val Gly Thr Ala Ala Asp Gly Asp Leu Phe Thr Ala Cys Asp Val 25 30 35	388		
10	tgc ggc ttc ccc gtg tgc cgc cca tgc tac gag tac gag cgc aag gac Cys Gly Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp 40 45 50 55	436		
15	ggc acc cag gcg tgc ccg cag tgc aag act aag tac aag cgc cac aaa Gly Thr Gln Ala Cys Pro Gln Cys Lys Thr Lys Tyr Lys Arg His Lys 60 65 70	484		
20	ggg agc cca cca gta cac ggt gag gaa aat gag gat gtg gat gct gac Gly Ser Pro Val His Gly Glu Glu Asn Glu Asp Val Asp Ala Asp 75 80 85	532		
25	gat gtg agt gac tac aac tac caa gca tct ggc aac cag gat cag aag Asp Val Ser Asp Tyr Asn Tyr Gln Ala Ser Gly Asn Gln Asp Gln Lys 90 95 100	580		
30	caa aag att gct gag aga atg ctc act tgg cgg aca aac tca cgt ggc Gln Lys Ile Ala Glu Arg Met Leu Thr Trp Arg Thr Asn Ser Arg Gly 105 110 115	628		
35	agt gat att ggc ctg gct aag tat gac agc ggt gaa att ggg cat ggg Ser Asp Ile Gly Leu Ala Lys Tyr Asp Ser Gly Glu Ile Gly His Gly 120 125 130 135	676		
40	aag tat gac agt ggt gag atc cct cgt gga tat atc ccg tca cta act Lys Tyr Asp Ser Gly Glu Ile Pro Arg Gly Tyr Ile Pro Ser Leu Thr 140 145 150	724		
45	cat agc cag atc tca gga gag att cct gga gct tcc cct gat cat atg His Ser Gln Ile Ser Gly Glu Ile Pro Gly Ala Ser Pro Asp His Met 155 160 165	772		
50	atg tct cct gtt ggg aac att ggc agg cgt gga cat caa ttt cct tat Met Ser Pro Val Gly Asn Ile Gly Arg Arg Gly His Gln Phe Pro Tyr 170 175 180	820		
55	gta aat cat tct cca aac cca tcg agg gag ttc tcc ggt agc ctt ggc Val Asn His Ser Pro Asn Pro Ser Arg Glu Phe Ser Gly Ser Leu Gly 185 190 195	868		
60	aat gtt gca tgg aaa gag agg gtg gat gga tgg aaa atg aag gat aaa Asn Val Ala Trp Lys Glu Arg Val Asp Gly Trp Lys Met Lys Asp Lys 200 205 210 215	916		
65	ggt gca att cct atg acc aat gga aca agc att gct cca tca gaa ggg Gly Ala Ile Pro Met Thr Asn Gly Thr Ser Ile Ala Pro Ser Glu Gly 220 225 230	964		
	cgt gga gtt gct gat att gat gct tct act gat tat aac atg gaa gat Arg Gly Val Ala Asp Ile Asp Ala Ser Thr Asp Tyr Asn Met Glu Asp 235 240 245	1012		

ES 2 296 405 T3

	gcc tta ctg aat gat gaa act cgg caa cct cta tct aga aaa gtg cca	1060
	Ala Leu Leu Asn Asp Glu Thr Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro	
	250 255 260	
5	att cct tca tcc aga ata aat ccg tac aga atg gtc att gtg cta cgt	1108
	Ile Pro Ser Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Val Leu Arg	
	265 270 275	
10	ttg gct gtt cta tgc ata ttc ttg cgc tac cgt atc aca cat cct gtg	1156
	Leu Ala Val Leu Cys Ile Phe Leu Arg Tyr Arg Ile Thr His Pro Val	
	280 285 290 295	
15	aac aat gca tat cca ctg tgg ctt tta tcc gtc ata tgt gag atc tgg	1204
	Asn Asn Ala Tyr Pro Leu Trp Leu Leu Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp	
	300 305 310	
	ttt gct ttg tcc tgg att ttg gat cag ttc cca aag tgg tcc cca atc	1252
	Phe Ala Leu Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Ser Pro Ile	
	315 320 325	
20	aac cgt gaa aca tac ctt gat aga ctg gct tta agg tat gac cga gaa	1300
	Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala Leu Arg Tyr Asp Arg Glu	
	330 335 340	
25	ggc gaa cca tct caa tta gct cct gtt gat att ttt gtc agt act gtg	1348
	Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Pro Val Asp Ile Phe Val Ser Thr Val	
	345 350 355	
	gat cca atg aag gag cct cct ctt gtc act gca aat act gtg ctt tcc	1396
	Asp Pro Met Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser	
	360 365 370 375	
30	atc ctt gct gtc gat tat ccg gtt gac aag gta tct tgc tat gtt tcg	1444
	Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser	
	380 385 390	
35	gat gat gga gct gct atg ctg act ttt gat gct ctc tct gaa act tca	1492
	Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Asp Ala Leu Ser Glu Thr Ser	
	395 400 405	
40	gag ttt gct aga aaa tgg gtt ccg ttc tgt aag aag tac aac ata gag	1540
	Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Tyr Asn Ile Glu	
	410 415 420	
45	cct ang gcc ccg gaa tgg tac ttt gct cag aaa att gat tac ttg aaa	1588
	Pro Xaa Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Ala Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys	
	425 430 435	
	gac aaa gtt caa acc tca ttt gtg aaa gaa cgc cgg gcc atg aag aga	1636
	Asp Lys Val Gln Thr Ser Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg	
	440 445 450 455	
50	gaa tat gaa gaa ttc aaa gtt cgt atc aat ggt ctt gta gcc aag gca	1684
	Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Gly Leu Val Ala Lys Ala	
	460 465 470	
55	caa aaa gtt ccc gag gag gga tgg atc atg caa gat ggt aca cct tgg	1732
	Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp	

ES 2 296 405 T3

	475	480	485	
5	cct ggg aac aat act agg gac cat cct gga atg att cag gtt ttc ctg Pro Gly Asn Asn Thr Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu 490 495 500			1780
10	ggt cac agt gga ggg ctt gac gtt gaa ggc aat gaa ctt cct cgt ttg Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Val Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu 505 510 515			1828
15	gtt tat gtg tct cgt gaa aaa cgt cct gga ttc caa cat cac aag aag Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys 520 525 530 535			1876
20	gct ggt gcc atg aat gca ctt gtt cgt gta tca gct gtc ctt act aat Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn 540 545 550			1924
25	ggg caa tac atg ttg aat ctt gat tgt gac cac tac atc aat aat agc Gly Gln Tyr Met Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser 555 560 565			1972
30	aag gct ctt cga gaa gct atg tgc ttc ctt atg gac cca aac cta gga Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro Asn Leu Gly 570 575 580			2020
35	agg aat gtc tgt tat gtc caa ttt cct cag agg ttt gat ggt att gat Arg Asn Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp 585 590 595			2068
40	agg aat gac cga tat gca aac agg aac act gtg ttt ttc gat att aac Arg Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn 600 605 610 615			2116
45	ttg aga ggt ctt gac ggc att caa ggg cca gtt tat gtg gga act ggt Leu Arg Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly 620 625 630			2164
50	tgt gtg ttt aac aga acg gcc tta tat ggt tat gag cct cca gtc aag Cys Val Phe Asn Arg Thr Ala Leu Tyr Gly Tyr Glu Pro Pro Val Lys 635 640 645			2212
55	aaa aaa aag cca ggc ttc ttc tct tcg ctt tgt ggg gga agg aaa aag Lys Lys Lys Pro Gly Phe Phe Ser Ser Leu Cys Gly Gly Arg Lys Lys 650 655 660			2260
60	acg tca aaa tct aag aag agc tcg gaa aag aag aag tca cat aga cac Thr Ser Lys Ser Lys Lys Ser Ser Glu Lys Lys Lys Ser His Arg His 665 670 675			2308
65	gca gac agt tct gta cca gta ttt aat ctc gaa gat ata gag gaa ggg Ala Asp Ser Ser Val Pro Val Phe Asn Leu Glu Asp Ile Glu Glu Gly 680 685 690 695			2356
	att gaa ggt tct cag ttt gat gat gag aaa tcg ctg att atg tct caa Ile Glu Gly Ser Gln Phe Asp Asp Glu Lys Ser Leu Ile Met Ser Gln 700 705 710			2404

ES 2 296 405 T3

	atg agc ttg gag aag aga ttt ggc cag tcc agt gtt ttt gta gcc tct	2452
	Met Ser Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Ser Val Phe Val Ala Ser	
	715 720 725	
5	act ctg atg gaa tat ggt ggt gtt cca caa tct gca act cca gag tct	2500
	Thr Leu Met Glu Tyr Gly Gly Val Pro Gln Ser Ala Thr Pro Glu Ser	
	730 735 740	
10	ctt ctg aaa gaa gct att cat gtc atc agc tgt ggc tat gag gac aaa	2548
	Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys	
	745 750 755	
15	act gac tgg gga act gag att ggg tgg atc tat ggt tct gtt aca gaa	2596
	Thr Asp Trp Gly Thr Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu	
	760 765 770 775	
	gac att ctc acc gga ttc aag atg cat gct cga ggc tgg cga tca atc	2644
	Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly Trp Arg Ser Ile	
	780 785 790	
20	tac tgc atg cct aag cga cca gct ttc aag gga tct gct cct atc aac	2692
	Tyr Cys Met Pro Lys Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn	
	795 800 805	
25	ctt tcg gat cgt ttg aat caa gtg ctt cgg tgg gct ctt ggt tcc att	2740
	Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Ile	
	810 815 820	
30	gaa att ctt ttc agc agg cat tgt ccc ata tgg tat ggc tat gga ggc	2788
	Glu Ile Leu Phe Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly	
	825 830 835	
35	cgg ctt aaa ttc ctg gag aga ttt gct tat atc aac aca aca att tat	2836
	Arg Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe Ala Tyr Ile Asn Thr Thr Ile Tyr	
	840 845 850 855	
40	cca ctc aca tca atc ccg ctc ctc ctg tac tgc ata ttg cca gca gtt	2884
	Pro Leu Thr Ser Ile Pro Leu Leu Leu Cys Ile Leu Pro Ala Val	
	860 865 870	
45	tgt ctt ctc act ggg aag ttc atc atc cca aag att agt aac cta gag	2932
	Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Ile Pro Lys Ile Ser Asn Leu Glu	
	875 880 885	
50	agt gtt tgg ttt ata tcg ctc ttt atc tca atc ttt gcc act ggt atc	2980
	Ser Val Trp Phe Ile Ser Leu Phe Ile Ser Ile Phe Ala Thr Gly Ile	
	890 895 900	
55	ctt gag atg agg tgg agt ggt gtt ggc att gat gaa tgg tgg agg aac	3028
	Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Asp Glu Trp Trp Arg Asn	
	905 910 915	
60	gag cag ttc tgg gtc att ggt ggt att tct gcg cat tta ttt gcc gtc	3076
	Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Ile Ser Ala His Leu Phe Ala Val	
	920 925 930 935	
65	ttc cag ggt ctc ctg aag gtg ctt gct ggt atc gac acg agc ttc act	3124
	Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Ser Phe Thr	

ES 2 296 405 T3

	940	945	950	
5	gtc acc tct aag gcc act gac gaa gaa ggt gat ttt gcc gag ctc tac			3172
	Val Thr Ser Lys Ala Thr Asp Glu Glu Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr			
	955	960	965	
10	atg ttc aag tgg aca acg ctt ctg atc cca cca acc act att ttg atc			3220
	Met Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Ile Leu Ile			
	970	975	980	
15	atc aac ctg gtc ggc gtg gtc gct ggc att tcc tac gca atc aat agc			3268
	Ile Asn Leu Val Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Tyr Ala Ile Asn Ser			
	985	990	995	
20	ggg tac cag tca tgg gga cct ctt ttc ggg aag ctc ttc ttt gcg ttc			3316
	Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ala Phe			
	1000	1005	1010	1015
25	tgg gtg att gtc cac ctg tac ccc ttc ctc aag ggc ctc atg ggg aag			3364
	Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Lys			
	1020	1025	1030	
30	cag aac cgc acg ccg acc att gtc gtt gtc tgg gct atc ctc ctt gcg			3412
	Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Val Val Trp Ala Ile Leu Leu Ala			
	1035	1040	1045	
35	tcg atc ttt tcc ctg atg tgg gtt cgt atc gat cca ttc acc acc cgg			3460
	Ser Ile Phe Ser Leu Met Trp Val Arg Ile Asp Pro Phe Thr Thr Arg			
	1050	1055	1060	
40	gtc act ggc cct gat atc gcg aaa tgt ggc atc aac t gctaggatga			3507
	Val Thr Gly Pro Asp Ile Ala Lys Cys Gly Ile Asn			
	1065	1070	1075	
45	gctgaagata gttaaagagt ggaactagac gcattgtgca tcgtaagtta tcagtgggtg			3567
	gctcttttta tagtatggtta ggaacttggt cgggagacgt taattacata tgctatatgt			3627
	acctccgctg gtctttatcc gtaagttaat atatatactg ctttgagaat taaaaaaaaa			3687
	aaaaaaaggg cgcccg			3704

40 <210> 58
 <211> 1076
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*
 45 <400> 58

50	Met Asp Gly Gly Asp Ala Thr Asn Ser Gly Lys His Val Ala Gly Gln
	1 5 10 15
	Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Gly Val Gly Thr Ala Ala Asp Gly Asp
	20 25 30
	Leu Phe Thr Ala Cys Asp Val Cys Gly Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys
	35 40 45
55	Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Thr Gln Ala Cys Pro Gln Cys Lys
	50 55 60
	Thr Lys Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser Pro Pro Val His Gly Glu Glu
	65 70 75 80
	Asn Glu Asp Val Asp Ala Asp Asp Val Ser Asp Tyr Asn Tyr Gln Ala
60	85 90 95
	Ser Gly Asn Gln Asp Gln Lys Gln Lys Ile Ala Glu Arg Met Leu Thr

65

ES 2 296 405 T3

				100					105					110		
	Trp	Arg	Thr	Asn	Ser	Arg	Gly	Ser	Asp	Ile	Gly	Leu	Ala	Lys	Tyr	Asp
				115					120					125		
5	Ser	Gly	Glu	Ile	Gly	His	Gly	Lys	Tyr	Asp	Ser	Gly	Glu	Ile	Pro	Arg
				130					135					140		
	Gly	Tyr	Ile	Pro	Ser	Leu	Thr	His	Ser	Gln	Ile	Ser	Gly	Glu	Ile	Pro
	145					150						155				160
	Gly	Ala	Ser	Pro	Asp	His	Met	Met	Ser	Pro	Val	Gly	Asn	Ile	Gly	Arg
						165					170					175
10	Arg	Gly	His	Gln	Phe	Pro	Tyr	Val	Asn	His	Ser	Pro	Asn	Pro	Ser	Arg
				180						185					190	
	Glu	Phe	Ser	Gly	Ser	Leu	Gly	Asn	Val	Ala	Trp	Lys	Glu	Arg	Val	Asp
				195					200					205		
	Gly	Trp	Lys	Met	Lys	Asp	Lys	Gly	Ala	Ile	Pro	Met	Thr	Asn	Gly	Thr
				210				215						220		
15	Ser	Ile	Ala	Pro	Ser	Glu	Gly	Arg	Gly	Val	Ala	Asp	Ile	Asp	Ala	Ser
	225					230						235				240
	Thr	Asp	Tyr	Asn	Met	Glu	Asp	Ala	Leu	Leu	Asn	Asp	Glu	Thr	Arg	Gln
						245					250					255
	Pro	Leu	Ser	Arg	Lys	Val	Pro	Ile	Pro	Ser	Ser	Arg	Ile	Asn	Pro	Tyr
				260					265						270	
20	Arg	Met	Val	Ile	Val	Leu	Arg	Leu	Ala	Val	Leu	Cys	Ile	Phe	Leu	Arg
				275					280						285	
	Tyr	Arg	Ile	Thr	His	Pro	Val	Asn	Asn	Ala	Tyr	Pro	Leu	Trp	Leu	Leu
				290				295					300			
	Ser	Val	Ile	Cys	Glu	Ile	Trp	Phe	Ala	Leu	Ser	Trp	Ile	Leu	Asp	Gln
25	305					310						315				320
	Phe	Pro	Lys	Trp	Ser	Pro	Ile	Asn	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asp	Arg	Leu
						325					330					335
	Ala	Leu	Arg	Tyr	Asp	Arg	Glu	Gly	Glu	Pro	Ser	Gln	Leu	Ala	Pro	Val
				340					345						350	
30	Asp	Ile	Phe	Val	Ser	Thr	Val	Asp	Pro	Met	Lys	Glu	Pro	Pro	Leu	Val
				355					360						365	
	Thr	Ala	Asn	Thr	Val	Leu	Ser	Ile	Leu	Ala	Val	Asp	Tyr	Pro	Val	Asp
				370				375					380			
	Lys	Val	Ser	Cys	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Gly	Ala	Ala	Met	Leu	Thr	Phe
	385					390						395				400
35	Asp	Ala	Leu	Ser	Glu	Thr	Ser	Glu	Phe	Ala	Arg	Lys	Trp	Val	Pro	Phe
						405					410					415
	Cys	Lys	Lys	Tyr	Asn	Ile	Glu	Pro	Xaa	Ala	Pro	Glu	Trp	Tyr	Phe	Ala
				420					425							430
	Gln	Lys	Ile	Asp	Tyr	Leu	Lys	Asp	Lys	Val	Gln	Thr	Ser	Phe	Val	Lys
				435					440						445	
40	Glu	Arg	Arg	Ala	Met	Lys	Arg	Glu	Tyr	Glu	Glu	Phe	Lys	Val	Arg	Ile
				450					455					460		
	Asn	Gly	Leu	Val	Ala	Lys	Ala	Gln	Lys	Val	Pro	Glu	Glu	Gly	Trp	Ile
	465					470						475				480
	Met	Gln	Asp	Gly	Thr	Pro	Trp	Pro	Gly	Asn	Asn	Thr	Arg	Asp	His	Pro
45						485					490					495
	Gly	Met	Ile	Gln	Val	Phe	Leu	Gly	His	Ser	Gly	Gly	Leu	Asp	Val	Glu
				500					505						510	
	Gly	Asn	Glu	Leu	Pro	Arg	Leu	Val	Tyr	Val	Ser	Arg	Glu	Lys	Arg	Pro
				515					520						525	
50	Gly	Phe	Gln	His	His	Lys	Lys	Ala	Gly	Ala	Met	Asn	Ala	Leu	Val	Arg
				530					535						540	
	Val	Ser	Ala	Val	Leu	Thr	Asn	Gly	Gln	Tyr	Met	Leu	Asn	Leu	Asp	Cys
	545					550						555				560
	Asp	His	Tyr	Ile	Asn	Asn	Ser	Lys	Ala	Leu	Arg	Glu	Ala	Met	Cys	Phe

ES 2 296 405 T3

				565				570				575				
	Leu	Met	Asp	Pro	Asn	Leu	Gly	Arg	Asn	Val	Cys	Tyr	Val	Gln	Phe	Pro
				580				585						590		
	Gln	Arg	Phe	Asp	Gly	Ile	Asp	Arg	Asn	Asp	Arg	Tyr	Ala	Asn	Arg	Asn
			595				600					605				
5	Thr	Val	Phe	Phe	Asp	Ile	Asn	Leu	Arg	Gly	Leu	Asp	Gly	Ile	Gln	Gly
	610					615					620					
	Pro	Val	Tyr	Val	Gly	Thr	Gly	Cys	Val	Phe	Asn	Arg	Thr	Ala	Leu	Tyr
	625					630					635					640
10	Gly	Tyr	Glu	Pro	Pro	Val	Lys	Lys	Lys	Lys	Pro	Gly	Phe	Phe	Ser	Ser
				645						650					655	
	Leu	Cys	Gly	Gly	Arg	Lys	Lys	Thr	Ser	Lys	Ser	Lys	Lys	Ser	Ser	Glu
			660						665					670		
	Lys	Lys	Lys	Ser	His	Arg	His	Ala	Asp	Ser	Ser	Val	Pro	Val	Phe	Asn
			675				680					685				
15	Leu	Glu	Asp	Ile	Glu	Glu	Gly	Ile	Glu	Gly	Ser	Gln	Phe	Asp	Asp	Glu
	690					695					700					
	Lys	Ser	Leu	Ile	Met	Ser	Gln	Met	Ser	Leu	Glu	Lys	Arg	Phe	Gly	Gln
	705				710						715					720
	Ser	Ser	Val	Phe	Val	Ala	Ser	Thr	Leu	Met	Glu	Tyr	Gly	Gly	Val	Pro
20				725						730				735		
	Gln	Ser	Ala	Thr	Pro	Glu	Ser	Leu	Leu	Lys	Glu	Ala	Ile	His	Val	Ile
			740					745					750			
	Ser	Cys	Gly	Tyr	Glu	Asp	Lys	Thr	Asp	Trp	Gly	Thr	Glu	Ile	Gly	Trp
			755				760					765				
25	Ile	Tyr	Gly	Ser	Val	Thr	Glu	Asp	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	Lys	Met	His
	770					775					780					
	Ala	Arg	Gly	Trp	Arg	Ser	Ile	Tyr	Cys	Met	Pro	Lys	Arg	Pro	Ala	Phe
	785				790						795					800
	Lys	Gly	Ser	Ala	Pro	Ile	Asn	Leu	Ser	Asp	Arg	Leu	Asn	Gln	Val	Leu
				805						810				815		
30	Arg	Trp	Ala	Leu	Gly	Ser	Ile	Glu	Ile	Leu	Phe	Ser	Arg	His	Cys	Pro
			820					825						830		
	Ile	Trp	Tyr	Gly	Tyr	Gly	Gly	Arg	Leu	Lys	Phe	Leu	Glu	Arg	Phe	Ala
			835				840					845				
	Tyr	Ile	Asn	Thr	Thr	Ile	Tyr	Pro	Leu	Thr	Ser	Ile	Pro	Leu	Leu	Leu
35			850				855				860					
	Tyr	Cys	Ile	Leu	Pro	Ala	Val	Cys	Leu	Leu	Thr	Gly	Lys	Phe	Ile	Ile
	865				870						875					880
	Pro	Lys	Ile	Ser	Asn	Leu	Glu	Ser	Val	Trp	Phe	Ile	Ser	Leu	Phe	Ile
				885						890				895		
40	Ser	Ile	Phe	Ala	Thr	Gly	Ile	Leu	Glu	Met	Arg	Trp	Ser	Gly	Val	Gly
			900						905					910		
	Ile	Asp	Glu	Trp	Trp	Arg	Asn	Glu	Gln	Phe	Trp	Val	Ile	Gly	Gly	Ile
			915				920						925			
	Ser	Ala	His	Leu	Phe	Ala	Val	Phe	Gln	Gly	Leu	Leu	Lys	Val	Leu	Ala
			930				935				940					
45	Gly	Ile	Asp	Thr	Ser	Phe	Thr	Val	Thr	Ser	Lys	Ala	Thr	Asp	Glu	Glu
	945				950						955					960
	Gly	Asp	Phe	Ala	Glu	Leu	Tyr	Met	Phe	Lys	Trp	Thr	Thr	Leu	Leu	Ile
				965						970				975		
	Pro	Pro	Thr	Thr	Ile	Leu	Ile	Ile	Asn	Leu	Val	Gly	Val	Val	Ala	Gly
				980					985					990		
50	Ile	Ser	Tyr	Ala	Ile	Asn	Ser	Gly	Tyr	Gln	Ser	Trp	Gly	Pro	Leu	Phe
			995					1000					1005			
	Gly	Lys	Leu	Phe	Phe	Ala	Phe	Trp	Val	Ile	Val	His	Leu	Tyr	Pro	Phe
			1010				1015					1020				
55	Leu	Lys	Gly	Leu	Met	Gly	Lys	Gln	Asn	Arg	Thr	Pro	Thr	Ile	Val	Val
	1025				1030						1035					1040
	Val	Trp	Ala	Ile	Leu	Ala	Ser	Ile	Phe	Ser	Leu	Met	Trp	Val	Arg	
				1045					1050					1055		
	Ile	Asp	Pro	Phe	Thr	Thr	Arg	Val	Thr	Gly	Pro	Asp	Ile	Ala	Lys	Cys
				1060					1065					1070		
60	Gly	Ile	Asn	Cys												
				1075												

<210> 59

<211> 25

65 <212> ADNA

<213> *Zea mays*

ES 2 296 405 T3

<400> 59

atggacggcg gcgacgccac gaatt

25

5

<210> 60

<211> 25

<212> ADNA

10 <213> *Zea mays*

<400> 60

15

ctagcagttg atgccacatt tcgcg

25

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65