



(19) 대한민국특허청(KR)

(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2025년04월18일

(11) 등록번호 10-2797285

(24) 등록일자 2025년04월14일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
G01N 33/564 (2006.01) **A23L 11/30** (2016.01)
A61K 39/35 (2006.01) **C07K 14/415** (2006.01)
G01N 33/68 (2006.01)

(52) CPC특허분류
G01N 33/564 (2013.01)
A23L 11/30 (2025.01)

(21) 출원번호 10-2024-7024646(분할)

(22) 출원일자(국제) 2017년03월03일

심사청구일자 2024년08월19일

(85) 번역문제출일자 2024년07월22일

(65) 공개번호 10-2024-0116585

(43) 공개일자 2024년07월29일

(62) 원출원 특허 10-2022-7041429

원출원일자(국제) 2017년03월03일

심사청구일자 2022년12월23일

(86) 국제출원번호 PCT/JP2017/008593

(87) 국제공개번호 WO 2017/150724

국제공개일자 2017년09월08일

(30) 우선권주장

JP-P-2016-041547 2016년03월03일 일본(JP)

(56) 선행기술조사문헌

Oh Woo Yeon et al, 대한약학회, 춘계총회 및 학술대회 (2015.04.), pp 429.

(뒷면에 계속)

전체 청구항 수 : 총 7 항

(73) 특허권자

호유 가부시킴이이샤

일본 아이치켄 나고야시 히가시구 토쿠가와 1-초
메 501반지

(72) 발명자

마츠나가 카요코

일본국 아이치켄 토요아케시 쿠즈카케초 덴가쿠가
쿠보 1반치노 98 각코호진 후지타가쿠엔 후지타호
켄에이세이다이가쿠나이

야가미 아키코

일본국 아이치켄 토요아케시 쿠즈카케초 덴가쿠가
쿠보 1반치노 98 각코호진 후지타가쿠엔 후지타호
켄에이세이다이가쿠나이

(뒷면에 계속)

(74) 대리인

특허법인원전

심사관 : 이수진

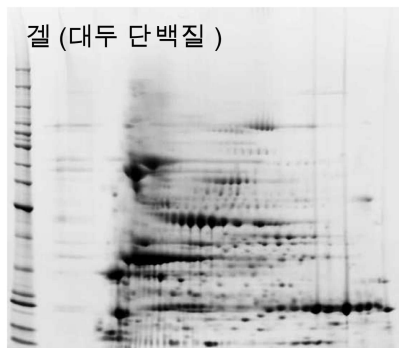
(54) 발명의 명칭 대두 알레르기의 항원

(57) 요약

본 발명은, 대두에 대한 알레르기의 신규한 항원, 대두에 대한 알레르기의 진단 방법 및 진단 키트, 해당 항원을 포함하는 의약 조성물, 해당 항원이 제거된 대두 또는 대두 가공품, 및 대상물에 있어서의 대두 항원의 유무를 판정하기 위한 테스트를 제공한다.

대표도

겔 (대두 단백질)



(52) CPC특허분류

A61K 39/35 (2013.01)
C07K 14/415 (2013.01)
G01N 33/6893 (2013.01)

(72) 발명자

시모조 나오시

일본국 아이치켄 나가쿠테시 로보쿠 1-12 호유 가
 부시키가이샤 소고켄큐쇼나이

나카무라 마사시

일본국 아이치켄 나가쿠테시 로보쿠 1-12 호유 가
 부시키가이샤 소고켄큐쇼나이

사토 나유

일본국 아이치켄 나가쿠테시 로보쿠 1-12 호유 가
 부시키가이샤 소고켄큐쇼나이

(56) 선행기술조사문헌

Friedman M et al, Journal of Agricultural and Food Chemistry (2001.02.17.), vol 49, no 3, pp 1069-1086.

Jiao J et al, Journal of Agricultural and Food Chemistry (1992), vol 40, pp 2333-2336.

Bradon et al, Journal of Agricultural and Food Chemistry (2002.10.23.), vol 50, no 22, pp 6635-6642.

Rakhi Panda et al, Bradon et al, Soybean Allergy: Effect of Genetic Modification, Heat and Enzymatic Treatment on Overall Allergenicity (2012.12.), University of Nebraska, pp 1-219.

John Jaime Riascos et al, North Carolina State University ProQuest Dissertations Publishing (2009), pp 1-209.

JP09136897 A

JP63051335 A

명세서

청구범위

청구항 1

대두 알레르기 진단 키트로서, 이하 (3), (4 a), (7 a), (9 a), (13 a), (14 a), (39 a), (42, 43 a), (53 a) 및 (54 a)의 단백질 중 적어도 하나:

(3) (3A) γ -글루타밀하이드로라아제(Gamma-glutamyl hydrolase) 또는 그 변이체로서, 이하의 (3A-a)~(3A-e) 중 어느 하나의 단백질:

(3A-a) 서열번호 6에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

(3A-b) 서열번호 6으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

(3A-c) 서열번호 5에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

(3A-d) 서열번호 5로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질; 혹은

(3A-e) 서열번호 5로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

(4 a) (4 aA) embryo-specific urease isoform X1 또는 그 변이체로서, 이하의 (4 aA-a)~(4 aA-e) 중 어느 하나의 단백질:

(4 aA-a) 서열번호 155에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

(4 aA-b) 서열번호 155로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

(4 aA-c) 서열번호 154에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

(4 aA-d) 서열번호 154로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질; 혹은

(4 aA-e) 서열번호 154로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

(7 a) (7 aA) methionine synthase 또는 그 변이체로서, 이하의 (7 aA-a)~(7 aA-e) 중 어느 하나의 단백질:

(7 aA-a) 서열번호 174에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

(7 aA-b) 서열번호 174로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

(7 aA-c) 서열번호 173에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

(7 aA-d) 서열번호 173으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질; 혹은

(7 aA-e) 서열번호 173으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질;

(9 a) (9 aA) lysine-tRNA ligase, cytoplasmic-like isoform X2 또는 그 변이체로서, 이하의 (9 aA-a)~(9 a

A-e) 중 어느 하나의 단백질 :

(9 αA-a) 서열번호 201에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(9 αA-b) 서열번호 201로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(9 αA-c) 서열번호 200에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(9 αA-d) 서열번호 200으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(9 αA-e) 서열번호 200으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(13 α) (13 αA1) protein disulfide isomerase-like protein precursor 또는 그 변이체로서, 이하의 (13 αA1-a)~(13 αA1-e) 중 어느 하나의 단백질 :

(13 αA1-a) 서열번호 242에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(13 αA1-b) 서열번호 242로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(13 αA1-c) 서열번호 241에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(13 αA1-d) 서열번호 241로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(13 αA1-e) 서열번호 241로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(13 αA2) protein disulfide-isomerase 또는 그 변이체로서, 이하의 (13 αA2-a)~(13 αA2-e) 중 어느 하나의 단백질 :

(13 αA2-a) 서열번호 254에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(13 αA2-b) 서열번호 254로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(13 αA2-c) 서열번호 253에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(13 αA2-d) 서열번호 253으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(13 αA2-e) 서열번호 253으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(14 α) (14 αA1) V-type proton ATPase subunit B2 또는 그 변이체로서, 이하의 (14 αA1-a)~(14 αA1-e) 중 어느 하나의 단백질 :

(14 αA1-a) 서열번호 280에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(14 αA1-b) 서열번호 280으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(14 αA1-c) 서열번호 279에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(14 aA1-d) 서열번호 279로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(14 aA1-e) 서열번호 279로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(14 aA2) V-type proton ATPase subunit B2 또는 그 변이체로서, 이하의 (14 aA2-a)~(14 aA2-e) 중 어느 하나의 단백질 :

(14 aA2-a) 서열번호 286에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(14 aA2-b) 서열번호 286으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(14 aA2-c) 서열번호 285에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(14 aA2-d) 서열번호 285로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(14 aA2-e) 서열번호 285로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(39 a) (39 aA) ATP synthase subunit O, mitochondrial-like 또는 그 변이체로서, 이하의 (39 aA-a)~(39 aA-e) 중 어느 하나의 단백질 :

(39 aA-a) 서열번호 515에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(39 aA-b) 서열번호 515로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(39 aA-c) 서열번호 514에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(39 aA-d) 서열번호 514로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(39 aA-e) 서열번호 514로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(42, 43 a) (42, 43 aA1) superoxide dismutase [Mn], mitochondrial 또는 그 변이체로서, 이하의 (42, 43 aA1-a)~(42, 43 aA1-e) 중 어느 하나의 단백질 :

(42, 43 aA1-a) 서열번호 525에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(42, 43 aA1-b) 서열번호 525로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(42, 43 aA1-c) 서열번호 524에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(42, 43 aA1-d) 서열번호 524로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(42, 43 aA1-e) 서열번호 524로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(42, 43 aA2) hypothetical protein GLYMA_04G221300 또는 그 변이체로서, 이하의 (42, 43 aA2-a)~(42, 43 aA2-e) 중 어느 하나의 단백질 :

(42, 43 aA2-a) 서열번호 533에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서

열을 포함하는 단백질 ;

(42, 43 aA2-b) 서열번호 533으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(42, 43 aA2-c) 서열번호 532에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(42, 43 aA2-d) 서열번호 532로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(42, 43 aA2-e) 서열번호 532로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(53 a) (53 aA1) triosephosphate isomerase isoform X1 또는 그 변이체로서, 이하의 (53 aA1-a)~(53 aA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;

(53 aA1-a) 서열번호 590에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(53 aA1-b) 서열번호 590으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(53 aA1-c) 서열번호 589에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(53 aA1-d) 서열번호 589로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(53 aA1-e) 서열번호 589로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(53 aA2) triosephosphate isomerase, cytosolic 또는 그 변이체로서, 이하의 (53 aA2-a)~(53 aA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;

(53 aA2-a) 서열번호 599에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(53 aA2-b) 서열번호 599로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(53 aA2-c) 서열번호 598에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(53 aA2-d) 서열번호 598로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(53 aA2-e) 서열번호 598로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(54 a) (54 aA1) superoxide dismutase [Fe], chloroplastic isoform X1 또는 그 변이체로서, 이하의 (54 aA1-a)~(54 aA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;

(54 aA1-a) 서열번호 606에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(54 aA1-b) 서열번호 606으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(53 aA1-c) 서열번호 605에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(54 aA1-d) 서열번호 605로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산

서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(54 aA1-e) 서열번호 605로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(54 aA2) iron-superoxide dismutase 또는 그 변이체로서, 이하의 (54 aA2-a)~(54 aA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;

(54 aA2-a) 서열번호 613에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(54 aA2-b) 서열번호 613으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(54 aA2-c) 서열번호 612에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

(54 aA2-d) 서열번호 612로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

(54 aA2-e) 서열번호 612로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

을 항원으로서 포함하는, 상기 진단 키트.

청구항 2

대두 알레르기의 진단용 조성물로서, 제1항의 (3), (4 a), (7 a), (9 a), (13 a), (14 a), (39 a), (42, 43 a), (53 a) 및 (54 a)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나를 항원으로서 포함하는, 상기 진단용 조성물.

청구항 3

대상의 대두 알레르기를 진단하기 위한 지표를 제공하는 방법으로서, 이하의 공정 :

(i) 대상으로부터 얻어진 시료를 항원에 접촉시키는, 여기서 해당 시료는 Ig항체가 포함되는 용액이다 ;

(ii) 대상으로부터 얻어진 시료 중의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합을 검출하는 ;

(iii) 대상의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합이 검출된 경우, 대상이 대두 알레르기인 것의 지표가 제공되는 ;

을 포함하고, 여기서 해당 항원은, 제1항의 (3), (4 a), (7 a), (9 a), (13 a), (14 a), (39 a), (42, 43 a), (53 a) 및 (54 a)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 방법.

청구항 4

항원이 제거 또는 저감되어 있는 것을 특징으로 하는 대두로서, 해당 항원은 제1항의 (3), (4 a), (7 a), (9 a), (13 a), (14 a), (39 a), (42, 43 a), (53 a) 및 (54 a)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인. 상기 대두.

청구항 5

항원이 제거 또는 저감되어 있는 것을 특징으로 하는 대두 가공품으로서, 해당 항원은 제1항의 (3), (4 a), (7 a), (9 a), (13 a), (14 a), (39 a), (42, 43 a), (53 a) 및 (54 a)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인. 상기 대두 가공품.

청구항 6

제1항의 (3), (4 a), (7 a), (9 a), (13 a), (14 a), (39 a), (42, 43 a), (53 a) 및 (54 a)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나와 결합되는 항체를 포함하는 것을 특징으로 하는, 대상물에 있어서의 대두 항원의 유무를 판정하기 위한 테스트.

청구항 7

대두 유래의 항원으로서, 제1항의 (3), (4a), (7a), (9a), (13a), (14a), (39a), (42, 43a), (53a) 및 (54a)로서 특징되는 단백질 중 적어도 하나이며, 그리고 대두에 대한 알레르기의 원인이 되는, 상기 항원.

청구항 8

삭제

청구항 9

삭제

발명의 설명

기술 분야

- [0001] 본 발명은, 대두에 대한 알레르기의 신규한 항원에 관한 것이다. 본 발명은 또한, 대두에 대한 알레르기의 진단 키트, 진단용 조성물, 및 진단 방법에 관한 것이다. 본 발명은 또한, 해당 항원을 포함하는 의약 조성물, 및 해당 항원이 제거 또는 저감된 대두 또는 대두 가공품에 관한 것이다. 본 발명은 또한, 대상물에 있어서의 대두 항원의 유무를 판정하기 위한 테스트에 관한 것이다.

배경 기술

- [0002] 알레르기 환자의 혈청 및 조직 중에서는, 특정의 항원에 특이적인 IgE 항체가 산생(產生)된다. 이 IgE 항체와 특정의 항원의 상호작용에 의해 발생된 생리학적 결과에 의해 알레르기 반응이 야기된다.
- [0003] 종래의 알레르기 검사약에 있어서는, 단순히 알레르겐 후보의 식품·재료 등을 갈아 으개서 항원 시약을 작성하고 있는 경우가 많다(특허문헌 1). 이와 같이 종래의 항원 시약은, 반드시 알레르기 반응을 일으키는 특정의 항원 단백질(알레르겐 컴퍼넌트(allergen component))을 단독으로 함유하는 것은 아니고, 복수의 단백질 성분을 포함하는 것이다. 따라서, 종래의 항원 시약에 있어서는, 알레르겐 컴퍼넌트 마다 함유량이 상이하였다. 이 때문에, 종래의 항원 시약 중에 포함되는 다수의 단백질 중에서, IgE 항체와의 결합에 관하여 양성 반응이 판정 가능한 역치(threshold value)를 초과하는 함유량의 단백질이 알레르겐 컴퍼넌트이었을 경우에만, 알레르기 검사에 있어서의 양성 반응을 검출하는 것이 가능했다. 반대로, 식품 등의 알레르겐 중의 함유량이 적은 알레르겐 컴퍼넌트에 IgE 항체가 결합되는 환자에 관해서는, 종래의 알레르기 검사약을 사용해도 양성 반응을 판정할 수 없어, 진단 효율은 충분히 높다고는 할 수 없는 상태이었다.
- [0004] 또한, 알레르기 반응의 증상이나 중독도(重篤度)는, 알레르겐 컴퍼넌트의 함유량과는 반드시 상관되지 않는다. 알레르겐 후보의 식품·재료 중에 미량으로 포함되는 알레르겐 컴퍼넌트에 환자의 IgE 항체가 반응하는 경우이라도 알레르기 증상이 나타나거나, 중독도에 관여되거나 하는 경우가 있다.
- [0005] 조항원(粗抗原)을 구성하는 하나 하나의 컴퍼넌트에 대한 IgE 항체를 조사함으로써, 진단에 직결되는 감각(感作)과 범(汎)알레르겐 등에 의한 교차 항원성에 근거하는 감각을 구별하여 진단 효율을 올리는 시도도 진행되고 있다. 대두 알레르겐에 관해서는, 현재, 8개가 세계보건기구/국제면역연합(WHO/IUIS)에 등록되어 있다.
- [0006] 그러나, 알레르기 검사의 신뢰도를 높이기 위해서는, 알레르겐 후보의 식품·재료에 있어서, 알레르겐 컴퍼넌트를 망라적(網羅的)으로 특정할 필요가 있는데, 상기 알레르겐 컴퍼넌트의 측정에 의한 환자 검출률은 아직도 불충분하다. 대두의 신규 알레르겐을 동정(同定)하는 것은, 진단약의 정도(精度)를 높일 뿐만 아니라, 저(低)알레르겐 식품이나 치료약의 타겟으로서도 매우 중요하다.
- [0007] 한편, 단백질의 분리·정제에 관해서는, 종래, 세포 추출물 등에서 단백질이나 핵산을 분리·정제하는 방법이 여러 가지로 검토되어 오고 있다. 염 농도를 이용한 투석, 원심분리 등은 그 일례이라고 할 수 있다.
- [0008] 또한, 단백질이나 핵산의 잔기(殘基)가 갖는 전하나, 분자량의 차이를 이용한 정제 방법도 다수 검토되고 있다. 전하를 이용한 정제 방법으로서, 이온교환 수지를 사용한 컬럼 크로마토그래피나 등전점(等電點) 전기영동을 예시할 수 있다. 분자량의 차를 이용한 정제 방법으로서, 원심분리, 분자량 체(篩)에 의한 컬럼 크로마토그래피나 SDS-PAGE(도데실 황산나트륨-폴리아크릴 아마이드겔 전기영동)를 예시할 수 있다.
- [0009] 최근, 소량의 샘플로부터 다양한 단백질을 분리 정제하는 방법으로서, 1차원체에 등전점 전기영동을 실시하고,

2차원째에 SDS-PAGE를 실시하는 2차원 전기영동법이 사용되고 있다. 출원인들은 지금까지, 분리능이 높은 2차원 전기영동법을 개발해 왔다(특허문헌 2~5).

선행기술문헌

특허문헌

- [0010] (특허문헌 0001) 특허문헌 1 : 일본특허공개 특개 2002-286716
(특허문헌 0002) 특허문헌 2 : 일본특허공개 특개 2011-33544
(특허문헌 0003) 특허문헌 3 : 일본특허공개 특개 2011-33546
(특허문헌 0004) 특허문헌 4 : 일본특허공개 특개 2011-33547
(특허문헌 0005) 특허문헌 5 : 일본특허공개 특개 2011-33548

발명의 내용

해결하려는 과제

- [0011] 본 발명은, 대두에 대한 알레르기의 신규한 항원을 제공한다. 본 발명은 또한, 대두에 대한 알레르기의 진단 방법 및 진단 키트를 제공한다. 본 발명은 또한, 해당 항원을 포함하는 의약 조성물, 및 해당 항원 이 제거 또는 저감된 대두 또는 대두 가공품을 제공한다. 본 발명은 또한, 대상물에 있어서의 대두 항원의 유무를 판정하기 위한 테스트를 제공한다.

과제의 해결 수단

- [0012] 본 발명자들은, 상기 과제를 해결하기 위해서 대두에 대한 알레르기의 원인 항원 특징에 관하여 예의(銳意) 연구를 실시했다. 그 결과, 대두 알레르기를 갖는 환자의 혈청 중의 IgE 항체가 특이적으로 결합되는 신규한 항원을 특정하는 것에 성공했다. 해당 지견(知見)에 근거하여, 본 발명은 완성되었다.
- [0013] 즉, 일 양태(態樣)에 있어서, 본 발명은 이하와 같아도 된다.
- [0014] [1] 대두 알레르기의 진단 키트로서, 이하 (1)~(8)의 단백질 중 적어도 하나 :
- [0015] (1) (1A) 보우만-버크 타입 프로테이나아제 인히비터 D-II(Bowman-Birk type proteinase inhibitor D-II) 또는 그 변이체로서, 이하의 (1A-a)~(1A-e) 중 어느 하나의 단백질 :
- [0016] (1A-a) 서열번호 2에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0017] (1A-b) 서열번호 2로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0018] (1A-c) 서열번호 1에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0019] (1A-d) 서열번호 1로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0020] (1A-e) 서열번호 1로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트(stringent)한 조건 하에서 하이브리다이즈(hybridize) 하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0021] (1B) 서열번호 17~20으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0022] (2) (2A) 리불로오스 비스포스페이트 카복실라아제 라지 체인(Ribulose biphosphate carboxylase large chain) 또는 그 변이체로서, 이하의 (2A-a)~(2A-e) 중 어느 하나의 단백질 :
- [0023] (2A-a) 서열번호 4에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

- [0024] (2A-b) 서열번호 4로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0025] (2A-c) 서열번호 3에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0026] (2A-d) 서열번호 3으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0027] (2A-e) 서열번호 3으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0028] (2B) 서열번호 21~28로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0029] (3) (3A) γ -글루타미라이드로라아제(Gamma-glutamyl hydrolase) 또는 그 변이체로서, 이하의 (3A-a)~(3A-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0030] (3A-a) 서열번호 6에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0031] (3A-b) 서열번호 6으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0032] (3A-c) 서열번호 5에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0033] (3A-d) 서열번호 5로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0034] (3A-e) 서열번호 5로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0035] (3B) 서열번호 29 또는 30으로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0036] (4) (4A) 구아닌 뉴클레오티드 바인딩 프로테인 서브유닛 베타 라이크 프로테인(Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein) 또는 그 변이체로서, 이하의 (4A-a)~(4A-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0037] (4A-a) 서열번호 8에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0038] (4A-b) 서열번호 8로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0039] (4A-c) 서열번호 7에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0040] (4A-d) 서열번호 7로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0041] (4A-e) 서열번호 7로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0042] (4B) 서열번호 31 또는 32로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0043] (5) (5A) 프로테인 SLE3(Protein SLE3) 또는 그 변이체로서, 이하의 (5A-a)~(5A-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0044] (5A-a) 서열번호 10에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0045] (5A-b) 서열번호 10으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0046] (5A-c) 서열번호 9에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0047] (5A-d) 서열번호 9로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0048] (5A-e) 서열번호 9로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건

하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는

- [0049] (5B) 서열번호 33 또는 34로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0050] (6) (6A) 시드 비오틴 콘테이닝 단백질 SBP65(Seed biotin-containing protein SBP65) 또는 그 변이체로서, 이하의 (6A-a)~(6A-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0051] (6A-a) 서열번호 12에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0052] (6A-b) 서열번호 12로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0053] (6A-c) 서열번호 11에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0054] (6A-d) 서열번호 11로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0055] (6A-e) 서열번호 11로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0056] (6B) 서열번호 35~53으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0057] (7) (7A) 페리틴-2(Ferritin-2) 또는 그 변이체로서, 이하의 (7A-a)~(7A-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0058] (7A-a) 서열번호 14에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0059] (7A-b) 서열번호 14로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0060] (7A-c) 서열번호 13에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0061] (7A-d) 서열번호 13으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0062] (7A-e) 서열번호 13으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0063] (7B) 서열번호 54~61로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0064] (8) (8A) 셀 디비전 사이클 단백질 48 호모로그(Cell division cycle protein 48 homolog) 또는 그 변이체로서, 이하의 (8A-a)~(8A-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0065] (8A-a) 서열번호 16에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0066] (8A-b) 서열번호 16으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0067] (8A-c) 서열번호 15에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0068] (8A-d) 서열번호 15로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0069] (8A-e) 서열번호 15로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0070] (8B) 서열번호 62~68로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0071] 을 항원으로서 포함하는, 상기 진단 키트.
- [0072] [2] 대두 알레르기의 진단용 조성물로서, 상기 [1] 에 있어서 (1)~(8)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나를 항원으로서 포함하는, 상기 진단용 조성물.

- [0073] [3] 대상의 대두 알레르기를 진단하기 위한 지표를 제공하는 방법으로서, 이하의 공정 :
- [0074] (i) 대상으로부터 얻어진 시료를 항원에 접촉시키는, 여기서 해당 시료는 Ig항체가 포함되는 용액임 ;
- [0075] (ii) 대상으로부터 얻어진 시료 중의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합을 검출하는 ;
- [0076] (iii) 대상의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합이 검출된 경우, 대상이 대두 알레르기인 것의 지표가 제공되는 ;
- [0077] 을 포함하고, 여기서 해당 항원은, 상기 [1] 에 있어서 (1)~(8)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 방법.
- [0078] [4] 상기 [1] 에 있어서 (1)~(8)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나를 포함하는 의약 조성물.
- [0079] [5] 대두 알레르기를 치료하기 위한 , 상기 [4] 에 기재된 의약 조성물.
- [0080] [6] 항원이 제거 또는 저감되어 있는 것을 특징으로 하는 대두 또는 대두 가공품으로서, 해당 항원은 상기 [1] 에 있어서 (1)~(8)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 대두 또는 대두 가공품.
- [0081] [7] 상기 [1] 에 있어서 (1)~(8)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나와 결합하는 항체를 포함하는 것을 특징으로 하는, 대상물에 있어서의 대두 항원의 유무를 판정하기 위한 테스트.
- [0082] [8] 대두 유래의 항원으로서, 상기 [1] 에 있어서 (1)~(8)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나이며, 그리고 대두에 대한 알레르기의 원인이 되는, 상기 항원.
- [0083] [9] 대두 알레르기의 진단 키트로서, 이하 (1a)~(55a)의 단백질 중 적어도 하나 :
- [0084] (1a) (1aA1) endoplasmin homolog isoform X2 또는 그 변이체로서, 이하의 (1aA1-a)~(1aA1-e) 중 어느 하나의 단백질 :
- [0085] (1aA1-a) 서열번호 70에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0086] (1aA1-b) 서열번호 70으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0087] (1aA1-c) 서열번호 69에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0088] (1aA1-d) 서열번호 69로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0089] (1aA1-e) 서열번호 69로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0090] (1aB1) 서열번호 71~87로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0091] (1aA2) endoplasmin homolog isoform X2 또는 그 변이체로서, 이하의 (1aA2-a)~(1aA2-e) 중 어느 하나의 단백질 :
- [0092] (1aA2-a) 서열번호 89에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0093] (1aA2-b) 서열번호 89로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0094] (1aA2-c) 서열번호 88에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0095] (1aA2-d) 서열번호 88로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0096] (aA2-e) 서열번호 88로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0097] (1aB2) 서열번호 90~104로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질

;

- [0098] (2 a) (2 aA1) heat shock cognate protein 80 또는 그 변이체로서, 이하의 (2 aA1-a)~(2 aA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0099] (2 aA1-a) 서열번호 106에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0100] (2 aA1-b) 서열번호 106으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0101] (2 aA1-c) 서열번호 105에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0102] (2 aA1-d) 서열번호 105로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0103] (2 aA1-e) 서열번호 105로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0104] (2 aB1) 서열번호 107~120으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0105] (2 aA2) heat shock protein 90-1 또는 그 변이체로서, 이하의 (2 aA2-a)~(2 aA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0106] (2 aA2-a) 서열번호 122에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0107] (2 aA2-b) 서열번호 122로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0108] (2 aA2-c) 서열번호 121에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0109] (2 aA2-d) 서열번호 121로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0110] (2 aA2-e) 서열번호 121로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0111] (2 aB2) 서열번호 123~137로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0112] (2 aA3) hypothetical protein GLYMA_02G302500 또는 그 변이체로서, 이하의 (2 aA3-a)~(2 aA3-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0113] (2 aA3-a) 서열번호 139에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0114] (2 aA3-b) 서열번호 139로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0115] (2 aA3-c) 서열번호 138에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0116] (2 aA3-d) 서열번호 138로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0117] (2 aA3-e) 서열번호 138로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0118] (2 aB3) 서열번호 140~153으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0119] (4 a) (4 aA) embryo-specific urease isoform X1 또는 그 변이체로서, 이하의 (4 aA-a)~(4 aA-e) 중 어느

하나의 단백질 :

- [0120] (4 aA-a) 서열번호 155에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0121] (4 aA-b) 서열번호 155로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0122] (4 aA-c) 서열번호 154에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0123] (4 aA-d) 서열번호 154로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0124] (4 aA-e) 서열번호 154로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0125] (4 aB) 서열번호 156 및 157로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0126] (5 a) (5 aA) alpha-1,4 glucan phosphorylase L isozyme, chloroplastic/amyloplastic 또는 그 변이체로서, 이하의 (5 aA-a)~(5 aA-e) 중 어느 하나의 단백질 :
- [0127] (5 aA-a) 서열번호 159에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0128] (5 aA-b) 서열번호 159로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0129] (5 aA-c) 서열번호 158에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0130] (5 aA-d) 서열번호 158로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0131] (5 aA-e) 서열번호 158로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0132] (5 aB) 서열번호 160 및 161로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0133] (6 a) (6 aA1) aconitate hydratase 1 또는 그 변이체로서, 이하의 (6 aA1-a)~(6 aA1-e) 중 어느 하나의 단백질 :
- [0134] (6 aA1-a) 서열번호 163에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0135] (6 aA1-b) 서열번호 163으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0136] (6 aA1-c) 서열번호 162에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0137] (6 aA1-d) 서열번호 162로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0138] (6 aA1-e) 서열번호 162로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0139] (6 aB1) 서열번호 164~167로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ; 또는
- [0140] (6 aA2) Aconitate hydratase 1 또는 그 변이체로서, 이하의 (6 aA2-a)~(6 aA2-e) 중 어느 하나의 단백질 :
- [0141] (6 aA2-a) 서열번호 169에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을

포함하는 단백질 ;

- [0142] (6 aA2-b) 서열번호 169로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0143] (6 aA2-c) 서열번호 168에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0144] (6 aA2-d) 서열번호 168로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0145] (6 aA2-e) 서열번호 168로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0146] (6 aB2) 서열번호 170~172로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0147] (7 a) (7 aA) methionine synthase 또는 그 변이체로서, 이하의 (7 aA-a)~(7 aA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0148] (7 aA-a) 서열번호 174에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0149] (7 aA-b) 서열번호 174로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0150] (7 aA-c) 서열번호 173에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0151] (7 aA-d) 서열번호 173으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0152] (7 aA-e) 서열번호 173으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0153] (7 aB) 서열번호 175~187로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0154] (8 a) (8 aA) transketolase, chloroplastic 또는 그 변이체로서, 이하의 (8 aA-a)~(8 aA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0155] (8 aA-a) 서열번호 189에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0156] (8 aA-b) 서열번호 189로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0157] (8 aA-c) 서열번호 188에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0158] (8 aA-d) 서열번호 188로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0159] (8 aA-e) 서열번호 188로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0160] (8 aB) 서열번호 190~199로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0161] (9 a) (9 aA) lysine-tRNA ligase, cytoplasmic-like isoform X2 또는 그 변이체로서, 이하의 (9 aA-a)~(9 aA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0162] (9 aA-a) 서열번호 201에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0163] (9 aA-b) 서열번호 201로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

- [0164] (9 aA-c) 서열번호 200에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0165] (9 aA-d) 서열번호 200으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0166] (9 aA-e) 서열번호 200으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0167] (9 aB) 서열번호 202로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0168] (10 a) (10 aA1) chaperonin CPN60-2, mitochondrial 또는 그 변이체로서, 이하의 (10 aA1-a)~(10 aA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0169] (10 aA1-a) 서열번호 204에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0170] (10 aA1-b) 서열번호 204로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0171] (10 aA1-c) 서열번호 203에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0172] (10 aA1-d) 서열번호 203으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0173] (10 aA1-e) 서열번호 203으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0174] (10 aB1) 서열번호 205~218로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0175] (10 aA2) chaperonin CPN60-2, mitochondrial-like isoform X1 또는 그 변이체로서, 이하의 (10 aA2-a)~(10 aA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0176] (10 aA2-a) 서열번호 220에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0177] (10 aA2-b) 서열번호 220으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0178] (10 aA2-c) 서열번호 219에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0179] (10 aA2-d) 서열번호 219로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0180] (10 aA2-e) 서열번호 219로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0181] (10 aB2) 서열번호 221~231로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0182] (11 a) (11 aA) polyadenylate-binding protein 8 isoform X3 또는 그 변이체로서, 이하의 (11 aA-a)~(11 aA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0183] (11 aA-a) 서열번호 233에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0184] (11 aA-b) 서열번호 233으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0185] (11 aA-c) 서열번호 232에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에

의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

- [0186] (11 αA-d) 서열번호 232로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0187] (11 αA-e) 서열번호 232로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0188] (11 αB) 서열번호 234~237로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0189] (12 α) (12 αA) pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha-like 또는 그 변이체로서, 이하의 (12 αA-a)~(12 αA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0190] (12 αA-a) 서열번호 239에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0191] (12 αA-b) 서열번호 239로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0192] (12 αA-c) 서열번호 238에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0193] (12 αA-d) 서열번호 238로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0194] (12 αA-e) 서열번호 238로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0195] (12 αB) 서열번호 240에 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0196] (13 α) (13 αA1) protein disulfide isomerase-like protein precursor 또는 그 변이체로서, 이하의 (13 αA1-a)~(13 αA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0197] (13 αA1-a) 서열번호 242에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0198] (13 αA1-b) 서열번호 242로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0199] (13 αA1-c) 서열번호 241에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0200] (13 αA1-d) 서열번호 241로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0201] (13 αA1-e) 서열번호 241로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0202] (13 αB1) 서열번호 243~252로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0203] (13 αA2) protein disulfide-isomerase 또는 그 변이체로서, 이하의 (13 αA2-a)~(13 αA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0204] (13 αA2-a) 서열번호 254에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0205] (13 αA2-b) 서열번호 254로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0206] (13 αA2-c) 서열번호 253에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0207] (13 αA2-d) 서열번호 253으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산

서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

- [0208] (13 αA2-e) 서열번호 253으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0209] (13 αB2) 서열번호 255~278로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0210] (14 α) (14 αA1) V-type proton ATPase subunit B2 또는 그 변이체로서, 이하의 (14 αA1-a)~(14 αA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0211] (14 αA1-a) 서열번호 280에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0212] (14 αA1-b) 서열번호 280으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0213] (14 αA1-c) 서열번호 279에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0214] (14 αA1-d) 서열번호 279로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0215] (14 αA1-e) 서열번호 279로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0216] (14 αB1) 서열번호 281~284로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0217] (14 αA2) V-type proton ATPase subunit B2 또는 그 변이체로서, 이하의 (14 αA2-a)~(14 αA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0218] (14 αA2-a) 서열번호 286에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0219] (14 αA2-b) 서열번호 286으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0220] (14 αA2-c) 서열번호 285에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0221] (14 αA2-d) 서열번호 285로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0222] (14 αA2-e) 서열번호 285로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0223] (14 αB2) 서열번호 287~289로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0224] (15, 16 α) (15, 16 αA1) UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase 또는 그 변이체로서, 이하의 (15, 16 αA1-a)~(15, 16 αA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0225] (15, 16 αA1-a) 서열번호 291에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0226] (15, 16 αA1-b) 서열번호 291로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0227] (15, 16 αA1-c) 서열번호 290에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0228] (15, 16 αA1-d) 서열번호 290으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미

노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

- [0229] (15, 16 αA1-e) 서열번호 290으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0230] (15, 16 αB1) 서열번호 292~304로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0231] (15, 16 αA2) hypothetical protein GLYMA_02G241100 또는 그 변이체로서, 이하의 (15, 16 αA2-a)~(15, 16 αA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0232] (15, 16 αA2-a) 서열번호 306에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0233] (15, 16 αA2-b) 서열번호 306으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0234] (15, 16 αA2-c) 서열번호 305에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0235] (15, 16 αA2-d) 서열번호 305로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0236] 혹은 (15, 16 αA2-e) 서열번호 305로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0237] (15, 16 αB2) 서열번호 307~318로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0238] (17 α) (17 αA1) guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 2 또는 그 변이체로서, 이하의 (17 αA1-a)~(17 αA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0239] (17 αA1-a) 서열번호 320에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0240] (17 αA1-b) 서열번호 320으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0241] (17 αA1-c) 서열번호 319에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0242] (17 αA1-d) 서열번호 319로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0243] (17 αA1-e) 서열번호 319로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0244] (17 αB1) 서열번호 321~325로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0245] (17 αA2) rab GDP dissociation inhibitor alpha-like 또는 그 변이체로서, 이하의 (17 αA2-a)~(17 αA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0246] (17 αA2-a) 서열번호 327에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0247] (17 αA2-b) 서열번호 327로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0248] (17 αA2-c) 서열번호 326에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0249] (17 αA2-d) 서열번호 326으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산

서열을 포함하는 단백질 ; 혹은

- [0250] (17 αA2-e) 서열번호 326으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0251] (17 αB2) 서열번호 328~332로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0252] (18 α) (18 αA) hypothetical protein GLYMA_10G028300 또는 그 변이체로서, 이하의 (18 αA-a)~(18 αA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0253] (18 αA-a) 서열번호 334에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0254] (18 αA-b) 서열번호 334로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0255] (18 αA-c) 서열번호 333에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0256] (18 αA-d) 서열번호 333으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0257] (18 αA-e) 서열번호 333으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0258] (18 αB) 서열번호 335~339로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0259] (19 α) (19 αA) sucrose binding protein homolog S-64 또는 그 변이체로서, 이하의 (19 αA-a)~(19 αA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0260] (19 αA-a) 서열번호 341에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0261] (19 αA-b) 서열번호 341로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0262] (19 αA-c) 서열번호 340에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0263] (19 αA-d) 서열번호 340으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0264] (19 αA-e) 서열번호 340으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0265] (19 αB) 서열번호 342~346으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0266] (25 α) (25 αA1) succinyl-CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial 또는 그 변이체로서, 이하의 (25 αA1-a)~(25 αA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0267] (25 αA1-a) 서열번호 348에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0268] (25 αA1-b) 서열번호 348로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0269] (25 αA1-c) 서열번호 347에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0270] (25 αA1-d) 서열번호 347로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0271] (25 αA1-e) 서열번호 347로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트

한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

- [0272] (25 αB1) 서열번호 349~356으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0273] (25 αA2) succinyl-CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial 또는 그 변이체로서, 이하의 (25 αA2-a)~(25 αA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0274] (25 αA2-a) 서열번호 358에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0275] (25 αA2-b) 서열번호 358로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0276] (25 αA2-c) 서열번호 357에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0277] (25 αA2-d) 서열번호 357로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0278] (25 αA2-e) 서열번호 357로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0279] (25 αB2) 서열번호 359~365로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0280] (26 α) (26 αA1) phosphoglycerate kinase, cytosolic 또는 그 변이체로서, 이하의 (26 αA1-a)~(26 αA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0281] (26 αA1-a) 서열번호 367에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0282] (26 αA1-b) 서열번호 367로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0283] (26 αA1-c) 서열번호 366에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0284] (26 αA1-d) 서열번호 366으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0285] (26 αA1-e) 서열번호 366으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0286] (26 αB1) 서열번호 368~382로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0287] (26 αA2) phosphoglycerate kinase, cytosolic 또는 그 변이체로서, 이하의 (26 αA2-a)~(26 αA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0288] (26 αA2-a) 서열번호 384에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0289] (26 αA2-b) 서열번호 384로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0290] (26 αA2-c) 서열번호 383에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0291] (26 αA2-d) 서열번호 383으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0292] (26 αA2-e) 서열번호 383으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트

트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

- [0293] (26 αB2) 서열번호 385~392로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0294] (26 αA3) phosphoglycerate kinase, cytosolic 또는 그 변이체로서, 이하의 (26 αA3-a)~(26 αA3-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0295] (26 αA3-a) 서열번호 394에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0296] (26 αA3-b) 서열번호 394로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0297] (26 αA3-c) 서열번호 393에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0298] (26 αA3-d) 서열번호 393으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0299] (26 αA3-e) 서열번호 393으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0300] (26 αB3) 서열번호 395~409로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0301] (27 α) (27 αA1) alcohol dehydrogenase 1 또는 그 변이체로서, 이하의 (27 αA1-a)~(27 αA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0302] (27 αA1-a) 서열번호 411에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0303] (27 αA1-b) 서열번호 411로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0304] (27 αA1-c) 서열번호 410에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0305] (27 αA1-d) 서열번호 410으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0306] (27 αA1-e) 서열번호 410으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0307] (27 αB1) 서열번호 412~416으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0308] (27 αA2) alcohol dehydrogenase 1 또는 그 변이체로서, 이하의 (27 αA2-a)~(27 αA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0309] (27 αA2-a) 서열번호 418에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0310] (27 αA2-b) 서열번호 418로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0311] (27 αA2-c) 서열번호 417에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0312] (27 αA2-d) 서열번호 417로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0313] (27 αA2-e) 서열번호 417로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트

한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

- [0314] (27 αB2) 서열번호 419 및 420으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0315] (27 αA3) alcohol dehydrogenase 1-like 또는 그 변이체로서, 이하의 (27 αA3-a)~(27 αA3-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0316] (27 αA3-a) 서열번호 422에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0317] (27 αA3-b) 서열번호 422로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0318] (27 αA3-c) 서열번호 421에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0319] (27 αA3-d) 서열번호 421로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0320] (27 αA3-e) 서열번호 421로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0321] (27 αB3) 서열번호 423~427로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0322] (28 α) (28 αA) 35kDa seed maturation protein isoform X1 또는 그 변이체로서, 이하의 (28 αA-a)~(28 αA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0323] (28 αA-a) 서열번호 429에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0324] (28 αA-b) 서열번호 429로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0325] (28 αA-c) 서열번호 428에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0326] (28 αA-d) 서열번호 428로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0327] (28 αA-e) 서열번호 428로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0328] (28 αB) 서열번호 430~433으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0329] (29-33 α) (29-33 αA1) glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase isoform X1 또는 그 변이체로서, 이하의 (29-33 αA1-a)~(29-33 αA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0330] (29-33 αA1-a) 서열번호 435에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0331] (29-33 αA1-b) 서열번호 435로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0332] (29-33 αA1-c) 서열번호 434에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0333] (29-33 αA1-d) 서열번호 434로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0334] (29-33 αA1-e) 서열번호 434로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

- [0335] (29-33 αB1) 서열번호 436~439로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0336] (29-33 αA2) glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic 또는 그 변이체로서, 이하의 (29-33 αA2-a)~(29-33 αA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0337] (29-33 αA2-a) 서열번호 441에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0338] (29-33 αA2-b) 서열번호 441로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0339] (29-33 αA2-c) 서열번호 440에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0340] (29-33 αA2-d) 서열번호 440으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0341] (29-33 αA2-e) 서열번호 440으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0342] (29-33 αB2) 서열번호 442~445로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0343] (29-33 αA3) uncharacterized protein LOC100782924 또는 그 변이체로서, 이하의 (29-33 αA3-a)~(29-33 αA3-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0344] (29-33 αA3-a) 서열번호 447에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0345] (29-33 αA3-b) 서열번호 447로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0346] (29-33 αA3-c) 서열번호 446에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0347] (29-33 αA3-d) 서열번호 446으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0348] (29-33 αA3-e) 서열번호 446으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0349] (29-33 αB3) 서열번호 448~451로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0350] (34 α) (34 αA1) Bifunctional UDP-glucose 4-epimerase and UDP-xylose 4-epimerase 1-like 또는 그 변이체로서, 이하의 (34 αA1-a)~(34 αA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0351] (34 αA1-a) 서열번호 453에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0352] (34 αA1-b) 서열번호 453으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0353] (34 αA1-c) 서열번호 452에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0354] (34 αA1-d) 서열번호 452로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0355] (34 αA1-e) 서열번호 452로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

- [0356] (34 αB1) 서열번호 454로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0357] (34 αA2) uncharacterized protein LOC100803483 또는 그 변이체로서, 이하의 (34 αA2-a)~(34 αA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0358] (34 αA2-a) 서열번호 456에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0359] (34 αA2-b) 서열번호 456으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0360] (34 αA2-c) 서열번호 455에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0361] (34 αA2-d) 서열번호 455로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0362] (34 αA2-e) 서열번호 455로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0363] (34 αB2) 서열번호 457 및 458로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0364] (35 α) (35 αA1) elongation factor 1-alpha 또는 그 변이체로서, 이하의 (35 αA1-a)~(35 αA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0365] (35 αA1-a) 서열번호 460에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0366] (35 αA1-b) 서열번호 460으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0367] (35 αA1-c) 서열번호 459에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0368] (35 αA1-d) 서열번호 459로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0369] (35 αA1-e) 서열번호 459로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0370] (35 αB1) 서열번호 461~466으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0371] (35 αA2) elongation factor 1-alpha 또는 그 변이체로서, 이하의 (35 αA2-a)~(35 αA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0372] (35 αA2-a) 서열번호 468에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0373] (35 αA2-b) 서열번호 468로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0374] (35 αA2-c) 서열번호 467에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0375] (35 αA2-d) 서열번호 467로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0376] (35 αA2-e) 서열번호 467로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0377] (35 αB2) 서열번호 469~471로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;

질 ;

- [0378] (35 αA3) elongation factor-1A isoform X1 또는 그 변이체로서, 이하의 (35 αA3-a)~(35 αA3-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0379] (35 αA3-a) 서열번호 473에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0380] (35 αA3-b) 서열번호 473으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0381] (35 αA3-c) 서열번호 472에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0382] (35 αA3-d) 서열번호 472로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0383] (35 αA3-e) 서열번호 472로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0384] (35 αB3) 서열번호 474~477로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0385] (36, 37 α) (36, 37 αA1) seed maturation protein PM34 또는 그 변이체로서, 이하의 (36, 37 αA1-a)~(36, 37 αA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0386] (36, 37 αA1-a) 서열번호 479에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0387] (36, 37 αA1-b) 서열번호 479로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0388] (36, 37 αA1-c) 서열번호 478에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0389] (36, 37 αA1-d) 서열번호 478로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0390] (36, 37 αA1-e) 서열번호 478로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0391] (36, 37 αB1) 서열번호 480~483으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0392] (36, 37 αA2) uncharacterized protein LOC100809384 또는 그 변이체로서, 이하의 (36, 37 αA2-a)~(36, 37 αA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0393] (36, 37 αA2-a) 서열번호 485에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0394] (36, 37 αA2-b) 서열번호 485로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0395] (36, 37 αA2-c) 서열번호 484에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0396] (36, 37 αA2-d) 서열번호 484로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0397] (36, 37 αA2-e) 서열번호 484로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0398] (36, 37 αB2) 서열번호 486 및 487로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는

단백질 ;

- [0399] (36, 37 aA3) hypothetical protein GLYMA_10G155300 또는 그 변이체로서, 이하의 (36, 37 aA3-a)~(36, 37 aA3-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0400] (36, 37 aA3-a) 서열번호 489에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0401] (36, 37 aA3-b) 서열번호 489로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0402] (36, 37 aA3-c) 서열번호 488에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0403] (36, 37 aA3-d) 서열번호 488로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0404] (36, 37 aA3-e) 서열번호 488로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0405] (36, 37 aB3) 서열번호 490~493으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0406] (38 a) (38 aA) seed biotin-containing protein SBP65-like isoform X1 또는 그 변이체로서, 이하의 (38 aA-a)~(38 aA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0407] (38 aA-a) 서열번호 495에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0408] (38 aA-b) 서열번호 495로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0409] (38 aA-c) 서열번호 494에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0410] (38 aA-d) 서열번호 494로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0411] (38 aA-e) 서열번호 494로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0412] (38 aB) 서열번호 496~513으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0413] (39 a) (39 aA) ATP synthase subunit O, mitochondrial-like 또는 그 변이체로서, 이하의 (39 aA-a)~(39 aA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0414] (39 aA-a) 서열번호 515에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0415] (39 aA-b) 서열번호 515로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0416] (39 aA-c) 서열번호 514에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0417] (39 aA-d) 서열번호 514로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0418] (39 aA-e) 서열번호 514로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0419] (39 aB) 서열번호 516으로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0420] (40, 56 a) (40, 56 aA) P24 oleosin isoform A 또는 그 변이체로서, 이하의 (40, 56 aA-a)~(40, 56 aA-e)

중 어느 하나의 단백질 :

- [0421] (40, 56 aA-a) 서열번호 518에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0422] (40, 56 aA-b) 서열번호 518로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0423] (40, 56 aA-c) 서열번호 517에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0424] (40, 56 aA-d) 서열번호 517로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0425] (40, 56 aA-e) 서열번호 517로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0426] (40, 56 aB) 서열번호 519 및 520으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0427] (41 a) (41 aA) uncharacterized protein At3g49720-like isoform X2 또는 그 변이체로서, 이하의 (41 aA-a) ~ (41 aA-e) 중 어느 하나의 단백질 :
- [0428] (41 aA-a) 서열번호 522에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0429] (41 aA-b) 서열번호 522로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0430] (41 aA-c) 서열번호 521에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0431] (41 aA-d) 서열번호 521로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0432] (41 aA-e) 서열번호 521로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0433] (41 aB) 서열번호 523으로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0434] (42, 43 a) (42, 43 aA1) superoxide dismutase [Mn] , mitochondrial 또는 그 변이체로서, 이하의 (42, 43 aA1-a) ~ (42, 43 aA1-e) 중 어느 하나의 단백질 :
- [0435] (42, 43 aA1-a) 서열번호 525에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0436] (42, 43 aA1-b) 서열번호 525로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0437] (42, 43 aA1-c) 서열번호 524에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0438] (42, 43 aA1-d) 서열번호 524로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0439] (42, 43 aA1-e) 서열번호 524로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0440] (42, 43 aB1) 서열번호 526~531로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0441] (42, 43 aA2) hypothetical protein GLYMA_04G221300 또는 그 변이체로서, 이하의 (42, 43 aA2-a) ~ (42, 43 aA2-e) 중 어느 하나의 단백질 :
- [0442] (42, 43 aA2-a) 서열번호 533에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서

열을 포함하는 단백질 ;

- [0443] (42, 43 aA2-b) 서열번호 533으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0444] (42, 43 aA2-c) 서열번호 532에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0445] (42, 43 aA2-d) 서열번호 532로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0446] (42, 43 aA2-e) 서열번호 532로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0447] (42, 43 aB2) 서열번호 534~539로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0448] (45 a) (45 aA1) uncharacterized protein LOC100499771 또는 그 변이체로서, 이하의 (45 aA1-a)~(45 aA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0449] (45 aA1-a) 서열번호 541에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0450] (45 aA1-b) 서열번호 541로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0451] (45 aA1-c) 서열번호 540에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0452] (45 aA1-d) 서열번호 540으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0453] (45 aA1-e) 서열번호 540으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0454] (45 aB1) 서열번호 542~545로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0455] (45 aA2) hypothetical protein GLYMA_09G192800 또는 그 변이체로서, 이하의 (45 aA2-a)~(45 aA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0456] (45 aA2-a) 서열번호 547에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0457] (45 aA2-b) 서열번호 547로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0458] (45 aA2-c) 서열번호 546에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0459] (45 aA2-d) 서열번호 546으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0460] (45 aA2-e) 서열번호 546으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0461] (45 aB2) 서열번호 548~551로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0462] (46 a) (46 aA) seed maturation protein PM22 또는 그 변이체로서, 이하의 (46 aA-a)~(46 aA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0463] (46 aA-a) 서열번호 553에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을

포함하는 단백질 ;

- [0464] (46 αA-b) 서열번호 553으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0465] (46 αA-c) 서열번호 552에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0466] (46 αA-d) 서열번호 552로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0467] (46 αA-e) 서열번호 552로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0468] (46 αB) 서열번호 554로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0469] (47 α) (47 αA1) eukaryotic translation initiation factor 5A-2 또는 그 변이체로서, 이하의 (47 αA1-a)~(47 αA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0470] (47 αA1-a) 서열번호 556에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0471] (47 αA1-b) 서열번호 556으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0472] (47 αA1-c) 서열번호 555에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0473] (47 αA1-d) 서열번호 555로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0474] (47 αA1-e) 서열번호 555로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0475] (47 αB1) 서열번호 557 및 558로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0476] (47 αA2) uncharacterized protein LOC100305510 또는 그 변이체로서, 이하의 (47 αA2-a)~(47 αA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0477] (47 αA2-a) 서열번호 560에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0478] (47 αA2-b) 서열번호 560으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0479] (47 αA2-c) 서열번호 559에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0480] (47 αA2-d) 서열번호 559로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0481] (47 αA2-e) 서열번호 559로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0482] (47 αB2) 서열번호 561~563으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0483] (48 α) (48 αA) uncharacterized protein LOC100306570 또는 그 변이체로서, 이하의 (48 αA-a)~(48 αA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0484] (48 αA-a) 서열번호 565에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

- [0485] (48 aA-b) 서열번호 565로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0486] (48 aA-c) 서열번호 564에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0487] (48 aA-d) 서열번호 564로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0488] (48 aA-e) 서열번호 564로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0489] (48 aB) 서열번호 566~570으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0490] (50 a) (50 aA) uncharacterized protein LOC100813859 또는 그 변이체로서, 이하의 (50 aA-a)~(50 aA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0491] (50 aA-a) 서열번호 572에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0492] (50 aA-b) 서열번호 572로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0493] (50 aA-c) 서열번호 571에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0494] (50 aA-d) 서열번호 571로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0495] (50 aA-e) 서열번호 571로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0496] (50 aB) 서열번호 573~576으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0497] (51 a) (51 aA) 14-3-3-like protein 또는 그 변이체로서, 이하의 (51 aA-a)~(51 aA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0498] (51 aA-a) 서열번호 578에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0499] (51 aA-b) 서열번호 578로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0500] (51 aA-c) 서열번호 577에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0501] (51 aA-d) 서열번호 577로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0502] (51 aA-e) 서열번호 577로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0503] (51 aB) 서열번호 579~582로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0504] (52 a) (52 aA) probable fructokinase-4 또는 그 변이체로서, 이하의 (52 aA-a)~(52 aA-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0505] (52 aA-a) 서열번호 584에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0506] (52 aA-b) 서열번호 584로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0507] (52 aA-c) 서열번호 583에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에

의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

- [0508] (52 aA-d) 서열번호 583으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0509] (52 aA-e) 서열번호 583으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0510] (52 aB) 서열번호 585~588로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0511] (53 a) (53 aA1) triosephosphate isomerase isoform X1 또는 그 변이체로서, 이하의 (53 aA1-a)~(53 aA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0512] (53 aA1-a) 서열번호 590에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0513] (53 aA1-b) 서열번호 590으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0514] (53 aA1-c) 서열번호 589에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0515] (53 aA1-d) 서열번호 589로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0516] (53 aA1-e) 서열번호 589로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0517] (53 aB1) 서열번호 591~597로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0518] (53 aA2) triosephosphate isomerase, cytosolic 또는 그 변이체로서, 이하의 (53 aA2-a)~(53 aA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0519] (53 aA2-a) 서열번호 599에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0520] (53 aA2-b) 서열번호 599로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0521] (53 aA2-c) 서열번호 598에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0522] (53 aA2-d) 서열번호 598로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0523] (53 aA2-e) 서열번호 598로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0524] (53 aB2) 서열번호 600~604로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0525] (54 a) (54 aA1) superoxide dismutase [Fe] , chloroplastic isoform X1 또는 그 변이체로서, 이하의 (54 aA1-a)~(54 aA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0526] (54 aA1-a) 서열번호 606에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0527] (54 aA1-b) 서열번호 606으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0528] (53 aA1-c) 서열번호 605에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에

의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

- [0529] (54 aA1-d) 서열번호 605로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0530] 혹은 (54 aA1-e) 서열번호 605로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0531] (54 aB1) 서열번호 607~611로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0532] (54 aA2) iron-superoxide dismutase 또는 그 변이체로서, 이하의 (54 aA2-a)~(54 aA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0533] (54 aA2-a) 서열번호 613에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0534] (54 aA2-b) 서열번호 613으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0535] (54 aA2-c) 서열번호 612에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0536] (54 aA2-d) 서열번호 612로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0537] (54 aA2-e) 서열번호 612로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0538] (54 aB2) 서열번호 614~616으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ; 또는
- [0539] (55 a) (55 aA1) 51kDa seed maturation protein precursor 또는 그 변이체로서, 이하의 (55 aA1-a)~(55 aA1-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0540] (55 aA1-a) 서열번호 618에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0541] (55 aA1-b) 서열번호 618로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0542] (55 aA1-c) 서열번호 617에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0543] (55 aA1-d) 서열번호 617로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0544] (55 aA1-e) 서열번호 617로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0545] (55 aB1) 서열번호 619~635로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0546] (55 aA2) Lea protein precursor 또는 그 변이체로서, 이하의 (55 aA2-a)~(55 aA2-e) 중 어느 하나의 단백질 ;
- [0547] (55 aA2-a) 서열번호 637에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0548] (55 aA2-b) 서열번호 637로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;
- [0549] (55 aA2-c) 서열번호 636에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에

의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ;

- [0550] (55 aA2-d) 서열번호 636으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 혹은
- [0551] (55 aA2-e) 서열번호 636으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 ; 또는
- [0552] (55 aB2) 서열번호 638~649로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질 ;
- [0553] 을 항원으로서 포함하는, 상기 진단 키트.
- [0554] [10] 대두 알레르기의 진단용 조성물로서, 상기 [9] 에 있어서 (1 a)~(55 a)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나를 항원으로서 포함하는, 상기 진단용 조성물.
- [0555] [11] 대상의 대두 알레르기를 진단하기 위한 지표를 제공하는 방법으로서, 이하의 공정 :
- [0556] (i) 대상으로부터 얻어진 시료를 항원에 접촉시키는, 여기서 해당 시료는 Ig항체가 포함되는 용액임 ;
- [0557] (ii) 대상으로부터 얻어진 시료 중의 IgE 항체와 해당 항원 과의 결합을 검출하는 ;
- [0558] (iii) 대상의 IgE 항체와 해당 항원 과의 결합이 검출된 경우, 대상이 대두 알레르기인 것의 지표가 제공되는 ;
- [0559] 을 포함하고, 여기서 해당 항원은, 상기 [9] 에 있어서 (1 a)~(55 a)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 방법.
- [0560] [12] 상기 [9] 에 있어서 (1 a)~(55 a)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나를 포함하는 의약 조성물.
- [0561] [13] 대두 알레르기를 치료하기 위한 상기 [12] 에 기재된 의약 조성물.
- [0562] [14] 항원이 제거 또는 저감되어 있는 것을 특징으로 하는 대두 또는 대두 가공품으로서, 해당 항원은 상기 [9] 에 있어서 (1 a)~(55 a)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 대두 또는 대두 가공품.
- [0563] [15] 상기 [9] 에 있어서 (1 a)~(55 a)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나와 결합되는 항체를 포함하는 것을 특징으로 하는, 대상물에 있어서의 대두 항원의 유무를 판정하기 위한 테스트.
- [0564] [16] 대두 유래의 항원으로서, 상기 [9] 에 있어서 (1 a)~(55 a)로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나이며, 그리고 대두에 대한 알레르기의 원인이 되는, 상기 항원.

발명의 효과

- [0565] 본 발명에 의해, 대두에 대한 알레르기의 신규한 항원을 제공할 수 있다. 본 발명에 있어서 대두 알레르기를 발생시키는 신규한 항원(알레르겐 컴퍼넌트)이 동정(同定)된 점에서, 대두에 대한 알레르기의 고감도 진단 방법 및 진단 키트, 해당 항원 을 포함하는 의약 조성물, 및 해당 항원 이 제거 또는 저감된 대두 또는 대두 가공품을 제공할 수 있다.

도면의 간단한 설명

- [0566] [도 1] 도 1은, 대두에 포함되는 단백질에 관하여, 2차원 전기영동에 의한 단백질의 영동패턴을 나타내는 겔의 사진이다. 사진의 좌측의 밴드는, 분자량 마커의 밴드이다.

[도 2] 도 2는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 건강 피험자의 혈청을 사용한 이무노블로트(immunoblot)의 사진이다.

[도 3a] 도 3a는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 대두 알레르기 환자 1의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다. 화살표는, 해당 대두 알레르기 환자의 혈청이 특이적으로 반응한 스폿(spot)을 나타낸다.

[도 3b] 도 3b는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 대두 알레르기 환자 2의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다. 화살표는, 해당 대두 알레르기 환자의 혈청이 특이적으로 반응한 스폿을 나타낸다.

[도 3c] 도 3c는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 대두 알레르기 환자 3의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다. 화살표는, 해당 대두 알레르기 환자의 혈청이 특이적으로 반응한 스포트를 나타낸다.

[도 3d] 도 3d는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 대두 알레르기 환자 4의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다. 화살표는, 해당 대두 알레르기 환자의 혈청이 특이적으로 반응한 스포트를 나타낸다.

[도 4] 도 4는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 건강 피험자의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다.

[도 5a] 도 5a는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 대두 알레르기 환자 1a의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다. 흰선으로 나타낸, 또는 사각으로 둘러싼 스포트는, 해당 대두 알레르기 환자의 혈청이 특이적으로 반응한 스포트를 나타낸다. 또한, 숫자(n)는 각 스포트의 번호를 나타내고, 각각 본 명세서에 있어서 「na」로서 특정되는 스포트에 대응한다.

[도 5b] 도 5b는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 대두 알레르기 환자 2a의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다. 흰선으로 나타낸, 또는 사각으로 둘러싼 스포트는, 해당 대두 알레르기 환자의 혈청이 특이적으로 반응한 스포트를 나타낸다. 또한, 숫자(n)는 각 스포트의 번호를 나타내고, 각각 본 명세서에 있어서 「na」로서 특정되는 스포트에 대응한다.

[도 5c] 도 5c는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 대두 알레르기 환자 3a의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다. 흰선으로 나타낸, 또는 사각으로 둘러싼 스포트는, 해당 대두 알레르기 환자의 혈청이 특이적으로 반응한 스포트를 나타낸다. 또한, 숫자(n)는 각 스포트의 번호를 나타내고, 각각 본 명세서에 있어서 「na」로서 특정되는 스포트에 대응한다.

[도 5d] 도 5d는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 대두 알레르기 환자 4a의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다. 흰선으로 나타낸 스포트는, 해당 대두 알레르기 환자의 혈청이 특이적으로 반응한 스포트를 나타낸다. 또한, 숫자(n)는 각 스포트의 번호를 나타내고, 각각 본 명세서에 있어서 「na」로서 특정되는 스포트에 대응한다.

[도 5e] 도 5e는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 대두 알레르기 환자 5a의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다. 흰선으로 나타낸 스포트는, 해당 대두 알레르기 환자의 혈청이 특이적으로 반응한 스포트를 나타낸다. 또한, 숫자(n)는 각 스포트의 번호를 나타내고, 각각 본 명세서에 있어서 「na」로서 특정되는 스포트에 대응한다.

[도 5f] 도 5f는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 대두 알레르기 환자 6a의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다. 흰선으로 나타낸, 또는 사각으로 둘러싼 스포트는, 해당 대두 알레르기 환자의 혈청이 특이적으로 반응한 스포트를 나타낸다. 또한, 숫자(n)는 각 스포트의 번호를 나타내고, 각각 본 명세서에 있어서 「na」로서 특정되는 스포트에 대응한다.

[도 5g] 도 5g는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 대두 알레르기 환자 7a의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다. 사각으로 둘러싼 스포트는, 해당 대두 알레르기 환자의 혈청이 특이적으로 반응한 스포트를 나타낸다. 또한, 숫자(n)는 각 스포트의 번호를 나타내고, 각각 본 명세서에 있어서 「na」로서 특정되는 스포트에 대응한다.

[도 5h] 도 5h는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 대두 알레르기 환자 8a의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다. 흰선으로 나타낸, 또는 사각으로 둘러싼 스포트는, 해당 대두 알레르기 환자의 혈청이 특이적으로 반응한 스포트를 나타낸다. 또한, 숫자(n)는 각 스포트의 번호를 나타내고, 각각 본 명세서에 있어서 「na」로서 특정되는 스포트에 대응한다.

[도 5i] 도 5i는, 대두에 포함되는 단백질의 2차원 전기영동 패턴에 대하여, 대두 알레르기 환자 9a의 혈청을 사용한 이무노블로트의 사진이다. 흰선으로 나타낸, 또는 사각으로 둘러싼 스포트는, 해당 대두 알레르기 환자의 혈청이 특이적으로 반응한 스포트를 나타낸다. 또한, 숫자(n)는 각 스포트의 번호를 나타내고, 각각 본 명세서에 있어서 「na」로서 특정되는 스포트에 대응한다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

- [0567] 이하에 본 발명을 구체적으로 설명하지만, 본 발명은 이들에 한정되는 것은 아니다.
- [0568] 본 명세서에서 특별히 정의되지 않는 한, 본 발명에 관해서 사용되는 과학 용어 및 기술 용어는, 당업자에 의해서 일반적으로 이해되는 의미를 갖는 것으로 한다.
- [0569] 본 명세서에 있어서 아미노산 서열을 나타내는 경우는, 당업자에게 주지(周知)된 아미노산의 하나의 글자 표기에 의해, 좌단(左端)이 아미노 말단, 우단(右端)이 카복시 말단의 순서로 표기하는 것으로 한다.
- [0570] 본 명세서에 있어서 알레르기란, 어느 항원에 감작(感作)되고 있는 생체에, 다시 해당 항원 이 들어갔을 경우에 일어나는, 생체에 적절치 않은 과민 반응을 나타내는 상태를 말한다. 음식에 있어서의 알레르기 질환의 대부분에 있어서, 혈액 및 조직에서 항원에 특이적인 IgE 항체가 생성된다. IgE 항체는, 비만세포 또는 호염기구(好鹽基球)와 결합된다. 해당 IgE 항체에 특이적인 항원이 다시 알레르기 질환 환자의 체내에 들어가면, 해당 항원은 비만세포 또는 호염기구와 결합된 IgE 항체와 조합되고, 그리고 해당 IgE 항체가 세포 표면에서 가교되어, IgE 항체-항원 상호작용의 생리학적 효과를 일으킨다. 이들의 생리학적 효과로서, 히스타민, 세라토닌, 헤파린, 호산구 유주인자(好酸球遊走因子) 또는 각종 류코트리엔(leukotriene) 등의 방출을 들 수 있다. 이들 방출 물질은, IgE 항체와 특정의 항원의 조합에 의해 일어나는 알레르기 반응을 야기한다. 특정의 항원에 의한 알레르기 반응은, 상기의 경로를 통해서 나타난다.
- [0571] 본 명세서에 있어서 대두에 대한 알레르기란, 대두에 포함되는 단백질 등을 항원으로서 발생하는 알레르기 반응을 갖는 상태를 말한다. 대두에 대한 알레르기는, 대두에 포함되는 항원과 접촉한 경우, 혹은 해당 항원 을 섭취한 경우에, 알레르기 반응을 일으킬 수 있다. 일반적으로 음식을 섭취한 경우에 발생하는 알레르기 반응을 특히 음식 알레르기라고 한다. 대두에 대한 알레르기는 음식 알레르기이어도 된다.
- [0572] 본 명세서에 있어서 항원이란, 알레르기 반응을 야기시키는 물질이며, 알레르겐 컴퍼넌트라고도 칭해진다. 항원은 바람직하게는 단백질이다.
- [0573] 본 명세서에 있어서, 단백질은, 천연의 아미노산이 펩티드 결합에 의해 연결된 구조를 갖는 분자이다. 단백질에 포함되는 아미노산의 수는 특별히 한정되지 않지만, 2~50개 정도의 아미노산이 펩티드 결합에 의해 연결된 단백질을, 펩티드이라고 부르는 경우가 있다. 또한, 아미노산에 관해서 광학 이성체가 있을 수 있는 경우는, 특별히 명시하지 않으면 L체를 나타낸다. 본 명세서에서 사용되는 단백질 또는 펩티드의 아미노산 서열의 표기법은, 표준적 용법 및 당업계에서 관용되고 있는 표기법에 근거하여, 아미노산이 한 글자 표기로 나타내지고, 왼쪽 방향은 아미노 말단 방향이며, 그리고 오른쪽 방향은 카복시 말단 방향이다.
- [0574] 항원의 특징
- [0575] 대두에 포함되는 단백질에 관하여, 상기의 방법을 이용하여 대두에 대한 알레르기의 원인이 되는 항원의 특징을 실시했다. 구체적으로는, 대두 단백질을 하기의 조건에서 2차원 전기영동에 제공했다.
- [0576] 1차원체의 전기영동은, 등전점 전기영동용 겔(gel)로서, 겔 길이가 5~10cm의 범위 내로서, 겔의 pH 범위가 3~10이며, 영동 방향에 대한 겔의 pH 구배가, 겔의 전체 길이를 1로 하고, pH5까지의 겔 길이를 a, pH5~7의 겔 길이를 b, pH7 이상의 겔 길이를 c로 한 경우에 있어서, a가 0.15~0.3의 범위 내, b가 0.4~0.7의 범위 내, c가 0.15~0.3의 범위 내인 겔을 사용하고, 구체적으로는, GE 헬스케어바이오사이언스 주식회사(이하, GE사로 생략한다)제의 IPG 겔 Immobiline Drystrip (pH3-10NL)를 사용하여 등전점 영동을 실시했다. 전기영동 기기는, GE사제의 IPGphor를 사용했다. 전기영동 기기의 전류값의 상한을 겔 1개 당 75 μ A로 설정하고, 전압 프로그램을, (1) 300V 정전압으로 750Vhr까지 정전압 공정을 실시하고(해당 공정 종료 전의 영동 30분간의 전류 변화폭이 5 μ A이었다), (2) 300Vhr 걸어 1000V까지 서서히 전압을 상승시키고, (3) 4500Vhr 걸어 5000V까지 서서히 전압을 더 상승시키고, (4) 그 후 5000V 정전압으로 총 Vhr이 12000이 될 때까지, 1차원체의 등전점 전기영동을 실시했다.
- [0577] 2차원체의 전기영동은, 영동 방향 기단부(基端部)의 겔 농도가 3~6%로 설정되고, 영동 방향 선단측(先端側) 부분의 겔 농도가 영동 방향 기단부의 겔 농도보다 높게 설정된 폴리아크릴아미드 겔을 사용하고, 구체적으로는 life technologies사제의 NuPAGE 4-12% Bis-Tris Gels IPG well mini 1mm을 사용하여 SDS-PAGE를 실시했다. 전기영동 기기는, life technologies사제의 XCell SureLock Mini-Cell를 사용했다. 영동 완충액으로서 50mM MOPS, 50mM Tris 염기, 0.1%(w/v) SDS, 1mMEDTA를 사용하여, 200V 정전압으로 약 45분간 영동을 실시했다.
- [0578] 그 결과, 대두의 단백질에 관하여 상기의 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 이하의 스포트가, 대두에 대한 알레르기 환자의 IgE 항체에 특이적으로 결합되는 것을 밝혔다.

[0579]	스포츠 1 : 분자량 1~30kDa, pI3.0~7.0
[0580]	스포츠 2 : 분자량 30~75kDa, pI4.0~8.5
[0581]	스포츠 3 : 분자량 20~50kDa, pI7.0~12.0
[0582]	스포츠 4 : 분자량 20~50kDa, pI6.0~10.0
[0583]	스포츠 5 : 분자량 2~30kDa, pI4.0~9.0
[0584]	스포츠 6 : 분자량 50~100kDa, pI5.0~10.0
[0585]	스포츠 7 : 분자량 5~37kDa, pI3.0~7.0
[0586]	스포츠 8 : 분자량 75~200kDa, pI4.0~6.0
[0587]	스포츠 1 a : 분자량 70~120kDa, pI2.5~6.5
[0588]	스포츠 2 a : 분자량 50~120kDa, pI2.5~6.5
[0589]	스포츠 4 a : 분자량 70~120kDa, pI3.5~7.5
[0590]	스포츠 5 a : 분자량 70~170kDa, pI3.5~7.5
[0591]	스포츠 6 a : 분자량 70~120kDa, pI3.5~7.5
[0592]	스포츠 7 a : 분자량 50~120kDa, pI3.5~7.5
[0593]	스포츠 8 a : 분자량 50~120kDa, pI3.5~8.5
[0594]	스포츠 9 a : 분자량 50~120kDa, pI3.5~8.5
[0595]	스포츠 10 a : 분자량 30~90kDa, pI3.5~7.5
[0596]	스포츠 11 a : 분자량 30~90kDa, pI3.5~8.5
[0597]	스포츠 12 a : 분자량 30~90kDa, pI3.5~8.5
[0598]	스포츠 13 a : 분자량 30~90kDa, pI3.5~7.5
[0599]	스포츠 14 a : 분자량 30~90kDa, pI2.5~6.5
[0600]	스포츠 15 a , 16 a : 분자량 20~90kDa, pI3.5~7.5
[0601]	스포츠 17 a : 분자량 20~90kDa, pI3.5~7.5
[0602]	스포츠 18 a : 분자량 30~90kDa, pI3.5~8.5
[0603]	스포츠 19 a : 분자량 30~90kDa, pI3.5~8.5
[0604]	스포츠 25 a : 분자량 20~90kDa, pI3.5~7.5
[0605]	스포츠 26 a : 분자량 20~90kDa, pI3.5~7.5
[0606]	스포츠 27 a : 분자량 20~90kDa, pI3.5~7.5
[0607]	스포츠 28 a : 분자량 10~70kDa, pI3.5~7.5
[0608]	스포츠 29 a , 30 a , 31 a , 32 a , 33 a : 분자량 10~70kDa, pI3.5~8.5
[0609]	스포츠 34 a : 분자량 10~70kDa, pI5.5~10.5
[0610]	스포츠 35 a : 분자량 20~90kDa, pI5.5~10.5
[0611]	스포츠 36 a , 37 a : 분자량 10~70kDa, pI3.5~8.5
[0612]	스포츠 38 a : 분자량 70~170kDa, pI5.5~10.5
[0613]	스포츠 39 a : 분자량 5~60kDa, pI5.5~10.5
[0614]	스포츠 40 a , 56 a : 분자량 5~60kDa, pI5.5~10.5

- [0615] 스포트 41 a : 분자량 5~60kDa, pI5.5~10.5
- [0616] 스포트 42 a , 43 a : 분자량 5~60kDa, pI5.5~10.5
- [0617] 스포트 45 a : 분자량 2~50kDa, pI3.5~7.5
- [0618] 스포트 46 a : 분자량 2~50kDa, pI3.5~7.5
- [0619] 스포트 47 a : 분자량 5~50kDa, pI3.5~7.5
- [0620] 스포트 48 a : 분자량 2~50kDa, pI3.5~8.5
- [0621] 스포트 50 a : 분자량 2~50kDa, pI2.5~6.5
- [0622] 스포트 51 a : 분자량 5~60kDa, pI2.5~6.5
- [0623] 스포트 52 a : 분자량 10~70kDa, pI3.5~7.5
- [0624] 스포트 53 a : 분자량 5~60kDa, pI3.5~8.5
- [0625] 스포트 54 a : 분자량 5~60kDa, pI3.5~8.5
- [0626] 스포트 55 a : 분자량 30~90kDa, pI5.5~10.5
- [0627] 항원
- [0628] (1) 스포츠 1의 항원
- [0629] 스포트 1에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정(同定)을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [0630] DQSSSYDDDEYSK(서열번호 17)
- [0631] KSDQSSSYDDDEYSK(서열번호 18)
- [0632] SDQSSSYDDDEYSK(서열번호 19)
- [0633] SYDDDEYSK(서열번호 20)
- [0634] 또한, 스포트 1에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 Uniprot의 단백질 데이터와 조합(照合)하여 해석했던바, 보우만-버크 타입 프로테이나아제 억제제 D-II(Bowman-Birk type proteinase inhibitor D-II)(아미노산 서열 : 서열번호 2, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 1)이라는 것이 동정되었다.
- [0635] 따라서, 본원에 있어서 스포트 1의 항원은, 이하 (1A-a)~(1A-e) 및 (1B) 중 어느 하나이어도 된다.
- [0636] (1A-a) 서열번호 2에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0637] (1A-b) 서열번호 2로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0638] (1A-c) 서열번호 1에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0639] (1A-d) 서열번호 1로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0640] (1A-e) 서열번호 1로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이즈(hybridize)하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0641] (1B) 서열번호 17~20으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 더욱 바람직하게는, 서열번호 17~19로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 17~20 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

- [0642] 상기 (1A-a)~(1A-e) 및 (1B)의 단백질에는, 인산화(磷酸化)나 당쇄 수식(糖鎖修飾), 아미노아실화, 개환(開環), 탈(脫)아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식(修飾)을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [0643] 상기 (1A-a)~(1A-e) 및 (1B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 1kDa~30kDa, 바람직하게는 분자량 2kDa~25kDa, 보다 바람직하게는 분자량 5~20kDa 부근, 및 등전점 3.0~7.0, 바람직하게는 4.0~6.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [0644] 바람직하게는, 스포트 1의 항원인 단백질은, 서열번호 2의 아미노산 서열을 갖는 단백질(Bowman-Birk type proteinase inhibitor D-II)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [0645] (2) 스포츠 2의 항원
- [0646] 스포트 2에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [0647] ALRALRLLEDLRIPTAYIK(서열번호 21)
- [0648] ALRLSGGDHVHAGTVVGK(서열번호 22)
- [0649] LEGEREITLGFVDLLRDDFVEK(서열번호 23)
- [0650] LRLEDLRIPTAYIK(서열번호 24)
- [0651] LTYTTPDYETK(서열번호 25)
- [0652] TDGLTSLDRYK(서열번호 26)
- [0653] TFQGPPHGIQVERD(서열번호 27)
- [0654] TFQGPPHGIQVERDK(서열번호 28)
- [0655] 또한, 스포트 2에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 Uniprot의 단백질 데이터와 조합(照合)하여 해석했던바, 리불로오스 비스포스페이트 카복실라아제 라지 체인(Ribulose biphosphate carboxylase large chain)(아미노산 서열: 서열번호 4, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 3)이라는 것이 동정되었다.
- [0656] 따라서, 본원에 있어서 스포트 2의 항원은, 이하 (2A-a)~(2A-e) 및 (2B) 중 어느 하나이어도 된다.
- [0657] (2A-a) 서열번호 4에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0658] (2A-b) 서열번호 4로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0659] (2A-c) 서열번호 3에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0660] (2A-d) 서열번호 3으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0661] (2A-e) 서열번호 3으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0662] (2B) 서열번호 21~28로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 21~28 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [0663] 상기 (2A-a)~(2A-e) 및 (2B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [0664] 상기 (2A-a)~(2A-e) 및 (2B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 30kDa~75kDa, 바람직하게는 분자량 37kDa~70kDa, 보다 바람직하게는 분자

량 40~60kDa 부근, 및 등전점 4.0~8.5, 바람직하게는 5.5~7.5의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.

[0665] 바람직하게는, 스포트 2의 항원인 단백질은, 서열번호 4의 아미노산 서열을 갖는 단백질(Ribulose biphosphate carboxylase large chain)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.

[0666] (3) 스포츠 3의 항원

[0667] 스포트 3에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0668] APHTEDAIRVTQSTANFFISEARK(서열번호 29)

[0669] FVESGGARVIPLIYNESPENLNK(서열번호 30)

[0670] 또한, 스포트 3에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 Uniprot의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, γ -글루타밀하이드로라아제(Gamma-glutamyl hydrolase) (아미노산 서열 : 서열번호 6, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 5)이라는 것이 동정되었다.

[0671] 따라서, 본원에 있어서 스포트 3의 항원은, 이하 (3A-a)~(3A-e) 및 (3B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0672] (3A-a) 서열번호 6에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0673] (3A-b) 서열번호 6으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0674] (3A-c) 서열번호 5에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질, 또는 그 당쇄 수식체.

[0675] (3A-d) 서열번호 5로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0676] (3A-e) 서열번호 5로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0677] (3B) 서열번호 29 또는 30으로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질, 바람직하게는 서열번호 29 및 30으로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 29 및/또는 30으로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0678] 상기 (3A-a)~(3A-e) 및 (3B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0679] 상기 (3A-a)~(3A-e) 및 (3B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 20kDa~50kDa, 바람직하게는 분자량 25kDa~40kDa, 보다 바람직하게는 분자량 25~37kDa 부근, 및 등전점 7.0~12.0, 바람직하게는 8.0~10.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.

[0680] 바람직하게는, 스포트 3의 항원인 단백질은, 서열번호 6의 아미노산 서열을 갖는 단백질(Gamma-glutamyl hydrolase)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.

[0681] (4) 스포츠 4의 항원

[0682] 스포트 4에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0683] IWDLESK(서열번호 31)

[0684] SIVEDLK(서열번호 32)

[0685] 또한, 스포트 4에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 Uniprot의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 구아닌 뉴클레오티드 바인딩 프로테인 서브유닛 베타 라이크 프로테인(Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein) (아미노산 서열 : 서열번호 8, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 7)이라는 것이 동정되었다.

[0686] 따라서, 본원에 있어서 스포트 4의 항원은, 이하 (4A-a)~(4A-e) 및 (4B) 중 어느 하나이어도 된다.

- [0687] (4A-a) 서열번호 8에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0688] (4A-b) 서열번호 8로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0689] (4A-c) 서열번호 7에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0690] (4A-d) 서열번호 7로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0691] (4A-e) 서열번호 7로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0692] (4B) 서열번호 31 또는 32로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질, 바람직하게는 서열번호 31 및 32로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 31 및/또는 32로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [0693] 상기 (4A-a)~(4A-e) 및 (4B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [0694] 상기 (4A-a)~(4A-e) 및 (4B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 20kDa~50kDa, 바람직하게는 분자량 25kDa~40kDa, 보다 바람직하게는 분자량 25~37kDa 부근, 및 등전점 6.0~10.0, 바람직하게는 7.0~9.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [0695] 바람직하게는, 스포트 4의 항원인 단백질은, 서열번호 8의 아미노산 서열을 갖는 단백질(Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [0696] (5) 스포츠 5의 항원
- [0697] 스포트 5에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [0698] QELDERARQGETVVPGGTGGK(서열번호 33)
- [0699] SGEERAQEEAIDIDESK(서열번호 34)
- [0700] 또한, 스포트 5에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 Uniprot의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 프로테인 SLE3(Protein SLE3) (아미노산 서열 : 서열번호 10, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 9) 이라는 것이 동정되었다.
- [0701] 따라서, 본원에 있어서 스포트 5의 항원은, 이하 (5A-a)~(5A-e) 및 (5B) 중 어느 하나이어도 된다.
- [0702] (5A-a) 서열번호 10에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0703] (5A-b) 서열번호 10으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0704] (5A-c) 서열번호 9에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0705] (5A-d) 서열번호 9로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0706] (5A-e) 서열번호 9로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0707] (5B) 서열번호 33 또는 34로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질, 바람직하게는 서열번호 33 및 34로 나

타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 33 및/또는 34로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0708] 상기 (5A-a)~(5A-e) 및 (5B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0709] 상기 (5A-a)~(5A-e) 및 (5B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 2kDa~30kDa, 바람직하게는 분자량 3kDa~25kDa, 보다 바람직하게는 분자량 5~20kDa 부근, 및 등전점 4.0~9.0, 바람직하게는 5.0~7.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.

[0710] 바람직하게는, 스포트 5의 항원인 단백질은, 서열번호 10의 아미노산 서열을 갖는 단백질(Protein SLE3)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.

[0711] (6) 스포츠 6의 항원

[0712] 스포트 6에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0713] AAAHVVEGAAGYAGHK(서열번호 35)

[0714] AKDYTLQAAEK(서열번호 36)

[0715] ARETHELGAHFESLADK(서열번호 37)

[0716] ATAVGWAAAHFSAEK(서열번호 38)

[0717] DTPQGSIEALQAGERVK(서열번호 39)

[0718] DYTLQAAEK(서열번호 40)

[0719] EEAQRELEAK(서열번호 41)

[0720] EGTGSIVFTAIGETVSSAGEK(서열번호 42)

[0721] ERGRESGGQVVAEK(서열번호 43)

[0722] GLAASAGETAK(서열번호 44)

[0723] GQQGYAVTK(서열번호 45)

[0724] KPSQPQEAERPSEGIGETVRQYQK(서열번호 46)

[0725] PAEIVQER(서열번호 47)

[0726] PQGSIEALQAGERVK(서열번호 48)

[0727] QAASETLNTTQTAQEK(서열번호 49)

[0728] SAGGTTASYVGEK(서열번호 50)

[0729] SLTSIGEK(서열번호 51)

[0730] TPQGSIEALQAGERVK(서열번호 52)

[0731] VTDHAAANVGNK(서열번호 53)

[0732] 또한, 스포트 6에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 Uniprot의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 시드 비오틴 콘테이닝 단백질 SBP65(Seed biotin-containing protein SBP65) (아미노산 서열 : 서열번호 12, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 11)이라는 것이 동정되었다.

[0733] 따라서, 본원에 있어서 스포트 6의 항원은, 이하 (6A-a)~(6A-e) 및 (6B) 중 어느 하나이어도 된다.

[0734] (6A-a) 서열번호 12에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0735] (6A-b) 서열번호 12로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

[0736] (6A-c) 서열번호 11에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해

코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [0737] (6A-d) 서열번호 11로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0738] (6A-e) 서열번호 11로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0739] (6B) 서열번호 35~53으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 보다 바람직하게는, 서열번호 35~39, 41~44, 46, 48~50, 52 및 53으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 35~53 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [0740] 상기 (6A-a)~(6A-e) 및 (6B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [0741] 상기 (6A-a)~(6A-e) 및 (6B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 50kDa~100kDa, 바람직하게는 분자량 55kDa~90kDa, 보다 바람직하게는 분자량 60~75kDa 부근, 및 등전점 5.0~10.0, 바람직하게는 6.0~8.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [0742] 바람직하게는, 스포트 6의 항원인 단백질은, 서열번호 12의 아미노산 서열을 갖는 단백질(Seed biotin-containing protein SBP65)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [0743] (7) 스포츠 7의 항원
- [0744] 스포트 7에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [0745] AASNAPAPLAGVIFEPFQELKK(서열번호 54)
- [0746] ASNAPAPLAGVIFEPFQELKK(서열번호 55)
- [0747] FFKESSEEEREHAEQLIK(서열번호 56)
- [0748] GHGVWHFDQK(서열번호 57)
- [0749] IAEYVAQLRLVGK(서열번호 58)
- [0750] KIAEYVAQLRLVGK(서열번호 59)
- [0751] LLHDEDHV(서열번호 60)
- [0752] SNAPAPLAGVIFEPFQELKK(서열번호 61)
- [0753] 또한, 스포트 7에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 Uniprot의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 페리틴-2(Ferritin-2) (아미노산 서열 : 서열번호 14, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 13)이라는 것이 동정되었다.
- [0754] 따라서, 본원에 있어서 스포트 7의 항원은, 이하 (7A-a)~(7A-e) 및 (7B) 중 어느 하나이어도 된다.
- [0755] (7A-a) 서열번호 14에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0756] (7A-b) 서열번호 14로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0757] (7A-c) 서열번호 13에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0758] (7A-d) 서열번호 13으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함

하는 단백질.

- [0759] (7A-e) 서열번호 13으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0760] (7B) 서열번호 54~61로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 보다 바람직하게는, 서열번호 54~59 및 61로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 54~61 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [0761] 상기 (7A-a)~(7A-e) 및 (7B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [0762] 상기 (7A-a)~(7A-e) 및 (7B)의 단백질은, 상기 「항원의 특징」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 5kDa~37kDa, 바람직하게는 분자량 10kDa~30kDa, 보다 바람직하게는 분자량 15~25kDa 부근, 및 등전점 3.0~7.0, 바람직하게는 4.0~6.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [0763] 바람직하게는, 스포트 7의 항원인 단백질은, 서열번호 14의 아미노산 서열을 갖는 단백질(Ferritin-2)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [0764] (8) 스포츠 8의 항원
- [0765] 스포트 8에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [0766] AGESESNLRK(서열번호 62)
- [0767] GESEANVREIFDK(서열번호 63)
- [0768] GILLYGPPGSGK(서열번호 64)
- [0769] LAGESESNLRK(서열번호 65)
- [0770] LSDDVDLERIAK(서열번호 66)
- [0771] RELQETVQYPVEHPEK(서열번호 67)
- [0772] TVFIIGATNRPDIID(서열번호 68)
- [0773] 또한, 스포트 8에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 Uniprot의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 셀 디비전 사이클 프로테인 48 호모로그(Cell division cycle protein 48 homolog) (아미노산 서열 : 서열번호 16, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 15)이라는 것이 동정되었다.
- [0774] 따라서, 본원에 있어서 스포트 8의 항원은, 이하 (8A-a)~(8A-e) 및 (8B) 중 어느 하나이어도 된다.
- [0775] (8A-a) 서열번호 16에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0776] (8A-b) 서열번호 16으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0777] (8A-c) 서열번호 15에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0778] (8A-d) 서열번호 15로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0779] (8A-e) 서열번호 15로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0780] (8B) 서열번호 62~68로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서,

서열번호 62~68 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

- [0781] 상기 (8A-a)~(8A-e) 및 (8B)의 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [0782] 상기 (8A-a)~(8A-e) 및 (8B)의 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 75kDa~200kDa, 바람직하게는 분자량 100kDa~170kDa, 보다 바람직하게는 분자량 100~150kDa 부근, 및 등전점 3.0~7.0, 바람직하게는 4.0~6.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [0783] 바람직하게는, 스포트 8의 항원인 단백질은, 서열번호 16의 아미노산 서열을 갖는 단백질(Cell division cycle protein 48 homolog)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [0784] (1a) 스포츠 1a의 항원
- [0785] 스포트 1a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [0786] APQDLYESYYNANK(서열번호 71)
- [0787] AVLFVPPK(서열번호 72)
- [0788] DFASRIYDSVK(서열번호 73)
- [0789] DIFLRELISNASDALDK(서열번호 74)
- [0790] DIFYITGTSK(서열번호 75)
- [0791] DNVDVK(서열번호 76)
- [0792] EDSKPETDAVNDNDVK(서열번호 77)
- [0793] EEAGEYLEESK(서열번호 78)
- [0794] EQLENSPFLERLK(서열번호 79)
- [0795] EVLGEDNTK(서열번호 80)
- [0796] EVTEEEYTK(서열번호 81)
- [0797] FYHSLAK(서열번호 82)
- [0798] IGAVPHGLSTDSDVK(서열번호 83)
- [0799] LGIIEDATNRRLAK(서열번호 84)
- [0800] NPEDEGVK(서열번호 85)
- [0801] SGTSAFVEK(서열번호 86)
- [0802] TSLDISPEATVEEEDDTEVEAESDAK(서열번호 87)
- [0803] APQDLYESYYNANK(서열번호 90)
- [0804] AVLFVPPK(서열번호 91)
- [0805] DFASRIYDSVK(서열번호 92)
- [0806] DIFLRELISNASDALDK(서열번호 93)
- [0807] DIFYITGTSK(서열번호 94)
- [0808] DNVDVK(서열번호 95)
- [0809] DVLGEDNTK(서열번호 96)
- [0810] EEAGEYLQESK(서열번호 97)

- [0811] EQLENSPFLERLK(서열번호 98)
- [0812] EVTEEEYTK(서열번호 99)
- [0813] FYHSLAK(서열번호 100)
- [0814] IGAVPHGLSTDSDVVK(서열번호 101)
- [0815] LGI IEDATNRNRLAK(서열번호 102)
- [0816] NPEDEGVK(서열번호 103)
- [0817] SGTSAFVEK(서열번호 104)
- [0818] 또한, 스포트 1a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 71~87 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 엔도플라스민 호모로그 아이소폼 X2(endoplasmin homolog isoform X2) (아미노산 서열 : 서열번호 70, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 69), 서열번호 90~104 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 엔도플라스민 호모로그 아이소폼 X2(endoplasmin homolog isoform X2) (아미노산 서열 : 서열번호 89, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 88)이 동정되었다.
- [0819] 따라서, 본원에 있어서 스포트 1a의 항원은, 이하 (1aA1-a)~(1aA1-e), (1aB1), (1aA2-a)~(1aA2-e), 및 (1aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [0820] (1aA1-a) 서열번호 70에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0821] (1aA1-b) 서열번호 70으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0822] (1aA1-c) 서열번호 69에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0823] (1aA1-d) 서열번호 69로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0824] (1aA1-e) 서열번호 69로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0825] (1aB1) 서열번호 71~87로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 71~87 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [0826] (1aA2-a) 서열번호 89에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0827] (1aA2-b) 서열번호 89로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0828] (1aA2-c) 서열번호 88에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0829] (1aA2-d) 서열번호 88로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0830] (1aA2-e) 서열번호 88로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0831] (1aB2) 서열번호 90~104로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 또는 모든 서열을

포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 90~104 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

[0832] 상기 (1 α A1-a)~(1 α A1-e), (1 α B1), (1 α A2-a)~(1 α A2-e), 및 (1 α B2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

[0833] 상기 (1 α A1-a)~(1 α A1-e), (1 α B1), (1 α A2-a)~(1 α A2-e), 및 (1 α B2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 70~120kDa, 바람직하게는 분자량 80~110kDa 부근, 및 등전점 2.5~6.5, 바람직하게는 3.0~6.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.

[0834] 바람직하게는, 스포트 1 α의 항원인 단백질은, 서열번호 70 또는 89의 아미노산 서열을 갖는 단백질(endoplasmin homolog isoform X2)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.

[0835] (2 α) 스포츠 2 α의 항원

[0836] 스포트 2 α에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.

[0837] ADLVNNLGTIARSGTK(서열번호 107)

[0838] AVENSPFLEK(서열번호 108)

[0839] EDQLEYLEERRLK(서열번호 109)

[0840] EEYAAFYK(서열번호 110)

[0841] EGQNDIYYITGESK(서열번호 111)

[0842] EIFLRELISNASDALDK(서열번호 112)

[0843] FYEAFSK(서열번호 113)

[0844] HFSVEGQLEFK(서열번호 114)

[0845] IRFESLTDK(서열번호 115)

[0846] LAELLYRHSTK(서열번호 116)

[0847] LDESEDEK(서열번호 117)

[0848] LGIHEDSQNK(서열번호 118)

[0849] RAPFDLFDTRK(서열번호 119)

[0850] VEDVDEDK(서열번호 120)

[0851] ADLVNNLGTIARSGTK(서열번호 123)

[0852] AVENSPFLEK(서열번호 124)

[0853] EDQLEYLEERRLK(서열번호 125)

[0854] EEYSAFYK(서열번호 126)

[0855] EGQSDIYYITGESK(서열번호 127)

[0856] EIFLRELISNASDALDK(서열번호 128)

[0857] FYEAFSK(서열번호 129)

[0858] HFSVEGQLEFK(서열번호 130)

[0859] IAELLYRHSTK(서열번호 131)

[0860] IRFESLTDK(서열번호 132)

[0861] LDESEDEK(서열번호 133)

- [0862] LGIHEDSQNK(서열번호 134)
- [0863] RAPFDLFDTRK(서열번호 135)
- [0864] SGDELTSLK(서열번호 136)
- [0865] VEDVDEEK(서열번호 137)
- [0866] ADLVNNLGTIARSGTK(서열번호 140)
- [0867] AVENSPFLEK(서열번호 141)
- [0868] EDQLEYLEERRLK(서열번호 142)
- [0869] EEYAAFYK(서열번호 143) EG
- [0870] QNDIYYITGESK(서열번호 144)
- [0871] EIFLRELISNASDALDK(서열번호 145)
- [0872] FYEAFSK(서열번호 146)
- [0873] HFSVEGQLEFK(서열번호 147)
- [0874] IRFESLTDK(서열번호 148)
- [0875] LAELLYRHSTK(서열번호 149)
- [0876] LDESEDEK(서열번호 150)
- [0877] LGIHEDSQNK(서열번호 151)
- [0878] RAPFDLFDTK(서열번호 152)
- [0879] VEDVDEDK(서열번호 153)
- [0880] 또한, 스포트 2a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 107~120 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 히트 쇼크 코그네이트 단백질 80(heat shock cognate protein 80) (아미노산 서열 : 서열번호 106, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 105), 서열번호 123~137 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 히트쇼크 단백질 90-1(heat shock protein 90-1) (아미노산 서열 : 서열번호 122, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 121), 서열번호 140~153 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 하이포세티칼 단백질 GLYMA_02G302500(hypothetical protein GLYMA_02G302500)이 동정되었다.
- [0881] 따라서, 본원에 있어서 스포트 2a의 항원은, 이하 (2aA1-a)~(2aA1-e), (2aB1), (2aA2-a)~(2aA2-e), (2aB2), (2aA3-a)~(2aA3-e), 및 (2aB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [0882] (2aA1-a) 서열번호 106에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0883] (2aA1-b) 서열번호 106으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0884] (2aA1-c) 서열번호 105에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0885] (2aA1-d) 서열번호 105로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0886] (2aA1-e) 서열번호 105로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0887] (2aB1) 서열번호 107~120으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 또는 모든 서열을

포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 107~120 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

- [0888] (2 a A2-a) 서열번호 122에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0889] (2 a A2-b) 서열번호 122로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0890] (2 a A2-c) 서열번호 121에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0891] (2 a A2-d) 서열번호 121로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0892] (2 a A2-e) 서열번호 121로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0893] (2 a B2) 서열번호 123~137로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 123~137 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [0894] (2 a A3-a) 서열번호 139에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0895] (2 a A3-b) 서열번호 139로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0896] (2 a A3-c) 서열번호 138에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0897] (2 a A3-d) 서열번호 138로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0898] (2 a A3-e) 서열번호 138로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0899] (2 a B3) 서열번호 140~153으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 140~153 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [0900] 상기 (2 a A1-a)~(2 a A1-e), (2 a B1), (2 a A2-a)~(2 a A2-e), (2 a B2), (2 a A3-a)~(2 a A3-e), 및 (2 a B3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [0901] 상기 (2 a A1-a)~(2 a A1-e), (2 a B1), (2 a A2-a)~(2 a A2-e), (2 a B2), (2 a A3-a)~(2 a A3-e), 및 (2 a B3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 50~120kDa, 바람직하게는 분자량 60~110kDa 부근, 및 등전점 2.5~6.5, 바람직하게는 3.0~6.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [0902] 바람직하게는, 스포트 2 a의 항원인 단백질은, 서열번호 106의 아미노산 서열을 갖는 단백질(heat shock cognate protein 80), 서열번호 122의 아미노산 서열을 갖는 단백질(heat shock protein 90-1) 혹은 서열번호 139의 아미노산을 갖는 단백질(hypothetical protein GLYMA_02G302500)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [0903] (4 a) 스포츠 4 a의 항원

- [0904] 스포트 4 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [0905] AGGALSIAFVSK(서열번호 156)
- [0906] DGLIVSIGK(서열번호 157)
- [0907] 또한, 스포트 4 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 156, 157 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 엔브리오 스페시픽 우레아제 아이소폼 X1(embryo-specific urease isoform X1) (아미노산 서열 : 서열번호 155, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 154)이 동정되었다.
- [0908] 따라서, 본원에 있어서 스포트 4 a의 항원은, 이하 (4 aA-a)~(4 aA-e), 및 (4 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [0909] (4 aA-a) 서열번호 155에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0910] (4 aA-b) 서열번호 155로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0911] (4 aA-c) 서열번호 154에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0912] (4 aA-d) 서열번호 154로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0913] (4 aA-e) 서열번호 154로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0914] (4 aB) 서열번호 156 및 157로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 양쪽 모두를 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 156, 157 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [0915] 상기 (4 aA-a)~(4 aA-e), 및 (4 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [0916] 상기 (4 aA-a)~(4 aA-e), 및 (4 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특징」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 70~120kDa, 바람직하게는 분자량 80~110kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [0917] 바람직하게는, 스포트 4 a의 항원인 단백질은, 서열번호 155의 아미노산 서열을 갖는 단백질(embryo-specific urease isoform X1)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [0918] (5 a) 스포츠 5 a의 항원
- [0919] 스포트 5 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [0920] AFATYVQAK(서열번호 160)
- [0921] QQEATSLSSFTPDASSIASSIK(서열번호 161)
- [0922] 또한, 스포트 5 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 160, 161 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 α-1, 4글루칸 포스포릴라아제 L 아이소자임, 클로로플라스틱/아미로플라스틱(alpha-1,4 glucan phosphorylase L isozyme, chloroplastic/amyloplastic) (아미노산 서열 : 서열번호 159, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 158)이 동정되었다.
- [0923] 따라서, 본원에 있어서 스포트 5 a의 항원은, 이하 (5 aA-a)~(5 aA-e), 및 (5 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.

- [0924] (5 aA-a) 서열번호 159에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0925] (5 aA-b) 서열번호 159로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0926] (5 aA-c) 서열번호 158에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0927] (5 aA-d) 서열번호 158로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0928] (5 aA-e) 서열번호 158로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0929] (5 aB) 서열번호 160 및 161로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 양쪽 모두를 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 160, 161 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가되어 있어도 된다.
- [0930] 상기 (5 aA-a)~(5 aA-e), 및 (5 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [0931] 상기 (5 aA-a)~(5 aA-e), 및 (5 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 70~170kDa, 바람직하게는 분자량 80~160kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [0932] 바람직하게는, 스포트 5 a의 항원인 단백질은, 서열번호 159의 아미노산 서열을 갖는 단백질(alpha-1,4 glucan phosphorylase L isozyme, chloroplastic/amyloplastic)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [0933] (6 a) 스포츠 6 a의 항원
- [0934] 스포트 6 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [0935] FLNGEVGPK(서열번호 164)
- [0936] LSVFDAAEK(서열번호 165)
- [0937] LSVFDVAEK(서열번호 166)
- [0938] TSLAPGSGVVTk(서열번호 167)
- [0939] FLNGEVGPK(서열번호 170)
- [0940] LSVFDVAEK(서열번호 171)
- [0941] TSLAPGSGVVTk(서열번호 172)
- [0942] 또한, 스포트 6 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 164~167 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 아코니테이트 히드라타아제 1(aconitate hydratase 1) (아미노산 서열 : 서열번호 163, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 162), 서열번호 170~172 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 아코니테이트 히드라타아제 1(아미노산 서열 : 서열번호 169, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 168)이 동정되었다.
- [0943] 따라서, 본원에 있어서 스포트 6 a의 항원은, 이하 (6 aA1-a)~(6 aA1-e), (6 aB1), (6 aA2-a)~(6 aA2-e), 및 (6 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [0944] (6 aA1-a) 서열번호 163에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [0945] (6 aA1-b) 서열번호 163으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0946] (6 aA1-c) 서열번호 162에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0947] (6 aA1-d) 서열번호 162로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0948] (6 aA1-e) 서열번호 162로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0949] (6 aB1) 서열번호 164~167로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 164~167 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [0950] (6 aA2-a) 서열번호 169에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0951] (6 aA2-b) 서열번호 169로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0952] (6 aA2-c) 서열번호 168에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0953] (6 aA2-d) 서열번호 168로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0954] (6 aA2-e) 서열번호 168로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0955] (6 aB2) 서열번호 170~172로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 170~172 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [0956] 상기 (6 aA1-a)~(6 aA1-e), (6 aB1), (6 aA2-a)~(6 aA2-e), 및 (6 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [0957] 상기 (6 aA1-a)~(6 aA1-e), (6 aB1), (6 aA2-a)~(6 aA2-e), 및 (6 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 70~120kDa, 바람직하게는 분자량 80~110kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [0958] 바람직하게는, 스포트 6 a의 항원인 단백질은, 서열번호 163 또는 169의 아미노산 서열을 갖는 단백질 (aconitate hydratase 1)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [0959] (7 a) 스포츠 7 a의 항원
- [0960] 스포트 7 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [0961] AGITVIQIDEAALREGLPLRK(서열번호 175)
- [0962] ALGVDITVPVLVGPVTYLLLSKPAK(서열번호 176)
- [0963] DEAFFSGNAAALASRK(서열번호 177)

- [0964] DEVEDLEK(서열번호 178)
- [0965] ISEEEYVK(서열번호 179)
- [0966] IVEVNALAK(서열번호 180)
- [0967] LIRNELAK(서열번호 181)
- [0968] LLSVFREGVK(서열번호 182)
- [0969] LVVSTSSSLHTAVDLVNETK(서열번호 183)
- [0970] SFSLLSLLPK(서열번호 184)
- [0971] SSPRVTNEAVQK(서열번호 185)
- [0972] TLTSLNGVTAYGFDLVRGINTLDLIK(서열번호 186)
- [0973] YGAGIGPGVYDIHSPRIPTTEIADRINK(서열번호 187)
- [0974] 또한, 스포트 7a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 175~187 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 메치오닌신타아제(methionine synthase) (아미노산 서열 : 서열번호 174, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 173)가 동정되었다.
- [0975] 따라서, 본원에 있어서 스포트 7a의 항원은, 이하 (7aA-a)~(7aA-e), 및 (7aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [0976] (7aA-a) 서열번호 174에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0977] (7aA-b) 서열번호 174로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0978] (7aA-c) 서열번호 173에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0979] (7aA-d) 서열번호 173으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0980] (7aA-e) 서열번호 173으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [0981] (7aB) 서열번호 175~187로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 175~187 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [0982] 상기 (7aA-a)~(7aA-e), 및 (7aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [0983] 상기 (7aA-a)~(7aA-e), 및 (7aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 50~120kDa, 바람직하게는 분자량 60~110kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [0984] 바람직하게는, 스포트 7a의 항원인 단백질은, 서열번호 174의 아미노산 서열을 갖는 단백질(methionine synthase)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [0985] (8a) 스포츠 8a의 항원
- [0986] 스포트 8a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [0987] AIGIDRFASAPAGRIYK(서열번호 190)

- [0988] ALPTYTPESPADATRNLSQTNLNALAK(서열번호 191)
- [0989] ANSYSVHGSALGAK(서열번호 192)
- [0990] ATADAALVEK(서열번호 193)
- [0991] DKPTLIK(서열번호 194)
- [0992] GGYTISDNSTGNKPDVILIGTGSELEIAAK(서열번호 195)
- [0993] LPQLPGTSIEGVEK(서열번호 196)
- [0994] NGNGYDDIRAAIK(서열번호 197)
- [0995] SVNTIRFLAIDAVEK(서열번호 198)
- [0996] VTTTIGYGSPNK(서열번호 199)
- [0997] 또한, 스포트 8a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 190~199 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 트란스케트라아제, 클로로플라스틱(transketolase, chloroplastic)(아미노산 서열: 서열번호 189, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 188)이 동정되었다.
- [0998] 따라서, 본원에 있어서 스포트 8a의 항원은, 이하 (8aA-a)~(8aA-e), 및 (8aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [0999] (8aA-a) 서열번호 189에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1000] (8aA-b) 서열번호 189로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1001] (8aA-c) 서열번호 188에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1002] (8aA-d) 서열번호 188로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1003] (8aA-e) 서열번호 188로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1004] (8aB) 서열번호 190~199로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 190~199 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1005] 상기 (8aA-a)~(8aA-e), 및 (8aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1006] 상기 (8aA-a)~(8aA-e), 및 (8aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특징」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 50~120kDa, 바람직하게는 분자량 60~110kDa 부근, 및 등전점 3.5~8.5, 바람직하게는 4.0~8.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1007] 바람직하게는, 스포트 8a의 항원인 단백질은, 서열번호 189의 아미노산 서열을 갖는 단백질(transketolase, chloroplastic)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1008] (9a) 스포츠 9a의 항원
- [1009] 스포트 9a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1010] DLSSEANQYLK(서열번호 202)

- [1011] 또한, 스포트 9a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 202를 포함하는 단백질로서 리진-tRNA 리가아제, 사이토프플스믹 라이크 아이소폼 X2(lysine-tRNA ligase, cytoplasmic-like isoform X2) (아미노산 서열 : 서열번호 201, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 200)가 동정되었다.
- [1012] 따라서, 본원에 있어서 스포트 9a의 항원은, 이하 (9aA-a)~(9aA-e), 및 (9aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1013] (9aA-a) 서열번호 201에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1014] (9aA-b) 서열번호 201로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1015] (9aA-c) 서열번호 200에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1016] (9aA-d) 서열번호 200으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1017] (9aA-e) 서열번호 200으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1018] (9aB) 서열번호 202로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 202로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1019] 상기 (9aA-a)~(9aA-e), 및 (9aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1020] 상기 (9aA-a)~(9aA-e), 및 (9aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특징」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 50~120kDa, 바람직하게는 분자량 60~110kDa 부근, 및 등전점 3.5~8.5, 바람직하게는 4.0~8.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1021] 바람직하게는, 스포트 9a의 항원인 단백질은, 서열번호 201의 아미노산 서열을 갖는 단백질(lysine-tRNA ligase, cytoplasmic-like isoform X2)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1022] (10a) 스포츠 10a의 항원
- [1023] 스포트 10a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1024] AAVEEGIVPGGGVALLYASSELDK(서열번호 205)
- [1025] DRVTDALNATK(서열번호 206)
- [1026] EGVITISDGK(서열번호 207)
- [1027] GRNVIEQSFGAPK(서열번호 208)
- [1028] GVEELADAVK(서열번호 209)
- [1029] IGGASEAEVGEK(서열번호 210)
- [1030] IGVQIIQNALK(서열번호 211)
- [1031] ISSINAIVK(서열번호 212)
- [1032] LLEQNPDGLGYDAK(서열번호 213)
- [1033] LQTANFDQK(서열번호 214)
- [1034] LSGGVAVLK(서열번호 215)

- [1035] NIGASLVK(서열번호 216)
- [1036] TGIIDPLK(서열번호 217)
- [1037] TPVHTIASNAGVEGAVVVGK(서열번호 218)
- [1038] AGIIDPLK(서열번호 221)
- [1039] DRVTDALNATK(서열번호 222)
- [1040] EGVITISDGK(서열번호 223)
- [1041] GRNVVIEQSFGAPK(서열번호 224)
- [1042] GVEELADAVK(서열번호 225)
- [1043] IGGASEAEVGEK(서열번호 226)
- [1044] IGVQIIQNALK(서열번호 227)
- [1045] ISSINAIVK(서열번호 228)
- [1046] LLEQENHDLGYDAK(서열번호 229)
- [1047] LQTANFDQK(서열번호 230)
- [1048] LSGGVAVLK(서열번호 231)
- [1049] 또한, 스포트 10 a 에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 205~218 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 샤페로닌 CPN60-2, 미토콘드리아(chaperonin CPN60-2, mitochondrial) (아미노산 서열 : 서열번호 204, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 203), 서열번호 221~231 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 샤페로닌 CPN60-2, 미토콘드리아 라이크 아이소폼 X1(chaperonin CPN60-2, mitochondrial-like isoform X1) (아미노산 서열 : 서열번호 220, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 219)이 동정되었다.
- [1050] 따라서, 본원에 있어서 스포트 10 a 의 항원은, 이하 (10 a A1-a)~(10 a A1-e), (10 a B1), (10 a A2-a)~(10 a A2-e), 및 (10 a B2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질을 포함하는 단백질.
- [1051] (10 a A1-a) 서열번호 204에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1052] (10 a A1-b) 서열번호 204로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1053] (10 a A1-c) 서열번호 203에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오타이드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1054] (10 a A1-d) 서열번호 203으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1055] (10 a A1-e) 서열번호 203으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1056] (10 a B1) 서열번호 205~218로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 205~218 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1057] (10 a A2-a) 서열번호 220에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1058] (10 a A2-b) 서열번호 220으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [1059] (10 αA2-c) 서열번호 219에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1060] (10 αA2-d) 서열번호 219로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1061] (10 αA2-e) 서열번호 219로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1062] (10 αB2) 서열번호 221~231로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 221~231 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1063] 상기 (10 αA1-a)~(10 αA1-e), (10 αB1), (10 αA2-a)~(10 αA2-e), 및 (10 αB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1064] 상기 (10 αA1-a)~(10 αA1-e), (10 αB1), (10 αA2-a)~(10 αA2-e), 및 (10 αB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 30~90kDa, 바람직하게는 분자량 40~80kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스폿으로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1065] 바람직하게는, 스폿 10 α의 항원인 단백질은, 서열번호 204의 아미노산 서열을 갖는 단백질(haperonin CPN60-2, mitochondrial) 혹은 서열번호 220의 아미노산 서열을 갖는 단백질(chaperonin CPN60-2, mitochondrial-like isoform X1)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1066] (11 α) 스포츠 11 α의 항원
- [1067] 스포츠 11 α에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1068] AIDVLNFTPLNGK(서열번호 234)
- [1069] FNNVFVK(서열번호 235)
- [1070] GFGFVNFAVDDAAK(서열번호 236)
- [1071] SGAAVFIK(서열번호 237)
- [1072] 또한, 스포츠 11 α에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 234~237 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 폴리아데닐레이트-바인딩 단백질 8 아이소폼 X3(polyadenylate-binding protein 8 isoform X3) (아미노산 서열 : 서열번호 233, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 232)이 동정되었다.
- [1073] 따라서, 본원에 있어서 스포츠 11 α의 항원은, 이하 (11 αA-a)~(11 αA-e), 및 (11 αB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1074] (11 αA-a) 서열번호 233에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1075] (11 αA-b) 서열번호 233으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1076] (11 αA-c) 서열번호 232에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1077] (11 αA-d) 서열번호 232로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1078] (11 αA-e) 서열번호 232로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트

한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [1079] (11 aB) 서열번호 234~237로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 234~237 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1080] 상기 (11 aA-a)~(11 aA-e), 및 (11 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1081] 상기 (11 aA-a)~(11 aA-e), 및 (11 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 30~90kDa, 바람직하게는 분자량 40~80kDa 부근, 및 등전점 3.5~8.5, 바람직하게는 4.0~8.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1082] 바람직하게는, 스포트 11 a의 항원인 단백질은, 서열번호 233의 아미노산 서열을 갖는 단백질(polyadenylate-binding protein 8 isoform X3)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1083] (12 a) 스포츠 12 a의 항원
- [1084] 스포트 12 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1085] VVGVPVTLNGDLK(서열번호 240)
- [1086] 또한, 스포트 12 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 240을 포함하는 단백질로서 피로포스페이트-프루토오스 6-포스페이트 1-포스포트란스페라아제 서브유닛알파와 라이크(pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha-like)(아미노산 서열 : 서열번호 239, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 238)가 동정되었다.
- [1087] 따라서, 본원에 있어서 스포트 12 a의 항원은, 이하 (12 aA-a)~(12 aA-e), 및 (12 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1088] (12 aA-a) 서열번호 239에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1089] (12 aA-b) 서열번호 239로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1090] (12 aA-c) 서열번호 238에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1091] (12 aA-d) 서열번호 238로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1092] (12 aA-e) 서열번호 238로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1093] (12 aB) 서열번호 240으로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 240으로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1094] 상기 (12 aA-a)~(12 aA-e), 및 (12 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1095] 상기 (12 aA-a)~(12 aA-e), 및 (12 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 30~90kDa, 바람직하게는 분자량 40~80kDa 부근, 및 등전점 3.5~8.5, 바람직하게는 4.0~8.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1096] 바람직하게는, 스포트 12 a의 항원인 단백질은, 서열번호 239의 아미노산 서열을 갖는 단백질(pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha-like)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한

알레르기의 원인이 된다.

- [1097] (13 a) 스포츠 13 a의 항원
- [1098] 스포츠 13 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1099] AASILSSHDPVVLAK(서열번호 243)
- [1100] DGNVAPFVK(서열번호 244)
- [1101] DLASQYDVRGYPTIK(서열번호 245)
- [1102] EDIIEFIEK(서열번호 246)
- [1103] EEQVPLIIIIQHNDGK(서열번호 247)
- [1104] EFVLTLDHSNFHDTVSK(서열번호 248)
- [1105] FFKPNLEADHIPTWLK(서열번호 249)
- [1106] FFNSPNAK(서열번호 250)
- [1107] FSGEEFDNFSALAEK(서열번호 251)
- [1108] FVEESSTPVVTVFNNDPSNHPFVAK(서열번호 252)
- [1109] AASILSSHDPPIVLAK(서열번호 255)
- [1110] DGHVAPFVK(서열번호 256)
- [1111] DLASQYDVK(서열번호 257)
- [1112] EDIIEFIEK(서열번호 258)
- [1113] EEQVPLIIIIQHNDGK(서열번호 259)
- [1114] EFVLTLDHSNFHDTVSK(서열번호 260)
- [1115] FFKPNLEADHIPTWLK(서열번호 261)
- [1116] FFNSPNAK(서열번호 262)
- [1117] FSGEEFDNFSALAEK(서열번호 263)
- [1118] FVEESSTPVVTVFNNEPSNHPFVVK(서열번호 264)
- [1119] GFPTINILRNGGK(서열번호 265)
- [1120] GPREADGIVDYLK(서열번호 266)
- [1121] LAPEYEK(서열번호 267)
- [1122] LDATANDIPSETFDVQGYPTVYFRSASGK(서열번호 268)
- [1123] LRSYDFGHTLNAK(서열번호 269)
- [1124] LSQYDGGRTK(서열번호 270)
- [1125] QLAPILDEVAISYQNEADVVIK(서열번호 271)
- [1126] QQGVSVLVGDVESSQGAQYFGLK(서열번호 272)
- [1127] QSGPASTEIK(서열번호 273)
- [1128] SADEATAFIGENK(서열번호 274)
- [1129] SEPIPETNDEPVK(서열번호 275)
- [1130] VAIVGVFPK(서열번호 276)
- [1131] VVVGASLEDIVFK(서열번호 277)

- [1132] YREAAEQYK(서열번호 278)
- [1133] 또한, 스포트 13a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 243~252 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 프로테인 디설피드 이소메라아제-라이크 프로테인 프레커서(protein disulfide isomerase-like protein precursor) (아미노산 서열 : 서열번호 242, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 241), 서열번호 255~278 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 프로테인 디설피드 이소메라아제(protein disulfide-isomerase) (아미노산 서열 : 서열번호 254, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 253)이 동정되었다.
- [1134] 따라서, 본원에 있어서 스포트 13a의 항원은, 이하 (13aA1-a)~(13aA1-e), (13aB1), (13aA2-a)~(13aA2-e), 및 (13aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1135] (13aA1-a) 서열번호 242에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1136] (13aA1-b) 서열번호 242로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1137] (13aA1-c) 서열번호 241에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1138] (13aA1-d) 서열번호 241로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1139] (13aA1-e) 서열번호 241로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1140] (13aB1) 서열번호 243~252로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 243~252 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1141] (13aA2-a) 서열번호 254에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1142] (13aA2-b) 서열번호 254로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1143] (13aA2-c) 서열번호 253에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1144] (13aA2-d) 서열번호 253으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1145] (13aA2-e) 서열번호 253으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1146] (13aB2) 서열번호 255~278로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 225~278 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1147] 상기 (13aA1-a)~(13aA1-e), (13aB1), (13aA2-a)~(13aA2-e), 및 (13aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1148] 상기 (13aA1-a)~(13aA1-e), (13aB1), (13aA2-a)~(13aA2-e), 및 (13aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있

어서, 분자량 30~90kDa, 바람직하게는 분자량 40~80kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.

- [1149] 바람직하게는, 스포트 13 a의 항원인 단백질은, 서열번호 242의 아미노산 서열을 갖는 단백질(protein disulfide isomerase-like protein precursor) 혹은 서열번호 254의 아미노산 서열을 갖는 단백질(protein disulfide-isomerase)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1150] (14 a) 스포츠 14 a의 항원
- [1151] 스포트 14 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1152] DHSVSNQLYANYAIGK(서열번호 281)
- [1153] FQEIIVNIRLGDGTTRGQVLEVDGEK(서열번호 282)
- [1154] FTTVQFTGEVLK(서열번호 283)
- [1155] TLDQFYSRDASN(서열번호 284)
- [1156] FQEIIVNIRLGDGTTRGQVLEVDGEK(서열번호 287)
- [1157] FTTVQFTGEVLK(서열번호 288)
- [1158] TLDQFYSRDAGN(서열번호 289)
- [1159] 또한, 스포트 14 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 281~284 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 V-타입 프로톤 ATPase 서브유닛 B2(V-type proton ATPase subunit B2) (아미노산 서열: 서열번호 280, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 279), 서열번호 287~289 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 V-타입 프로톤 ATPase 서브유닛 B2(아미노산 서열: 서열번호 286, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 285)가 동정되었다.
- [1160] 따라서, 본원에 있어서 스포트 14 a의 항원은, 이하 (14 aA1-a)~(14 aA1-e), (14 aB1), (14 aA2-a)~(14 aA2-e), 및 (14 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1161] (14 aA1-a) 서열번호 280에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1162] (14 aA1-b) 서열번호 280으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1163] (14 aA1-c) 서열번호 279에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1164] (14 aA1-d) 서열번호 279로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1165] (14 aA1-e) 서열번호 279로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1166] (14 aB1) 서열번호 281~284로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 281~284 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1167] (14 aA2-a) 서열번호 286에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1168] (14 aA2-b) 서열번호 286으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1169] (14 aA2-c) 서열번호 285에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [1170] (14 aA2-d) 서열번호 285로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1171] (14 aA2-e) 서열번호 285로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1172] (14 aB2) 서열번호 287~289로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 287~289 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1173] 상기 (14 aA1-a)~(14 aA1-e), (14 aB1), (14 aA2-a)~(14 aA2-e), 및 (14 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1174] 상기 (14 aA1-a)~(14 aA1-e), (14 aB1), (14 aA2-a)~(14 aA2-e), 및 (14 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 30~90kDa, 바람직하게는 분자량 40~80kDa 부근, 및 등전점 2.5~6.5, 바람직하게는 3.0~6.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1175] 바람직하게는, 스포트 14 a의 항원인 단백질은, 서열번호 280 또는 286의 아미노산 서열을 갖는 단백질(V-type proton ATPase subunit B2)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1176] (15 a, 16 a) 스포츠 15 a, 16 a의 항원
- [1177] 스포트 15 a, 16 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1178] AIGINVPRSRFLPVK(서열번호 292)
- [1179] ARENPENPSIELGPEFK(서열번호 293)
- [1180] ATSDLLLQSDLYTLEDGFVIRNK(서열번호 294)
- [1181] EINGPEDL(서열번호 295)
- [1182] EYVVFVANSNDLGAIVDLK(서열번호 296)
- [1183] ILNHLIQNK(서열번호 297)
- [1184] IQTPTDEVVVPYDTLAPTPEGSSEVK(서열번호 298)
- [1185] LDALLSQGK(서열번호 299)
- [1186] RLVEADALK(서열번호 300)
- [1187] SAVAGLNEISENEK(서열번호 301)
- [1188] SIPSIVELDSLK(서열번호 302)
- [1189] VLQLETAAGAAIRFFDK(서열번호 303)
- [1190] VSNFLGRFK(서열번호 304)
- [1191] AIGINVPRSRFLPVK(서열번호 307)
- [1192] ATSDLLLQSDLYTLEDGFVIRNK(서열번호 308)
- [1193] EYVVFVANSNDLGAIVDLK(서열번호 309)
- [1194] ILNHLIQNK(서열번호 310)
- [1195] IQTPTDEVVVPYDTLAPTPDGSSDVK(서열번호 311)
- [1196] LDALLSQGK(서열번호 312)

- [1197] LEVPDGAVIDSK(서열번호 313)
- [1198] RLVEADALK(서열번호 314)
- [1199] SAVAGLNEISESEK(서열번호 315)
- [1200] SIPSIVELDSLK(서열번호 316)
- [1201] VLQLETAAGAAIRFFDK(서열번호 317)
- [1202] VSNFLGRFK(서열번호 318)
- [1203] 또한, 스포트 15 a, 16 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 292~304 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 UTP-글루코오스-1-포스페이트 우리딜 일트란스페라아제(UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase) (아미노산 서열 : 서열번호 291, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 290), 서열번호 307~318 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 하이포세티칼 프로테인 GLYMA_02G241100(hypothetical protein GLYMA_02G241100) (아미노산 서열 : 서열번호 306, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 305)가 동정되었다.
- [1204] 따라서, 본원에 있어서 스포트 15 a, 16 a의 항원은, 이하 (15, 16 aA1-a)~(15, 16 aA1-e), (15, 16 aB1), (15, 16 aA2-a)~(15, 16 aA2-e), 및 (15, 16 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1205] (15, 16 aA1-a) 서열번호 291에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1206] (15, 16 aA1-b) 서열번호 291로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1207] (15, 16 aA1-c) 서열번호 290에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1208] (15, 16 aA1-d) 서열번호 290나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1209] (15, 16 aA1-e) 서열번호 290으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1210] (15, 16 aB1) 서열번호 292~304로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 292~304 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1211] (15, 16 aA2-a) 서열번호 306에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1212] (15, 16 aA2-b) 서열번호 306으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1213] (15, 16 aA2-c) 서열번호 305에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1214] (15, 16 aA2-d) 서열번호 305로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1215] (15, 16 aA2-e) 서열번호 305로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1216] (15, 16 aB2) 서열번호 307~318로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 또는 모든 서열을 포함하

는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 307~318 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.

- [1217] 상기 (15, 16 αA1-a)~(15, 16 αA1-e), (15, 16 αB1), (15, 16 αA2-a)~(15, 16 αA2-e), 및 (15, 16 αB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1218] 상기 (15, 16 αA1-a)~(15, 16 αA1-e), (15, 16 αB1), (15, 16 αA2-a)~(15, 16 αA2-e), 및 (15, 16 αB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 20~90kDa, 바람직하게는 분자량 30~80kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1219] 바람직하게는, 스포트 15 α, 16 α의 항원인 단백질은, 서열번호 291의 아미노산 서열을 갖는 단백질(UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase) 혹은 서열번호 306의 아미노산 서열을 갖는 단백질(hypothetical protein GLYMA_02G241100)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1220] (17 α) 스포츠 17 α의 항원
- [1221] 스포트 17 α에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1222] AVDGSFVFNK(서열번호 321)
- [1223] FFIYVQYNESDPK(서열번호 322)
- [1224] VEFDEEGK(서열번호 323)
- [1225] VIDLSVDLSAASAAEE(서열번호 324)
- [1226] VVGVTSEGETAK(서열번호 325)
- [1227] AVDGSYVFNK(서열번호 328)
- [1228] FFIYVQYNESDPK(서열번호 329)
- [1229] VEFDEEGK(서열번호 330)
- [1230] VIDLSVDLSAASAAEE(서열번호 331)
- [1231] VVGVTSEGETAK(서열번호 332)
- [1232] 또한, 스포트 17 α에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 321~325 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 구아노신 뉴클레오타이드 디포스페이트 디소시에이션 인히비터 2(guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 2) (아미노산 서열 : 서열번호 320, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 319), 서열번호 328~332 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 rab GDP 디소시에이션 인히비터알파-라이크(rab GDP dissociation inhibitor alpha-like) (아미노산 서열 : 서열번호 327, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 326)이 동정되었다.
- [1233] 따라서, 본원에 있어서 스포트 17 α의 항원은, 이하 (17 αA1-a)~(17 αA1-e), (17 αB1), (17 αA2-a)~(17 αA2-e), 및 (17 αB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1234] (17 αA1-a) 서열번호 320에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1235] (17 αA1-b) 서열번호 320으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1236] (17 αA1-c) 서열번호 319에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오타이드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1237] (17 αA1-d) 서열번호 319나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1238] (17 αA1-e) 서열번호 319로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트

한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [1239] (17 αB1) 서열번호 321~325로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 321~325 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1240] (17 αA2-a) 서열번호 327에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1241] (17 αA2-b) 서열번호 327로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1242] (17 αA2-c) 서열번호 326에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1243] (17 αA2-d) 서열번호 326으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1244] (17 αA2-e) 서열번호 326으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1245] (17 αB2) 서열번호 328~332로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 328~332 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1246] 상기 (17 αA1-a)~(17 αA1-e), (17 αB1), (17 αA2-a)~(17 αA2-e), 및 (17 αB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1247] 상기 (17 αA1-a)~(17 αA1-e), (17 αB1), (17 αA2-a)~(17 αA2-e), 및 (17 αB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 20~90kDa, 바람직하게는 분자량 30~80kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1248] 바람직하게는, 스포트 17 α의 항원인 단백질은, 서열번호 320의 아미노산 서열을 갖는 단백질(guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 2) 혹은 서열번호 327의 아미노산 서열을 갖는 단백질(rab GDP dissociation inhibitor alpha-like)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1249] (18 α) 스포트 18 α의 항원
- [1250] 스포트 18 α에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1251] DFETRVELEGGRIRVLK(서열번호 335)
- [1252] DNIVSSLDNVAK(서열번호 336)
- [1253] GRAVLGLVSESETEK(서열번호 337)
- [1254] LFDQQNEGSIFAISREQVRALAPTK(서열번호 338)
- [1255] RPTISNGYGRLETEVGPDDDEK(서열번호 339)
- [1256] 또한, 스포트 18 α에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 335~339 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 하이포세티칼 프로테인 GLYMA_10G028300(hypothetical protein GLYMA_10G028300) (아미노산 서열: 서열번호 334, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 333)이 동정되었다.
- [1257] 따라서, 본원에 있어서 스포트 18 α의 항원은, 이하 (18 αA-a)~(18 αA-e), 및 (18 αB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.

- [1258] (18 aA-a) 서열번호 334에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1259] (18 aA-b) 서열번호 334로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1260] (18 aA-c) 서열번호 333에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1261] (18 aA-d) 서열번호 333으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1262] (18 aA-e) 서열번호 333으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1263] (18 aB) 서열번호 335~339로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 335~339 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1264] 상기 (18 aA-a)~(18 aA-e), 및 (18 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1265] 상기 (18 aA-a)~(18 aA-e), 및 (18 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 30~90kDa, 바람직하게는 분자량 40~80kDa 부근, 및 등전점 3.5~8.5, 바람직하게는 4.0~8.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1266] 바람직하게는, 스포트 18 a의 항원인 단백질은, 서열번호 334의 아미노산 서열을 갖는 단백질(hypothetical protein GLYMA_10G028300)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1267] (19 a) 스포츠 19 a의 항원
- [1268] 스포트 19 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1269] AQFNIFSK(서열번호 342)
- [1270] DFSTRVETEGGSIRVLK(서열번호 343)
- [1271] DNIVSSLDNVAK(서열번호 344)
- [1272] GRAVLGLVRESETEK(서열번호 345)
- [1273] RPTFSNGYGRLETEVGPDDEK(서열번호 346)
- [1274] 또한, 스포트 19 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 342~346 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 수크로스 바인딩 프로테인 호모로그 S-64(sucrose binding protein homolog S-64) (아미노산 서열 : 서열번호 341, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 340)가 동정되었다.
- [1275] 따라서, 본원에 있어서 스포트 19 a의 항원은, 이하 (19 aA-a)~(19 aA-e), 및 (19 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1276] (19 aA-a) 서열번호 341에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1277] (19 aA-b) 서열번호 341로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1278] (19 aA-c) 서열번호 340에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [1279] (19 aA-d) 서열번호 340으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1280] (19 aA-e) 서열번호 340으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1281] (19 aB) 서열번호 342~346으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 342~346 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1282] 상기 (19 aA-a)~(19 aA-e), 및 (19 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1283] 상기 (19 aA-a)~(19 aA-e), 및 (19 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 30~90kDa, 바람직하게는 분자량 40~80kDa 부근, 및 등전점 3.5~8.5, 바람직하게는 4.0~8.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1284] 바람직하게는, 스포트 19 a의 항원인 단백질은, 서열번호 341의 아미노산 서열을 갖는 단백질(sucrose binding protein homolog S-64)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1285] (25 a) 스포츠 25 a의 항원
- [1286] 스포트 25 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1287] DLFPNENELVVK(서열번호 349)
- [1288] EIFSLRDTTQEDPREVTAAK(서열번호 350)
- [1289] LHGGTPANFLDVGGNASENQVVEAFK(서열번호 351)
- [1290] LNFDDNAAAYRQK(서열번호 352)
- [1291] SQILAGGRGLGTFK(서열번호 353)
- [1292] TDQVEDIAGK(서열번호 354)
- [1293] VPVVVRLEGTVNDQGK(서열번호 355)
- [1294] VVDGLALK(서열번호 356)
- [1295] DLFPNENELVVK(서열번호 359)
- [1296] EIFALRDTTQEDPREVTAAK(서열번호 360)
- [1297] LHGGTPANFLDVGGNASENQVVEAFK(서열번호 361)
- [1298] LNFDDNAAAYRQK(서열번호 362)
- [1299] SQILAGGRGLGTFK(서열번호 363)
- [1300] TDQVEDIAGK(서열번호 364)
- [1301] VVDGLALK(서열번호 365)
- [1302] 또한, 스포트 25 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 349~356 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 숙시닐-CoA 리가아제 [ADP-포밍] 서브유닛 베타, 미토콘드리아(succinyl-CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial) (아미노산 서열: 서열번호 348, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 347), 서열번호 359~365 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 숙시닐 CoA 리가아제 [ADP-포밍] 서브유닛 베타, 미토콘드리아(아미노산 서열: 서열번호 358, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 357)이 동정되었다.
- [1303] 따라서, 본원에 있어서 스포트 25 a의 항원은, 이하 (25 aA1-a)~(25 aA1-e), (25 aB1), (25 aA2-a)~(25 a

A2-e), 및 (25 a B2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.

- [1304] (25 a A1-a) 서열번호 348에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1305] (25 a A1-b) 서열번호 348로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1306] (25 a A1-c) 서열번호 347에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1307] (25 a A1-d) 서열번호 347로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1308] (25 a A1-e) 서열번호 347로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1309] (25 a B1) 서열번호 349~356으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 349~356 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1310] (25 a A2-a) 서열번호 358에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1311] (25 a A2-b) 서열번호 358로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1312] (25 a A2-c) 서열번호 357에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1313] (25 a A2-d) 서열번호 357로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1314] (25 a A2-e) 서열번호 357로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1315] (25 a B2) 서열번호 359~365로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 359~365 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1316] 상기 (25 a A1-a)~(25 a A1-e), (25 a B1), (25 a A2-a)~(25 a A2-e), 및 (25 a B2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1317] 상기 (25 a A1-a)~(25 a A1-e), (25 a B1), (25 a A2-a)~(25 a A2-e), 및 (25 a B2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 20~90kDa, 바람직하게는 분자량 30~80kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1318] 바람직하게는, 스포트 25 a의 항원인 단백질은, 서열번호 348 또는 358의 아미노산 서열을 갖는 단백질 (succinyl-CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1319] (26 a) 스포츠 26 a의 항원
- [1320] 스포트 26 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.

[1321]	AQGYSVGSSSLVEEDK(서열번호 368)
[1322]	ELDYLVGAVSNPK(서열번호 369)
[1323]	FAADANSK(서열번호 370)
[1324]	FATGTEAIAK(서열번호 371)
[1325]	GVLLLLPTDVVIADK(서열번호 372)
[1326]	GVTIIIGGDSVAAVEK(서열번호 373)
[1327]	IGVIESLLEK(서열번호 374)
[1328]	LASLADLYVNDAFGTAHRAHASTEGVAK(서열번호 375)
[1329]	LSLATLLEK(서열번호 376)
[1330]	LVTQLPEGGLLENVRFYK(서열번호 377)
[1331]	NDPEFAK(서열번호 378)
[1332]	QLPGVLALDDA(서열번호 379)
[1333]	RPFAAIVGGSK(서열번호 380)
[1334]	VILSSHLGRPK(서열번호 381)
[1335]	YLTGYGAK(서열번호 382)
[1336]	ELDYLVGAVSNPK(서열번호 385)
[1337]	ELPGVLALDEAVPVAV(서열번호 386)
[1338]	FAVGTEAIAK(서열번호 387)
[1339]	GVLLLLPSDVVIADK(서열번호 388)
[1340]	GVTIIIGGDSVAAVEK(서열번호 389)
[1341]	IGVIESLLEK(서열번호 390)
[1342]	RPFAAIVGGSK(서열번호 391)
[1343]	VILSSHLGRPK(서열번호 392)
[1344]	AQGYSVGSSSLVEEDK(서열번호 395)
[1345]	ELDYLVGAVSNPK(서열번호 396)
[1346]	FAADANSK(서열번호 397)
[1347]	FATGTEAIAK(서열번호 398)
[1348]	GVLLLLPTDVVIADK(서열번호 399)
[1349]	GVTIIIGGDSVAAVEK(서열번호 400)
[1350]	IGVIESLLEK(서열번호 401)
[1351]	LASLADLYVNDAFGTAHRAHASTEGVAK(서열번호 402)
[1352]	LSLATLLEK(서열번호 403)
[1353]	LVAQLPEGGLLENVRFYK(서열번호 404)
[1354]	NDPEFAK(서열번호 405)
[1355]	QLPGVLALDDA(서열번호 406)
[1356]	RPFAAIVGGSK(서열번호 407)

- [1357] TFGEALDK(서열번호 408)
- [1358] VILSSHLGRPK(서열번호 409)
- [1359] 또한, 스포트 26 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 368~382 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 포스포글리세레이트 키나제, 사이토솔릭(phosphoglycerate kinase, cytosolic)(아미노산 서열: 서열번호 367, 그것을 코딩하는 염기 서열: 서열번호 366), 서열번호 385~392 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 포스포글리세레이트 키나제, 사이토솔릭(아미노산 서열: 서열번호 384, 그것을 코딩하는 염기 서열: 서열번호 383), 서열번호 395~409 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 포스포글리세레이트 키나제, 사이토솔릭(아미노산 서열: 서열번호 394, 그것을 코딩하는 염기 서열: 서열번호 393)이 동정되었다.
- [1360] 따라서, 본원에 있어서 스포트 26 a의 항원은, 이하 (26 aA1-a)~(26 aA1-e), (26 aB1), (26 aA2-a)~(26 aA2-e), (26 aA3-a)~(26 aA3-e), 및 (26 aB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1361] (26 aA1-a) 서열번호 367에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1362] (26 aA1-b) 서열번호 367로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1363] (26 aA1-c) 서열번호 366에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1364] (26 aA1-d) 서열번호 366으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1365] (26 aA1-e) 서열번호 366으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1366] (26 aB1) 서열번호 368~382로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 368~382 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1367] (26 aA2-a) 서열번호 384에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1368] (26 aA2-b) 서열번호 384로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1369] (26 aA2-c) 서열번호 383에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1370] (26 aA2-d) 서열번호 383으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1371] (26 aA2-e) 서열번호 383으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1372] (26 aB2) 서열번호 385~392로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 385~392 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1373] (26 aA3-a) 서열번호 394에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [1374] (26 aA3-b) 서열번호 394로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1375] (26 aA3-c) 서열번호 393에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1376] (26 aA3-d) 서열번호 393으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1377] (26 aA3-e) 서열번호 393으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1378] (26 aB3) 서열번호 395~409로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 395~409 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1379] 상기 (26 aA1-a)~(26 aA1-e), (26 aB1), (26 aA2-a)~(26 aA2-e), (26 aB2), (26 aA3-a)~(26 aA3-e), 및 (26 aB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1380] 상기 (26 aA1-a)~(26 aA1-e), (26 aB1), (26 aA2-a)~(26 aA2-e), (26 aB2), (26 aA3-a)~(26 aA3-e), 및 (26 aB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 20~90kDa, 바람직하게는 분자량 30~80kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1381] 바람직하게는, 스포트 25 a의 항원인 단백질은, 서열번호 367, 384 또는 394의 아미노산 서열을 갖는 단백질(phosphoglycerate kinase, cytosolic)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1382] (27 a) 스포츠 27 a의 항원
- [1383] 스포트 27 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1384] FGVNEFVNPK(서열번호 412)
- [1385] FITHTVPFSEINK(서열번호 413)
- [1386] GTFYGYKPRTDLPSVVEK(서열번호 414)
- [1387] THPVNFLNERTLK(서열번호 415)
- [1388] VNPAAPLDK(서열번호 416)
- [1389] GTFYGHYRPRTDIPGVVEK(서열번호 419)
- [1390] INPNAPLDK(서열번호 420)
- [1391] FGVNEFVNPK(서열번호 423)
- [1392] FITHTVPFSEINK(서열번호 424)
- [1393] GTFYGYKPRTDLPSVVEK(서열번호 425)
- [1394] INPAAPLDK(서열번호 426)
- [1395] TAPINFLNERTLK(서열번호 427)
- [1396] 또한, 스포트 27 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 412~416 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 알코올 데히드로게나아제 1(alcohol dehydrogenase 1)(아미노산 서열: 서열번호 411, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 410), 서열번호 419, 420 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 알코올 데히드로게나아제 1(아미노산 서열: 서열번호 418, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 417), 서열번호 423~427 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 알코올 데히드로게

나아제 1-라이크(alcohol dehydrogenase 1-like) (아미노산 서열 : 서열번호 422, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 421)가 동정되었다.

- [1397] 따라서, 본원에 있어서 스포트 27 a 의 항원은, 이하 (27 a A1-a)~(27 a A1-e), (27 a B1), (27 a A2-a)~(27 a A2-e), (27 a B2), (27 a A3-a)~(27 a A3-e), 및 (27 a B3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1398] (27 a A1-a) 서열번호 411에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1399] (27 a A1-b) 서열번호 411로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1400] (27 a A1-c) 서열번호 410에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1401] (27 a A1-d) 서열번호 410으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1402] (27 a A1-e) 서열번호 410으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1403] (27 a B1) 서열번호 412~416으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 412~416 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1404] (27 a A2-a) 서열번호 418에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1405] (27 a A2-b) 서열번호 418로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1406] (27 a A2-c) 서열번호 417에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1407] (27 a A2-d) 서열번호 417로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1408] (27 a A2-e) 서열번호 417로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1409] (27 a B2) 서열번호 419 및 420으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 양쪽 모두를 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 419, 420 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1410] (27 a A3-a) 서열번호 422에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1411] (27 a A3-b) 서열번호 422로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1412] (27 a A3-c) 서열번호 421에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1413] (27 a A3-d) 서열번호 421로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함

하는 단백질.

- [1414] (27 αA3-e) 서열번호 421로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1415] (27 αB3) 서열번호 423~427로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 423~427 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1416] 상기 (27 αA1-a)~(27 αA1-e), (27 αB1), (27 αA2-a)~(27 αA2-e), (27 αB2), (27 αA3-a)~(27 αA3-e), 및 (27 αB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1417] 상기 (27 αA1-a)~(27 αA1-e), (27 αB1), (27 αA2-a)~(27 αA2-e), (27 αB2), (27 αA3-a)~(27 αA3-e), 및 (27 αB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 20~90kDa, 바람직하게는 분자량 30~80kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1418] 바람직하게는, 스포트 27 α의 항원인 단백질은, 서열번호 411 또는 418의 아미노산 서열을 갖는 단백질(alcohol dehydrogenase 1) 혹은 서열번호 422의 아미노산 서열을 갖는 단백질(alcohol dehydrogenase 1-like)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1419] (28 α) 스포츠 28 α의 항원
- [1420] 스포트 28 α에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1421] AGEYTDYAAQK(서열번호 430)
- [1422] DIGDINRTNERDEGYDLHDEANFK(서열번호 431)
- [1423] DLEDANRLRDNTFTWK(서열번호 432)
- [1424] EAVVGKPHHEEVYAK(서열번호 433)
- [1425] 또한, 스포트 28 α에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 430~433 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 35kDa 시드 뮤테이션 프로테인 아이소폼 X1(35kDa seed maturation protein isoform X1) (아미노산 서열 : 서열번호 429, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 428)이 동정되었다.
- [1426] 따라서, 본원에 있어서 스포트 28 α의 항원은, 이하 (28 αA-a)~(28 αA-e), 및 (28 αB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1427] (28 αA-a) 서열번호 429에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1428] (28 αA-b) 서열번호 429로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1429] (28 αA-c) 서열번호 428에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1430] (28 αA-d) 서열번호 428로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1431] (28 αA-e) 서열번호 428로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1432] (28 αB) 서열번호 430~433으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 430~433 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부

가되어 있어도 된다.

- [1433] 상기 (28 αA-a)~(28 αA-e), 및 (28 αB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1434] 상기 (28 αA-a)~(28 αA-e), 및 (28 αB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 10~70kDa, 바람직하게는 분자량 20~60kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1435] 바람직하게는, 스포트 28 α의 항원인 단백질은, 서열번호 422의 아미노산 서열을 갖는 단백질(35kDa seed maturation protein isoform X1)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1436] (29 α, 30 α, 31 α, 32 α, 33 α) 스포츠 29 α~33 α의 항원
- [1437] 스포트 29 α~33 α에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1438] EASYDEIK(서열번호 436)
- [1439] GILGYTEDDVVSTDFIGDSRSSIFDAK(서열번호 437)
- [1440] VIISAPSK(서열번호 438)
- [1441] VLPALNGK(서열번호 439)
- [1442] EASYDEIK(서열번호 442)
- [1443] GILGYTEDDVVSTDFVGDSSIFDAK(서열번호 443)
- [1444] VIISAPSK(서열번호 444)
- [1445] VLPALNGK(서열번호 445)
- [1446] AGISLNDNFVK(서열번호 448)
- [1447] GILGYTEDDVVSTDFVGDNRSSIFDAK(서열번호 449)
- [1448] VLPALNGK(서열번호 450)
- [1449] VVISAPSK(서열번호 451)
- [1450] 또한, 스포트 27 α~33 α에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 436~439 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 그리세르알데히드-3-포스페이트 데히드로게나아제 아이소폼 X1(glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase isoform X1) (아미노산 서열: 서열번호 435, 그것을 코딩하는 염기 서열: 서열번호 434), 서열번호 442~445 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 그리세르알데히드-3-포스페이트 데히드로게나아제, 사이토솔릭(glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic) (아미노산 서열: 서열번호 441, 그것을 코딩하는 염기 서열: 서열번호 440), 서열번호 448~451 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 언캐릭터라이즈드 프로테인 LOC100782924(uncharacterized protein LOC100782924) (아미노산 서열: 서열번호 447, 그것을 코딩하는 염기 서열: 서열번호 446)가 동정되었다.
- [1451] 따라서, 본원에 있어서 스포트 29 α~33 α의 항원은, 이하 (29-33 αA1-a)~(29-33 αA1-e), (29-33 αB1), (29-33 αA2-a)~(29-33 αA2-e), (29-33 αB2), (29-33 αA3-a)~(29-33 αA3-e), 및 (29-33 αB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1452] (29-33 αA1-a) 서열번호 435에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1453] (29-33 αA1-b) 서열번호 435로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1454] (29-33 αA1-c) 서열번호 434에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1455] (29-33 αA1-d) 서열번호 434로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상,

85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [1456] (29-33 αA1-e) 서열번호 434로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1457] (29-33 αB1) 서열번호 436~439로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 436~439 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1458] (29-33 αA2-a) 서열번호 441에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1459] (29-33 αA2-b) 서열번호 441로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1460] (29-33 αA2-c) 서열번호 440에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1461] (29-33 αA2-d) 서열번호 440으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1462] (29-33 αA2-e) 서열번호 440으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1463] (29-33 αB2) 서열번호 442~445로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 442~445 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1464] (29-33 αA3-a) 서열번호 447에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1465] (29-33 αA3-b) 서열번호 447로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1466] (29-33 αA3-c) 서열번호 446에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1467] (29-33 αA3-d) 서열번호 446으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1468] (29-33 αA3-e) 서열번호 446으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1469] (29-33 αB3) 서열번호 448~451로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 448~451 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1470] 상기 (29-33 αA1-a)~(29-33 αA1-e), (29-33 αB1), (29-33 αA2-a)~(29-33 αA2-e), (29-33 αB2), (29-33 αA3-a)~(29-33 αA3-e), 및 (29-33 αB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1471] 상기 (29-33 αA1-a)~(29-33 αA1-e), (29-33 αB1), (29-33 αA2-a)~(29-33 αA2-e), (29-33 αB2), (29-33 αA3-a)~(29-33 αA3-e), 및 (29-33 αB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항

원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 10~70kDa, 바람직하게는 분자량 20~60kDa 부근, 및 등전점 3.5~8.5, 바람직하게는 4.0~8.0의 스포트로서 나타내는 단백질이 어도 된다.

- [1472] 바람직하게는, 스포트 29 a ~33 a 의 항원인 단백질은, 서열번호 435의 아미노산 서열을 갖는 단백질(glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase isoform X1), 서열번호 441의 아미노산 서열을 갖는 단백질(glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic) 혹은 서열번호 447의 아미노산 서열을 갖는 단백질(uncharacterized protein LOC100782924)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1473] (34 a) 스포츠 34 a 의 항원
- [1474] 스포트 34 a 에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1475] LFLEEIARDIQK(서열번호 454)
- [1476] LFLEEIARDIQK(서열번호 457)
- [1477] TTFDAVIHFAGLK(서열번호 458)
- [1478] 또한, 스포트 34 a 에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 454를 포함하는 단백질로서 바이펑셔널 UDP-글루코오스 4-에피메라아제 앤드 UDP-자일로오스 4-에피메라아제 1-라이크(bifunctional UDP-glucose 4-epimerase And UDP-xylose 4-epimerase 1-like)(아미노산 서열: 서열번호 453, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 452), 서열번호 457, 458 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 언캐릭터라이즈드 단백질 LOC100803483(uncharacterized protein LOC100803483)(아미노산 서열: 서열번호 456, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 455)가 동정되었다.
- [1479] 따라서, 본원에 있어서 스포트 34 a 의 항원은, 이하 (34 aA1-a)~(34 aA1-e), (34 aB1), (34 aA2-a)~(34 aA2-e), 및 (34 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1480] (34 aA1-a) 서열번호 453에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1481] (34 aA1-b) 서열번호 453으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1482] (34 aA1-c) 서열번호 452에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1483] (34 aA1-d) 서열번호 452로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1484] (34 aA1-e) 서열번호 452로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1485] (34 aB1) 서열번호 454로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 464로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1486] (34 aA2-a) 서열번호 456에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1487] (34 aA2-b) 서열번호 456으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1488] (34 aA2-c) 서열번호 455에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1489] (34 aA2-d) 서열번호 455로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1490] (34 aA2-e) 서열번호 455로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트

한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [1491] (34 αB2) 서열번호 457 및 458로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 양쪽 모두를 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 457, 458 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1492] 상기 (34 αA1-a)~(34 αA1-e), (34 αB1), (34 αA2-a)~(34 αA2-e), 및 (34 αB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1493] 상기 (34 αA1-a)~(34 αA1-e), (34 αB1), (34 αA2-a)~(34 αA2-e), 및 (34 αB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 10~70kDa, 바람직하게는 분자량 20~60kDa 부근, 및 등전점 5.5~10.5, 바람직하게는 6.0~10.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1494] 바람직하게는, 스포트 34 α의 항원인 단백질은, 서열번호 453의 아미노산 서열을 갖는 단백질(bifunctional UDP-glucose 4-epimerase and UDP-xylose 4-epimerase 1-like) 혹은 서열번호 456의 아미노산 서열을 갖는 단백질(uncharacterized protein LOC100803483)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1495] (35 α) 스포츠 35 α의 항원
- [1496] 스포트 35 α에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1497] ARYDEIVK(서열번호 461)
- [1498] DGQTREHALLAFTLGVK(서열번호 462)
- [1499] EVSSYLK(서열번호 463)
- [1500] FSEILTK(서열번호 464)
- [1501] STTTGHLIYK(서열번호 465)
- [1502] THINIVVIGHVDSGK(서열번호 466)
- [1503] DGQTREHALLAFTLGVK(서열번호 469)
- [1504] EVSSYLK(서열번호 470)
- [1505] STTTGHLIYK(서열번호 471)
- [1506] ARYDEIVK(서열번호 474)
- [1507] DGQTREHALLSFTLGVK(서열번호 475)
- [1508] EVSSYLK(서열번호 476)
- [1509] STTTGHLIYK(서열번호 477)
- [1510] 또한, 스포트 35 α에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 461~466 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 엘롱게이션 팩터 1-알파(elongation factor 1-alpha) (아미노산 서열 : 서열번호 460, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 459), 서열번호 469~471 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 엘롱게이션 팩터 1-알파(아미노산 서열 : 서열번호 468, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 467), 서열번호 474~477 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 엘롱게이션 팩터-1A 아이소폼 X1(elongation factor-1A isoform X1) (아미노산 서열 : 서열번호 473, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 472)이 동정되었다.
- [1511] 따라서, 본원에 있어서 스포트 35 α의 항원은, 이하 (35 αA1-a)~(35 αA1-e), (35 αB1), (35 αA2-a)~(35 αA2-e), (35 αB2), (35 αA3-a)~(35 αA3-e), 및 (35 αB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1512] (35 αA1-a) 서열번호 460에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을

포함하는 단백질.

- [1513] (35 αA1-b) 서열번호 460으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1514] (35 αA1-c) 서열번호 459에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1515] (35 αA1-d) 서열번호 459로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1516] (35 αA1-e) 서열번호 459로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1517] (35 αB1) 서열번호 461~466으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 461~466 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1518] (35 αA2-a) 서열번호 468에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1519] (35 αA2-b) 서열번호 468로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1520] (35 αA2-c) 서열번호 467에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1521] (35 αA2-d) 서열번호 467로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1522] (35 αA2-e) 서열번호 467로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1523] (35 αB2) 서열번호 469~471로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 469~471 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1524] (35 αA3-a) 서열번호 473에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1525] (35 αA3-b) 서열번호 473으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1526] (35 αA3-c) 서열번호 472에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1527] (35 αA3-d) 서열번호 472로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1528] (35 αA3-e) 서열번호 472로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1529] (35 αB3) 서열번호 474~477로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 474~477 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부

가되어 있어도 된다.

- [1530] 상기 (35 αA1-a)~(35 αA1-e), (35 αB1), (35 αA2-a)~(35 αA2-e), (35 αB2), (35 αA3-a)~(35 αA3-e), 및 (35 αB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1531] 상기 (35 αA1-a)~(35 αA1-e), (35 αB1), (35 αA2-a)~(35 αA2-e), (35 αB2), (35 αA3-a)~(35 αA3-e), 및 (35 αB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 20~90kDa, 바람직하게는 분자량 30~80kDa 부근, 및 등전점 5.5~10.5, 바람직하게는 6.0~10.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1532] 바람직하게는, 스포트 35 α의 항원인 단백질은, 서열번호 460 또는 468의 아미노산 서열을 갖는 단백질(elongation factor 1-α) 혹은 서열번호 473의 아미노산 서열을 갖는 단백질(elongation factor-1A isoform X1)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1533] (36 α, 37 α) 스포츠 36 α, 37 α의 항원
- [1534] 스포트 36 α, 37 α에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1535] EGSSIINTTSVNAYK(서열번호 480)
- [1536] FPPQQQTQPGK(서열번호 481)
- [1537] GAIVAYTRGLALQLVSK(서열번호 482)
- [1538] LLDYTSTK(서열번호 483)
- [1539] EGATVAFTYVK(서열번호 486)
- [1540] QVIDLVVK(서열번호 487)
- [1541] EGSSIINTTSVNAYK(서열번호 490)
- [1542] FPPQQQTQPGK(서열번호 491)
- [1543] GAIVAYTRGLALQLVSK(서열번호 492)
- [1544] LLDYTSTK(서열번호 493)
- [1545] 또한, 스포트 36 α, 37 α에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석하였던바, 서열번호 480~483 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 시드 머츄레이션 프로테인 PM34(seed maturation protein PM34) (아미노산 서열 : 서열번호 479, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 478), 서열번호 486, 487 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 언캐릭터라이즈드 프로테인 LOC100809384(uncharacterized protein LOC100809384) (아미노산 서열 : 서열번호 485, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 484), 서열번호 490~493 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 하이포세티칼 프로테인 GLYMA_10G155300(hypothetical protein GLYMA_10G155300) (아미노산 서열 : 서열번호 489, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 488)이 동정되었다.
- [1546] 따라서, 본원에 있어서 스포트 36 α, 37 α의 항원은, 이하 (36, 37 αA1-a)~(36, 37 αA1-e), (36, 37 αB1), (36, 37 αA2-a)~(36, 37 αA2-e), (36, 37 αB2), (36, 37 αA3-a)~(36, 37 αA3-e), 및 (36, 37 αB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1547] (36, 37 αA1-a) 서열번호 479에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1548] (36, 37 αA1-b) 서열번호 479로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1549] (36, 37 αA1-c) 서열번호 478에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1550] (36, 37 αA1-d) 서열번호 478로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [1551] (36, 37 aA1-e) 서열번호 478로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1552] (36, 37 aB1) 서열번호 480~483으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 480~483 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1553] (36, 37 aA2-a) 서열번호 485에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1554] (36, 37 aA2-b) 서열번호 485로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1555] (36, 37 aA2-c) 서열번호 484에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1556] (36, 37 aA2-d) 서열번호 484로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1557] (36, 37 aA2-e) 서열번호 484로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1558] (36, 37 aB2) 서열번호 486 및 487로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 양쪽 모두를 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 486, 487 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1559] (36, 37 aA3-a) 서열번호 489에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1560] (36, 37 aA3-b) 서열번호 489로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1561] (36, 37 aA3-c) 서열번호 488에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1562] (36, 37 aA3-d) 서열번호 488로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1563] (36, 37 aA3-e) 서열번호 488로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1564] (36, 37 aB3) 서열번호 490~493으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 490~493 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1565] 상기 (36, 37 aA1-a)~(36, 37 aA1-e), (36, 37 aB1), (36, 37 aA2-a)~(36, 37 aA2-e), (36, 37 aB2), (36, 37 aA3-a)~(36, 37 aA3-e), 및 (36, 37 aB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1566] 상기 (36, 37 aA1-a)~(36, 37 aA1-e), (36, 37 aB1), (36, 37 aA2-a)~(36, 37 aA2-e), (36, 37 aB2), (36, 37 aA3-a)~(36, 37 aA3-e), 및 (36, 37 aB3)으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 10~70kDa, 바람직하게는 분자량 20~60kDa 부근, 및 등전점 3.5~8.5, 바람직하게는 4.0~8.0의 스포트로서 나타내는 단백질이

어도 된다.

- [1567] 바람직하게는, 스포트 36 a, 37 a의 항원인 단백질은, 서열번호 479의 아미노산 서열을 갖는 단백질(seed maturation protein PM34), 서열번호 485의 아미노산 서열을 갖는 단백질(uncharacterized protein LOC100809384) 혹은 서열번호 489의 아미노산 서열을 갖는 단백질(hypothetical protein GLYMA_10G155300)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1568] (38 a) 스포츠 38 a의 항원
- [1569] 스포트 38 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1570] AAGSTTAQYVGEK(서열번호 496)
- [1571] ALATGWSAAHYSTEITVEGTK(서열번호 497)
- [1572] AQVAGSTTVQYAGEK(서열번호 498)
- [1573] DTIGRVDNITPLAK(서열번호 499)
- [1574] DTIGSVDHITPLAEK(서열번호 500)
- [1575] ERELASDRARSGNIVK(서열번호 501)
- [1576] ERYERANQATSEAAK(서열번호 502)
- [1577] GGGEEQGRREEIGEENK(서열번호 503)
- [1578] GLAAAAAGENAK(서열번호 504)
- [1579] GRVVIESEK(서열번호 505)
- [1580] GVAEYAGQK(서열번호 506)
- [1581] LGSAAHTLVK(서열번호 507)
- [1582] QSSLEEIFK(서열번호 508)
- [1583] QSSLEEISK(서열번호 509)
- [1584] REQKPLGSIIGESFQGVQEK(서열번호 510)
- [1585] TGNETQDIGQK(서열번호 511)
- [1586] VIVAGEGEK(서열번호 512)
- [1587] VQQHQGEGGGVLNAIGETIAEIAETTK(서열번호 513)
- [1588] 또한, 스포트 38 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 496~513 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 시드 비오틴-콘테이닝 프로테인 SBP65-라이크 아이소폼 X1(seed biotin-containing protein SBP65-like isoform X1) (아미노산 서열 : 서열번호 495, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 494)이 동정되었다.
- [1589] 따라서, 본원에 있어서 스포트 38 a의 항원은, 이하 (38 aA-a)~(38 aA-e), 및 (38 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1590] (38 aA-a) 서열번호 495에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1591] (38 aA-b) 서열번호 495로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1592] (38 aA-c) 서열번호 494에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1593] (38 aA-d) 서열번호 494로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함

하는 단백질.

- [1594] (38 αA-e) 서열번호 494로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1595] (38 αB) 서열번호 496~513으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 496~513 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1596] 상기 (38 αA-a)~(38 αA-e), 및 (38 αB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1597] 상기 (38 αA-a)~(38 αA-e), 및 (38 αB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 70~170kDa, 바람직하게는 분자량 80~160kDa 부근, 및 등전점 5.5~10.5, 바람직하게는 6.0~10.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1598] 바람직하게는, 스포트 38 α의 항원인 단백질은, 서열번호 495의 아미노산 서열을 갖는 단백질(seed biotin-containing protein SBP65-like isoform X1)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1599] (39 α) 스포츠 39 α의 항원
- [1600] 스포트 39 α에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1601] ETLQEIIIGSGAK(서열번호 516)
- [1602] 또한, 스포트 39 α에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 516을 포함하는 단백질로서 ATP 신타아제 서브유닛 0, 미토콘드리아-라이크(ATP synthase subunit 0, mitochondrial-like) (아미노산 서열 : 서열번호 515, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 514)가 동정되었다.
- [1603] 따라서, 본원에 있어서 스포트 39 α의 항원은, 이하 (39 αA-a)~(39 αA-e), 및 (39 αB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1604] (39 αA-a) 서열번호 515에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1605] (39 αA-b) 서열번호 515로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1606] (39 αA-c) 서열번호 514에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1607] (39 αA-d) 서열번호 514로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1608] (39 αA-e) 서열번호 514로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1609] (39 αB) 서열번호 516으로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 516으로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1610] 상기 (39 αA-a)~(39 αA-e), 및 (39 αB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1611] 상기 (39 αA-a)~(39 αA-e), 및 (39 αB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」

의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 5~60kDa, 바람직하게는 분자량 10~50kDa 부근, 및 등전점 5.5~10.5, 바람직하게는 6.0~10.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.

- [1612] 바람직하게는, 스포트 39 a의 항원인 단백질은, 서열번호 515의 아미노산 서열을 갖는 단백질(ATP synthase subunit 0, mitochondrial-like)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1613] (40 a, 56 a) 스포츠 40 a, 56 a의 항원
- [1614] 스포트 40 a, 56 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1615] EVGQDIQSK(서열번호 519)
- [1616] RTTVTATTATA(서열번호 520)
- [1617] 또한, 스포트 40 a, 56 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 519, 520 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 P24 올레오신 아이소폼 A(P24 oleosin isoform A) (아미노산 서열 : 서열번호 518, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 517)가 동정되었다.
- [1618] 따라서, 본원에 있어서 스포트 40 a, 56 a의 항원은, 이하 (40, 56 aA-a)~(40, 56 aA-e), 및 (40, 56 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1619] (40, 56 aA-a) 서열번호 518에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1620] (40, 56 aA-b) 서열번호 518로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1621] (40, 56 aA-c) 서열번호 517에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1622] (40, 56 aA-d) 서열번호 517로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1623] (40, 56 aA-e) 서열번호 517로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1624] (40, 56 aB) 서열번호 519 및 520으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 양쪽 모두를 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 519, 520 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1625] 상기 (40, 56 aA-a)~(40, 56 aA-e), 및 (40, 56 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1626] 상기 (40, 56 aA-a)~(40, 56 aA-e), 및 (40, 56 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 5~60kDa, 바람직하게는 분자량 10~50kDa 부근, 및 등전점 5.5~10.5, 바람직하게는 6.0~10.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1627] 바람직하게는, 스포트 40 a, 56 a의 항원인 단백질은, 서열번호 518의 아미노산 서열을 갖는 단백질(P24 oleosin isoform A)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1628] (41 a) 스포츠 41 a의 항원
- [1629] 스포트 41 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1630] NAYGGSMK(서열번호 523)
- [1631] 또한, 스포트 41 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 523을 포함하는 단백질로서 언캐릭터라이즈드 프로테인 At3g49720-라이크 아이소폼

X2(uncharacterized protein At3g49720-like isoform X2) (아미노산 서열 : 서열번호 522, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 521)가 동정되었다.

- [1632] 따라서, 본원에 있어서 스포트 41 a의 항원은, 이하 (41 aA-a)~(41 aA-e), 및 (41 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1633] (41 aA-a) 서열번호 522에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1634] (41 aA-b) 서열번호 522로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1635] (41 aA-c) 서열번호 521에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1636] (41 aA-d) 서열번호 521로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1637] (41 aA-e) 서열번호 521로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1638] (41 aB) 서열번호 523으로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 523으로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1639] 상기 (41 aA-a)~(41 aA-e), 및 (41 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1640] 상기 (41 aA-a)~(41 aA-e), 및 (41 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 5~60kDa, 바람직하게는 분자량 10~50kDa 부근, 및 등전점 5.5~10.5, 바람직하게는 6.0~10.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1641] 바람직하게는, 스포트 41 a의 항원인 단백질은, 서열번호 515의 아미노산 서열을 갖는 단백질(ATP synthase subunit 0, mitochondrial-like)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1642] (42 a, 43 a) 스포츠 42 a, 43 a의 항원
- [1643] 스포트 42 a, 43 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1644] ALEQLQDAIAK(서열번호 526)
- [1645] HHQTYITNYNK(서열번호 527)
- [1646] NLAPVREGGGEPPK(서열번호 528)
- [1647] NVRPDYLK(서열번호 529)
- [1648] RLVVETTANQDPLVTK(서열번호 530)
- [1649] YASEVYEK(서열번호 531)
- [1650] ALEQLQDAVAK(서열번호 534)
- [1651] HHQTYITNFNK(서열번호 535)
- [1652] NLAPVREGGGEPPK(서열번호 536)
- [1653] NVRPDYLK(서열번호 537)
- [1654] RLVVETTANQDPLVTK(서열번호 538)
- [1655] YASEVYEK(서열번호 539)
- [1656] 또한, 스포트 42 a, 43 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하

여 해석했던바, 서열번호 526~531 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 수퍼옥사이드 디스무타아제 [Mn], 미토콘드리아(superoxide dismutase [Mn], mitochondrial) (아미노산 서열: 서열번호 525, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 524), 서열번호 534~539 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 하이포세티칼 프로테인 GLYMA_04G221300(hypothetical protein GLYMA_04G221300) (아미노산 서열: 서열번호 533, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 532)이 동정되었다.

- [1657] 따라서, 본원에 있어서 스포트 42 a, 43 a의 항원은, 이하 (42, 43 aA1-a)~(42, 43 aA1-e), (42, 43 aB1), (42, 43 aA2-a)~(42, 43 aA2-e), 및 (42, 43 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1658] (42, 43 aA1-a) 서열번호 525에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1659] (42, 43 aA1-b) 서열번호 525로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1660] (42, 43 aA1-c) 서열번호 524에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1661] (42, 43 aA1-d) 서열번호 524로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1662] (42, 43 aA1-e) 서열번호 524로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1663] (42, 43 aB1) 서열번호 526~531로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 526~531 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1664] (42, 43 aA2-a) 서열번호 533에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1665] (42, 43 aA2-b) 서열번호 533으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1666] (42, 43 aA2-c) 서열번호 532에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1667] (42, 43 aA2-d) 서열번호 532로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1668] (42, 43 aA2-e) 서열번호 532로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1669] (42, 43 aB2) 서열번호 534~539로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 534~539 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1670] 상기 (42, 43 aA1-a)~(42, 43 aA1-e), (42, 43 aB1), (42, 43 aA2-a)~(42, 43 aA2-e), 및 (42, 43 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1671] 상기 (42, 43 aA1-a)~(42, 43 aA1-e), (42, 43 aB1), (42, 43 aA2-a)~(42, 43 aA2-e), 및 (42, 43 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 5~60kDa, 바람직하게는 분자량 10~50kDa 부근, 및 등전점 5.5~10.5,

바람직하게는 6.0~10.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.

- [1672] 바람직하게는, 스포트 42 α, 43 α의 항원인 단백질은, 서열번호 525의 아미노산 서열을 갖는 단백질(superoxide dismutase [Mn], mitochondrial) 혹은 서열번호 533의 아미노산 서열을 갖는 단백질(hypothetical protein GLYMA_04G221300)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1673] (45 α) 스포츠 45 α의 항원
- [1674] 스포트 45 α에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1675] HVPGFIERAEELK(서열번호 542)
- [1676] RFALLVEDLK(서열번호 543)
- [1677] VANVESGGEFTISSAEEIIK(서열번호 544)
- [1678] YTNALGLELDLTK(서열번호 545)
- [1679] HVPGFIERAEELK(서열번호 548)
- [1680] RFALLVEDLK(서열번호 549)
- [1681] VANVESGGEFTISSAEEIIK(서열번호 550)
- [1682] YTNALGLELDLTK(서열번호 551)
- [1683] 또한, 스포트 45 α에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 542~545 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 언캐릭터라이즈드 프로테인 LOC100499771(uncharacterized protein LOC100499771) (아미노산 서열: 서열번호 541, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 540), 서열번호 548~551 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 하이포세티칼 프로테인 GLYMA_09G192800(hypothetical protein GLYMA_09G192800) (아미노산 서열: 서열번호 547, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 546)이 동정되었다.
- [1684] 따라서, 본원에 있어서 스포트 45 α의 항원은, 이하 (45 αA1-a)~(45 αA1-e), (45 αB1), (45 αA2-a)~(45 αA2-e), 및 (45 αB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1685] (45 αA1-a) 서열번호 541에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1686] (45 αA1-b) 서열번호 541로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1687] (45 αA1-c) 서열번호 540에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1688] (45 αA1-d) 서열번호 540으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1689] (45 αA1-e) 서열번호 540으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1690] (45 αB1) 서열번호 542~545로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 542~545 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1691] (45 αA2-a) 서열번호 547에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1692] (45 αA2-b) 서열번호 547로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1693] (45 αA2-c) 서열번호 546에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에

의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [1694] (45 aA2-d) 서열번호 546으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1695] (45 aA2-e) 서열번호 546으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1696] (45 aB2) 서열번호 548~551로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 548~551 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1697] 상기 (45 aA1-a)~(45 aA1-e), (45 aB1), (45 aA2-a)~(45 aA2-e), 및 (45 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1698] 상기 (45 aA1-a)~(45 aA1-e), (45 aB1), (45 aA2-a)~(45 aA2-e), 및 (45 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 2~50kDa, 바람직하게는 분자량 5~40kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스폿로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1699] 바람직하게는, 스폿 45 a의 항원인 단백질은, 서열번호 541의 아미노산 서열을 갖는 단백질(uncharacterized protein LOC100499771) 혹은 서열번호 547의 아미노산 서열을 갖는 단백질(hypothetical protein GLYMA_09G192800)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1700] (46 a) 스포츠 46 a의 항원
- [1701] 스폿 46 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1702] DNVEYLAK(서열번호 554)
- [1703] 또한, 스폿 46 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 554를 포함하는 단백질로서 시드 머추레이션 프로테인 PM22(seed maturation protein PM22)(아미노산 서열 : 서열번호 553, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 552)가 동정되었다.
- [1704] 따라서, 본원에 있어서 스폿 46 a의 항원은, 이하 (46 aA-a)~(46 aA-e), 및 (46 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1705] (46 aA-a) 서열번호 553에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1706] (46 aA-b) 서열번호 553으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1707] (46 aA-c) 서열번호 552에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1708] (46 aA-d) 서열번호 552로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1709] (46 aA-e) 서열번호 552로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1710] (46 aB) 서열번호 554로 나타내는 아미노산 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 554로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1711] 상기 (46 aA-a)~(46 aA-e), 및 (46 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한,

포함된다.

- [1712] 상기 (46 αA-a)~(46 αA-e), 및 (46 αB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 2~50kDa, 바람직하게는 분자량 5~40kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1713] 바람직하게는, 스포트 46 α의 항원인 단백질은, 서열번호 553의 아미노산 서열을 갖는 단백질(seed maturation protein PM22)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1714] (47 α) 스포츠 47 α의 항원
- [1715] 스포트 47 α에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1716] LPTDESLLTQIK(서열번호 557)
- [1717] NGYIVIK(서열번호 558)
- [1718] NGYIVIK(서열번호 561)
- [1719] TYPQQAGTIRK(서열번호 562)
- [1720] VVEVSTSK(서열번호 563)
- [1721] 또한, 스포트 47 α에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터와 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 557, 558 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 유카리오틱 트랜슬레이션 이니티에이션 팩터 5A-2(eukaryotic translation initiation factor 5A-2) (아미노산 서열 : 서열번호 556, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 555), 서열번호 561~563 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 언캐릭터라이즈드 프로테인 LOC100305510(uncharacterized protein LOC100305510) (아미노산 서열 : 서열번호 560, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 559)이 동정되었다.
- [1722] 따라서, 본원에 있어서 스포트 47 α의 항원은, 이하 (47 αA1-a)~(47 αA1-e), (47 αB1), (47 αA2-a)~(47 αA2-e), 및 (47 αB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1723] (47 αA1-a) 서열번호 556에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1724] (47 αA1-b) 서열번호 556으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1725] (47 αA1-c) 서열번호 555에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1726] (47 αA1-d) 서열번호 555로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1727] (47 αA1-e) 서열번호 555로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1728] (47 αB1) 서열번호 557 및 558로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 양쪽 모두를 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 557, 558 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1729] (47 αA2-a) 서열번호 560에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1730] (47 αA2-b) 서열번호 560으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1731] (47 αA2-c) 서열번호 559에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [1732] (47 aA2-d) 서열번호 559로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1733] (47 aA2-e) 서열번호 559로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1734] (47 aB2) 서열번호 561~563으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 561~563 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1735] 상기 (47 aA1-a)~(47 aA1-e), (47 aB1), (47 aA2-a)~(47 aA2-e), 및 (47 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1736] 상기 (47 aA1-a)~(47 aA1-e), (47 aB1), (47 aA2-a)~(47 aA2-e), 및 (47 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 2~50kDa, 바람직하게는 분자량 5~40kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스폿로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1737] 바람직하게는, 스폿 47 a의 항원인 단백질은, 서열번호 556의 아미노산 서열을 갖는 단백질(eukaryotic translation initiation factor 5A-2) 혹은 서열번호 560의 아미노산 서열을 갖는 단백질(uncharacterized protein LOC100305510)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1738] (48 a) 스포츠 48 a의 항원
- [1739] 스포트 48 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1740] AEFPIFDK(서열번호 566)
- [1741] DARGNNVNLADYK(서열번호 567)
- [1742] DGNVVDRYAPTTSPLSIEK(서열번호 568)
- [1743] GGLFGDSIK(서열번호 569)
- [1744] VDVNGDNAAPLYK(서열번호 570)
- [1745] 또한, 스포트 48 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 566~570 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 언캐릭터라이즈드 단백질 LOC100306570(uncharacterized protein LOC100306570) (아미노산 서열: 서열번호 565, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 564)이 동정되었다.
- [1746] 따라서, 본원에 있어서 스포트 48 a의 항원은, 이하 (48 aA-a)~(48 aA-e), 및 (48 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1747] (48 aA-a) 서열번호 565에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1748] (48 aA-b) 서열번호 565로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1749] (48 aA-c) 서열번호 564에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1750] (48 aA-d) 서열번호 564로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1751] (48 aA-e) 서열번호 564로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트

한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [1752] (48 aB) 서열번호 566~570으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 566~570 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1753] 상기 (48 aA-a)~(48 aA-e), 및 (48 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1754] 상기 (48 aA-a)~(48 aA-e), 및 (48 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 2~50kDa, 바람직하게는 분자량 5~40kDa 부근, 및 등전점 3.5~8.5, 바람직하게는 4.0~8.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1755] 바람직하게는, 스포트 48 a의 항원인 단백질은, 서열번호 565의 아미노산 서열을 갖는 단백질(uncharacterized protein LOC100306570)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1756] (50 a) 스포츠 50 a의 항원
- [1757] 스포트 50 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1758] AADYLHNYQGDNTTAPSQPAESK(서열번호 573)
- [1759] LVAEAAQSALK(서열번호 574)
- [1760] QGIGQYVDK(서열번호 575)
- [1761] VADAAGDLLDAAGK(서열번호 576)
- [1762] 또한, 스포트 50 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 573~576 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 언캐릭터라이즈드 단백질 LOC100813859(uncharacterized protein LOC100813859) (아미노산 서열: 서열번호 572, 그것을 코드하는 염기 서열: 서열번호 571)가 동정되었다.
- [1763] 따라서, 본원에 있어서 스포트 50 a의 항원은, 이하 (50 aA-a)~(50 aA-e), 및 (50 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1764] (50 aA-a) 서열번호 572에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1765] (50 aA-b) 서열번호 572로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1766] (50 aA-c) 서열번호 571에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1767] (50 aA-d) 서열번호 571로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1768] (50 aA-e) 서열번호 571로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1769] (50 aB) 서열번호 573~576으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 573~576 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1770] 상기 (50 aA-a)~(50 aA-e), 및 (50 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

- [1771] 상기 (50 aA-a)~(50 aA-e), 및 (50 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 2~50kDa, 바람직하게는 분자량 5~40kDa 부근, 및 등전점 2.5~6.5, 바람직하게는 3.0~6.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1772] 바람직하게는, 스포트 50 a의 항원인 단백질은, 서열번호 572의 아미노산 서열을 갖는 단백질(uncharacterized protein LOC100813859)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1773] (51 a) 스포츠 51 a의 항원
- [1774] 스포트 51 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1775] EAAESTLSAYK(서열번호 579)
- [1776] LLDSRLIPSASSGDSK(서열번호 580)
- [1777] QAFDEAIAELDTLGEESYK(서열번호 581)
- [1778] VSAAADNEELTVEERNLLSVAYK(서열번호 582)
- [1779] 또한, 스포트 51 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 579~582 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 14-3-3-라이크 단백질(14-3-3-like protein) (아미노산 서열 : 서열번호 578, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 577)이 동정되었다.
- [1780] 따라서, 본원에 있어서 스포트 51 a의 항원은, 이하 (51 aA-a)~(51 aA-e), 및 (51 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1781] (51 aA-a) 서열번호 578에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1782] (51 aA-b) 서열번호 578로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1783] (51 aA-c) 서열번호 577에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1784] (51 aA-d) 서열번호 577로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1785] (51 aA-e) 서열번호 577로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1786] (51 aB) 서열번호 579~582로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 579~582 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1787] 상기 (51 aA-a)~(51 aA-e), 및 (51 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1788] 상기 (51 aA-a)~(51 aA-e), 및 (51 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 5~60kDa, 바람직하게는 분자량 10~50kDa 부근, 및 등전점 2.5~6.5, 바람직하게는 3.0~6.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1789] 바람직하게는, 스포트 51 a의 항원인 단백질은, 서열번호 578의 아미노산 서열을 갖는 단백질(14-3-3-like protein)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1790] (52 a) 스포츠 52 a의 항원
- [1791] 스포트 52 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1792] APGGAPANVAIAVSRLGGK(서열번호 585)

- [1793] GSVDAFHVNTVDTTGAGDSFVGALLAK(서열번호 586)
- [1794] IVDDQSILEDPEPRLREVLK(서열번호 587)
- [1795] VSDAELEFLTGS DK(서열번호 588)
- [1796] 또한, 스포트 52 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 585~588 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 프로버블 프록토키나아제-4(probable fructokinase-4) (아미노산 서열 : 서열번호 584, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 583)가 동정되었다.
- [1797] 따라서, 본원에 있어서 스포트 52 a의 항원은, 이하 (52 aA-a)~(52 aA-e), 및 (52 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1798] (52 aA-a) 서열번호 584에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1799] (52 aA-b) 서열번호 584로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1800] (52 aA-c) 서열번호 583에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1801] (52 aA-d) 서열번호 583으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1802] (52 aA-e) 서열번호 583으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1803] (52 aB) 서열번호 585~588로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 585~588 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1804] 상기 (52 aA-a)~(52 aA-e), 및 (52 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1805] 상기 (52 aA-a)~(52 aA-e), 및 (52 aB)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 5~60kDa, 바람직하게는 분자량 10~50kDa 부근, 및 등전점 3.5~7.5, 바람직하게는 4.0~7.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1806] 바람직하게는, 스포트 52 a의 항원인 단백질은, 서열번호 584의 아미노산 서열을 갖는 단백질(probable fructokinase-4)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1807] (53 a) 스포츠 53 a의 항원
- [1808] 스포트 53 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1809] AEFVDIINAATVK(서열번호 591)
- [1810] ELAAQPDVDGFLVGGASLK(서열번호 592)
- [1811] FFVGGNWK(서열번호 593)
- [1812] IVTTLNEAK(서열번호 594)
- [1813] VATPAQAQEVHADLRK(서열번호 595)
- [1814] VAYALQQGLK(서열번호 596)
- [1815] VPGEDVVEVVSPFPVFLPFVK(서열번호 597)
- [1816] ELAAQPDVDGFLVGGASLKPEFVDIINAATVK(서열번호 600)

- [1817] FFVGGNWK(서열번호 601)
- [1818] IVTTLNEAK(서열번호 602)
- [1819] VATPAQAQEVHADLRK(서열번호 603)
- [1820] VAYALQQGLK(서열번호 604)
- [1821] 또한, 스포트 53 a에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 591~597 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 트리오스포스페이트 이소메라아제 아이소폼 X1(triosephosphate isomerase isoform X1) (아미노산 서열 : 서열번호 590, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 589), 서열번호 600~604 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 트리오스포스페이트 이소메라아제, 사이토솔릭(triosephosphate isomerase, cytosolic) (아미노산 서열 : 서열번호 599, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 598)이 동정되었다.
- [1822] 따라서, 본원에 있어서 스포트 53 a의 항원은, 이하 (53 aA1-a)~(53 aA1-e), (53 aB1), (53 aA2-a)~(53 aA2-e), 및 (53 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1823] (53 aA1-a) 서열번호 590에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1824] (53 aA1-b) 서열번호 590으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1825] (53 aA1-c) 서열번호 589에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1826] (53 aA1-d) 서열번호 589로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1827] (53 aA1-e) 서열번호 589로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1828] (53 aB1) 서열번호 591~597로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 591~597 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1829] (53 aA2-a) 서열번호 599에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1830] (53 aA2-b) 서열번호 599로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1831] (53 aA2-c) 서열번호 598에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1832] (53 aA2-d) 서열번호 598로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1833] (53 aA2-e) 서열번호 598로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1834] (53 aB2) 서열번호 600~604로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 600~604 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1835] 상기 (53 aA1-a)~(53 aA1-e), (53 aB1), (53 aA2-a)~(53 aA2-e), 및 (53 aB2)로 이루어지는 군으로부터

선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.

- [1836] 상기 (53 αA1-a)~(53 αA1-e), (53 αB1), (53 αA2-a)~(53 αA2-e), 및 (53 αB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 5~60kDa, 바람직하게는 분자량 10~50kDa 부근, 및 등전점 3.5~8.5, 바람직하게는 4.0~8.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1837] 바람직하게는, 스포트 53 α의 항원인 단백질은, 서열번호 590의 아미노산 서열을 갖는 단백질(triosephosphate isomerase isoform X1) 혹은 서열번호 599의 아미노산 서열을 갖는 단백질(triosephosphate isomerase, cytosolic)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1838] (54 α) 스포츠 54 α의 항원
- [1839] 스포트 54 α에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1840] FDGENVANPPSPDEDNK(서열번호 607)
- [1841] LVSWDAVSSRLEQAK(서열번호 608)
- [1842] QVVGTELDGK(서열번호 609)
- [1843] SLEEIIVTSYNK(서열번호 610)
- [1844] TYVENLK(서열번호 611)
- [1845] QIVGTELDGK(서열번호 614)
- [1846] SLEEIIVTSYNK(서열번호 615)
- [1847] TYVENLK(서열번호 616)
- [1848] 또한, 스포트 54 α에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 607~611 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 수퍼옥사이드 디스무타아제 [Fe] , 클로로플라 스틱 아이소폼 X1(superoxide dismutase [Fe] , chloroplastic isoform X1) (아미노산 서열 : 서열번호 606, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 605), 서열번호 614~616 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 아이언-수퍼 옥사이드 디스무타아제(iron-superoxide dismutase) (아미노산 서열 : 서열번호 613, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 612)가 동정되었다.
- [1849] 따라서, 본원에 있어서 스포트 54 α의 항원은, 이하 (54 αA1-a)~(54 αA1-e), (54 αB1), (54 αA2-a)~(54 αA2-e), 및 (54 αB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1850] (54 αA1-a) 서열번호 606에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1851] (54 αA1-b) 서열번호 606으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1852] (54 αA1-c) 서열번호 605에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1853] (54 αA1-d) 서열번호 605로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함 하는 단백질.
- [1854] (54 αA1-e) 서열번호 605로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트 한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1855] (54 αB1) 서열번호 607~611로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백 질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 607~597 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹 은 부가되어 있어도 된다.

- [1856] (54 aA2-a) 서열번호 613에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1857] (54 aA2-b) 서열번호 613으로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1858] (54 aA2-c) 서열번호 612에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1859] (54 aA2-d) 서열번호 612로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1860] (54 aA2-e) 서열번호 612로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1861] (54 aB2) 서열번호 614~616으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 614~616 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1862] 상기 (54 aA1-a)~(54 aA1-e), (54 aB1), (54 aA2-a)~(54 aA2-e), 및 (54 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1863] 상기 (54 aA1-a)~(54 aA1-e), (54 aB1), (54 aA2-a)~(54 aA2-e), 및 (54 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 5~60kDa, 바람직하게는 분자량 10~50kDa 부근, 및 등전점 3.5~8.5, 바람직하게는 4.0~8.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1864] 바람직하게는, 스포트 54 a의 항원인 단백질은, 서열번호 606의 아미노산 서열을 갖는 단백질(superoxide dismutase [Fe] , chloroplastic isoform X1) 혹은 서열번호 613의 아미노산 서열을 갖는 단백질(iron-superoxide dismutase)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1865] (55 a) 스포츠 55 a의 항원
- [1866] 스포트 55 a에 관하여 질량 분석에 의한 서열 동정을 실시한 결과, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [1867] DYAGDAAQNVK(서열번호 619)
- [1868] DYASDAAQK(서열번호 620)
- [1869] DYASDATDAK(서열번호 621)
- [1870] DYASDAVQK(서열번호 622)
- [1871] DYASDTAQRK(서열번호 623)
- [1872] DYASDTAQTSK(서열번호 624)
- [1873] DYASEASDVAQNTK(서열번호 625)
- [1874] DYATDAAQK(서열번호 626)
- [1875] DYVGDAQQRK(서열번호 627)
- [1876] EASDYASETAK(서열번호 628)
- [1877] EYAGDVALNAK(서열번호 629)
- [1878] EYVGDAQK(서열번호 630)
- [1879] GAAEYASDAAQRK(서열번호 631)

- [1880] GYVGDAAQK(서열번호 632)
- [1881] LQDIASEAGQYSAEK(서열번호 633)
- [1882] LSEGLGFK(서열번호 634)
- [1883] VSDYATDTAQK(서열번호 635)
- [1884] DYAGDAVQNIK(서열번호 638)
- [1885] DYASDAAQRTK(서열번호 639)
- [1886] DYASDATDAAK(서열번호 640)
- [1887] DYASDTAQRTK(서열번호 641)
- [1888] DYVGDAAQK(서열번호 642)
- [1889] EASDYASETAQK(서열번호 643)
- [1890] EASEYASDAAQRTK(서열번호 644)
- [1891] EYAGDVAQNAK(서열번호 645)
- [1892] GYVGDAAQK(서열번호 646)
- [1893] LQDIASEAGQYSTEK(서열번호 647)
- [1894] LTEGLGFK(서열번호 648)
- [1895] VSDYAGDAAQK(서열번호 649)
- [1896] 또한, 스포트 55 a 에 관하여, 질량분석장치로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI의 단백질 데이터와 조합하여 해석했던바, 서열번호 619~635 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 51kDa 시드 머츄레이션 프로테인 프리커서(51kDa seed maturation protein precursor) (아미노산 서열 : 서열번호 618, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 617), 서열번호 638~649 중 어느 하나를 포함하는 단백질로서 Lea 프로테인 프리커서(Lea protein precursor) (아미노산 서열 : 서열번호 637, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 636)가 동정되었다.
- [1897] 따라서, 본원에 있어서 스포트 55 a 의 항원은, 이하 (55 a A1-a)~(55 a A1-e), (55 a B1), (55 a A2-a)~(55 a A2-e), 및 (55 a B2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질 중 어느 하나이어도 된다.
- [1898] (55 a A1-a) 서열번호 618에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1899] (55 a A1-b) 서열번호 618로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1900] (55 a A1-c) 서열번호 617에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1901] (55 a A1-d) 서열번호 617로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1902] (55 a A1-e) 서열번호 617로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1903] (55 a B1) 서열번호 619~635로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 619~635 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1904] (55 a A2-a) 서열번호 637에 있어서 1 또는 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 아미노산 서열을 포함하는 단백질.

- [1905] (55 aA2-b) 서열번호 637로 나타내는 아미노산 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1906] (55 aA2-c) 서열번호 636에 있어서 1 또는 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 또는 부가된 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1907] (55 aA2-d) 서열번호 636으로 나타내는 염기 서열과 동일성이 70% 이상, 바람직하게는 75% 이상, 80% 이상, 85% 이상, 90% 이상, 95% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상인 염기 서열에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1908] (55 aA2-e) 서열번호 636으로 나타내는 염기 서열에 대하여 상보적인 염기 서열로 이루어지는 핵산과 스트린젠트한 조건 하에서 하이브리다이징하는 핵산에 의해 코드되는 아미노산 서열을 포함하는 단백질.
- [1909] (55 aB2) 서열번호 638~649로 이루어지는 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 적어도 하나를 포함하는 단백질, 바람직하게는 해당 아미노산 서열의 적어도 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 또는 모든 서열을 포함하는 단백질. 여기에 있어서, 서열번호 638~649 중 어느 하나로 나타내는 아미노산 서열은, 1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되어 있어도 된다.
- [1910] 상기 (55 aA1-a)~(55 aA1-e), (55 aB1), (55 aA2-a)~(55 aA2-e), 및 (55 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질에는, 인산화나 당쇄 수식, 아미노아실화, 개환, 탈아미노화 등에 의해 해당 단백질의 아미노산 잔기가 수식을 받고 있는 단백질도 또한, 포함된다.
- [1911] 상기 (55 aA1-a)~(55 aA1-e), (55 aB1), (55 aA2-a)~(55 aA2-e), 및 (55 aB2)로 이루어지는 군으로부터 선택되는 단백질은, 상기 「항원의 특정」의 항목에 기재한 조건에서 2차원 전기영동을 실시했을 때의 겔에 있어서, 분자량 30~90kDa, 바람직하게는 분자량 40~80kDa 부근, 및 등전점 5.5~10.5, 바람직하게는 6.0~10.0의 스포트로서 나타내는 단백질이어도 된다.
- [1912] 바람직하게는, 스포트 55 a의 항원인 단백질은, 서열번호 618의 아미노산 서열을 갖는 단백질(51kDa seed maturation protein precursor) 혹은 서열번호 637의 아미노산 서열을 갖는 단백질(Lea protein precursor)과 동등한 활성을 갖는, 또는, 대두에 대한 알레르기의 원인이 된다.
- [1913] 본 명세서에 있어서, 아미노산 서열에 대하여 「1 혹은 수개의 아미노산이 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되었다」라고 하는 경우는, 대상이 되는 아미노산 서열에 있어서, 1개 혹은 수개의 아미노산(예를 들면, 아미노산 서열의 전체 길이에 대하여 30%, 바람직하게는 25%, 20%, 15%, 10%, 5%, 3%, 2% 또는 1%의 아미노산)이 결실되어 있거나, 다른 아미노산에 치환되어 있거나, 다른 아미노산이 삽입되어 있거나, 및/또는 다른 아미노산이 부가되어 있는 아미노산 서열을 말한다.
- [1914] 상기 중, 치환은, 바람직하게는 보존적 치환이다. 보존적 치환이란, 특정의 아미노산 잔기를 유사한 물리 화학적 특징을 갖는 잔기로 치환하는 것이지만, 원래의 서열의 구조에 관한 특징을 실질적으로 변화시키지 않으면 어떠한 치환이어도 되고, 예를 들면, 치환 아미노산이, 원래의 서열에 존재하는 나선을 파괴하거나, 원래의 서열을 특징짓는 다른 종류의 2차 구조를 파괴하거나 하지 않으면 어떠한 치환이어도 된다. 이하에, 아미노산 잔기의 보존적 치환에 대하여 치환 가능한 잔기마다 분류하여 예시하지만, 치환 가능한 아미노산 잔기는 이하에 기재되어 있는 것으로 한정되는 것은 아니다.
- [1915] A군 : 로이신, 이소로이신, 발린, 알라닌, 메티오닌
- [1916] B군 : 아스파라긴산, 글루타민산
- [1917] C군 : 아스파라긴, 글루타민
- [1918] D군 : 리진, 아르기닌,
- [1919] E군 : 세린, 스레오닌
- [1920] F군 : 페닐 알라닌, 티로신
- [1921] 비보존적 치환의 경우는, 상기 종류 중, 어느 1개의 멤버(member)와 다른 종류의 멤버를 교환할 수 있다. 예를 들면, 부주의한 당쇄 수식을 배제하기 위해서 상기의 B, D, E군의 아미노산을 그 이외의 군의 아미노산으로 치환해도 된다. 또는, 3차 구조에서 단백질 안으로 접어지는 것을 방지하기 위해서 시스테인을 결실 시키거나, 다른 아미노산으로 치환해도 된다. 혹은, 친수성/소수성의 밸런스가 유지되도록, 또는 합성을 용이하게 하기 위해

서 친수도(親水度)를 올리도록, 아미노산에 관한 소수성/친수성의 지표인 아미노산의 하이드로퍼씨(hydrophathy) 지수(J. Kyte 및 R. Doolittle, J. Mol. Biol., Vol.157, p.105-132, 1982)를 고려하여, 아미노산을 치환해도 된다.

[1922] 본 명세서에 있어서, 2개의 아미노산 서열의 동일성%는, 시각적 검사 및 수학적 계산에 의해 결정할 수 있다. 또한, 컴퓨터 프로그램을 사용하여 동일성%를 결정할 수도 있다. 그와 같은 컴퓨터 프로그램으로서는, 예를 들면, BLAST, FASTA(Altschul 등, J. Mol. Biol., 215:403-410(1990)), 및 ClustalW 등을 들 수 있다. 특히, BLAST 프로그램에 의한 동일성 검색의 각종 조건(파라미터)은, Altschul 등(Nucl. Acids. Res., 25, p.3389-3402, 1997)에 기재된 것으로, 미국 바이오테크놀로지 정보 센터(NCBI)나 DNA DataBank of Japan(DDBJ)의 웹 사이트로부터 공적으로 입수할 수 있다(BLAST 매뉴얼, Altschul 등 NCB/NLM/NIH Bethesda, MD 20894; Altschul 등). 또한, 유전 정보 처리 소프트웨어 GENETYX Ver.7(제네틱스), DINASIS Pro(히타치 소프트), Vector NTI(Infomax) 등의 프로그램을 사용해서 결정할 수도 있다.

[1923] 본 명세서에 있어서, 염기 서열에 관하여 「1 혹은 수개의 뉴클레오티드가 결실, 치환, 삽입 혹은 부가되었다」라고 하는 경우는, 대상이 되는 염기 서열에 있어서, 1개 혹은 수개의 뉴클레오티드(예를 들면, 염기 서열의 전체 길이에 대하여 30%, 바람직하게는 25%, 20%, 15%, 10%, 5%, 3%, 2% 또는 1%의 뉴클레오티드)가 결실되어 있거나, 다른 뉴클레오티드로 치환되어 있거나, 다른 뉴클레오티드가 삽입되어 있거나, 및/또는 다른 뉴클레오티드가 부가되어 있는 염기 서열을 말한다. 상기 뉴클레오티드의 결실, 치환, 삽입 혹은 부가에 의해, 아미노산을 코드하는 서열에 프레임 시프트를 발생시키지 않는 것이 바람직하다.

[1924] 본 명세서에 있어서, 2개의 염기 서열의 동일성%는, 시각적 검사 및 수학적 계산에 의해 결정할 수 있다. 또한, 컴퓨터 프로그램을 사용하여 동일성%를 결정할 수도 있다. 그와 같은 서열 비교 컴퓨터 프로그램으로서는, 예를 들면, 미국 국립 의학 라이브러리의 웹 사이트: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/bl2seq/bls.html>로부터 사용할 수 있는 BLASTN 프로그램(Altschul et al. (1990) J. Mol. Biol. 215: 403-10): 버전 2.2.7, 또는 WU-BLAST2.0 알고리즘 등을 들 수 있다. WU-BLAST2.0에 관하여 표준적인 디폴트 파라미터의 설정은, 이하의 인터넷 사이트: <http://blast.wustl.edu>에 기재되어 있는 것을 사용할 수 있다.

[1925] 본 명세서에 있어서의 「스트린젠트한 조건 하」란, 중간 정도 또는 고도로 스트린젠트한 조건에 있어서 하이브리다이징한 것을 의미한다. 구체적으로는, 중간 정도로 스트린젠트한 조건으로서는, 예를 들면, DNA의 길이에 근거하여, 일반적인 기술을 갖는 당업자에 의해, 용이하게 결정하는 것이 가능하다. 기본적인 조건은, Sambrook 등, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 제3판, 제6-7장, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001에 나타나 있다. 바람직하게는, 중간 정도로 스트린젠트한 조건은, 하이브리다이제이션 조건으로서, $1 \times \text{SSC} \sim 6 \times \text{SSC}$, $42^\circ\text{C} \sim 55^\circ\text{C}$ 의 조건, 보다 바람직하게는, $1 \times \text{SSC} \sim 3 \times \text{SSC}$, $45^\circ\text{C} \sim 50^\circ\text{C}$ 의 조건, 가장 바람직하게는, $2 \times \text{SSC}$, 50°C 의 조건을 들 수 있다. 하이브리다이제이션 용액 중에, 예를 들면, 약 50%의 폼아미드를 포함하는 경우에는, 상기 온도보다도 5 내지 15°C 낮은 온도를 채용한다. 세정 조건으로서는, $0.5 \times \text{SSC} \sim 6 \times \text{SSC}$, $40^\circ\text{C} \sim 60^\circ\text{C}$ 를 들 수 있다. 하이브리다이제이션 및 세정 시에는, 일반적으로, 0.05%~0.2%, 바람직하게는 약 0.1%SDS를 첨가해도 된다. 고도로 스트린젠트한 조건도 또한, 예를 들면 DNA의 길이에 근거하여, 당업자에 의해, 용이하게 결정하는 것이 가능하다. 일반적으로, 고도로 스트린젠트(하이 스트린젠트)인 조건으로서는, 중간 정도로 스트린젠트한 조건보다도 높은 온도 및/또는 낮은 염 농도에서의 하이브리다이제이션 및/또는 세정을 포함한다. 예를 들면, 하이브리다이제이션 조건으로서, $0.1 \times \text{SSC} \sim 2 \times \text{SSC}$, $55^\circ\text{C} \sim 65^\circ\text{C}$ 의 조건, 보다 바람직하게는, $0.1 \times \text{SSC} \sim 1 \times \text{SSC}$, $60^\circ\text{C} \sim 65^\circ\text{C}$ 의 조건, 가장 바람직하게는, $0.2 \times \text{SSC}$, 63°C 의 조건을 들 수 있다. 세정 조건으로서, $0.2 \times \text{SSC} \sim 2 \times \text{SSC}$, $50^\circ\text{C} \sim 68^\circ\text{C}$, 보다 바람직하게는, $0.2 \times \text{SSC}$, $60 \sim 65^\circ\text{C}$ 를 들 수 있다.

[1926] 항원은, 대두로부터 당업자에게 주지된 단백질 정제 방법을 조합하여 분리·정제함으로써 얻어도 된다. 또는, 항원은, 당업자에게 주지된 유전자 재조합 기술에 의해 항원을 재조합 단백질로서 발현시키고, 그리고 당업자에게 주지된 단백질 정제 방법에 의해 분리·정제함으로써 얻어도 된다.

[1927] 단백질의 정제 방법으로는, 예를 들면, 염석, 용매 침전법 등의 용해도를 사용하는 방법, 투석, 한외여과, 겔 여과, SDS-PAGE 등 분자량의 차를 사용하는 방법, 이온 교환 크로마토그래피나 히드록시어파타이트 크로마토그래피 등의 하전(荷電)을 이용하는 방법, 어피니티(affinity) 크로마토그래피 등의 특이적 친화성을 이용하는 방법, 역상(逆相) 고속 액체 크로마토그래피 등의 소수성의 차를 이용하는 방법, 등전점 전기영동 등의 등전점의 차를 이용하는 방법 등을 들 수 있다.

[1928] 유전자 재조합 기술에 의한 단백질의 조제는, 항원을 코드하는 핵산을 포함하는 발현 벡터를 조제하고, 해당 발현 벡터를 적절한 숙주 세포 중에 유전자 도입 또는 형질 전환에 의해 도입하고, 해당 숙주 세포를 재조합 단백

질의 발현에 적절한 조건 하에서 배양하고, 그리고 해당 숙주 세포 중에서 발현된 재조합 단백질을 회수함으로써 실시된다.

[1929] 「백터」는, 그것에 연결시킨 핵산을 숙주 세포 내에 도입하기 위해 사용하는 것이 가능한 핵산이며, 「발현 백터」는 백터에 의해 도입된 핵산이 코드되는 단백질의 발현을 유도하는 것이 가능한 백터이다. 백터에는, 플라스미드 백터, 바이러스 백터 등이 포함된다. 당업자는, 사용되는 숙주 세포의 종류에 따라, 재조합 단백질의 발현에 적절한 발현 백터를 선택할 수 있다.

[1930] 「숙주 세포」는, 백터에 의해 유전자 도입 또는 형질 전환을 받는 세포이다. 숙주 세포는, 사용하는 백터에 따라 당업자가 적절히 선택할 수 있다. 숙주 세포는, 예를 들면, 대장균(E. coli) 등의 원핵생물 유래인 것이 가능하다. 대장균과 같은 원핵세포를 숙주로서 사용하는 경우, 본 발명의 항원은, 원핵세포 내에서의 재조합 단백질의 발현을 용이하게 하기 위해서 N말단 메티오닌 잔기를 포함하도록(듯이) 해도 된다. 이 N말단 메티오닌은, 발현 후에 재조합 단백질로부터 떼어낼 수도 있다. 혹은, 효모 등의 단세포 진핵생물, 식물세포, 동물세포(예를 들면, 사람 세포, 원숭이 세포, 햄스터 세포, 래트 세포, 마우스 세포 또는 곤충 세포) 등의, 진핵생물 유래의 세포나 누에인 것이 가능하다.

[1931] 발현 백터의 숙주 세포에의 유전자 도입 또는 형질 전환은, 당업자에게 공지된 방법에 의해 적절히 실시할 수 있다. 또한, 당업자는, 숙주 세포의 종류에 따라 재조합 단백질의 발현에 적절한 조건을 적절히 선택하고, 숙주 세포를 배양함으로써 재조합 단백질을 발현시킬 수 있다. 그리고, 재조합 단백질을 발현한 숙주 세포를 균질화(homogenize)하고, 얻어진 호모지네이트(homogenate)로부터 상술한 단백질의 정제 방법을 적절히 조합하여 실시함으로써, 재조합 단백질로서 발현된 항원을 분리·정제 할 수 있다.

[1932] 진단 키트·진단 방법

[1933] 본 발명은, 대상의 대두 알레르기를 진단하기 위한 지표를 제공하는 방법으로서, 이하의 공정 :

[1934] (i) 대상으로부터 얻어진 시료를 항원에 접촉시키는, 여기서 해당 시료는 Ig항체가 포함되는 용액인 ;

[1935] (ii) 대상으로부터 얻어진 시료 중의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합을 검출하는 ;

[1936] (iii) 대상의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합이 검출된 경우, 대상이 대두 알레르기인 것의 지표가 제공되는 ;

[1937] 을 포함하고, 여기서 해당 항원은 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원으로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 방법을 제공한다.

[1938] 대상으로부터 얻어진 시료란, 대상으로부터 채취된 Ig항체, 보다 바람직하게는 IgE 항체가 포함되는 용액이다. 그와 같은 용액에는, 예를 들면, 혈액, 타액, 가래, 콧물, 소변, 땀, 눈물이 포함된다. 대상으로부터 얻어진 시료는, 항원에 접촉시키기 전에, 시료 중의 Ig항체 농도를 높이기 위한 전처리(前處理)가 실시되어 있어도 된다. 시료의 전처리로서는, 예를 들면 혈액으로부터 혈청을 얻는 것이 포함되어도 된다. 특히 바람직한 양태에 있어서, 상기 공정(i)은, 대상으로부터 얻어진 혈청 중의 IgE 항체와 항원을 접촉시킴으로써 실시된다.

[1939] 대상으로부터 얻어진 시료와 항원과의 접촉 및 그 결합의 검출은, 기존의 방법에 의해 실시하는 것이 가능하다. 그와 같은 방법에는, 예를 들면, ELISA(Enzyme-Linked Immunosorbent Assay), 샌드위치 면역 측정법, 이무노블로트(immunoblot), 면역 침강법에 의한 검출을 이용할 수 있다. 이들은 모두, 항원에 대상의 IgE 항체를 접촉시켜 결합시키고, 항원에 특이적으로 결합된 IgE 항체에 대하여 효소 표식(標識)한 2차 항체를 작용시키고, 효소의 기질(통상은, 발색 혹은 발광 시약)을 첨가하여 효소 반응의 생성물을 검출함으로써, 항원과 대상의 IgE 항체의 결합을 검출하는 방법이다. 혹은, 형광 표식한 2차 항체를 검출하는 방법이다. 나아가서는, 표면 플라즈몬 공명을 사용하여, 항원 항체 결합을 굴절각으로서 검출하는 방법으로 해도 된다.

[1940] 항원은, 단리(單離)된 항원이 담체에 고정되어 있는 상태이어도 된다. 이 경우는 상기 공정(i) 및 (ii)에 있어서 ELISA나 샌드위치 면역 측정법을 이용할 수 있고, 또한, 상기 공정(i)에서는, 대상으로부터 얻어진 시료를 항원을 고정한 면에 접촉시킴으로써 실시한다. 단리된 항원은, 대두로부터 당업자에게 주지된 단백질 정제 방법을 조합하여 분리·정제함으로써, 또는 유전자 재조합 기술에 의해 조제함으로써 얻어도 된다.

[1941] 또한, 항원은 2차원 전기영동에 의해 분리한 상태에서부터 이무노블로트에 의한 검출을 실시해도 된다. 2차원 전기영동은, 1차원법에 등전점 전기영동, 2차원법에 SDS-PAGE(SDS-폴리아크릴 아마이드겔 전기영동)를 실시함으로써, 단백질 시료를 분리하는 방법이다. 이 경우, 2차원 전기영동의 조건은, 본원 발명의 항원을 분리할 수 있는 조건이면 특별히 한정되지 않는다. 예를 들면, 상기 「항원의 특정」의 항목에서 기재한 2차원 전기영동의 조건

을 이용할 수 있다. 혹은, 상술한 특허문헌 1~4의 기재를 참고로 하여 전기영동의 조건을 정할 수도 있고, 예를 들면, 이하 :

- [1942] (A) 1차원젤의 등전점 전기영동 겔로서, 겔 길이가 5~10cm의 범위 내로, 겔의 pH 범위가 3~10이며, 영동 방향에 대한 겔의 pH 구배가, pH5까지의 겔 길이를 a, pH5~7의 겔 길이를 b, pH7 이상의 겔 길이를 c로 한 경우에 있어서, 「a<b」 및 「b>c」의 관계를 만족하는 ;
- [1943] (B) (A)의 경우로서, 겔의 전체 길이를 1로 한 경우, a가 0.15~0.3의 범위 내, b가 0.4~0.7의 범위 내, c가 0.15~0.3의 범위 내인 ;
- [1944] (C) 1차원젤의 등전점 전기영동에 있어서, 검체를 포함하는 겔 1개에 대하여 100V~600V의 범위 내의 값의 정전압의 인가에 의한 정전압 공정을 실시하고, 영동 30분 당의 영동 변화폭이 5 μ A의 범위 내가 된 후에 전기정전압으로부터 전압을 상승시키는 전압 상승 공정을 시작하는 ;
- [1945] (D) (C)의 경우에, 전압 상승 공정의 최종 전압을 3000V~6000V의 범위 내로 하는 ;
- [1946] (E) 1차원젤의 등전점 전기영동 겔의 긴 방향의 겔 길이가 5~10cm이며, 2차원젤 전기영동 겔의 영동 방향 기단부(基端部)의 겔 농도를 3~6%로 하는 ; 및
- [1947] (F) (E)의 경우에, 2차원젤 전기영동 겔의 영동 방향 선단측의 부분의 겔 농도가, 영동 방향 기단부의 겔 농도보다 높게 설정하는 ;
- [1948] 으로 이루어지는 군으로부터 선택되는 적어도 하나를 만족하는 조건에서 2차원 전기영동을 실시할 수 있다.
- [1949] 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원은, 대두에 대한 알레르기의 환자의 IgE 항체와 특이적으로 결합되는 항원이다. 따라서, 대상의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합이 검출된 경우, 대상이 대두에 대한 알레르기인 것의 지표가 제공된다.
- [1950] 본 발명은 또한, 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원 중 적어도 하나를 포함하는 대두에 대한 알레르기의 진단 키트를 제공한다. 본 발명의 진단 키트는, 상기의 대두에 대한 알레르기를 진단하기 위한 지표를 제공하는 방법, 또는 하기의 진단 방법으로 사용해도 된다. 본 발명의 진단 키트는, 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원 중 적어도 하나를 포함하는 것 외에 효소 표식된 항IgE 항체 및 해당 효소의 기질이 되는 발색 기질 또는 발광 기질을 포함하고 있어도 된다. 또한, 형광 표식된 항IgE 항체를 사용해도 된다. 본 발명의 진단 키트에 있어서, 항원은 담체에 고정화된 상태로 제공되어도 된다. 본 발명의 진단 키트는 또한, 진단을 위한 순서에 관한 설명서나 해당 설명을 포함하는 패키지와 함께 제공되어도 된다.
- [1951] 본 발명은 또한, 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원 중 적어도 하나를 포함하는 대두에 대한 알레르기의 진단용 조성물을 제공한다. 본 발명의 진단용 조성물은, 하기의 진단 방법에 이용할 수 있다. 본 발명의 진단용 조성물은, 필요에 따라 본 발명의 항원과 함께 일반적으로 사용되는, 약학적으로 허용되는 담체나 첨가제를 포함하고 있어도 된다.
- [1952] 일 양태에 있어서, 본 발명은, 대상의 대두에 대한 알레르기를 진단하는 방법으로서, 이하의 공정 :
- [1953] (i) 대상으로부터 얻어진 시료를 항원에 접촉시키는 ;
- [1954] (ii) 대상으로부터 얻어진 시료 중의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합을 검출하는 ;
- [1955] (iii) 대상의 IgE 항체와 해당 항원과의 결합이 검출된 경우, 대상이 대두에 대한 알레르기이라고 판단하는 ;
- [1956] 것을 포함하고, 여기서 해당 항원은 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원으로서 특정되는 단백질 중 적어도 하나인, 상기 방법을 제공한다. 여기에 있어서 (i) 및 (ii)의 각 공정은, 대두에 대한 알레르기를 진단하기 위한 지표를 제공하는 방법의 각 공정에 관하여 설명한 바와 같이 실시된다.
- [1957] 다른 양태에 있어서, 본 발명은, 대상의 대두에 대한 알레르기를 진단하는 방법으로서, 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원 중 적어도 하나를 대상으로 투여하는 것을 포함하는, 상기 방법을 제공한다. 해당 방법은, 피부에 항원을 적용하는 것을 특징으로 하는 피부 테스트의 형식으로 실시해도 된다. 피부 테스트에는, 피부 상에 진단용 조성물을 적용한 후에, 출혈되지 않을 정도로 미소한 상처를 뚫으로써 피부에 항원을 침투시켜 피부 반응을 관찰하는 프릭 테스트(prick test), 진단용 조성물을 적용한 후에 피부를 조금 세게 긁어 반응을 관찰하는 스크래치 테스트(scrach test), 크림이나 연고 등의 형태의 진단용 조성물을 피부에 적용하여 반응을 관찰하는 패치 테스트(patch test), 항원을 피내(皮內)에 투여하여 반응을 관찰하는 피내 테스트(intradermal test) 등의

형태가 포함된다. 항원을 적용한 부분의 피부에 붓기 등의 피부 반응이 발생되었을 경우, 그 대상은 대두에 대한 알레르기를 가진다고 진단한다. 여기서, 피부에 적용하는 항원의 양은, 예를 들면, 1회당 100 μ g 이하의 용량이어도 된다.

[1958] 또 다른 양태에 있어서, 본 발명은 대두에 대한 알레르기의 진단에 사용하기 위한 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원 중 적어도 하나를 제공한다.

[1959] 또 다른 양태에 있어서, 본 발명은 대두에 대한 알레르기의 진단약의 제조를 위한 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원 중 적어도 하나의 사용을 제공한다.

[1960] 의약 조성물 · 치료 방법

[1961] 본 발명은, 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원 중 적어도 하나를 포함하는 의약 조성물을 제공한다. 일 양태에 있어서, 상기의 의약 조성물은, 대두에 대한 알레르기를 치료 또는 진단하기 위해 사용된다.

[1962] 본 발명은 또한, 대두에 대한 알레르기의 치료를 필요로 하는 환자에 대하여, 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원 중 적어도 하나를 투여하는 것을 포함하는, 대두에 대한 알레르기를 치료하는 방법을 제공한다.

[1963] 다른 양태에 있어서, 본 발명은 대두에 대한 알레르기의 치료에 사용하기 위한 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원 중 적어도 하나를 제공한다. 또 다른 양태에 있어서 본 발명은, 대두에 대한 알레르기의 치료약의 제조를 위한 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원 중 적어도 하나의 사용을 제공한다.

[1964] 알레르기의 치료에 있어서는, 환자에게 항원을 투여함으로써 면역 관용(寛容)으로 유도하는 것을 목표로 한, 감감작요법(減感作療法)이 종종 실시되고 있다. 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원 중 적어도 하나는, 대두에 대한 알레르기에 대한 감감작요법이나 부하 시험을 위한 유효 성분으로서 사용할 수 있다. 여기서, 감감작요법이나 부하 시험에 사용하는 항원 단백질로서는, 발현 정제된 단백질이어도 되고, 예를 들면 화분미(花粉米)와 같이, 쌀 등의 식품에서 발현시킨 것이어도 된다.

[1965] 본 발명의 의약 조성물은, 통상의 투여 경로에 의해 투여할 수 있다. 통상의 투여 경로에는 예를 들면, 경구(經口), 설하(舌下), 경피(硬皮), 피내(皮內), 피하(皮下), 혈액내(血液內), 비강내(鼻腔內), 근육내(筋肉內), 복강내(腹腔內)의 투여가 포함된다.

[1966] 본 발명의 의약 조성물은, 필요에 따라 본 발명의 항원과 함께, 일반적으로 사용되는 약학적으로 허용되는 아쥬번트(adjuvant), 부형제(賦形劑), 또는 각종의 첨가제(예를 들면 안정제, 용해보조제, 유탁화제, 완충제, 보존제, 착색제 등)를 상법(常法)에 의해 첨가한 의약 조성물로서 사용할 수 있다. 의약 조성물의 제형은, 투여 경로에 따라 당업자가 적절히 선택할 수 있다. 예를 들면, 정제, 캡슐제, 트로키(troche), 설하정(舌下錠), 주사제, 비강내 분무제, PAP제, 액제(液劑), 크림제, 로션제 등의 형태이어도 된다. 본 발명의 의약 조성물의 투여량, 투여 회수 및/또는 투여 기간은, 투여 경로, 증상, 연령이나 체중 등의 환자의 특성 등에 따라 의사가 적절히 선택할 수 있다. 예를 들면, 성인의 경우, 1회당 100 μ g 이하의 용량으로 투여해도 된다. 투여 간격은, 예를 들면, 매일, 매주 1회, 월에 2회, 또는 3개월에 1회 정도이어도 된다. 투여 기간은 예를 들면, 수 주간에서 수 년이어도 된다. 투여 기간 내에 있어서, 투여량을 단계적으로 증가시키는 투여 방법이어도 된다.

[1967] 테스터

[1968] 본 발명은, 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원 중 적어도 하나에 대한 항체를 포함하는 테스터를 제공한다.

[1969] 해당 항체는, 상법에 의해 제작할 수 있다. 예를 들면, 토끼 등의 포유동물을 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원으로 면역함으로써 제작해도 된다. 해당 항체는, Ig항체, 폴리클로날 항체, 모노클로날 항체, 또는 그들의 항원 결합 프래그먼트(fragment)(예를 들면, Fab, F(ab')₂, Fab')이어도 된다.

[1970] 또한, 상기의 테스터에 있어서, 해당 항체는 담체에 결합된 형태로 제공되어 있어도 된다. 담체는, 항체와 항원의 결합의 검출에 사용 가능한 담체이면 특별히 한정되지 않는다. 당업자에게 공지된 임의의 담체를 이용할 수 있다.

[1971] 일 양태에 있어서, 상기의 테스터는, 식품 중 또는 식품 제조 라인 중 등의 대상물 중의 항원 함유의 유무를 조사하기 위해서 사용된다. 상기 테스터는, 제조업자에 의한 제조 라인 및 출하 전 제품의 품질 검사용으로서 사용해도 되고, 객식자(喫食者) 자신에 의한 대상 식품의 항원 함유의 유무의 체크용으로서 사용해도 된다.

[1972] 항원 함유의 유무를 조사하는 방법으로서, 예를 들면, 제작한 Ig항체를 포함하는 테스터를 식품 등으로부터

얻어진 시료에 접촉시키고, 예를 들면 ELISA법 등을 사용하여 해당 Ig항체와 시료 중의 항원과의 결합을 검출하고, 해당 Ig항체와 항원과의 결합이 검출된 경우에, 대상 식품 등에 해당 항원 이 잔류되어 있다고 판단하는 방법 등을 들 수 있다.

[1973] 알레르겐 제거 식품 등

[1974] 본 발명은, 상기 (1)~(8), (1a)~(55a)의 항원 중 적어도 하나가 제거 또는 저감되어 있는 것을 특징으로 하는 대두 또는 대두 가공품을 제공한다.

[1975] 대두 또는 대두 가공품에 있어서 본 발명의 항원을 제거 또는 저감하는 방법은 한정되지 않는다. 항원의 제거 또는 저감은, 본 발명의 항원이 제거 또는 저감되는 한, 어떠한 방법에 의해 실시되어도 된다.

[1976] 예를 들면, 본 발명의 항원이 제거 또는 저감된 대두는, 유전자 녹아웃(knockout) 기술을 사용하여, 본 발명의 항원의 발현이 녹아웃된 대두를 조제해도 된다.

[1977] 본 발명의 항원이 제거 또는 저감된 대두 가공품은, 본 발명의 항원이 제거 또는 저감된 대두를 원료로 한 가공품이어도 된다. 통상의 대두를 원료로 하는 경우는, 대두 가공품의 조제 전 또는 조제 후에 본 발명의 항원을 제거 또는 저감하는 처리를 실시한다. 통상의 대두를 원료로 한 대두 가공품에 있어서 본 발명의 항원을 제거 또는 저감 하는 방법으로서, 고압 처리 및 중성염 용액에 의한 용출이나, 고온 스팀 등의, 식품 중의 단백질 성분을 제거하는 방법을 들 수 있다.

[1979] 실시예

[1980] 이하에 본 발명의 실시예를 설명한다. 본 발명의 기술적 범위는, 이들 실시예에 의해 한정되지 않는다.

[1981] 실시예 1: 단백질 패턴의 확인

[1982] 하기의 2차원 전기영동 방법을 사용하여, 대두에 포함되는 단백질을 조사했다.

[1983] 단백질의 추출

[1984] 시판되는 건조 대두(수 개)를 분말상(粉末狀)으로 하고, 그 분말 50mg에 물 500 μ l를 첨가하고, 25℃에서 10분간, 볼텍스(Vortex)를 사용하여 진탕 추출했다. 이 진탕 추출 후, 단백질 추출액을 회수했다.

[1985] 그 후, 2D-CleanUP 키트(GE사제)를 사용하여 2회의 침전 조작을 실시했다. 제1회째의 침전 조작은, 회수한 상기 단백질 추출액에 TCA(트리클로로아세트산)를 첨가하고 침전을 실시하여, 해당 조작으로 발생된 침전(TCA 침전)을 회수했다. 제2회째의 침전 조작은, 회수한 상기 TCA 침전에 아세톤을 첨가하고 침전을 실시하여, 해당 조작으로 얻어진 침전(검체)을 회수했다.

[1986] 검체(檢體) 용액의 조제

[1987] 얻어진 검체의 일부(단백질 중량으로서 50 μ g)를, 1차원째 등전점 전기영동용 겔의 팽윤용 완충액인 DeStreak Rehydration Solution(GE사제) 150 μ l에 용해하여, 1차원째 등전점 전기영동용의 검체 용액(팽윤용 검체 용액)으로 했다. DeStreak Rehydration Solution의 조성은 이하와 같다.

[1988] 7M 티오 요소(尿素)

[1989] 2M 요소

[1990] 4%(w/v) CHAPS :

[1991] 3-[(3-콜아미도프로필)디메틸안모니오]프로판설포네이트

[1992] 0.5%(v/v) IPG 버퍼 ; GE사제

[1993] 적당량의 BPB(브로모페놀 블루)

[1994] 1차원째 등전점 전기영동용 겔에의 검체의 침투

[1995] 1차원째 등전점 전기영동용 겔(GE사제 : IPG 겔 Immobiline Drystrip (pH3-10NL))를 상기한 1차원째 등전점 전기영동용의 검체 용액(팽창용 검체 용액) 140 μ l에 침지하고, 하룻밤 실온에서 침투시켰다.

[1996] 본 실시예에 있어서는, 전기영동 기기로서 GE사제의 IPGphor를 사용했다.

[1997] 영동 트레이(tray)에 실리콘 오일을 채웠다. 검체를 침투시킨 겔의 양단(兩端)에 물로 적신 여과지를 설치하고,

겔을 실리콘 오일에 덮이도록, 영동 트레이에 세트하고, 겔과의 사이에 해당 여과지를 사이에 둔 상태로 전극을 세트했다.

- [1998] 등전점 전기영동 기기의 전류값의 상한을 겔 1개 당 75 μ A로 설정하고, 전압 프로그램을, (1) 300V 정전압으로 750Vhr까지 정전압 공정을 실시하고(해당 공정 종료 전의 영동 30분간의 전류 변화폭이 5 μ A인), (2) 300Vhr 걸쳐 1000V까지 서서히 전압을 상승시키고, (3) 4500Vhr 걸쳐 5000V까지 서서히 전압을 더 상승시키고, (4) 그 후 5000V 정전압으로 총Vhr가 12000이 될 때까지, 1차원제의 등전점 전기영동을 실시했다.
- [1999] 등전점 전기영동 겔의 SDS 평형화
- [2000] 상기의 1차원제의 등전점 전기영동을 실시한 후, 등전점 전기영동 기기로부터 겔을 제거하고, 환원제를 포함하는 평형화 완충액에 해당 겔을 침지하여, 15분 · 실온에서 진탕했다. 상기 환원제를 포함하는 평형화 완충액의 조성은 이하와 같다.
- [2001] 100mM Tris-HCl(pH8.0)
- [2002] 6M 요소
- [2003] 30%(v / v) 글리세롤
- [2004] 2%(w/v) SDS
- [2005] 1%(w/v) DTT
- [2006] 다음으로, 상기 환원제를 포함하는 평형화 완충액을 제거하고, 겔을 알킬화제를 포함하는 평형화 완충액에 침지하고, 15분 · 실온에서 진탕 해, SDS 평형화한 겔을 얻었다. 상기 알킬화제를 포함하는 평형화 완충액의 조성은 이하와 같다.
- [2007] 100mM Tris-HCl(pH8.0)
- [2008] 6M 요소
- [2009] 30%(v / v) 글리세롤
- [2010] 2%(w/v) SDS
- [2011] 2.5%(w/v) 요오드아세트아미드
- [2012] 2차원제의 SDS-PAGE
- [2013] 본 실시예에 있어서는, 전기영동 기기로서 life technologies사제의 XCell SureLock Mini-Cell를 사용했다. 2차원제 영동용 겔은 life technologies사제 NuPAGE 4-12%Bis-Tris Gels를 사용했다. 또한, 이하의 조성의 영동용 완충액을 조제하여, 사용했다.
- [2014] 50mM MOPS
- [2015] 50mM Tris 염기
- [2016] 0.1%(w/v) SDS
- [2017] 1mM EDTA
- [2018] 또한, 본 실시예에 있어서는 영동용 완충액에 0.5%(w/v)의 아가로오스 S(니폰진사제)와 적당량의 BPB(브로모페놀 블루)를 용해시킨 접착용 아가로오스 용액을 사용했다.
- [2019] SDS-PAGE의 웰층을 충분히 상기 영동용 완충액으로 세정한 후, 해당 세정에 사용한 완충액을 제거했다. 다음으로, 웰 안에 충분히 용해시킨 접착용 아가로오스 용액을 첨가했다. 다음으로, SDS 평형화한 겔을 아가로오스 중에 침지시켜, 핀셋으로 SDS 평형화한 겔과 2차원제 영동용 겔을 밀착시켰다. 해당 양 겔이 밀착된 상태로 아가로오스가 충분히 굳어진 것을 확인하고, 200V 정전압으로 약 45분간 영동을 실시했다.
- [2020] 겔의 형광 염색
- [2021] SYPRO Ruby(life technologies사제)를 사용하여 겔의 형광 염색을 실시했다.
- [2022] 우선, 사용하는 밀폐 용기를 사전에 98%(v / v)의 에탄올로 충분히 세정했다. SDS-PAGE 기기로부터 영동 후의 2

차원째 영동용 겔을 제거하여, 세정한 밀폐 용기에 넣고, 50%(v/v) 메탄올 및 7%(v/v) 아세트산 함유 수용액에 30분간 침지하는 처리를 2회 실시했다. 그 후, 해당 수용액을 물로 치환하여, 10분간 침지했다. 다음으로, 2차원째 영동용 겔을 40ml의 SYPRO Ruby에 침지하고, 실온에서 하룻밤 진탕했다. 다음으로, SYPRO Ruby를 제거하고, 2차원째 영동용 겔을 물로 세정한 후, 10%(v/v) 메탄올 및 7%(v/v) 아세트산 함유 수용액에서 30분간 진탕했다. 또한 해당 수용액을 물로 치환하여, 30분 이상 진탕했다.

[2023] 해석

[2024] 상기 일련의 처리를 실시한 2차원째 영동용 겔을 Typhoon9400(GE사제)를 사용한 형광 이미지의 스캔에 제공했다. 2차원 전기영동의 결과를 도 1에 나타낸다. 도면의 좌측에는, 분자량 마커의 밴드를 볼 수 있고, 밴드의 위치가 특정의 분자량(KDa)을 나타낸다.

[2025] 실시예 2 : 이무노블로트에서의 항원 확인(1)

[2026] 이무노블로트에서의 항원 확인은, 실시예 1에 기재된 순서를 「2차원째의 SDS-PAGE」까지 실시한 후, 이하의 「멤브레인에의 전사」 「이무노블로트」 「해석」의 조작을 함으로써 실시했다.

[2027] 멤브레인(membrane)에의 전사

[2028] 멤브레인에의 전사는, 이하의 전사 장치 및 전사용 완충액을 사용해서 실시했다.

[2029] 전사 장치 : XCell SureLock Mini-Cell 및 XCell II블롯 모듈(life technologies사제)

[2030] 전사용 완충액 : NuPAGE 트랜스퍼 버퍼($\times 20$) (life technologies사제)를 milliQ수(水)로 20배 희석하여 사용했다.

[2031] 구체적으로는 이하의 순서에 따라 2차원 전기영동 겔 중의 단백질을 멤브레인(PVDF막)에 전사했다.

[2032] (1) PVDF막을, 100% 메탄올에 침지하고, 다음으로 milliQ수에 침지하고, 그 후, 전사용 완충액으로 옮겨서, PVDF막의 친수화 처리를 실시했다.

[2033] (2) 스펀지, 여과지, 2차원째의 SDS-PAGE가 끝난 겔, 친수화 처리가 끝난 PVDF막, 여과지, 스펀지의 순서로 세트하고, 전사 장치 중, 30V 정전압으로 1시간 통전했다.

[2034] 이무노블로트

[2035] 멤브레인의 이무노블로트를, 1차 항체로서 대두에 대한 알레르기를 갖는 환자의 혈청 또는 건강 피험자의 혈청을 사용하여 실시했다.

[2036] 멤브레인의 이무노블로트는, 이하의 순서에 따라 실시했다.

[2037] (1) 전사한 멤브레인을 5% 스킵 밀크/PBST 용액(비이온 계면활성제 Tween 20을 0.3% 포함하는 PBS 버퍼) 중, 실온에서 1시간 진탕했다.

[2038] (2) 1차 항체로서, 3% 혈청/5% 스킵 밀크/PBST 용액 중, 실온에서 1시간 정치(靜置)했다.

[2039] (3) PBST 용액으로 세정했다(5분 $\times$ 3회).

[2040] (4) 2차 항체로서 항히트 IgE-HRP(세이요우와사비페르옥시다제)를 3% 스킵 밀크/PBST 용액으로 2500배로 희석한 용액 중, 실온에서 1시간 정치했다.

[2041] (5) PBST 용액으로 세정했다(5분 $\times$ 3회).

[2042] (6) Pierce Western Blotting Substrate Plus(Thermo사제)로, 5분간 정치했다.

[2043] 해석

[2044] 상기 일련의 처리를 실시한 멤브레인을 Typhoon9400(GE사제)를 사용한 형광 이미지의 스캔에 제공했다.

[2045] 대두 알레르기 환자의 혈청을 사용한 이무노블로트를, 대조(對照)인 건강 피험자의 혈청을 사용한 이무노블로트와 비교했다. 대두 알레르기의 환자 1, 환자 2, 환자 3 및 환자 4의 혈청을 사용한 이무노블로트에 관하여, 건강 피험자의 혈청을 사용한 경우(도 2)와는 달리, 또한 공지의 대두 알레르겐 단백질과는 상이한 8개의 스폿트가 검출되었다(도 3a~D).

- [2046] 상기 8개의 스포트의 분자량 및 등전점은 각각 이하와 같다.
- [2047] 스포트 1 : 분자량 5~20kDa, pI4.0~6.0
- [2048] 스포트 2 : 분자량 40~60kDa, pI5.5~7.5
- [2049] 스포트 3 : 분자량 25~37kDa, pI8.0~10.0
- [2050] 스포트 4 : 분자량 25~37kDa, pI7.0~9.0
- [2051] 스포트 5 : 분자량 5~20kDa, pI5.0~7.0
- [2052] 스포트 6 : 분자량 60~75kDa, pI6.0~8.0
- [2053] 스포트 7 : 분자량 15~25kDa, pI4.0~6.0
- [2054] 스포트 8 : 분자량 100~150kDa, pI4.0~6.0
- [2055] 실시예 3 : 질량 분석 및 항원의 동정(1)
- [2056] 상기의 8개의 스포트를 발생시키는 항원에 관하여, 질량 분석에 의한 아미노산 서열의 동정을 실시했다.
- [2057] 구체적으로는, 이하의 순서로 단백질의 추출 및 질량 분석을 실시했다.
- [2058] (1) 대두에 관하여, 실시예 1 및 2의 순서에 따라 단백질 추출, 2차원 전기영동 및 멤브레인 전사를 실시하고, 0.008% Direct blue/40% 에탄올 · 10% 아세트산으로 진탕에 의해 염색했다.
- [2059] (2) 그 후, 40% 에탄올 · 10% 아세트산으로 5분간의 처리를 3회 실시해서 탈색하고, 물로 5분간 세정 후, 건풍(乾風)시켰다.
- [2060] (3) 목적의 스포트를 깨끗한 커터날로 잘라내어, 원심 튜브에 넣었다. 50 μ L의 메탄올로 멤브레인 친수 처리 후, 100 μ L의 물로 2회 세정 후 원심 제거하여, 20 μ L의 20mM NH_4HCO_3 · 50% 아세토니트릴을 첨가했다.
- [2061] (4) 1pmol/ μ L 리실렌도펩티다아제(WAKO) 1 μ L를 첨가하고, 37℃에서 60분간 정치한 후, 용액을 새로운 원심 튜브에 회수했다. 20 μ L의 20mM NH_4HCO_3 · 70% 아세토니트릴을 멤브레인에 첨가하고, 실온에서 10분간 담가, 더 회수했다. 0.1% 폼산, 4% 아세토니트릴 10 μ L로 용해하고, 튜브로 옮겼다.
- [2062] (5) 회수한 용액을 감압 건조한 후, A액(0.1% 폼산, 4% 아세토니트릴 용액) 15 μ L로 용해하여, 질량 분석(ESI-TOF5600, AB Sciex사제)을 실시했다.
- [2063] (6) 질량 분석계로부터 얻어진 질량 데이터에 근거하는 단백질의 동정은, NCBI를 서치(search)함으로써 실시했다.
- [2064] 결과
- [2065] 각 스포트에 관하여, 질량 분석을 실시했던바, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다.
- [2066] 스포트 1 : 서열번호 17~20으로 나타내는 아미노산 서열
- [2067] 스포트 2 : 서열번호 21~28로 나타내는 아미노산 서열
- [2068] 스포트 3 : 서열번호 29, 30으로 나타내는 아미노산 서열
- [2069] 스포트 4 : 서열번호 31, 32로 나타내는 아미노산 서열
- [2070] 스포트 5 : 서열번호 33, 34로 나타내는 아미노산 서열
- [2071] 스포트 6 : 서열번호 35~53으로 나타내는 아미노산 서열
- [2072] 스포트 7 : 서열번호 54~61로 나타내는 아미노산 서열
- [2073] 스포트 8 : 서열번호 62~68로 나타내는 아미노산 서열
- [2074] 또한, 각 스포트에 관하여, 질량 분석계로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI로 해석했던바, 각각의 스포트는 이하의 단백질인 것이 동정되었다.
- [2075] 스포트 1 : Bowman-Birk type proteinase inhibitor D-II(UniProt 액세스션(accession) 번호 P01064, 아미노산

서열 : 서열번호 2, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 1)

- [2076] 스포트 2 : Ribulose biphosphate carboxylase large chain(UniProt 액세스 번호 P27066, 아미노산 서열 : 서열번호 4, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 3)
- [2077] 스포트 3 : Gamma-glutamyl hydrolase(UniProt 액세스 번호 P93164, 아미노산 서열 : 서열번호 6, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 5)
- [2078] 스포트 4 : Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein(UniProt 액세스 번호 Q39836, 아미노산 서열 : 서열번호 8, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 7)
- [2079] 스포트 5 : Protein SLE3(UniProt 액세스 번호 C6T0L2, 아미노산 서열 : 서열번호 10, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 9)
- [2080] 스포트 6 : Seed biotin-containing protein SBP65(UniProt 액세스 번호 Q39846, 아미노산 서열 : 서열번호 12, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 11)
- [2081] 스포트 7 : Ferritin-2(UniProt 액세스 번호 Q94IC4, 아미노산 서열 : 서열번호 14, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 13)
- [2082] 스포트 8 : Cell division cycle protein 48 homolog(UniProt 액세스 번호 P54774, 아미노산 서열 : 서열번호 16, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 15)
- [2083] 실시예 4 : 이무노블로트에서의 항원 확인(2)
- [2084] 실시예 2와 동일하게, 대두 알레르기의 혈청을 사용한 이무노블로트를, 대조인 건강 피험자의 혈청을 사용한 이무노블로트와 비교했다. 대두 알레르기의 환자 1a, 환자 2a, 환자 3a, 환자 4a, 환자 5a, 환자 6a, 환자 7a, 환자 8a 및 환자 9a의 혈청을 사용한 이무노블로트에 관하여, 건강 피험자의 혈청을 사용한 경우(도 4)와는 달리, 또한 공지의 대두 알레르겐 단백질과는 상이한 56의 스포트가 검출되었다(도 5a~I).
- [2085] 상기 56의 스포트의 분자량 및 등전점은 각각 이하와 같다.
- [2086] 스포트 1a : 분자량 80~110kDa, pI3.0~6.0
- [2087] 스포트 2a : 분자량 60~110kDa, pI3.0~6.0
- [2088] 스포트 3a : 분자량 100~150kDa, pI4.0~6.0
- [2089] 스포트 4a : 분자량 80~110kDa, pI4.0~7.0
- [2090] 스포트 5a : 분자량 80~160kDa, pI4.0~7.0
- [2091] 스포트 6a : 분자량 80~110kDa, pI4.0~7.0
- [2092] 스포트 7a : 분자량 60~110kDa, pI4.0~7.0
- [2093] 스포트 8a : 분자량 60~110kDa, pI4.0~8.0
- [2094] 스포트 9a : 분자량 60~110kDa, pI4.0~8.0
- [2095] 스포트 10a : 분자량 40~80kDa, pI4.0~7.0
- [2096] 스포트 11a : 분자량 40~80kDa, pI4.0~8.0
- [2097] 스포트 12a : 분자량 40~80kDa, pI4.0~8.0
- [2098] 스포트 13a : 분자량 40~80kDa, pI4.0~7.0
- [2099] 스포트 14a : 분자량 40~80kDa, pI3.0~6.0
- [2100] 스포트 15a, 16a : 분자량 30~80kDa, pI4.0~7.0
- [2101] 스포트 17a : 분자량 30~80kDa, pI4.0~7.0
- [2102] 스포트 18a : 분자량 40~80kDa, pI4.0~8.0
- [2103] 스포트 19a : 분자량 40~80kDa, pI4.0~8.0

- [2104] 스포트 20 α : 분자량 60~75kDa, pI6.0~8.0
- [2105] 스포트 21 α : 분자량 40~60kDa, pI5.0~8.0
- [2106] 스포트 22 α : 분자량 25~37kDa, pI8.0~10.0
- [2107] 스포트 23 α : 분자량 25~37kDa, pI7.0~9.0
- [2108] 스포트 24 α : 분자량 5~20kDa, pI5.0~7.0
- [2109] 스포트 25 α : 분자량 30~80kDa, pI4.0~7.0
- [2110] 스포트 26 α : 분자량 30~80kDa, pI4.0~7.0
- [2111] 스포트 27 α : 분자량 30~80kDa, pI4.0~7.0
- [2112] 스포트 28 α : 분자량 20~60kDa, pI4.0~7.0
- [2113] 스포트 29 α , 30 α , 31 α , 32 α , 33 α : 분자량 20~60kDa, pI4.0~8.0
- [2114] 스포트 34 α : 분자량 20~60kDa, pI6.0~10.0
- [2115] 스포트 35 α : 분자량 30~80kDa, pI6.0~10.0
- [2116] 스포트 36 α , 37 α : 분자량 20~60kDa, pI4.0~8.0
- [2117] 스포트 38 α : 분자량 80~160kDa, pI6.0~10.0
- [2118] 스포트 39 α : 분자량 10~50kDa, pI6.0~10.0
- [2119] 스포트 40 α , 56 α : 분자량 10~50kDa, pI6.0~10.0
- [2120] 스포트 41 α : 분자량 10~50kDa, pI6.0~10.0
- [2121] 스포트 42 α , 43 α : 분자량 10~50kDa, pI6.0~10.0
- [2122] 스포트 44 α : 분자량 10~50kDa, pI4.0~7.0
- [2123] 스포트 45 α : 분자량 5~40kDa, pI4.0~7.0
- [2124] 스포트 46 α : 분자량 5~40kDa, pI4.0~7.0
- [2125] 스포트 47 α : 분자량 5~40kDa, pI4.0~7.0
- [2126] 스포트 48 α : 분자량 5~40kDa, pI4.0~8.0
- [2127] 스포트 49 α : 분자량 5~20kDa, pI4.0~7.0
- [2128] 스포트 50 α : 분자량 5~40kDa, pI3.0~6.0
- [2129] 스포트 51 α : 분자량 10~50kDa, pI3.0~6.0
- [2130] 스포트 52 α : 분자량 20~60kDa, pI4.0~7.0
- [2131] 스포트 53 α : 분자량 10~50kDa, pI4.0~8.0
- [2132] 스포트 54 α : 분자량 10~50kDa, pI4.0~8.0
- [2133] 스포트 55 α : 분자량 40~80kDa, pI6.0~10.0
- [2134] 실시예 5 : 질량 분석 및 항원의 동정(2)
- [2135] 실시예 3과 동일하게, 상기의 56의 스포트를 발생시키는 항원에 관하여, 질량 분석에 의한 아미노산 서열의 동정을 실시했다.
- [2136] 각 스포트에 관하여, 질량 분석을 실시했던바, 이하의 아미노산 서열이 검출되었다. 또한, 각 스포트에 관하여, 질량 분석계로부터 얻어진 질량 데이터를 NCBI로 해석했던바, 각각의 스포트는 이하의 단백질인 것이 동정되었다.

- [2137] 스포트 1 a :
- [2138] 서열번호 71~87로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, endoplasmin homolog isoform X2 (NCBI 액세스 번호 XP_006596543.1, 아미노산 서열 : 서열번호 70, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 69)이었다.
- [2139] 서열번호 90~104로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, endoplasmin homolog isoform X2 (NCBI 액세스 번호 XP_006601356.1, 아미노산 서열 : 서열번호 89, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 88)이었다.
- [2140] 스포트 2 a :
- [2141] 서열번호 107~120으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, heat shock cognate protein 80(NCBI 액세스 번호 XP_003544594.1, 아미노산 서열 : 서열번호 106, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 105)이었다.
- [2142] 서열번호 123~137로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, heat shock protein 90-1(NCBI 액세스 번호 NP_001236612.1, 아미노산 서열 : 서열번호 122, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 121)이었다.
- [2143] 서열번호 140~153으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, hypothetical protein GLYMA_02G302500(NCBI 액세스 번호 KRH73936.1, 아미노산 서열 : 서열번호 139, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 138)이었다.
- [2144] 스포트 3 a :
- [2145] 실시예 3의 스포트 8과 동일하게, 서열번호 62~68로 나타내는 아미노산 서열이 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, Cell division cycle protein 48 homolog(UniProt 액세스 번호 P54774, 아미노산 서열 : 서열번호 16, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 15)이었다.
- [2146] 스포트 4 a :
- [2147] 서열번호 156, 157로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, embryo-specific urease isoform X1(NCBI 액세스 번호 XP_014630847.1, 아미노산 서열 : 서열번호 155, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 154)이었다.
- [2148] 스포트 5 a :
- [2149] 서열번호 160, 161로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, alpha-1,4 glucan phosphorylase L isozyme, chloroplastic/amyloplastic(NCBI 액세스 번호 XP_006603904.1, 아미노산 서열 : 서열번호 159, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 158)이었다.
- [2150] 스포트 6 a :
- [2151] 서열번호 164~167로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, aconitate hydratase 1(NCBI 액세스 번호 XP_003537655.1, 아미노산 서열 : 서열번호 163, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 162)이었다.
- [2152] 서열번호 170~172로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, aconitate hydratase 1(NCBI 액세스 번호 XP_003517155.1, 아미노산 서열 : 서열번호 169, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 168)이었다.
- [2153] 스포트 7 a :
- [2154] 서열번호 175~187로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, methionine synthase(NCBI 액세스 번호 NP_001235794.1, 아미노산 서열 : 서열번호 174, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 173)이었다.
- [2155] 스포트 8 a :
- [2156] 서열번호 190~199로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, transketolase, chloroplastic(NCBI 액세스 번호 XP_003521870.1, 아미노산 서열 : 서열번호 189, 그것을

코드하는 염기 서열 : 서열번호 188)이었다.

- [2157] 스포트 9 a :
- [2158] 서열번호 202로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, lysine--tRNA ligase, cytoplasmic-like isoform X2(NCBI 액세스 번호 XP_014625509.1, 아미노산 서열 : 서열번호 201, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 200)이었다.
- [2159] 스포트 10 a :
- [2160] 서열번호 205~218로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, chaperonin CPN60-2, mitochondrial(NCBI 액세스 번호 XP_003556325.1, 아미노산 서열 : 서열번호 204, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 203)이었다.
- [2161] 서열번호 221~231로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, chaperonin CPN60-2, mitochondrial-like isoform X1(NCBI 액세스 번호 XP_003535967.1, 아미노산 서열 : 서열번호 220, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 219)이었다.
- [2162] 스포트 11 a :
- [2163] 서열번호 234~237로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, polyadenylate-binding protein 8 isoform X3(NCBI 액세스 번호 XP_006578034.1, 아미노산 서열 : 서열번호 233, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 232)이었다.
- [2164] 스포트 12 a :
- [2165] 서열번호 240으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha-like(NCBI 액세스 번호 XP_003555655.1, 아미노산 서열 : 서열번호 239, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 238)이었다.
- [2166] 스포트 13 a :
- [2167] 서열번호 243~252로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, protein disulfide isomerase-like protein precursor(NCBI 액세스 번호 NP_001238009.1, 아미노산 서열 : 서열번호 242, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 241)이었다.
- [2168] 서열번호 255~278로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, protein disulfide-isomerase(NCBI 액세스 번호 XP_006581588.1, 아미노산 서열 : 서열번호 254, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 253)이었다.
- [2169] 스포트 14 a :
- [2170] 서열번호 281~284로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, V-type proton ATPase subunit B2(NCBI 액세스 번호 XP_003552473.1, 아미노산 서열 : 서열번호 280, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 279)이었다.
- [2171] 서열번호 287~289로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, V-type proton ATPase subunit B2(NCBI 액세스 번호 XP_006605857.1, 아미노산 서열 : 서열번호 286, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 275)이었다.
- [2172] 스포트 15 a , 16 a :
- [2173] 서열번호 292~304로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase(NCBI 액세스 번호 XP_003544964.1, 아미노산 서열 : 서열번호 291, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 290)이었다.
- [2174] 서열번호 307~318로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, hypothetical protein GLYMA_02G241100(NCBI 액세스 번호 KRH72929.1, 아미노산 서열 : 서열번호 306, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 305)이었다.
- [2175] 스포트 17 a :

- [2176] 서열번호 321~325로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 2(NCBI 액세스 번호 XP_003531293.1, 아미노산 서열 : 서열번호 320, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 319)이었다.
- [2177] 서열번호 328~332로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, rab GDP dissociation inhibitor alpha-like(NCBI 액세스 번호 NP_001276273.1, 아미노산 서열 : 서열번호 327, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 326)이었다.
- [2178] 스포트 18 a :
- [2179] 서열번호 335~339로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, hypothetical protein GLYMA_10G028300(NCBI 액세스 번호 KRH32039.1, 아미노산 서열 : 서열번호 334, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 333)이었다.
- [2180] 스포트 19 a :
- [2181] 서열번호 342~346으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, sucrose binding protein homolog S-64(NCBI 액세스 번호AAF05723.1, 아미노산 서열 : 서열번호 341, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 340)이었다.
- [2182] 스포트 20 a :
- [2183] 실시예 3의 스포트 6과 동일하게, 서열번호 35~53으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, Seed biotin-containing protein SBP65(UniProt 액세스 번호 Q39846, 아미노산 서열 : 서열번호 12, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 11)이었다.
- [2184] 스포트 21 a :
- [2185] 실시예 3의 스포트 2와 동일하게, 서열번호 21~28로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, Ribulose biphosphate carboxylase large chain(UniProt 액세스 번호 P27066, 아미노산 서열 : 서열번호 4, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 3)이었다.
- [2186] 스포트 22 a :
- [2187] 실시예 3의 스포트 3과 동일하게, 서열번호 29, 30으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, Gamma-glutamyl hydrolase(UniProt 액세스 번호 P93164, 아미노산 서열 : 서열번호 6, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 5)이었다.
- [2188] 스포트 23 a :
- [2189] 실시예 3의 스포트 4와 동일하게, 서열번호 31, 32로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein(UniProt 액세스 번호 Q39836, 아미노산 서열 : 서열번호 8, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 7)이었다.
- [2190] 스포트 24 a :
- [2191] 실시예 3의 스포트 5와 동일하게, 서열번호 33, 34로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, Protein SLE3(UniProt 액세스 번호 C6TOL2, 아미노산 서열 : 서열번호 10, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 9)이었다.
- [2192] 스포트 25 a :
- [2193] 서열번호 349~356으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, succinyl-CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial(NCBI 액세스 번호 XP_003537078.1, 아미노산 서열 : 서열번호 348, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 347)이었다.
- [2194] 서열번호 359~365로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, succinyl-CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial(NCBI 액세스 번호 XP_003542431.1, 아미노산 서열 : 서열번호 358, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 357)이었다.
- [2195] 스포트 26 a :

- [2196] 서열번호 368~382로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, phosphoglycerate kinase, cytosolic(NCBI 엑세션 번호 XP_003546821.1, 아미노산 서열 : 서열번호 367, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 366)이었다.
- [2197] 서열번호 385~392로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, phosphoglycerate kinase, cytosolic(NCBI 엑세션 번호 XP_003531482.1, 아미노산 서열 : 서열번호 384, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 383)이었다.
- [2198] 서열번호 395~409로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, phosphoglycerate kinase, cytosolic(NCBI 엑세션 번호 XP_003531483.1, 아미노산 서열 : 서열번호 394, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 393)이었다.
- [2199] 스포트 27 a :
- [2200] 서열번호 412~416으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, Alcohol dehydrogenase 1(NCBI 엑세션 번호 XP_003526673.1, 아미노산 서열 : 서열번호 411, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 410)이었다.
- [2201] 서열번호 419, 420으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, Alcohol dehydrogenase 1(NCBI 엑세션 번호 XP_003545664.3, 아미노산 서열 : 서열번호 418, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 417)이었다.
- [2202] 서열번호 423~427로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, Alcohol dehydrogenase 1-like(NCBI 엑세션 번호 XP_003544738.1, 아미노산 서열 : 서열번호 422, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 421)이었다.
- [2203] 스포트 28 a :
- [2204] 서열번호 430~433으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, 35kDa seed maturation protein isoform X1(NCBI 엑세션 번호 XP_006576267.1, 아미노산 서열 : 서열번호 429, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 428)이었다.
- [2205] 스포트 29 a , 30 a , 31 a , 32 a , 33 a :
- [2206] 서열번호 436~439로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase isoform X1(NCBI 엑세션 번호 XP_014631598.1, 아미노산 서열 : 서열번호 435, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 434)이었다.
- [2207] 서열번호 442~445로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic(NCBI 엑세션 번호 XP_006578692.1, 아미노산 서열 : 서열번호 441, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 440)이었다.
- [2208] 서열번호 448~451로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다.
- [2209] 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, uncharacterized protein LOC100782924(NCBI 엑세션 번호 NP_001240046.1, 아미노산 서열 : 서열번호 447, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 446)이었다.
- [2210] 스포트 34 a :
- [2211] 서열번호 454로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, bifunctional UDP-glucose 4-epimerase and UDP-xylose 4-epimerase 1-like(NCBI 엑세션 번호 XP_003532591.1, 아미노산 서열 : 서열번호 453, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 452)이었다.
- [2212] 서열번호 457, 458로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, uncharacterized protein LOC100803483(NCBI 엑세션 번호 NP_001241075.1, 아미노산 서열 : 서열번호 456, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 455)이었다.
- [2213] 스포트 35 a :
- [2214] 서열번호 461~466으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, elongation factor 1-alpha(NCBI 엑세션 번호 XP_003553292.1, 아미노산 서열 : 서열번호 460, 그것을

코드하는 염기 서열 : 서열번호 459)이었다.

- [2215] 서열번호 469~471로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, elongation factor 1-alpha(NCBI 액세스 번호 XP_003547695.1, 아미노산 서열 : 서열번호 468, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 467)이었다.
- [2216] 서열번호 474~477로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, elongation factor-1A isoform X1(NCBI 액세스 번호 XP_006600131.1, 아미노산 서열 : 서열번호 473, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 472)이었다.
- [2217] 스포트 36 a , 37 a :
- [2218] 서열번호 480~483으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, seed maturation protein PM34(NCBI 액세스 번호 NP_001238285.1, 아미노산 서열 : 서열번호 479, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 478)이었다.
- [2219] 서열번호 486, 487로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, uncharacterized protein LOC100809384(NCBI 액세스 번호 NP_001241158.1, 아미노산 서열 : 서열번호 485, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 484)이었다.
- [2220] 서열번호 490~493으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, hypothetical protein GLYMA_10G155300(NCBI 액세스 번호 KRH33956.1, 아미노산 서열 : 서열번호 489, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 488)이었다.
- [2221] 스포트 38 a :
- [2222] 서열번호 496~513으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, seed biotin-containing protein SBP65-like isoform X1(NCBI 액세스 번호 XP_003526237.1, 아미노산 서열 : 서열번호 495, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 494)이었다.
- [2223] 스포트 39 a :
- [2224] 서열번호 516으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, ATP synthase subunit O, mitochondrial-like(NCBI 액세스 번호 XP_003546884.1, 아미노산 서열 : 서열번호 515, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 514)이었다.
- [2225] 스포트 40 a , 56 a :
- [2226] 서열번호 519, 520으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, P24 oleosin isoform A(NCBI 액세스 번호 XP_003553822.1, 아미노산 서열 : 서열번호 518, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 517)이었다.
- [2227] 스포트 41 a :
- [2228] 서열번호 523으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, uncharacterized protein At3g49720-like isoform X2(NCBI 액세스 번호 XP_006600908.1, 아미노산 서열 : 서열번호 522, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 521)이었다.
- [2229] 스포트 42 a , 43 a :
- [2230] 서열번호 526~531로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, superoxide dismutase [Mn], mitochondrial(NCBI 액세스 번호 XP_003526813.1, 아미노산 서열 : 서열번호 525, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 524)이었다.
- [2231] 서열번호 534~539로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, hypothetical protein GLYMA_04G221300(NCBI 액세스 번호 KRH64185.1, 아미노산 서열 : 서열번호 533, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 532)이었다.
- [2232] 스포트 44 a :
- [2233] 실시예 3의 스포트 7과 동일하게, 서열번호 54~61로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, Ferritin-2(UniProt 액세스 번호 Q94IC4, 아미노산 서열 : 서열번호 14, 그

것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 13)이었다.

- [2234] 스포트 45 a :
- [2235] 서열번호 542~545로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, uncharacterized protein LOC100499771(NCBI 액세스 번호 NP_001235797.1, 아미노산 서열 : 서열번호 541, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 540)이었다.
- [2236] 서열번호 548~551로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, hypothetical protein GLYMA_09G192800(NCBI 액세스 번호 KRH39322.1, 아미노산 서열 : 서열번호 547, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 546)이었다.
- [2237] 스포트 46 a :
- [2238] 서열번호 554로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, seed maturation protein PM22(NCBI 액세스 번호 NP_001237935.1, 아미노산 서열 : 서열번호 553, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 552)이었다.
- [2239] 스포트 47 a :
- [2240] 서열번호 557, 558로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, eukaryotic translation initiation factor 5A-2(NCBI 액세스 번호 XP_003549690.1, 아미노산 서열 : 서열번호 556, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 555)이었다.
- [2241] 서열번호 561~563으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, uncharacterized protein LOC100305510(NCBI 액세스 번호 NP_001236395.1, 아미노산 서열 : 서열번호 560, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 559)이었다.
- [2242] 스포트 48 a :
- [2243] 서열번호 566~570으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, uncharacterized protein LOC100306570(NCBI 액세스 번호 NP_001236895.1, 아미노산 서열 : 서열번호 565, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 564)이었다.
- [2244] 스포트 49 a :
- [2245] 실시예 3의 스포트 1과 동일하게, 서열번호 17~20으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, Bowman-Birk type proteinase inhibitor D-II(UniProt 액세스 번호 P01064, 아미노산 서열 : 서열번호 2, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 1)이었다.
- [2246] 스포트 50 a :
- [2247] 서열번호 573~576으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, uncharacterized protein LOC100813859(NCBI 액세스 번호 NP_001239816.1, 아미노산 서열 : 서열번호 572, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 571)이었다.
- [2248] 스포트 51 a :
- [2249] 서열번호 579~582로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, 14-3-3-like protein(NCBI 액세스 번호 XP_003526571.1, 아미노산 서열 : 서열번호 578, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 577)이었다.
- [2250] 스포트 52 a :
- [2251] 서열번호 585~588로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, probable fructokinase-4(NCBI 액세스 번호 XP_003543564.1, 아미노산 서열 : 서열번호 584, 그것을 코드하는 염기 서열 : 서열번호 583)이었다.
- [2252] 스포트 53 a :
- [2253] 서열번호 591~597로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, triosephosphate isomerase isoform X1(NCBI 액세스 번호 XP_006593480.2, 아미노산 서열 : 서열번호

590, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 589)이었다.

[2254] 서열번호 600~604로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, triosephosphate isomerase, cytosolic(NCBI 액세스 번호 XP_003547334.1, 아미노산 서열 : 서열번호 599, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 598)이었다.

[2255] 스포트 54 α :

[2256] 서열번호 607~611로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, superoxide dismutase [Fe], chloroplastic isoform X1(NCBI 액세스 번호 XP_014627751.1, 아미노산 서열 : 서열번호 606, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 605)이었다.

[2257] 서열번호 614~616으로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, iron-superoxide dismutase(NCBI 액세스 번호 NP_001237901.1, 아미노산 서열 : 서열번호 613, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 612)이었다.

[2258] 스포트 55 α :

[2259] 서열번호 619~635로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, 51kDa seed maturation protein precursor(NCBI 액세스 번호 NP_001238138.1, 아미노산 서열 : 서열번호 618, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 617)이었다.

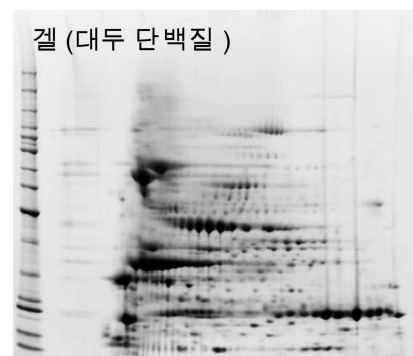
[2260] 서열번호 638~649로 나타내는 아미노산 서열이, 질량 분석으로 검출되었다. 이 질량 데이터로부터 동정된 단백질은, Lea protein precursor(NCBI 액세스 번호 NP_001238201.1, 아미노산 서열 : 서열번호 637, 그것을 코딩하는 염기 서열 : 서열번호 636)이었다.

[2261] 산업상의 이용 가능성

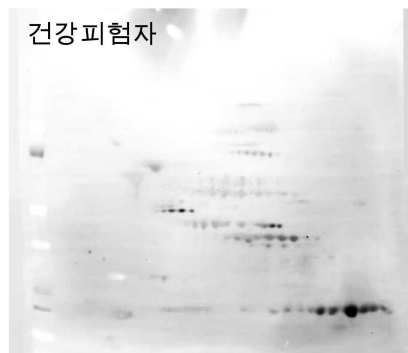
[2262] 본 발명에 의해, 대두에 대한 알레르기의 신규한 항원, 대두에 대한 알레르기의 진단 방법 및 진단 키트, 해당 항원 을 포함하는 의약 조성물, 및 해당 항원 이 제거 또는 저감된 대두 또는 대두 가공품을 제공할 수 있다.

도면

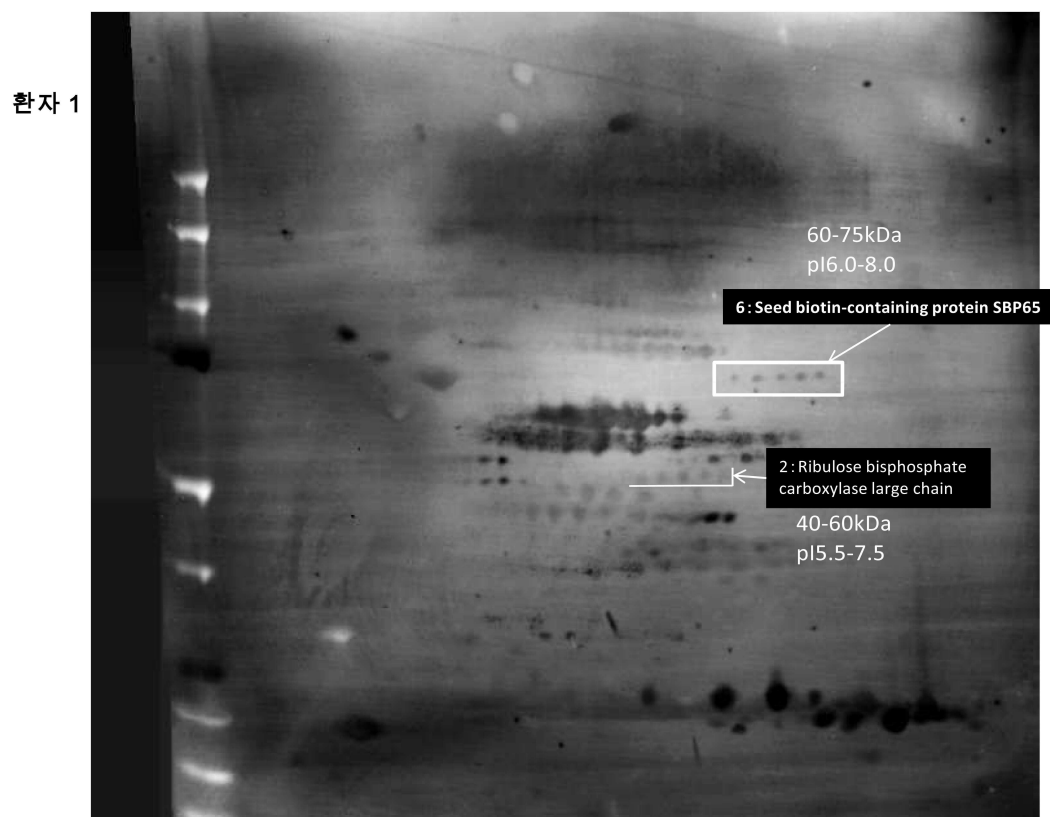
도면1



도면2

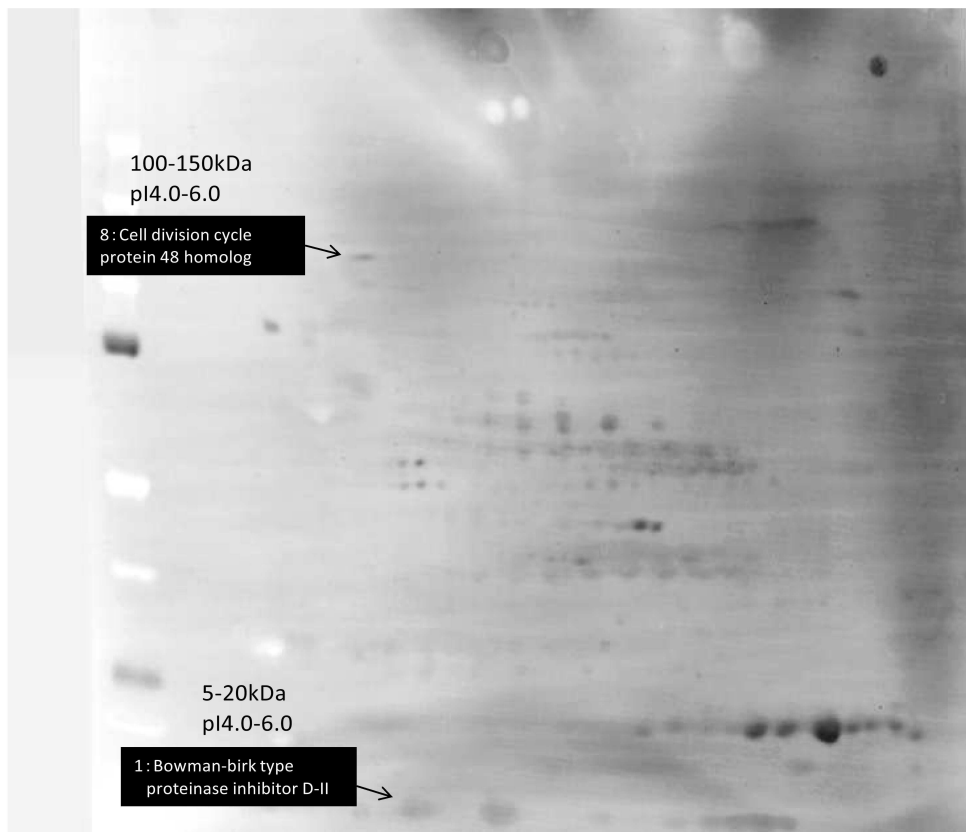


도면3a



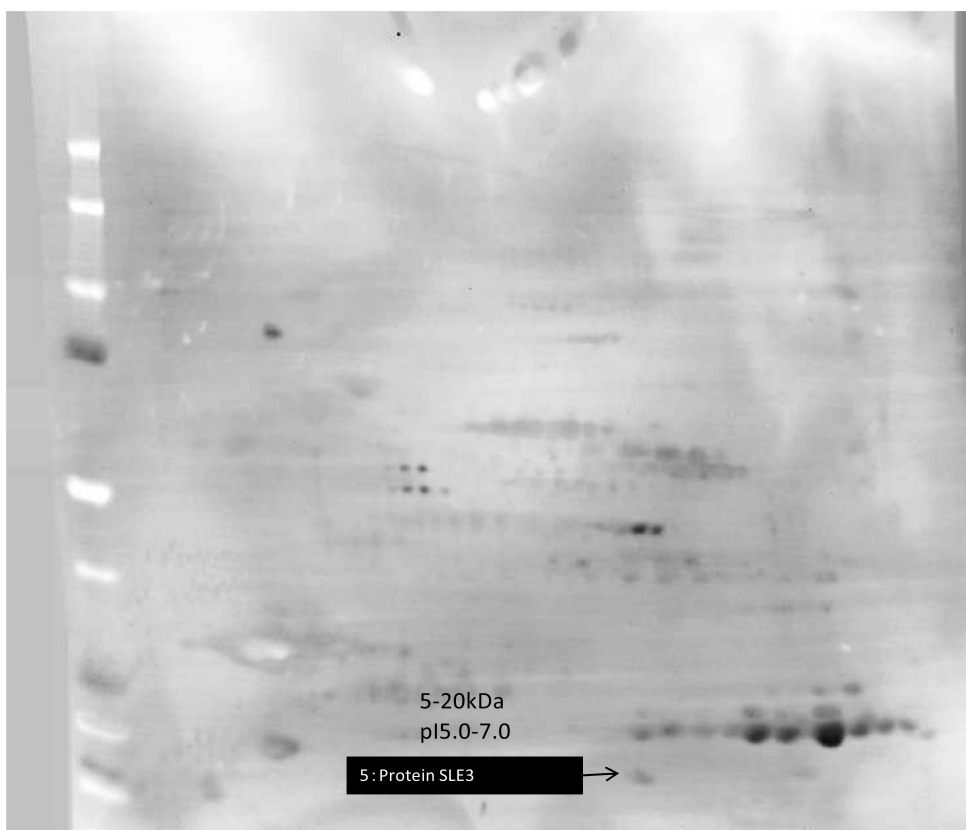
도면3b

환자 2



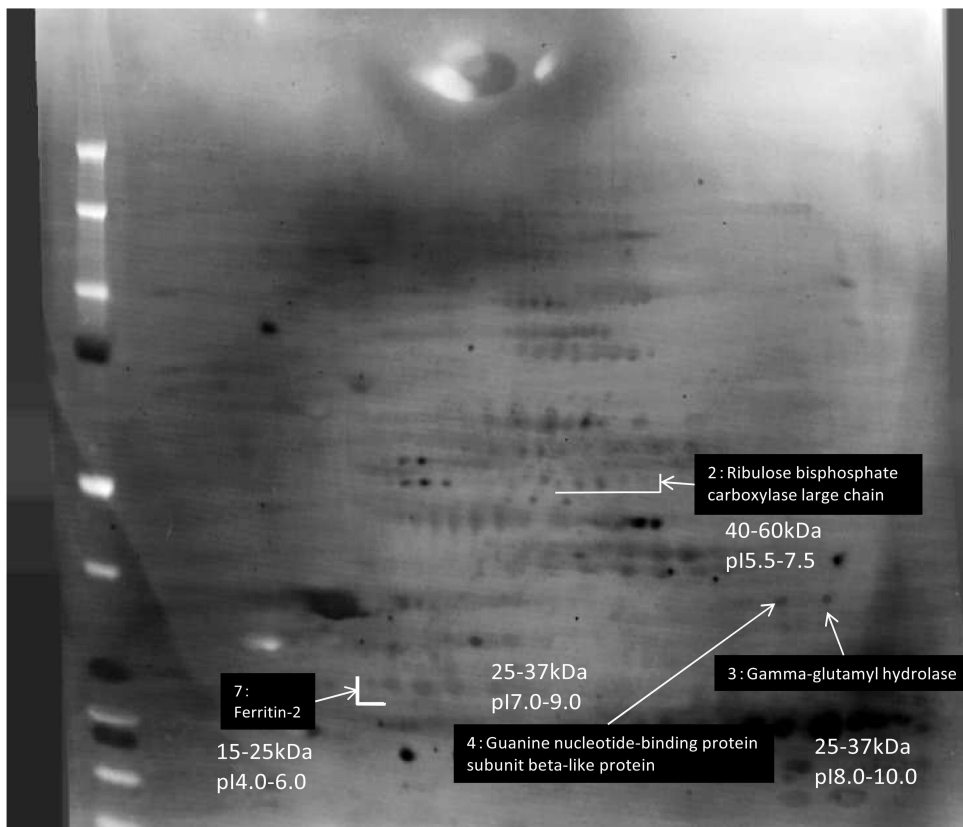
도면3c

환자 3



도면3d

환자 4



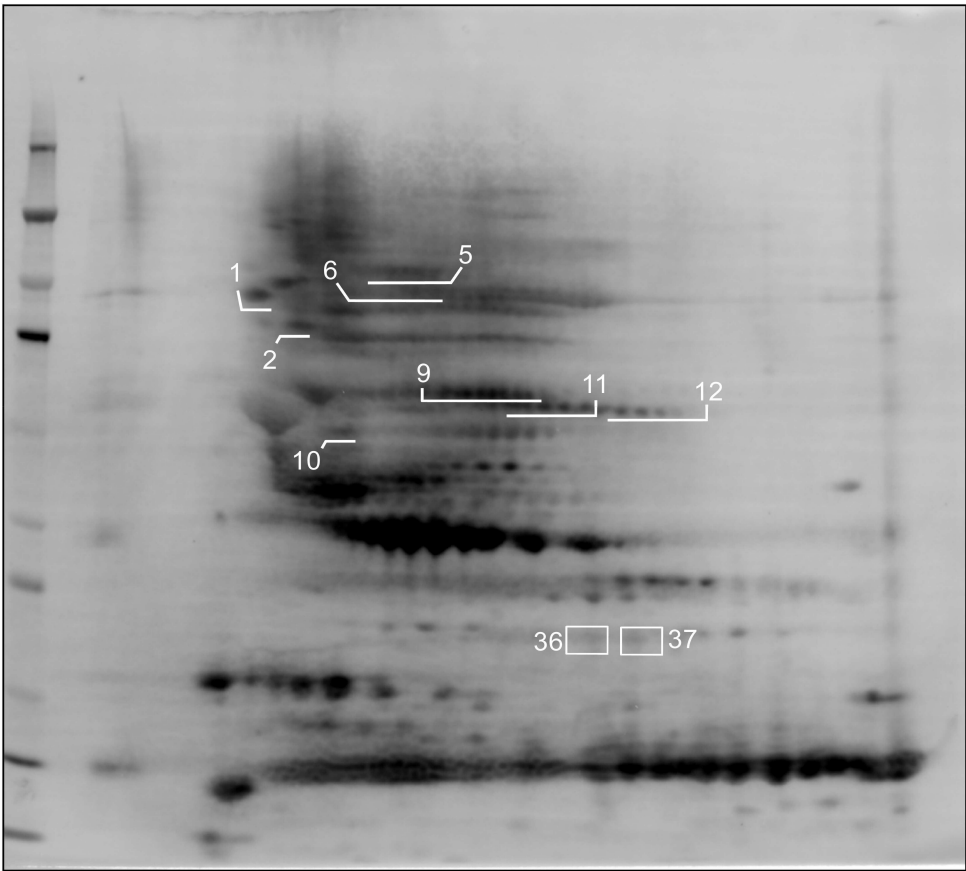
도면4

건상
(健常)



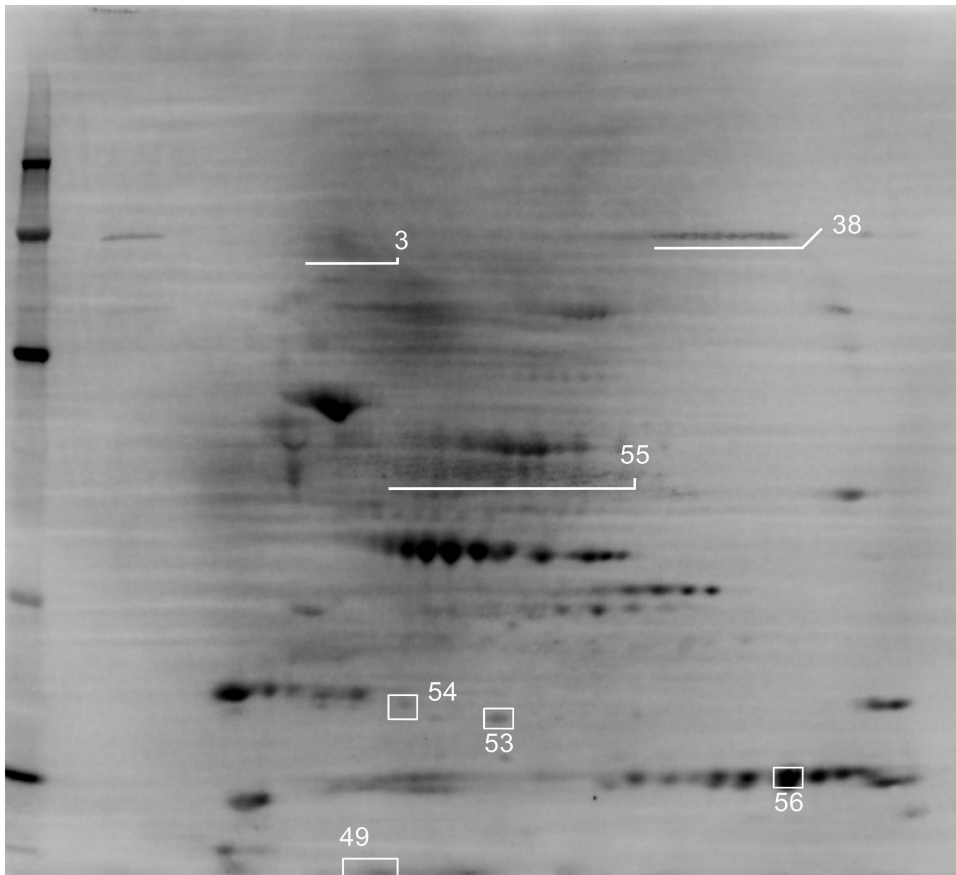
도면5a

환자1α



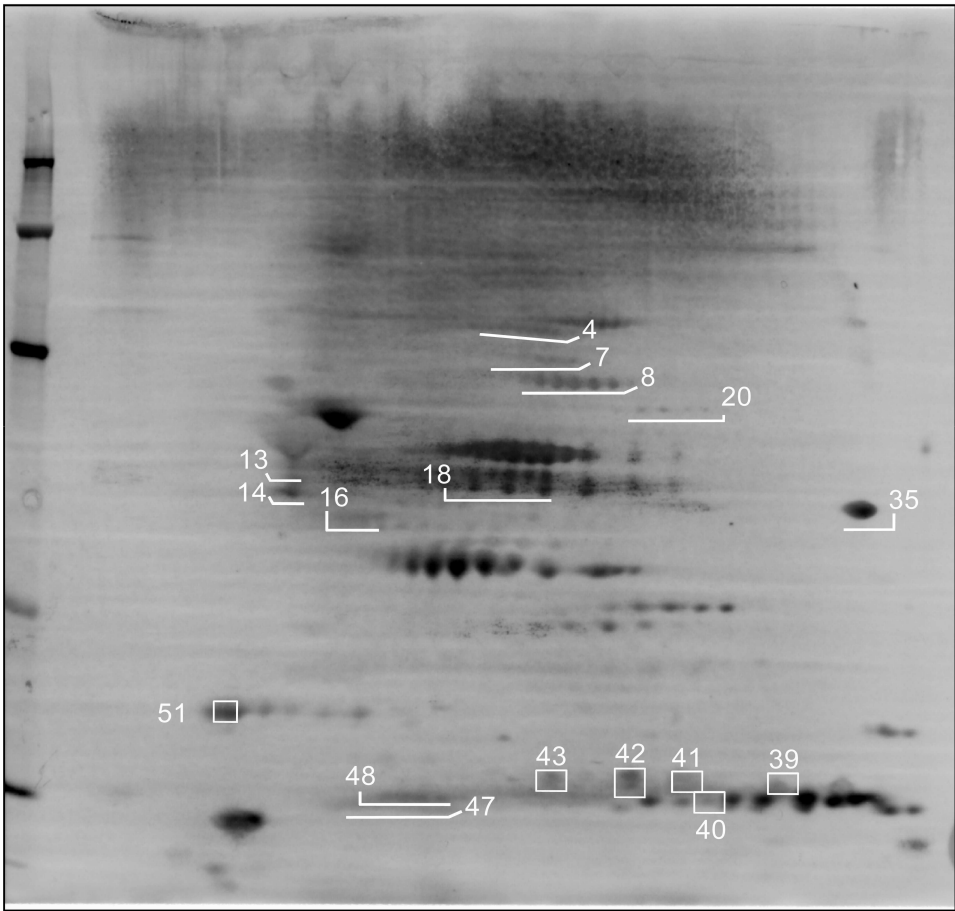
도면5b

환자2α



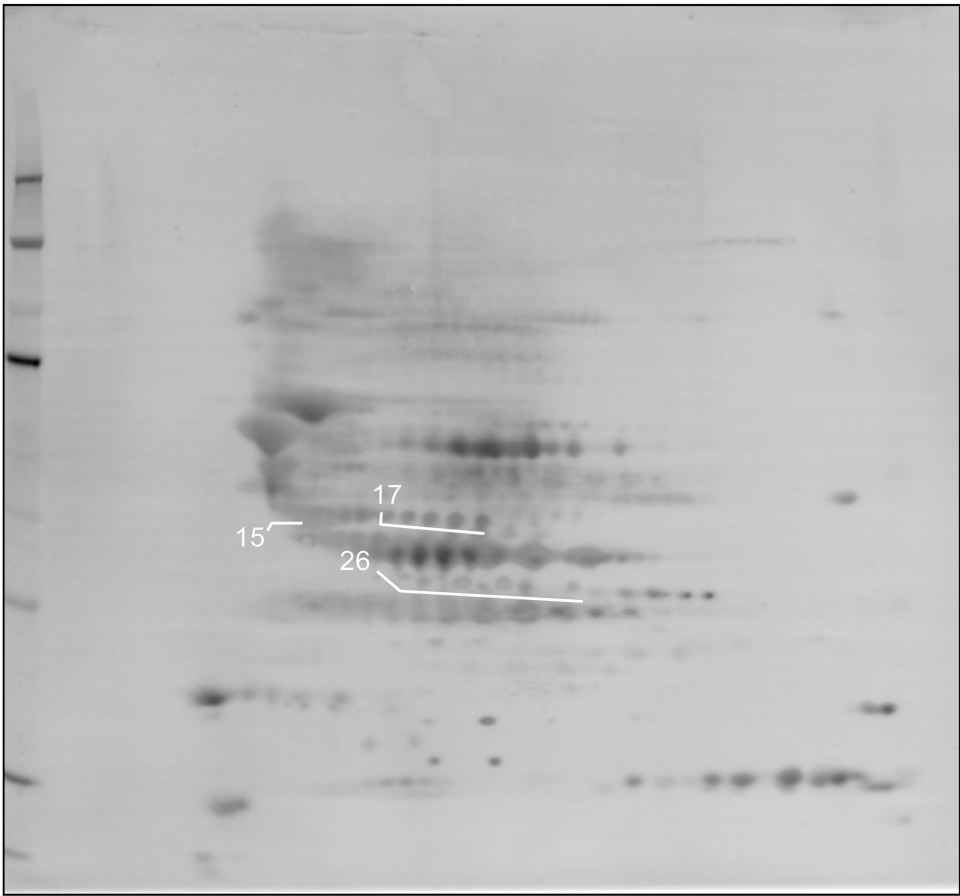
도면5c

환자3α



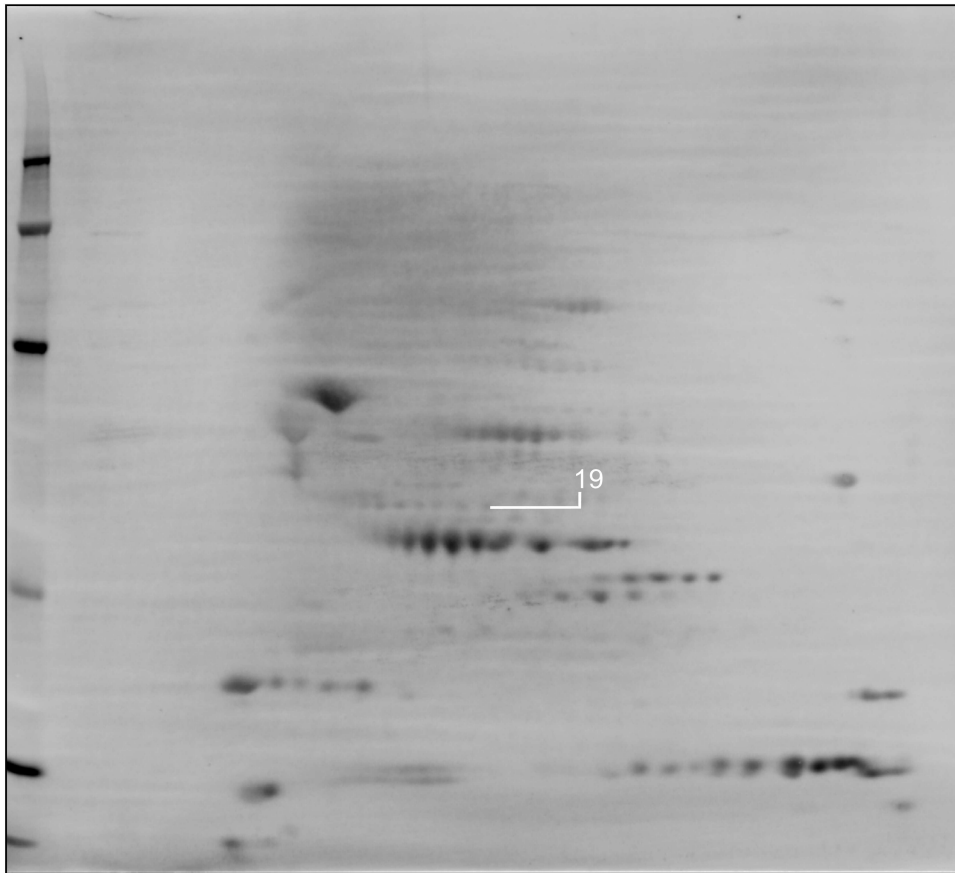
도면5d

환자4α



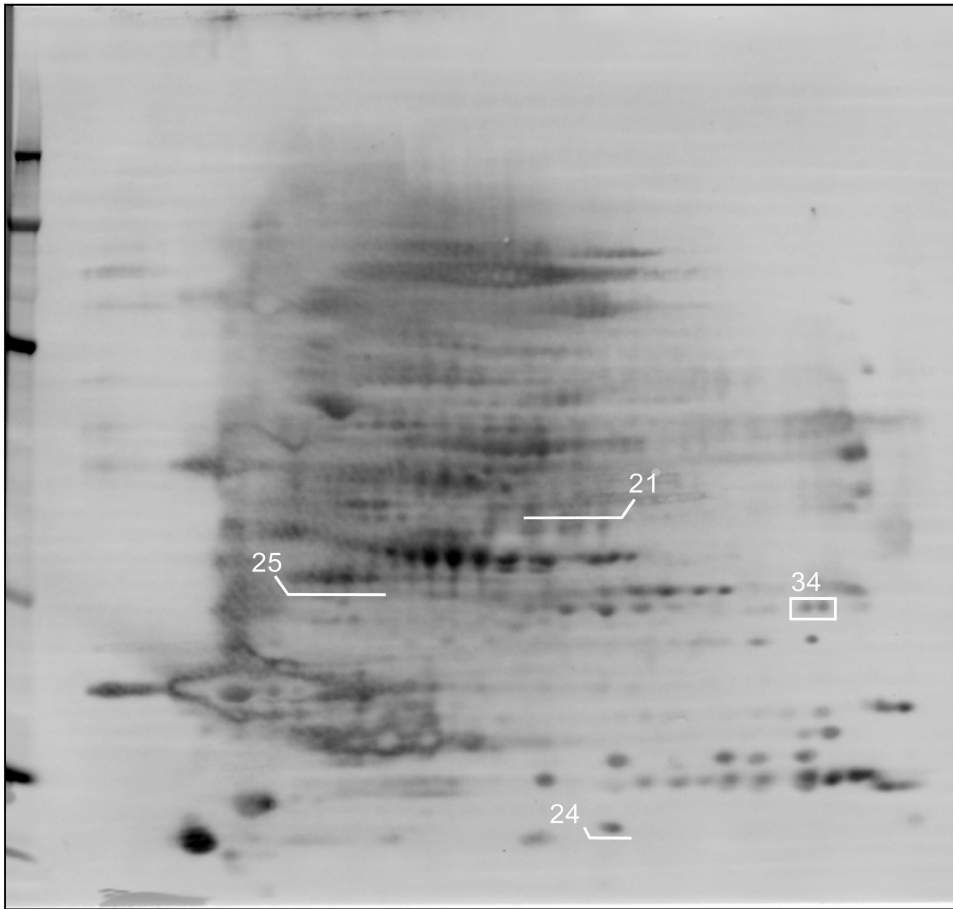
도면5e

환자5a



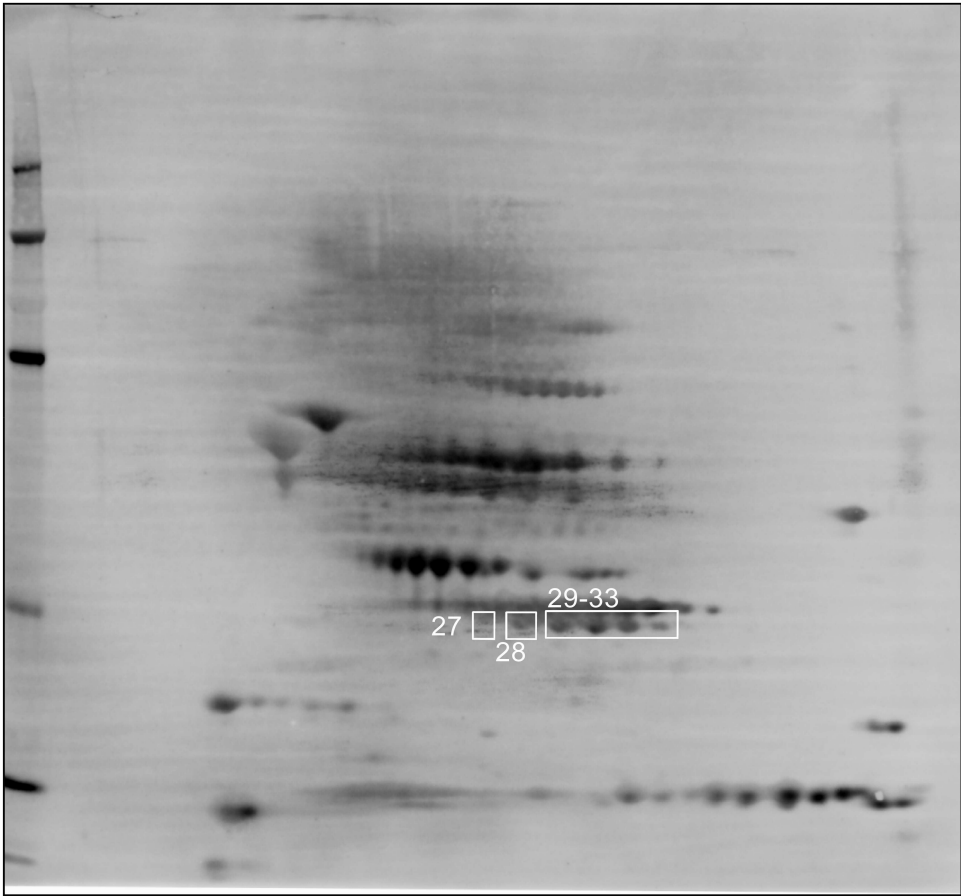
도면5f

환자6α



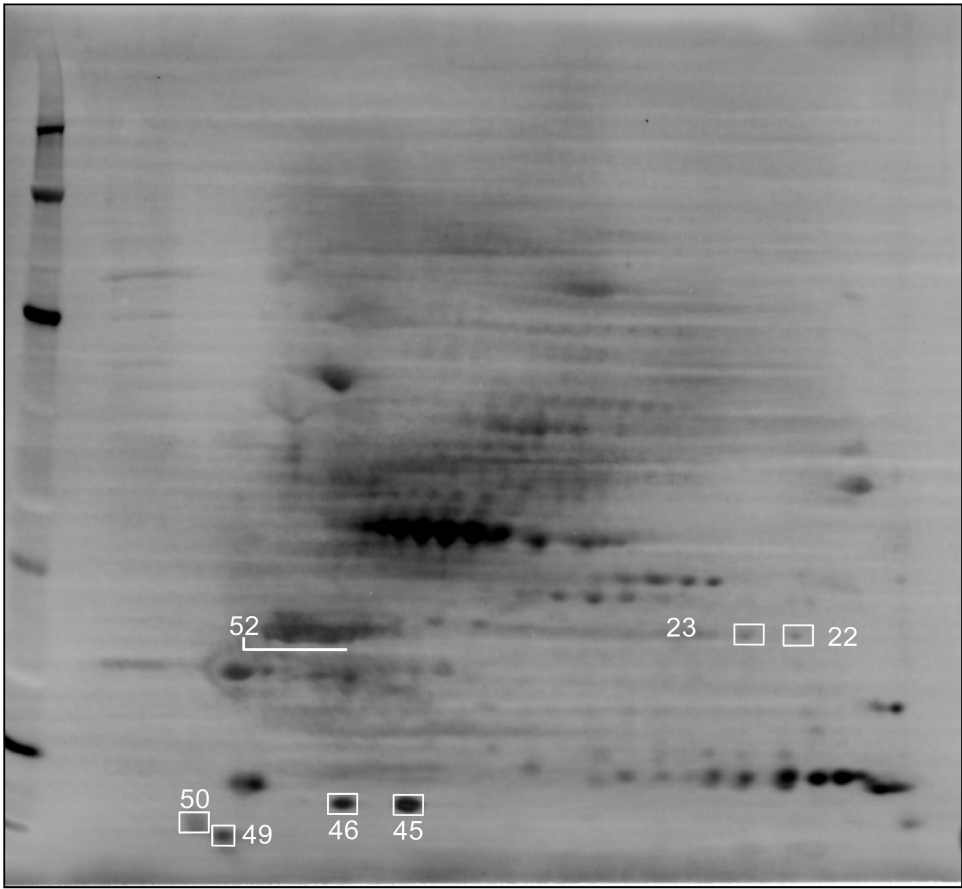
도면5g

환자7α

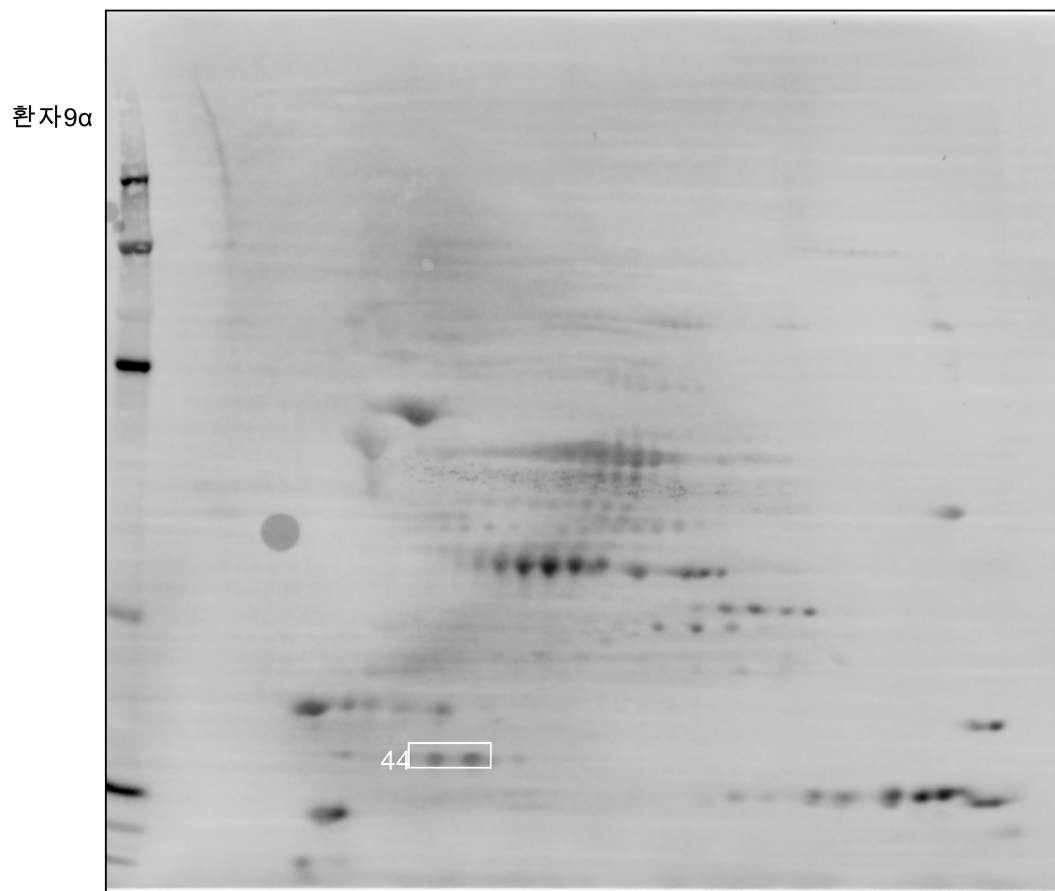


도면5h

환자8α



도면5i



서열목록

SEQUENCE LISTING

<110> FUJITA ACADEMY

HOYU CO., LTD.

<120> Antigen of Soy Allergy

<130> FA1621-17011

<150> JP2016-041547

<151> 2016-03-03

<160> 649

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 249

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(249)

<400> 1

atg tgt att ctg agc ttc ctc aaa agt gat cag tca tca agt tat gat 48
Met Cys Ile Leu Ser Phe Leu Lys Ser Asp Gln Ser Ser Ser Tyr Asp
1 5 10 15

gat gat gag tat tca aaa cca tgc tgt gat ctc tgc atg tgc aca cgc 96
Asp Asp Glu Tyr Ser Lys Pro Cys Cys Asp Leu Cys Met Cys Thr Arg
20 25 30

tca atg cct cct caa tgc agc tgt gaa gat att agg ctg aat tca tgc 144
Ser Met Pro Pro Gln Cys Ser Cys Glu Asp Ile Arg Leu Asn Ser Cys
35 40 45

cac tca gat tgt aag agc tgt atg tgc aca cgc tca cag cca gga cag 192

His Ser Asp Cys Lys Ser Cys Met Cys Thr Arg Ser Gln Pro Gly Gln
50 55 60

tgt cgt tgt ctt gac acc aac gac ttc tgc tac aaa cct tgc aag tcc 240
Cys Arg Cys Leu Asp Thr Asn Asp Phe Cys Tyr Lys Pro Cys Lys Ser
65 70 75 80

aga gat gac 249
Arg Asp Asp

<210> 2

<211> 83

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 2

Met Cys Ile Leu Ser Phe Leu Lys Ser Asp Gln Ser Ser Ser Tyr Asp
1 5 10 15

Asp Asp Glu Tyr Ser Lys Pro Cys Cys Asp Leu Cys Met Cys Thr Arg
20 25 30

Ser Met Pro Pro Gln Cys Ser Cys Glu Asp Ile Arg Leu Asn Ser Cys
35 40 45

His Ser Asp Cys Lys Ser Cys Met Cys Thr Arg Ser Gln Pro Gly Gln

50	55	60	
Cys Arg Cys Leu Asp Thr	Asn Asp Phe Cys Tyr Lys	Pro Cys Lys Ser	
65	70	75	80
Arg Asp Asp			
<210> 3			
<211> 1425			
<212> DNA			
<213> Glycine max			
<220><221> CDS			
<222> (1)..(1425)			
<400> 3			
atg tca cca caa aca gag act aaa gca agt gtt ggg ttc aaa gct ggt			48
Met Ser Pro Gln Thr Glu Thr Lys Ala Ser Val Gly Phe Lys Ala Gly			
1	5	10	15
gtt aaa gat tat aaa ttg act tat tat act cct gac tat gaa acc aaa			96
Val Lys Asp Tyr Lys Leu Thr Tyr Tyr Thr Pro Asp Tyr Glu Thr Lys			
	20	25	30
gat act gat atc ttg gca gca ttc cga gta act cct caa cca gga gtt			144
Asp Thr Asp Ile Leu Ala Ala Phe Arg Val Thr Pro Gln Pro Gly Val			
	35	40	45
ccg cct gaa gaa gca ggt gcc gcg gta gcc gcc gaa tct tct act ggt			192
Pro Pro Glu Glu Ala Gly Ala Ala Val Ala Ala Glu Ser Ser Thr Gly			
50	55	60	
aca tgg aca act gtg tgg acc gat ggg ctt acc agt ctt gat cgt tac			240
Thr Trp Thr Thr Val Trp Thr Asp Gly Leu Thr Ser Leu Asp Arg Tyr			
65	70	75	80
aaa ggg cga tgc tac ggc ctt gaa cct gtt gct ggg gaa gaa aat caa			288
Lys Gly Arg Cys Tyr Gly Leu Glu Pro Val Ala Gly Glu Glu Asn Gln			
	85	90	95
tat att gct tat gta gct tat ccc tta gac ctt ttt gaa gaa ggt tct			336
Tyr Ile Ala Tyr Val Ala Tyr Pro Leu Asp Leu Phe Glu Glu Gly Ser			

100	105	110	
gtt act aac atg ttt act tcc att gtc ggt aat gta ttt ggg ttc aag			384
Val Thr Asn Met Phe Thr Ser Ile Val Gly Asn Val Phe Gly Phe Lys			
115	120	125	
gcc ctg cgt gct cta cgt ctg gag gat ttg cga atc cct act gct tat			432
Ala Leu Arg Ala Leu Arg Leu Glu Asp Leu Arg Ile Pro Thr Ala Tyr			
130	135	140	
att aaa act ttc caa ggt ccg cct cat ggc atc caa gtt gag aga gat			480
Ile Lys Thr Phe Gln Gly Pro Pro His Gly Ile Gln Val Glu Arg Asp			
145	150	155	160
aaa ttg aac aag tat ggt cgt ccc cta tta gga tgt act att aaa cct			528
Lys Leu Asn Lys Tyr Gly Arg Pro Leu Leu Gly Cys Thr Ile Lys Pro			
165	170	175	
aaa ttg ggg tta tcc gct aag aat tat ggt aga gct gtt tat gaa tgt			576
Lys Leu Gly Leu Ser Ala Lys Asn Tyr Gly Arg Ala Val Tyr Glu Cys			
180	185	190	
ctt cgt ggg gga ctt gat ttt acc aaa gat gat gaa aat gtg aat tcc			624
Leu Arg Gly Gly Leu Asp Phe Thr Lys Asp Asp Glu Asn Val Asn Ser			
195	200	205	
caa cca ttt atg cgt tgg aga gac cgt ttc tta ttt tgt gcc gaa gcc			672
Gln Pro Phe Met Arg Trp Arg Asp Arg Phe Leu Phe Cys Ala Glu Ala			
210	215	220	
att ttt aaa tca cag gct gaa aca ggt gaa atc aaa ggg cat tac ttg			720
Ile Phe Lys Ser Gln Ala Glu Thr Gly Glu Ile Lys Gly His Tyr Leu			
225	230	235	240
aat gca act gcg ggt aca tgc gaa gaa atg atg aaa aga gct gta ttt			768
Asn Ala Thr Ala Gly Thr Cys Glu Glu Met Met Lys Arg Ala Val Phe			
245	250	255	
gcc aga gaa tta ggc gtt cct atc gta atg cat gat tat tta acg ggg			816
Ala Arg Glu Leu Gly Val Pro Ile Val Met His Asp Tyr Leu Thr Gly			

260	265	270	
gga ttc act gca aat act agc ttg gct cat tat tgc cga gat aat ggt			864
Gly Phe Thr Ala Asn Thr Ser Leu Ala His Tyr Cys Arg Asp Asn Gly			
275	280	285	
cta ctt ctt cat ata cac cgt gca atg cat gca gtt atc gac aga caa			912
Leu Leu Leu His Ile His Arg Ala Met His Ala Val Ile Asp Arg Gln			
290	295	300	
aag aat cat ggt atg cac ttt cgt gta cta gct aaa gca tta cgt ttg			960
Lys Asn His Gly Met His Phe Arg Val Leu Ala Lys Ala Leu Arg Leu			
305	310	315	320
tct ggt gga gat cat gtt cac gcc ggt acc gta gta ggt aaa ctt gaa			1008
Ser Gly Gly Asp His Val His Ala Gly Thr Val Val Gly Lys Leu Glu			
325	330	335	
ggg gaa aga gaa atc act tta ggt ttt gtt gat tta cta cgt gat gat			1056
Gly Glu Arg Glu Ile Thr Leu Gly Phe Val Asp Leu Leu Arg Asp Asp			
340	345	350	
ttt gtt gaa aaa gat cga agt cgc ggt att tat ttc act cag gat tgg			1104
Phe Val Glu Lys Asp Arg Ser Arg Gly Ile Tyr Phe Thr Gln Asp Trp			
355	360	365	
gtt tct cta cca ggt gtt ttg cct gta gct tcg gga ggt att cac gtt			1152
Val Ser Leu Pro Gly Val Leu Pro Val Ala Ser Gly Gly Ile His Val			
370	375	380	
tgg cat atg cct gct ctg acc gag atc ttt ggg gat gat tct gta ctc			1200
Trp His Met Pro Ala Leu Thr Glu Ile Phe Gly Asp Asp Ser Val Leu			
385	390	395	400
caa ttt ggc gga gga act tta gga cac cct tgg gga aat gca cca ggt			1248
Gln Phe Gly Gly Gly Thr Leu Gly His Pro Trp Gly Asn Ala Pro Gly			
405	410	415	
gct gta gct aat cga gta gct ctt gaa gca tgt gtg cag gct cga aat			1296

Ala Val Ala Asn Arg Val Ala Leu Glu Ala Cys Val Gln Ala Arg Asn
420 425 430
gaa gga cgc gat ctt gct cgt gaa ggt aat gaa att atc cgt gag gct 1344
Glu Gly Arg Asp Leu Ala Arg Glu Gly Asn Glu Ile Ile Arg Glu Ala
435 440 445
agc aaa tgg agt cct gaa tta gct gct gct tgt gaa gta tgg aag gag 1392
Ser Lys Trp Ser Pro Glu Leu Ala Ala Ala Cys Glu Val Trp Lys Glu
450 455 460
atc aaa ttt gaa ttc gaa gca atg gat act ttg 1425
Ile Lys Phe Glu Phe Glu Ala Met Asp Thr Leu
465 470 475
<210> 4
<211> 475
<212> PRT
<213> Glycine max
<400> 4
Met Ser Pro Gln Thr Glu Thr Lys Ala Ser Val Gly Phe Lys Ala Gly
1 5 10 15
Val Lys Asp Tyr Lys Leu Thr Tyr Tyr Thr Pro Asp Tyr Glu Thr Lys
20 25 30
Asp Thr Asp Ile Leu Ala Ala Phe Arg Val Thr Pro Gln Pro Gly Val
35 40 45
Pro Pro Glu Glu Ala Gly Ala Ala Val Ala Ala Glu Ser Ser Thr Gly
50 55 60
Thr Trp Thr Thr Val Trp Thr Asp Gly Leu Thr Ser Leu Asp Arg Tyr
65 70 75 80
Lys Gly Arg Cys Tyr Gly Leu Glu Pro Val Ala Gly Glu Glu Asn Gln
85 90 95
Tyr Ile Ala Tyr Val Ala Tyr Pro Leu Asp Leu Phe Glu Glu Gly Ser
100 105 110
Val Thr Asn Met Phe Thr Ser Ile Val Gly Asn Val Phe Gly Phe Lys
115 120 125

Ala Leu Arg Ala Leu Arg Leu Glu Asp Leu Arg Ile Pro Thr Ala Tyr
130 135 140
Ile Lys Thr Phe Gln Gly Pro Pro His Gly Ile Gln Val Glu Arg Asp
145 150 155 160
Lys Leu Asn Lys Tyr Gly Arg Pro Leu Leu Gly Cys Thr Ile Lys Pro
165 170 175
Lys Leu Gly Leu Ser Ala Lys Asn Tyr Gly Arg Ala Val Tyr Glu Cys
180 185 190
Leu Arg Gly Gly Leu Asp Phe Thr Lys Asp Asp Glu Asn Val Asn Ser
195 200 205
Gln Pro Phe Met Arg Trp Arg Asp Arg Phe Leu Phe Cys Ala Glu Ala
210 215 220
Ile Phe Lys Ser Gln Ala Glu Thr Gly Glu Ile Lys Gly His Tyr Leu
225 230 235 240
Asn Ala Thr Ala Gly Thr Cys Glu Glu Met Met Lys Arg Ala Val Phe
245 250 255
Ala Arg Glu Leu Gly Val Pro Ile Val Met His Asp Tyr Leu Thr Gly
260 265 270
Gly Phe Thr Ala Asn Thr Ser Leu Ala His Tyr Cys Arg Asp Asn Gly
275 280 285
Leu Leu Leu His Ile His Arg Ala Met His Ala Val Ile Asp Arg Gln
290 295 300
Lys Asn His Gly Met His Phe Arg Val Leu Ala Lys Ala Leu Arg Leu
305 310 315 320
Ser Gly Gly Asp His Val His Ala Gly Thr Val Val Gly Lys Leu Glu
325 330 335
Gly Glu Arg Glu Ile Thr Leu Gly Phe Val Asp Leu Leu Arg Asp Asp
340 345 350
Phe Val Glu Lys Asp Arg Ser Arg Gly Ile Tyr Phe Thr Gln Asp Trp
355 360 365
Val Ser Leu Pro Gly Val Leu Pro Val Ala Ser Gly Gly Ile His Val

370 375 380
Trp His Met Pro Ala Leu Thr Glu Ile Phe Gly Asp Asp Ser Val Leu
385 390 395 400
Gln Phe Gly Gly Gly Thr Leu Gly His Pro Trp Gly Asn Ala Pro Gly

405 410 415
Ala Val Ala Asn Arg Val Ala Leu Glu Ala Cys Val Gln Ala Arg Asn
420 425 430
Glu Gly Arg Asp Leu Ala Arg Glu Gly Asn Glu Ile Ile Arg Glu Ala
435 440 445
Ser Lys Trp Ser Pro Glu Leu Ala Ala Ala Cys Glu Val Trp Lys Glu
450 455 460
Ile Lys Phe Glu Phe Glu Ala Met Asp Thr Leu
465 470 475

<210> 5

<211> 1026

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1026)

<400> 5

atg cca aac gac agc gtt ctg agt ctt ttc ttc ttc gtt acc ctc ttc 48

Met Pro Asn Asp Ser Val Leu Ser Leu Phe Phe Phe Val Thr Leu Phe

1 5 10 15

aca tgc ctt ctc tct gct act tcc cac gat gac cat att ttc cta ccg 96

Thr Cys Leu Leu Ser Ala Thr Ser His Asp Asp His Ile Phe Leu Pro

20 25 30

agt caa ctc cat gac gat gac tca gtg agt tgc act gca acc gac cca 144

Ser Gln Leu His Asp Asp Asp Ser Val Ser Cys Thr Ala Thr Asp Pro

35 40 45

agc ctt aac tac aag ccg gtg atc gga atc ctg acc cac ccc ggc gac 192

Ser Leu Asn Tyr Lys Pro Val Ile Gly Ile Leu Thr His Pro Gly Asp

50 55 60

ggt gcc tct ggc cgg ctc agc aac gcc acc ggg gtt tct tac atc gcc 240

 Gly Ala Ser Gly Arg Leu Ser Asn Ala Thr Gly Val Ser Tyr Ile Ala
 65 70 75 80
 gcc tcc tac gtt aaa ttc gtg gag tcc ggt ggt gct aga gtt att ccc 288
 Ala Ser Tyr Val Lys Phe Val Glu Ser Gly Gly Ala Arg Val Ile Pro
 85 90 95
 ctt atc tac aat gag tca cct gag aac ctt aac aag aag ctc gat ttg 336
 Leu Ile Tyr Asn Glu Ser Pro Glu Asn Leu Asn Lys Lys Leu Asp Leu

 100 105 110
 gtc aat gga gtg ctc ttc act ggt ggg tgg gct gtt tct ggt cca tat 384
 Val Asn Gly Val Leu Phe Thr Gly Gly Trp Ala Val Ser Gly Pro Tyr
 115 120 125
 ttg gat act ctt gga aac att ttt aag aaa gct tta gag aga aat gat 432
 Leu Asp Thr Leu Gly Asn Ile Phe Lys Lys Ala Leu Glu Arg Asn Asp
 130 135 140

 gct gga gac cat ttc cca gta att gcc ttc aac tta ggt gga aac ctc 480
 Ala Gly Asp His Phe Pro Val Ile Ala Phe Asn Leu Gly Gly Asn Leu
 145 150 155 160
 gta ata agg atc gta agc gag caa act gat att ctt gaa cca ttt act 528
 Val Ile Arg Ile Val Ser Glu Gln Thr Asp Ile Leu Glu Pro Phe Thr
 165 170 175
 gcg tcg agt ttg cca agt tct ctt gta ttg tgg aac gaa gca aat gct 576

 Ala Ser Ser Leu Pro Ser Ser Leu Val Leu Trp Asn Glu Ala Asn Ala
 180 185 190
 aaa gga agt cta ttt caa aga ttt cct tca gat ttg ttg aca cag ctg 624
 Lys Gly Ser Leu Phe Gln Arg Phe Pro Ser Asp Leu Leu Thr Gln Leu
 195 200 205
 aag aca gat tgt ctc gtc ctg cac aat cat cgt tat gcc ata tcc cca 672
 Lys Thr Asp Cys Leu Val Leu His Asn His Arg Tyr Ala Ile Ser Pro

210	215	220	
cgc aag ctt caa tat aat acc aag tta tct gac ttt ttt gag att ctg			720
Arg Lys Leu Gln Tyr Asn Thr Lys Leu Ser Asp Phe Phe Glu Ile Leu			
225	230	235	240
gca aca tct ggg gat aga gat gga aag act ttc gtt tcc aca gca cgt			768
Ala Thr Ser Gly Asp Arg Asp Gly Lys Thr Phe Val Ser Thr Ala Arg			
245	250	255	
ggt agg aaa tat ccc gtg act gtc aac cta tgg caa cca gag aaa aat			816
Gly Arg Lys Tyr Pro Val Thr Val Asn Leu Trp Gln Pro Glu Lys Asn			
260	265	270	
gcg ttt gag tgg gct aca tct ttg aaa gcc cct cac aca gag gat gca			864
Ala Phe Glu Trp Ala Thr Ser Leu Lys Ala Pro His Thr Glu Asp Ala			
275	280	285	
att cgg gtt act cag tcc aca gca aac ttt ttc ata agt gaa gct agg			912
Ile Arg Val Thr Gln Ser Thr Ala Asn Phe Phe Ile Ser Glu Ala Arg			
290	295	300	
aaa tcc aca aac aca cct gat gct caa aaa gtg cga gat agt ctc atc			960
Lys Ser Thr Asn Thr Pro Asp Ala Gln Lys Val Arg Asp Ser Leu Ile			
305	310	315	320
tac aat tac aaa cct act ttt ggt gga acg gct ggg aaa gga tat gat			1008
Tyr Asn Tyr Lys Pro Thr Phe Gly Gly Thr Ala Gly Lys Gly Tyr Asp			
325	330	335	
caa gtg tat ctc ttt gaa			1026
Gln Val Tyr Leu Phe Glu			
340			
<210> 6			
<211> 342			
<212> PRT			
<213> Glycine max			
<400> 6			
Met Pro Asn Asp Ser Val Leu Ser Leu Phe Phe Phe Val Thr Leu Phe			
1	5	10	15

Thr Cys Leu Leu Ser Ala Thr Ser His Asp Asp His Ile Phe Leu Pro

20 25 30

Ser Gln Leu His Asp Asp Asp Ser Val Ser Cys Thr Ala Thr Asp Pro

35 40 45

Ser Leu Asn Tyr Lys Pro Val Ile Gly Ile Leu Thr His Pro Gly Asp

50 55 60

Gly Ala Ser Gly Arg Leu Ser Asn Ala Thr Gly Val Ser Tyr Ile Ala

65 70 75 80

Ala Ser Tyr Val Lys Phe Val Glu Ser Gly Gly Ala Arg Val Ile Pro

85 90 95

Leu Ile Tyr Asn Glu Ser Pro Glu Asn Leu Asn Lys Lys Leu Asp Leu

100 105 110

Val Asn Gly Val Leu Phe Thr Gly Gly Trp Ala Val Ser Gly Pro Tyr

115 120 125

Leu Asp Thr Leu Gly Asn Ile Phe Lys Lys Ala Leu Glu Arg Asn Asp

130 135 140

Ala Gly Asp His Phe Pro Val Ile Ala Phe Asn Leu Gly Gly Asn Leu

145 150 155 160

Val Ile Arg Ile Val Ser Glu Gln Thr Asp Ile Leu Glu Pro Phe Thr

165 170 175

Ala Ser Ser Leu Pro Ser Ser Leu Val Leu Trp Asn Glu Ala Asn Ala

180 185 190

Lys Gly Ser Leu Phe Gln Arg Phe Pro Ser Asp Leu Leu Thr Gln Leu

195 200 205

Lys Thr Asp Cys Leu Val Leu His Asn His Arg Tyr Ala Ile Ser Pro

210 215 220

Arg Lys Leu Gln Tyr Asn Thr Lys Leu Ser Asp Phe Phe Glu Ile Leu

225 230 235 240

Ala Thr Ser Gly Asp Arg Asp Gly Lys Thr Phe Val Ser Thr Ala Arg

245 250 255

Gly Arg Lys Tyr Pro Val Thr Val Asn Leu Trp Gln Pro Glu Lys Asn

260 265 270
Ala Phe Glu Trp Ala Thr Ser Leu Lys Ala Pro His Thr Glu Asp Ala

275 280 285
Ile Arg Val Thr Gln Ser Thr Ala Asn Phe Phe Ile Ser Glu Ala Arg
290 295 300
Lys Ser Thr Asn Thr Pro Asp Ala Gln Lys Val Arg Asp Ser Leu Ile
305 310 315 320
Tyr Asn Tyr Lys Pro Thr Phe Gly Gly Thr Ala Gly Lys Gly Tyr Asp
325 330 335
Gln Val Tyr Leu Phe Glu
340

<210> 7

<211> 975

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(975)

<400> 7

atg gcg gaa gga ctc gtc ctg aag gga acc atg cgc gcc cac acc gac 48

Met Ala Glu Gly Leu Val Leu Lys Gly Thr Met Arg Ala His Thr Asp

1 5 10 15

gtc gtg acg gcg att gcc act ccc atc gac aac tcc gac atg atc gtg 96

Val Val Thr Ala Ile Ala Thr Pro Ile Asp Asn Ser Asp Met Ile Val

20 25 30

acg gcg tcg cgc gac aga tcc atc att ctc tgg cac ctc acc aag gag 144

Thr Ala Ser Arg Asp Arg Ser Ile Ile Leu Trp His Leu Thr Lys Glu

35 40 45

gac aag acc tac ggt gtc ccc cgc cgc cgc ctc acc gga cat tct cac 192

Asp Lys Thr Tyr Gly Val Pro Arg Arg Arg Leu Thr Gly His Ser His

50 55 60

ttc gtc cag gac gtc gtc ctc tca tcc gac ggt cag ttc gcc ctc tcc 240

Phe Val Gln Asp Val Val Leu Ser Ser Asp Gly Gln Phe Ala Leu Ser
 65 70 75 80
 ggc tcc tgg gac ggc gag ctc cgc ctc tgg gac ctc gcg gct ggc acc 288
 Gly Ser Trp Asp Gly Glu Leu Arg Leu Trp Asp Leu Ala Ala Gly Thr
 85 90 95
 tct gcc cgc cgc ttc gtt ggc cac acc aag gac gtg ctc tcc gtg gcg 336
 Ser Ala Arg Arg Phe Val Gly His Thr Lys Asp Val Leu Ser Val Ala
 100 105 110
 ttc tcc atc gac aac cgt cag atc gtg tgc gcc tct cgt gac cgc acg 384
 Phe Ser Ile Asp Asn Arg Gln Ile Val Ser Ala Ser Arg Asp Arg Thr
 115 120 125
 atc aag ctg tgg aac acc ctg ggt gag tgc aag tac aca atc caa gat 432
 Ile Lys Leu Trp Asn Thr Leu Gly Glu Cys Lys Tyr Thr Ile Gln Asp
 130 135 140
 ggc gat gcg cat tgc gat tgg gta agt tgc gtc cgt ttc agc cct agc 480
 Gly Asp Ala His Ser Asp Trp Val Ser Cys Val Arg Phe Ser Pro Ser
 145 150 155 160
 act ctt cag cca acc att gtt tct gct tca tgg gac agg acc gtt aag 528
 Thr Leu Gln Pro Thr Ile Val Ser Ala Ser Trp Asp Arg Thr Val Lys
 165 170 175
 gtt tgg aac ctg acc aac tgc aag ctg agg aac acc ctt gct gga cac 576
 Val Trp Asn Leu Thr Asn Cys Lys Leu Arg Asn Thr Leu Ala Gly His
 180 185 190
 aat ggg tat gtg aat act gtt gct gtt tcc cct gat ggc tct ctc tgt 624
 Asn Gly Tyr Val Asn Thr Val Ala Val Ser Pro Asp Gly Ser Leu Cys
 195 200 205
 gcc agt ggt ggc aaa gat ggg gtt att ctt ctg tgg gat ttg gct gag 672
 Ala Ser Gly Gly Lys Asp Gly Val Ile Leu Leu Trp Asp Leu Ala Glu
 210 215 220
 ggt aag cgt ctt tac tct ctc gat gct ggc tca atc atc cat gca ctc 720
 Gly Lys Arg Leu Tyr Ser Leu Asp Ala Gly Ser Ile Ile His Ala Leu

225 230 235 240
 tgc ttc agc ccc agc agg tac tgg ctc tgc gcc gcc acc gag cag agc 768
 Cys Phe Ser Pro Ser Arg Tyr Trp Leu Cys Ala Ala Thr Glu Gln Ser
 245 250 255

 atc aag atc tgg gat ttg gag agc aag agt atc gtt gag gat ttg aag 816
 Ile Lys Ile Trp Asp Leu Glu Ser Lys Ser Ile Val Glu Asp Leu Lys
 260 265 270
 gtt gac ctc aag act gag gct gat gcc acc tcc ggt ggt ggt aac gcc 864
 Val Asp Leu Lys Thr Glu Ala Asp Ala Thr Ser Gly Gly Gly Asn Ala
 275 280 285
 aac aag aag aag gtt att tat tgc aca agt ttg aac tgg agt gcg gat 912

 Asn Lys Lys Lys Val Ile Tyr Cys Thr Ser Leu Asn Trp Ser Ala Asp
 290 295 300
 gga agc act ttg ttt agt ggc tat acc gat ggt gtg gcc aga gtt tgg 960
 Gly Ser Thr Leu Phe Ser Gly Tyr Thr Asp Gly Val Ala Arg Val Trp
 305 310 315 320
 gct att gga cgt tat 975
 Ala Ile Gly Arg Tyr

325

<210> 8

<211> 325

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 8

Met Ala Glu Gly Leu Val Leu Lys Gly Thr Met Arg Ala His Thr Asp
 1 5 10 15
 Val Val Thr Ala Ile Ala Thr Pro Ile Asp Asn Ser Asp Met Ile Val
 20 25 30
 Thr Ala Ser Arg Asp Arg Ser Ile Ile Leu Trp His Leu Thr Lys Glu
 35 40 45

Asp Lys Thr Tyr Gly Val Pro Arg Arg Arg Leu Thr Gly His Ser His

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

Gly Ser Thr Leu Phe Ser Gly Tyr Thr Asp Gly Val Ala Arg Val Trp
 305 310 315 320
 Ala Ile Gly Arg Tyr
 325

<210> 9

<211> 303

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(303)

<400> 9

atg gca tct cat caa caa aac aag caa gag ctt gat gaa agg gca agg 48
 Met Ala Ser His Gln Gln Asn Lys Gln Glu Leu Asp Glu Arg Ala Arg
 1 5 10 15

caa gga gag act gtt gtt ccg ggt ggc act ggt ggc aag agc ctt gag 96
 Gln Gly Glu Thr Val Val Pro Gly Gly Thr Gly Gly Lys Ser Leu Glu
 20 25 30

gct cag caa cat ctt gct gaa gga agg agc agg gga ggg aaa aca agg 144
 Ala Gln Gln His Leu Ala Glu Gly Arg Ser Arg Gly Gly Lys Thr Arg
 35 40 45

aag gag cag ctg ggg aca gaa ggg tac cat gaa atg gga cgc aaa ggt 192

Lys Glu Gln Leu Gly Thr Glu Gly Tyr His Glu Met Gly Arg Lys Gly
 50 55 60

ggg ttg agc act atg gac aag tca gga gaa gaa cgt gct caa gag gaa 240
 Gly Leu Ser Thr Met Asp Lys Ser Gly Glu Glu Arg Ala Gln Glu Glu
 65 70 75 80

gcc att gac atc gat gag tcc aag ttc agg act ggt aat aac caa gac 288
 Ala Ile Asp Ile Asp Glu Ser Lys Phe Arg Thr Gly Asn Asn Gln Asp

85 90 95
 aag aac cag aac aag 303
 Lys Asn Gln Asn Lys
 100

<210> 10

<211> 101

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 10

Met Ala Ser His Gln Gln Asn Lys Gln Glu Leu Asp Glu Arg Ala Arg

1 5 10 15

Gln Gly Glu Thr Val Val Pro Gly Gly Thr Gly Gly Lys Ser Leu Glu

20 25 30

Ala Gln Gln His Leu Ala Glu Gly Arg Ser Arg Gly Gly Lys Thr Arg

35 40 45

Lys Glu Gln Leu Gly Thr Glu Gly Tyr His Glu Met Gly Arg Lys Gly

50 55 60

Gly Leu Ser Thr Met Asp Lys Ser Gly Glu Glu Arg Ala Gln Glu Glu

65 70 75 80

Ala Ile Asp Ile Asp Glu Ser Lys Phe Arg Thr Gly Asn Asn Gln Asp

85 90 95

Lys Asn Gln Asn Lys

100

<210> 11

<211> 1929

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1929)

<400> 11

atg gcg tct gaa caa ttg gct cgc aga gag aac acc acc acc gag aag 48

Met Ala Ser Glu Gln Leu Ala Arg Arg Glu Asn Thr Thr Thr Glu Lys

1 5 10 15

gag att cac gtt gag aaa cac agg gtt ccc aag atg gcc acc cac ttc 96

Glu Ile His Val Glu Lys His Arg Val Pro Lys Met Ala Thr His Phe

20 25 30

gag cac ctt gcg gag caa gct aaa gaa tct gac atc acc gct ggg aag	144
Glu His Leu Ala Glu Gln Ala Lys Glu Ser Asp Ile Thr Ala Gly Lys	
35 40 45	
gat act ccg cag ggt agc ata gaa gcc ttg caa gct gga gag agg gtc	192
Asp Thr Pro Gln Gly Ser Ile Glu Ala Leu Gln Ala Gly Glu Arg Val	
50 55 60	
aaa gat cat gca gga aaa gcc atg gga gat att ggt gga cgt ggg aaa	240
Lys Asp His Ala Gly Lys Ala Met Gly Asp Ile Gly Gly Arg Gly Lys	
65 70 75 80	
gcc aga gag act cac gag ctg ggt gca cac ttt gaa tcc ctg gct gac	288
Ala Arg Glu Thr His Glu Leu Gly Ala His Phe Glu Ser Leu Ala Asp	
85 90 95	
aaa gta act gac cat gca gca gcc aat gta gtt gga aac aaa gag agt	336
Lys Val Thr Asp His Ala Ala Ala Asn Val Val Gly Asn Lys Glu Ser	
100 105 110	
caa aga gaa gct cgt ggt ggt gtt cgt gat gtt ggg aag ttc gaa atg	384
Gln Arg Glu Ala Arg Gly Gly Val Arg Asp Val Gly Lys Phe Glu Met	
115 120 125	
aga act gaa ggg gga gaa aaa gga aac aag gat aga cca gaa ctg aaa	432
Arg Thr Glu Gly Gly Glu Lys Gly Asn Lys Asp Arg Pro Glu Leu Lys	
130 135 140	
aca cga acc aga gag gta ata gga aga acg gag aaa gaa aga gga aga	480
Thr Arg Thr Arg Glu Val Ile Gly Arg Thr Glu Lys Glu Arg Gly Arg	
145 150 155 160	
gaa agt gga gga caa gta gtg gca gag aaa gga aga gaa aca gaa act	528
Glu Ser Gly Gly Gln Val Val Ala Glu Lys Gly Arg Glu Thr Glu Thr	
165 170 175	
gca agg gga agg gtt ggt gct gaa aat gaa ggt gca aga aca acc gct	576
Ala Arg Gly Arg Val Gly Ala Glu Asn Glu Gly Ala Arg Thr Thr Ala	
180 185 190	
gtt ata act tgc acg ttg gaa aaa ggt ggt ggt act cag aaa cca ata	624

Val Ile Thr Cys Thr Leu Glu Lys Gly Gly Gly Thr Gln Lys Pro Ile	
195	200
205	
aga gaa gaa gag aga gag agt gaa agt gaa aga tca gcg tgg gaa cag	672
Arg Glu Glu Glu Arg Glu Ser Glu Ser Glu Arg Ser Ala Trp Glu Gln	
210	215
220	
att tcc aac tac agt gat caa gcc aca caa ggt gtg aag gaa aag tac	720
Ile Ser Asn Tyr Ser Asp Gln Ala Thr Gln Gly Val Lys Glu Lys Tyr	
225	230
235	240
gag aga gca aag caa gca gca agc gag aca ctg aac acc aca aca caa	768
Glu Arg Ala Lys Gln Ala Ala Ser Glu Thr Leu Asn Thr Thr Thr Gln	
245	250
255	
acc gca caa gag aaa agc gca cag gca aag aat ctt gca gca caa gca	816
Thr Ala Gln Glu Lys Ser Ala Gln Ala Lys Asn Leu Ala Ala Gln Ala	
260	265
270	
aag gac gca acg tta gag aag ggt cag caa ggc tat gct gtg aca aag	864
Lys Asp Ala Thr Leu Glu Lys Gly Gln Gln Gly Tyr Ala Val Thr Lys	
275	280
285	
gac acc att tca agt gca gcg aaa acc gct tcg gag aaa act gcg cca	912
Asp Thr Ile Ser Ser Ala Ala Lys Thr Ala Ser Glu Lys Thr Ala Pro	
290	295
300	
gtg gca gag aag gcc aaa gac tac act ctt cag gct gcg gag aag gcc	960
Val Ala Glu Lys Ala Lys Asp Tyr Thr Leu Gln Ala Ala Glu Lys Ala	
305	310
315	320
aag agt gcg ggt ggc aca acg gcg agt tac gtc gga gag aaa gcg gtg	1008
Lys Ser Ala Gly Gly Thr Thr Ala Ser Tyr Val Gly Glu Lys Ala Val	
325	330
335	
cag gcc aag gat gtc gcc gtg gag agt ggg aag agt gcg gct ggg tat	1056
Gln Ala Lys Asp Val Ala Val Glu Ser Gly Lys Ser Ala Ala Gly Tyr	
340	345
350	

gct gcc aag gtg gct gct gat ttg agg gac aag gcc acc gcg gtg ggg	1104
Ala Ala Lys Val Ala Ala Asp Leu Arg Asp Lys Ala Thr Ala Val Gly	
355 360 365	
tgg gcc gcg gcc cat ttt tcg gcg gaa aag acg gtg gaa ggg acc aag	1152
Trp Ala Ala Ala His Phe Ser Ala Glu Lys Thr Val Glu Gly Thr Lys	
370 375 380	
gcc gcc gcc cat gtt gtc gag gga gcg gcc ggg tat gcc gga cat aag	1200
Ala Ala Ala His Val Val Glu Gly Ala Ala Gly Tyr Ala Gly His Lys	
385 390 395 400	
gcc gcg gag ctt gct tcg atg tcg gcc ggt gct gtt aaa ggg ctg gct	1248
Ala Ala Glu Leu Ala Ser Met Ser Ala Gly Ala Val Lys Gly Leu Ala	
405 410 415	
gct tct gct ggt gag act gct aag gaa tac acc gca aag aag aaa gag	1296
Ala Ser Ala Gly Glu Thr Ala Lys Glu Tyr Thr Ala Lys Lys Lys Glu	
420 425 430	
gag gca cag cgg gaa ttg gag gcc aaa aaa cca tct caa cct cag gaa	1344
Glu Ala Gln Arg Glu Leu Glu Ala Lys Lys Pro Ser Gln Pro Gln Glu	
435 440 445	
gct gaa gag agg cca tca gaa gga att ggc gaa act gtg agg cag tat	1392
Ala Glu Glu Arg Pro Ser Glu Gly Ile Gly Glu Thr Val Arg Gln Tyr	
450 455 460	
gca caa aaa cca aag cca agt gaa gga aac cct cag aag gag gga acc	1440
Ala Gln Lys Pro Lys Pro Ser Glu Gly Asn Pro Gln Lys Glu Gly Thr	
465 470 475 480	
gga agc atc gtg ttt aca gca ata ggc gaa aca gta agc agt gcc ggt	1488
Gly Ser Ile Val Phe Thr Ala Ile Gly Glu Thr Val Ser Ser Ala Gly	
485 490 495	
gag aag gta aag aaa ccg ttt aaa aac act atg gga gga gaa agt gaa	1536
Glu Lys Val Lys Lys Pro Phe Lys Asn Thr Met Gly Gly Glu Ser Glu	

500	505	510	
gga gga gga ggg aaa gaa gag gga aag agt gtc att ggt aaa agt ttg			1584
Gly Gly Gly Gly Lys Glu Glu Gly Lys Ser Val Ile Gly Lys Ser Leu			
515	520	525	
acc agc att ggt gag aag ctg ggt gat gca aaa cag aga gag gag ctg			1632
Thr Ser Ile Gly Glu Lys Leu Gly Asp Ala Lys Gln Arg Glu Glu Leu			
530	535	540	
tta gac aac gtc act ggc aac atc acc gag gga gga ggc gag gtg ttg			1680
Leu Asp Asn Val Thr Gly Asn Ile Thr Glu Gly Gly Gly Glu Val Leu			
545	550	555	560
gga gca gta ggt gaa acc gtt gct gag att gga cag aac atg atg aag			1728
Gly Ala Val Gly Glu Thr Val Ala Glu Ile Gly Gln Asn Met Met Lys			
565	570	575	
cca gcg gag ata gtt cag gaa cgc gct cac gtt cga caa gcg ggt ggg			1776
Pro Ala Glu Ile Val Gln Glu Arg Ala His Val Arg Gln Ala Gly Gly			
580	585	590	
gtc ttg gat gcc att ggt gaa acc att gct gag att gct gaa acg act			1824
Val Leu Asp Ala Ile Gly Glu Thr Ile Ala Glu Ile Ala Glu Thr Thr			
595	600	605	
cga gtc atg gtt tct gga gag gac gag aga gtg ctg agg cag agc gtg			1872
Arg Val Met Val Ser Gly Glu Asp Glu Arg Val Leu Arg Gln Ser Val			
610	615	620	
gtg ttg gag act cgc gta act ggt cgt gcc aag cat gaa gaa ggg tcg			1920
Val Leu Glu Thr Arg Val Thr Gly Arg Ala Lys His Glu Glu Gly Ser			
625	630	635	640
cac ggt gct			1929
His Gly Ala			

<210> 12
 <211> 643
 <212> PRT

<213> Glycine max

<400> 12

Met Ala Ser Glu Gln Leu Ala Arg Arg Glu Asn Thr Thr Thr Glu Lys

1 5 10 15

Glu Ile His Val Glu Lys His Arg Val Pro Lys Met Ala Thr His Phe

20 25 30

Glu His Leu Ala Glu Gln Ala Lys Glu Ser Asp Ile Thr Ala Gly Lys

35 40 45

Asp Thr Pro Gln Gly Ser Ile Glu Ala Leu Gln Ala Gly Glu Arg Val

50 55 60

Lys Asp His Ala Gly Lys Ala Met Gly Asp Ile Gly Gly Arg Gly Lys

65 70 75 80

Ala Arg Glu Thr His Glu Leu Gly Ala His Phe Glu Ser Leu Ala Asp

85 90 95

Lys Val Thr Asp His Ala Ala Ala Asn Val Val Gly Asn Lys Glu Ser

100 105 110

Gln Arg Glu Ala Arg Gly Gly Val Arg Asp Val Gly Lys Phe Glu Met

115 120 125

Arg Thr Glu Gly Gly Glu Lys Gly Asn Lys Asp Arg Pro Glu Leu Lys

130 135 140

Thr Arg Thr Arg Glu Val Ile Gly Arg Thr Glu Lys Glu Arg Gly Arg

145 150 155 160

Glu Ser Gly Gly Gln Val Val Ala Glu Lys Gly Arg Glu Thr Glu Thr

165 170 175

Ala Arg Gly Arg Val Gly Ala Glu Asn Glu Gly Ala Arg Thr Thr Ala

180 185 190

Val Ile Thr Cys Thr Leu Glu Lys Gly Gly Gly Thr Gln Lys Pro Ile

195 200 205

Arg Glu Glu Glu Arg Glu Ser Glu Ser Glu Arg Ser Ala Trp Glu Gln

210 215 220

Ile Ser Asn Tyr Ser Asp Gln Ala Thr Gln Gly Val Lys Glu Lys Tyr

225 230 235 240

Glu Arg Ala Lys Gln Ala Ala Ser Glu Thr Leu Asn Thr Thr Thr Gln

245 250 255

Thr Ala Gln Glu Lys Ser Ala Gln Ala Lys Asn Leu Ala Ala Gln Ala

260 265 270

Lys Asp Ala Thr Leu Glu Lys Gly Gln Gln Gly Tyr Ala Val Thr Lys

275 280 285

Asp Thr Ile Ser Ser Ala Ala Lys Thr Ala Ser Glu Lys Thr Ala Pro

290 295 300

Val Ala Glu Lys Ala Lys Asp Tyr Thr Leu Gln Ala Ala Glu Lys Ala

305 310 315 320

Lys Ser Ala Gly Gly Thr Thr Ala Ser Tyr Val Gly Glu Lys Ala Val

325 330 335

Gln Ala Lys Asp Val Ala Val Glu Ser Gly Lys Ser Ala Ala Gly Tyr

340 345 350

Ala Ala Lys Val Ala Ala Asp Leu Arg Asp Lys Ala Thr Ala Val Gly

355 360 365

Trp Ala Ala Ala His Phe Ser Ala Glu Lys Thr Val Glu Gly Thr Lys

370 375 380

Ala Ala Ala His Val Val Glu Gly Ala Ala Gly Tyr Ala Gly His Lys

385 390 395 400

Ala Ala Glu Leu Ala Ser Met Ser Ala Gly Ala Val Lys Gly Leu Ala

405 410 415

Ala Ser Ala Gly Glu Thr Ala Lys Glu Tyr Thr Ala Lys Lys Lys Glu

420 425 430

Glu Ala Gln Arg Glu Leu Glu Ala Lys Lys Pro Ser Gln Pro Gln Glu

435 440 445

Ala Glu Glu Arg Pro Ser Glu Gly Ile Gly Glu Thr Val Arg Gln Tyr

450 455 460

Ala Gln Lys Pro Lys Pro Ser Glu Gly Asn Pro Gln Lys Glu Gly Thr

465 470 475 480

Gly Ser Ile Val Phe Thr Ala Ile Gly Glu Thr Val Ser Ser Ala Gly

485 490 495
Glu Lys Val Lys Lys Pro Phe Lys Asn Thr Met Gly Gly Glu Ser Glu

500 505 510
Gly Gly Gly Gly Lys Glu Glu Gly Lys Ser Val Ile Gly Lys Ser Leu

515 520 525
Thr Ser Ile Gly Glu Lys Leu Gly Asp Ala Lys Gln Arg Glu Glu Leu

530 535 540
Leu Asp Asn Val Thr Gly Asn Ile Thr Glu Gly Gly Gly Glu Val Leu

545 550 555 560
Gly Ala Val Gly Glu Thr Val Ala Glu Ile Gly Gln Asn Met Met Lys

565 570 575
Pro Ala Glu Ile Val Gln Glu Arg Ala His Val Arg Gln Ala Gly Gly

580 585 590
Val Leu Asp Ala Ile Gly Glu Thr Ile Ala Glu Ile Ala Glu Thr Thr

595 600 605
Arg Val Met Val Ser Gly Glu Asp Glu Arg Val Leu Arg Gln Ser Val

610 615 620
Val Leu Glu Thr Arg Val Thr Gly Arg Ala Lys His Glu Glu Gly Ser

625 630 635 640
His Gly Ala

<210> 13

<211> 771

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(771)

<220><221> misc_feature

<222> (242)..(242)

<223> n is a, c, g, or t

<400> 13

atg gcc ctt tct tgc tcc aaa gtt tta agc ttt tat ctc tgc ccc gtt

48

Met	Ala	Leu	Ser	Cys	Ser	Lys	Val	Leu	Ser	Phe	Tyr	Leu	Ser	Pro	Val	
1			5					10					15			
gtg	ggt	ggt	ggt	gat	gtt	ccg	aaa	aag	ctc	act	ttt	tct	tct	ttt	ttg	96
Val	Gly	Gly	Gly	Asp	Val	Pro	Lys	Lys	Leu	Thr	Phe	Ser	Ser	Phe	Leu	
			20					25					30			
ggt	ctt	tct	aag	ggt	gtt	ggt	gga	agc	agg	agc	tcg	agg	gtg	tgt	gct	144
Gly	Leu	Ser	Lys	Gly	Val	Gly	Gly	Ser	Arg	Ser	Ser	Arg	Val	Cys	Ala	
			35					40				45				
gct	tca	aat	gca	ccc	gca	cca	ctc	gct	ggg	gtc	ata	ttt	gaa	cca	ttt	192
Ala	Ser	Asn	Ala	Pro	Ala	Pro	Leu	Ala	Gly	Val	Ile	Phe	Glu	Pro	Phe	
	50					55				60						
caa	gag	ctc	aag	aag	gat	tat	ctt	gct	gtt	ccg	att	gca	cac	aat	gtt	240
Gln	Glu	Leu	Lys	Lys	Asp	Tyr	Leu	Ala	Val	Pro	Ile	Ala	His	Asn	Val	
65					70					75					80	
tnc	ttg	gct	cgt	cag	aac	tat	gca	gat	gac	tct	gaa	tct	gca	atc	aac	288
Xaa	Leu	Ala	Arg	Gln	Asn	Tyr	Ala	Asp	Asp	Ser	Glu	Ser	Ala	Ile	Asn	
				85						90				95		
gag	cag	atc	aat	gtg	gaa	tac	aac	gtt	tcc	tat	gtg	tac	cac	gcc	ttg	336
Glu	Gln	Ile	Asn	Val	Glu	Tyr	Asn	Val	Ser	Tyr	Val	Tyr	His	Ala	Leu	
				100					105					110		
ttt	gcg	tac	ttc	gac	aga	gac	aac	ata	gct	ctc	aaa	gga	ctt	gca	aag	384
Phe	Ala	Tyr	Phe	Asp	Arg	Asp	Asn	Ile	Ala	Leu	Lys	Gly	Leu	Ala	Lys	
				115					120				125			
ttc	ttc	aag	gaa	tca	agt	gaa	gaa	gaa	aga	gag	cat	gcc	gag	cag	ctt	432
Phe	Phe	Lys	Glu	Ser	Ser	Glu	Glu	Glu	Arg	Glu	His	Ala	Glu	Gln	Leu	
				130				135				140				
ata	aag	tat	cag	aac	att	cgt	ggt	gga	cga	gtg	gtg	ctg	cac	cca	atc	480
Ile	Lys	Tyr	Gln	Asn	Ile	Arg	Gly	Gly	Arg	Val	Val	Leu	His	Pro	Ile	
145					150					155					160	
aca	agt	cct	ccc	tcg	gaa	ttt	gag	cat	tcg	gaa	aaa	ggg	gat	gcc	ttg	528

Thr Ser Pro Pro Ser Glu Phe Glu His Ser Glu Lys Gly Asp Ala Leu

165	170	175	
tat gcc atg gaa cta gct ttg tct ttg gag aag ttg acg aat gag aaa			576
Tyr Ala Met Glu Leu Ala Leu Ser Leu Glu Lys Leu Thr Asn Glu Lys			
180	185	190	
ctt ctg cac gtt cac agt gtg gca gaa cgt aac aat gat cct caa ytd			624
Leu Leu His Val His Ser Val Ala Glu Arg Asn Asn Asp Pro Gln Xaa			
195	200	205	
gca gac ttc att gag agc gag ttc ttg tat gag cag gtt aaa tcg att			672
Ala Asp Phe Ile Glu Ser Glu Phe Leu Tyr Glu Gln Val Lys Ser Ile			
210	215	220	
aaa aag att gca gag tat gtg gct caa ctg aga tta gtt gga aag ggt			720
Lys Lys Ile Ala Glu Tyr Val Ala Gln Leu Arg Leu Val Gly Lys Gly			
225	230	235	240
cat ggt gtg tgg cac ttt gat caa aag ctt ctt cac gat gaa gat cat			768

His Gly Val Trp His Phe Asp Gln Lys Leu Leu His Asp Glu Asp His

245	250	255	
gta			771
Val			

<210> 14

<211> 257

<212> PRT

<213> Glycine max

<220><221> misc_feature

<222> (81)..(81)

<223> The 'Xaa' at location 81 stands for Tyr, Cys, Ser, or Phe.

<220><221> misc_feature

<222> (208)..(208)

<223> The 'Xaa' at location 208 stands for Leu, or Phe.

<400> 14

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

	245	250	255	
Val				
<210>	15			
<211>	2421			
<212>	DNA			
<213>	Glycine max			
<220><221>	CDS			
<222>	(1)..(2421)			
<400>	15			
atg tct cag caa ggc gaa tca tcg gac ccg aaa tcg ggg aag aag gac				48
Met Ser Gln Gln Gly Glu Ser Ser Asp Pro Lys Ser Gly Lys Lys Asp				
1 5 10 15				
ttc tca acc gcg att ctg gaa cgc aaa aag tcg ccg aac cgg ctt gtc				96
Phe Ser Thr Ala Ile Leu Glu Arg Lys Lys Ser Pro Asn Arg Leu Val				
20 25 30				
gtg gat gag gct gtc aac gac gac aac tcc gtg gtc acc atg cat ccc				144
Val Asp Glu Ala Val Asn Asp Asp Asn Ser Val Val Thr Met His Pro				
35 40 45				
caa acc atg gaa aag ctt cag ctt ttc cga ggg gac act atc ctc atc				192
Gln Thr Met Glu Lys Leu Gln Leu Phe Arg Gly Asp Thr Ile Leu Ile				
50 55 60				
aag ggt aag aaa cgg aag gat acc att tgc ata gct ctt gct gat gag				240
Lys Gly Lys Lys Arg Lys Asp Thr Ile Cys Ile Ala Leu Ala Asp Glu				
65 70 75 80				
aac tgt gag gag ccg aag atc agg atg aat aaa gtt gtg agg tca aat				288
Asn Cys Glu Glu Pro Lys Ile Arg Met Asn Lys Val Val Arg Ser Asn				
85 90 95				
ttg cgg gtt cgg ctt gga gat gtt gtg tct gtg cac cag tgc ccg gat				336
Leu Arg Val Arg Leu Gly Asp Val Val Ser Val His Gln Cys Pro Asp				
100 105 110				
gtt aaa tat ggg aaa cgt gtg cac att ctg cct att gat gat acc att				384

Val Lys Tyr Gly Lys Arg Val His Ile Leu Pro Ile Asp Asp Thr Ile	
115 120 125	
gaa ggt gtc act ggc aat ctg ttt gat gct ttc ttg aaa ccc tat ttc	432
Glu Gly Val Thr Gly Asn Leu Phe Asp Ala Phe Leu Lys Pro Tyr Phe	
130 135 140	
ttg gaa gct tac cgt cct gtc aga aaa gga gat cta ttt ctt gtc cgg	480
Leu Glu Ala Tyr Arg Pro Val Arg Lys Gly Asp Leu Phe Leu Val Arg	
145 150 155 160	
gga ggg atg aga agt gta gag ttc aag gtg gtt gaa acc gat cct gga	528
Gly Gly Met Arg Ser Val Glu Phe Lys Val Val Glu Thr Asp Pro Gly	
165 170 175	
gaa tat tgt gtt gtt gct cca gac act gaa att ttc tgt gag ggg gag	576
Glu Tyr Cys Val Val Ala Pro Asp Thr Glu Ile Phe Cys Glu Gly Glu	
180 185 190	
cct ttg aaa aga gaa gat gaa gag aga ctg gat gaa gtc ggg tat gat	624
Pro Leu Lys Arg Glu Asp Glu Glu Arg Leu Asp Glu Val Gly Tyr Asp	
195 200 205	
gat gtg ggt ggt gtc agg aaa caa atg gct cag att cgt gag ttg gtt	672
Asp Val Gly Gly Val Arg Lys Gln Met Ala Gln Ile Arg Glu Leu Val	
210 215 220	
gag ctt cca ttg agg cat cca cag ctt ttt aaa tca att ggt gtg aaa	720
Glu Leu Pro Leu Arg His Pro Gln Leu Phe Lys Ser Ile Gly Val Lys	
225 230 235 240	
cca ccc aaa gga att tta ctt tat gga ccc cca ggt tct ggg aag aca	768
Pro Pro Lys Gly Ile Leu Leu Tyr Gly Pro Pro Gly Ser Gly Lys Thr	
245 250 255	
tta ata gca aga gct gta gct aat gaa act gga gct ttt ttc ttt tgt	816
Leu Ile Ala Arg Ala Val Ala Asn Glu Thr Gly Ala Phe Phe Phe Cys	
260 265 270	
att aac gga cca gag att atg tcc aaa ctt gct gga gag agt gaa agc	864

Ile Asn Gly Pro Glu Ile Met Ser Lys Leu Ala Gly Glu Ser Glu Ser

275	280	285	
aat ctc agg aaa gcg ttt gaa gaa gca gaa aag aat gca cca tcc att			912
Asn Leu Arg Lys Ala Phe Glu Glu Ala Glu Lys Asn Ala Pro Ser Ile			
290	295	300	
atc ttc att gat gaa att gat tcc att gcc ccc aag cgg gag aag aca			960
Ile Phe Ile Asp Glu Ile Asp Ser Ile Ala Pro Lys Arg Glu Lys Thr			
305	310	315	320
cat ggt gaa gtt gaa agg agg att gtt tca caa ctt ttg act ctt atg			1008
His Gly Glu Val Glu Arg Arg Ile Val Ser Gln Leu Leu Thr Leu Met			
325	330	335	
gat gga tta aaa tct cgt gct cat gtt att gtt att gga gct act aat			1056
Asp Gly Leu Lys Ser Arg Ala His Val Ile Val Ile Gly Ala Thr Asn			
340	345	350	
cgt cca aat agc att gac cca gca ttg aga agg ttt ggt aga ttt gat			1104
Arg Pro Asn Ser Ile Asp Pro Ala Leu Arg Arg Phe Gly Arg Phe Asp			
355	360	365	
agg gaa att gat att ggt gtt ccc gat gaa gtt ggg aga ctt gaa gtc			1152
Arg Glu Ile Asp Ile Gly Val Pro Asp Glu Val Gly Arg Leu Glu Val			
370	375	380	
ctt cgc ata cat act aaa aac atg aag cta tct gat gat gtt gat tta			1200
Leu Arg Ile His Thr Lys Asn Met Lys Leu Ser Asp Asp Val Asp Leu			
385	390	395	400
gag aga att gca aaa gat act cat ggg tat gtt ggt gct gac ctt gct			1248
Glu Arg Ile Ala Lys Asp Thr His Gly Tyr Val Gly Ala Asp Leu Ala			
405	410	415	
gcc ctt tgc act gaa gct gct ttg caa tgc att agg gag aag atg gat			1296
Ala Leu Cys Thr Glu Ala Ala Leu Gln Cys Ile Arg Glu Lys Met Asp			
420	425	430	

gta att gac ttg gag gat gag act att gat gca gaa gta ctg aat tcc	1344
Val Ile Asp Leu Glu Asp Glu Thr Ile Asp Ala Glu Val Leu Asn Ser	
435 440 445	
atg gca gtt aca aat gag cat ttc cag act gcc ctt gga aca agc aac	1392
Met Ala Val Thr Asn Glu His Phe Gln Thr Ala Leu Gly Thr Ser Asn	
450 455 460	
cca tca gct tta cgt gaa act gtt gtt gaa gtg cct aat gtc agc tgg	1440
Pro Ser Ala Leu Arg Glu Thr Val Val Glu Val Pro Asn Val Ser Trp	
465 470 475 480	
gaa gac att gga ggc ctt gaa aat gtc aag cgt gaa ctg caa gag act	1488
Glu Asp Ile Gly Gly Leu Glu Asn Val Lys Arg Glu Leu Gln Glu Thr	
485 490 495	
gta caa tat cca gtt gag cac cca gaa aag ttt gag aag ttt ggt atg	1536
Val Gln Tyr Pro Val Glu His Pro Glu Lys Phe Glu Lys Phe Gly Met	
500 505 510	
tct cca tct aaa gga gta ctt ttc tat ggt cct cca gga tgt ggg aaa	1584
Ser Pro Ser Lys Gly Val Leu Phe Tyr Gly Pro Pro Gly Cys Gly Lys	
515 520 525	
act ttg tta gcc aaa gca att gct aat gaa tgt caa gct aac ttc atc	1632
Thr Leu Leu Ala Lys Ala Ile Ala Asn Glu Cys Gln Ala Asn Phe Ile	
530 535 540	
agt gtg aaa ggt cca gaa ttg ctt aca atg tgg ttt ggt gaa agt gaa	1680
Ser Val Lys Gly Pro Glu Leu Leu Thr Met Trp Phe Gly Glu Ser Glu	
545 550 555 560	
gct aat gtt aga gaa att ttt gac aag gcc aga caa tcg gct cca tgt	1728
Ala Asn Val Arg Glu Ile Phe Asp Lys Ala Arg Gln Ser Ala Pro Cys	
565 570 575	
gtc ctc ttc ttt gat gag ctt gac tct att gcc act cag aga gga agc	1776
Val Leu Phe Phe Asp Glu Leu Asp Ser Ile Ala Thr Gln Arg Gly Ser	
580 585 590	
agt gtt ggg gat gct ggt ggt gcg gct gat aga gtt cta aat caa ctt	1824

Ser Val Gly Asp Ala Gly Gly Ala Ala Asp Arg Val Leu Asn Gln Leu	
595 600 605	
ttg act gaa atg gat ggc atg tct gcc aaa aag act gtg ttc ata att	1872
Leu Thr Glu Met Asp Gly Met Ser Ala Lys Lys Thr Val Phe Ile Ile	
610 615 620	
ggg gca act aac aga cct gac atc att gac cca gca ctt ctt cga cca	1920
Gly Ala Thr Asn Arg Pro Asp Ile Ile Asp Pro Ala Leu Leu Arg Pro	
625 630 635 640	
ggc cgt ctg gat caa ttg atc tat att cct ctc cct gat gag gat tcc	1968
Gly Arg Leu Asp Gln Leu Ile Tyr Ile Pro Leu Pro Asp Glu Asp Ser	
645 650 655	
cgg cat caa atc ttt aaa gcc tgc ttg agg aag tca cct atc gca aaa	2016
Arg His Gln Ile Phe Lys Ala Cys Leu Arg Lys Ser Pro Ile Ala Lys	
660 665 670	
aat gtt gat ttg aga gca ttg gct agg cac act caa ggg ttc agt ggt	2064
Asn Val Asp Leu Arg Ala Leu Ala Arg His Thr Gln Gly Phe Ser Gly	
675 680 685	
gct gat att aca gaa ata tgc cag cga gca tgc aaa tat gcc ata aga	2112
Ala Asp Ile Thr Glu Ile Cys Gln Arg Ala Cys Lys Tyr Ala Ile Arg	
690 695 700	
gaa aac ata gag aag gac att gag cga gag agg aag agt agg gaa aac	2160
Glu Asn Ile Glu Lys Asp Ile Glu Arg Glu Arg Lys Ser Arg Glu Asn	
705 710 715 720	
cct gag gcc atg gat gaa gat acc gtc gac gac gaa gtt gcg gag atc	2208
Pro Glu Ala Met Asp Glu Asp Thr Val Asp Asp Glu Val Ala Glu Ile	
725 730 735	
aag gct gct cat ttt gag gag tca atg aag ttt gca cgg agg agt gtt	2256
Lys Ala Ala His Phe Glu Glu Ser Met Lys Phe Ala Arg Arg Ser Val	
740 745 750	
agt gat gct gat att cgc aag tat cag gca ttt gct cag acc tta cag	2304
Ser Asp Ala Asp Ile Arg Lys Tyr Gln Ala Phe Ala Gln Thr Leu Gln	

755	760	765	
caa tca aga ggg ttt gga agt gaa ttt agg ttt cca gag tct gga gat			2352
Gln Ser Arg Gly Phe Gly Ser Glu Phe Arg Phe Pro Glu Ser Gly Asp			
770	775	780	
agg act act act gga tct gac ccc ttt gca gct tct gct ggt ggg gct			2400
Arg Thr Thr Thr Gly Ser Asp Pro Phe Ala Ala Ser Ala Gly Gly Ala			
785	790	795	800
gac gaa gat gat cta tat agt			2421

Asp Glu Asp Asp Leu Tyr Ser

805

<210> 16

<211> 807

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 16

Met Ser Gln Gln Gly Glu Ser Ser Asp Pro Lys Ser Gly Lys Lys Asp

1 5 10 15

Phe Ser Thr Ala Ile Leu Glu Arg Lys Lys Ser Pro Asn Arg Leu Val

20 25 30

Val Asp Glu Ala Val Asn Asp Asp Asn Ser Val Val Thr Met His Pro

35 40 45

Gln Thr Met Glu Lys Leu Gln Leu Phe Arg Gly Asp Thr Ile Leu Ile

50 55 60

Lys Gly Lys Lys Arg Lys Asp Thr Ile Cys Ile Ala Leu Ala Asp Glu

65 70 75 80

Asn Cys Glu Glu Pro Lys Ile Arg Met Asn Lys Val Val Arg Ser Asn

85 90 95

Leu Arg Val Arg Leu Gly Asp Val Val Ser Val His Gln Cys Pro Asp

100 105 110

Val Lys Tyr Gly Lys Arg Val His Ile Leu Pro Ile Asp Asp Thr Ile

115 120 125

Glu Gly Val Thr Gly Asn Leu Phe Asp Ala Phe Leu Lys Pro Tyr Phe
 130 135 140
 Leu Glu Ala Tyr Arg Pro Val Arg Lys Gly Asp Leu Phe Leu Val Arg
 145 150 155 160
 Gly Gly Met Arg Ser Val Glu Phe Lys Val Val Glu Thr Asp Pro Gly
 165 170 175
 Glu Tyr Cys Val Val Ala Pro Asp Thr Glu Ile Phe Cys Glu Gly Glu
 180 185 190
 Pro Leu Lys Arg Glu Asp Glu Glu Arg Leu Asp Glu Val Gly Tyr Asp
 195 200 205
 Asp Val Gly Gly Val Arg Lys Gln Met Ala Gln Ile Arg Glu Leu Val
 210 215 220
 Glu Leu Pro Leu Arg His Pro Gln Leu Phe Lys Ser Ile Gly Val Lys
 225 230 235 240
 Pro Pro Lys Gly Ile Leu Leu Tyr Gly Pro Pro Gly Ser Gly Lys Thr
 245 250 255
 Leu Ile Ala Arg Ala Val Ala Asn Glu Thr Gly Ala Phe Phe Phe Cys
 260 265 270
 Ile Asn Gly Pro Glu Ile Met Ser Lys Leu Ala Gly Glu Ser Glu Ser
 275 280 285
 Asn Leu Arg Lys Ala Phe Glu Glu Ala Glu Lys Asn Ala Pro Ser Ile
 290 295 300
 Ile Phe Ile Asp Glu Ile Asp Ser Ile Ala Pro Lys Arg Glu Lys Thr
 305 310 315 320
 His Gly Glu Val Glu Arg Arg Ile Val Ser Gln Leu Leu Thr Leu Met
 325 330 335
 Asp Gly Leu Lys Ser Arg Ala His Val Ile Val Ile Gly Ala Thr Asn
 340 345 350
 Arg Pro Asn Ser Ile Asp Pro Ala Leu Arg Arg Phe Gly Arg Phe Asp
 355 360 365
 Arg Glu Ile Asp Ile Gly Val Pro Asp Glu Val Gly Arg Leu Glu Val

370 375 380
 Leu Arg Ile His Thr Lys Asn Met Lys Leu Ser Asp Asp Val Asp Leu
 385 390 395 400
 Glu Arg Ile Ala Lys Asp Thr His Gly Tyr Val Gly Ala Asp Leu Ala
 405 410 415
 Ala Leu Cys Thr Glu Ala Ala Leu Gln Cys Ile Arg Glu Lys Met Asp

 420 425 430
 Val Ile Asp Leu Glu Asp Glu Thr Ile Asp Ala Glu Val Leu Asn Ser
 435 440 445
 Met Ala Val Thr Asn Glu His Phe Gln Thr Ala Leu Gly Thr Ser Asn
 450 455 460
 Pro Ser Ala Leu Arg Glu Thr Val Val Glu Val Pro Asn Val Ser Trp
 465 470 475 480
 Glu Asp Ile Gly Gly Leu Glu Asn Val Lys Arg Glu Leu Gln Glu Thr

 485 490 495
 Val Gln Tyr Pro Val Glu His Pro Glu Lys Phe Glu Lys Phe Gly Met
 500 505 510
 Ser Pro Ser Lys Gly Val Leu Phe Tyr Gly Pro Pro Gly Cys Gly Lys
 515 520 525
 Thr Leu Leu Ala Lys Ala Ile Ala Asn Glu Cys Gln Ala Asn Phe Ile
 530 535 540
 Ser Val Lys Gly Pro Glu Leu Leu Thr Met Trp Phe Gly Glu Ser Glu

 545 550 555 560
 Ala Asn Val Arg Glu Ile Phe Asp Lys Ala Arg Gln Ser Ala Pro Cys
 565 570 575
 Val Leu Phe Phe Asp Glu Leu Asp Ser Ile Ala Thr Gln Arg Gly Ser
 580 585 590
 Ser Val Gly Asp Ala Gly Gly Ala Ala Asp Arg Val Leu Asn Gln Leu
 595 600 605
 Leu Thr Glu Met Asp Gly Met Ser Ala Lys Lys Thr Val Phe Ile Ile

 610 615 620

Gly Ala Thr Asn Arg Pro Asp Ile Ile Asp Pro Ala Leu Leu Arg Pro
 625 630 635 640
 Gly Arg Leu Asp Gln Leu Ile Tyr Ile Pro Leu Pro Asp Glu Asp Ser
 645 650 655
 Arg His Gln Ile Phe Lys Ala Cys Leu Arg Lys Ser Pro Ile Ala Lys
 660 665 670
 Asn Val Asp Leu Arg Ala Leu Ala Arg His Thr Gln Gly Phe Ser Gly

 675 680 685
 Ala Asp Ile Thr Glu Ile Cys Gln Arg Ala Cys Lys Tyr Ala Ile Arg
 690 695 700
 Glu Asn Ile Glu Lys Asp Ile Glu Arg Glu Arg Lys Ser Arg Glu Asn
 705 710 715 720
 Pro Glu Ala Met Asp Glu Asp Thr Val Asp Asp Glu Val Ala Glu Ile
 725 730 735
 Lys Ala Ala His Phe Glu Glu Ser Met Lys Phe Ala Arg Arg Ser Val

 740 745 750
 Ser Asp Ala Asp Ile Arg Lys Tyr Gln Ala Phe Ala Gln Thr Leu Gln
 755 760 765
 Gln Ser Arg Gly Phe Gly Ser Glu Phe Arg Phe Pro Glu Ser Gly Asp
 770 775 780
 Arg Thr Thr Thr Gly Ser Asp Pro Phe Ala Ala Ser Ala Gly Gly Ala
 785 790 795 800
 Asp Glu Asp Asp Leu Tyr Ser
 805

<210> 17

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 17

Asp Gln Ser Ser Ser Tyr Asp Asp Asp Glu Tyr Ser Lys

1 5 10

<210> 18

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 18

Lys Ser Asp Gln Ser Ser Ser Tyr Asp Asp Asp Glu Tyr Ser Lys

1 5 10 15

<210> 19

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 19

Ser Asp Gln Ser Ser Ser Tyr Asp Asp Asp Glu Tyr Ser Lys

1 5 10

<210> 20

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 20

Ser Tyr Asp Asp Asp Glu Tyr Ser Lys

1 5

<210> 21

<211> 18

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 21

Ala Leu Arg Ala Leu Arg Leu Glu Asp Leu Arg Ile Pro Thr Ala Tyr

1 5 10 15

Ile Lys

<210> 22

<211> 18

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 22

Ala Leu Arg Leu Ser Gly Gly Asp His Val His Ala Gly Thr Val Val

1 5 10 15

Gly Lys

<210> 23

<211> 22

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 23

Leu Glu Gly Glu Arg Glu Ile Thr Leu Gly Phe Val Asp Leu Leu Arg

1 5 10 15

Asp Asp Phe Val Glu Lys

20

<210> 24

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 24

Leu Arg Leu Glu Asp Leu Arg Ile Pro Thr Ala Tyr Ile Lys

1 5 10

<210> 25

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 25

Leu Thr Tyr Tyr Thr Pro Asp Tyr Glu Thr Lys

1 5 10

<210> 26

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 26

Thr Asp Gly Leu Thr Ser Leu Asp Arg Tyr Lys

1 5 10

<210> 27

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 27

Thr Phe Gln Gly Pro Pro His Gly Ile Gln Val Glu Arg Asp

1 5 10

<210> 28

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 28

Thr Phe Gln Gly Pro Pro His Gly Ile Gln Val Glu Arg Asp Lys

1 5 10 15

<210> 29

<211> 24

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 29

Ala Pro His Thr Glu Asp Ala Ile Arg Val Thr Gln Ser Thr Ala Asn

1 5 10 15

Phe Phe Ile Ser Glu Ala Arg Lys

20

<210> 30

<211> 23

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 30

Phe Val Glu Ser Gly Gly Ala Arg Val Ile Pro Leu Ile Tyr Asn Glu

1 5 10 15

Ser Pro Glu Asn Leu Asn Lys

20

<210> 31

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 31

Ile Trp Asp Leu Glu Ser Lys

1 5

<210> 32

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 32

Ser Ile Val Glu Asp Leu Lys

1 5

<210> 33

<211> 21

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 33

Gln Glu Leu Asp Glu Arg Ala Arg Gln Gly Glu Thr Val Val Pro Gly

1 5 10 15

Gly Thr Gly Gly Lys

20

<210> 34

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 34

Ser Gly Glu Glu Arg Ala Gln Glu Glu Ala Ile Asp Ile Asp Glu Ser

1 5 10 15

Lys

<210> 35

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 35

Ala Ala Ala His Val Val Glu Gly Ala Ala Gly Tyr Ala Gly His Lys

1 5 10 15

<210> 36

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 36

Ala Lys Asp Tyr Thr Leu Gln Ala Ala Glu Lys

1 5 10

<210> 37

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 37

Ala Arg Glu Thr His Glu Leu Gly Ala His Phe Glu Ser Leu Ala Asp

1 5 10 15

Lys

<210> 38

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 38

Ala Thr Ala Val Gly Trp Ala Ala Ala His Phe Ser Ala Glu Lys

1 5 10 15

<210> 39

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 39

Asp Thr Pro Gln Gly Ser Ile Glu Ala Leu Gln Ala Gly Glu Arg Val

1 5 10 15

Lys

<210> 40

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 40

Asp Tyr Thr Leu Gln Ala Ala Glu Lys

1 5

<210> 41

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 41

Glu Glu Ala Gln Arg Glu Leu Glu Ala Lys

1 5 10

<210> 42

<211> 21

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 42

Glu Gly Thr Gly Ser Ile Val Phe Thr Ala Ile Gly Glu Thr Val Ser

1 5 10 15

Ser Ala Gly Glu Lys

20

<210> 43

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 43

Glu Arg Gly Arg Glu Ser Gly Gly Gln Val Val Ala Glu Lys

1 5 10

<210> 44

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 44

Gly Leu Ala Ala Ser Ala Gly Glu Thr Ala Lys

1 5 10

<210> 45

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 45

Gly Gln Gln Gly Tyr Ala Val Thr Lys

1 5

<210> 46

<211> 26

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 46

Lys Pro Ser Gln Pro Gln Glu Ala Glu Glu Arg Pro Ser Glu Gly Ile

1 5 10 15

Gly Glu Thr Val Arg Gln Tyr Ala Gln Lys

20 25

<210> 47

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 47

Pro Ala Glu Ile Val Gln Glu Arg

1 5

<210> 48

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 48

Pro Gln Gly Ser Ile Glu Ala Leu Gln Ala Gly Glu Arg Val Lys

1 5 10 15

<210> 49

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 49

Gln Ala Ala Ser Glu Thr Leu Asn Thr Thr Thr Gln Thr Ala Gln Glu

1 5 10 15

Lys

<210> 50

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 50

Ser Ala Gly Gly Thr Thr Ala Ser Tyr Val Gly Glu Lys

1 5 10

<210> 51

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 51

Ser Leu Thr Ser Ile Gly Glu Lys

1 5

<210> 52

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 52

Thr Pro Gln Gly Ser Ile Glu Ala Leu Gln Ala Gly Glu Arg Val Lys

1 5 10 15

<210> 53

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 53

Val Thr Asp His Ala Ala Ala Asn Val Val Gly Asn Lys

1 5 10

<210> 54

<211> 22

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 54

Ala Ala Ser Asn Ala Pro Ala Pro Leu Ala Gly Val Ile Phe Glu Pro

1 5 10 15

Phe Gln Glu Leu Lys Lys

20

<210> 55

<211> 21

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 55

Ala Ser Asn Ala Pro Ala Pro Leu Ala Gly Val Ile Phe Glu Pro Phe

1 5 10 15

Gln Glu Leu Lys Lys

20

<210> 56

<211> 18

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 56

Phe Phe Lys Glu Ser Ser Glu Glu Glu Arg Glu His Ala Glu Gln Leu

1 5 10 15

Ile Lys

<210> 57

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 57

Gly His Gly Val Trp His Phe Asp Gln Lys

1 5 10

<210> 58

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 58

Ile Ala Glu Tyr Val Ala Gln Leu Arg Leu Val Gly Lys

1 5 10

<210> 59

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 59

Lys Ile Ala Glu Tyr Val Ala Gln Leu Arg Leu Val Gly Lys

1 5 10

<210> 60

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 60

Leu Leu His Asp Glu Asp His Val

1 5

<210> 61

<211> 20

<212> PRT

<213> Glycine max
 <400> 61
 Ser Asn Ala Pro Ala Pro Leu Ala Gly Val Ile Phe Glu Pro Phe Gln
 1 5 10 15
 Glu Leu Lys Lys
 20
 <210> 62
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 62
 Ala Gly Glu Ser Glu Ser Asn Leu Arg Lys
 1 5 10
 <210> 63
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 63
 Gly Glu Ser Glu Ala Asn Val Arg Glu Ile Phe Asp Lys
 1 5 10
 <210> 64
 <211> 12
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 64
 Gly Ile Leu Leu Tyr Gly Pro Pro Gly Ser Gly Lys
 1 5 10
 <210> 65
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 65
 Leu Ala Gly Glu Ser Glu Ser Asn Leu Arg Lys
 1 5 10

<210> 66

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 66

Leu Ser Asp Asp Val Asp Leu Glu Arg Ile Ala Lys

1 5 10

<210> 67

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 67

Arg Glu Leu Gln Glu Thr Val Gln Tyr Pro Val Glu His Pro Glu Lys

1 5 10 15

<210> 68

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 68

Thr Val Phe Ile Ile Gly Ala Thr Asn Arg Pro Asp Ile Ile Asp

1 5 10 15

<210> 69

<211> 2448

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(2448)

<400> 69

atg agg aag tgg acg gtt gct tcc gct ctc ctt ctt ctc tct ctc etc 48

Met Arg Lys Trp Thr Val Ala Ser Ala Leu Leu Leu Ser Leu Leu

1 5 10 15

ttt ctc ttt gca gat caa ggt cga aag ttt cag gcg aat gcc gag gga 96

Phe Leu Phe Ala Asp Gln Gly Arg Lys Phe Gln Ala Asn Ala Glu Gly

20	25	30	
gat tcc gac gag ctt gta gat cca ccc aag gtg gag gac aag atc ggt			144
Asp Ser Asp Glu Leu Val Asp Pro Pro Lys Val Glu Asp Lys Ile Gly			
35	40	45	
gct gtg cct cat ggc ctt tca acc gat tca gat gtc gtc aag agg gag			192
Ala Val Pro His Gly Leu Ser Thr Asp Ser Asp Val Val Lys Arg Glu			
50	55	60	
gcg gag tcg atc tcg aag aga tct ctc cgg agc aac gcg gag aag ttt			240
Ala Glu Ser Ile Ser Lys Arg Ser Leu Arg Ser Asn Ala Glu Lys Phe			
65	70	75	80
gag ttc caa gcg gaa gtg tcg cgg ctt atg gat atc atc atc aat tct			288
Glu Phe Gln Ala Glu Val Ser Arg Leu Met Asp Ile Ile Ile Asn Ser			
85	90	95	
ctc tac agt aac aag gat atc ttc ctc aga gag ttg att tcc aat gct			336
Leu Tyr Ser Asn Lys Asp Ile Phe Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala			
100	105	110	
tct gat gct ttg gac aag att agg ttc ctc tcc ctc acg gat aag gag			384
Ser Asp Ala Leu Asp Lys Ile Arg Phe Leu Ser Leu Thr Asp Lys Glu			
115	120	125	
gtg ttg gga gaa ggt gat aac acc aag ctt gat att cag att aag ttg			432
Val Leu Gly Glu Gly Asp Asn Thr Lys Leu Asp Ile Gln Ile Lys Leu			
130	135	140	
gac aag gaa aag aaa att ctc tca att cga gac aga ggt atc ggt atg			480
Asp Lys Glu Lys Lys Ile Leu Ser Ile Arg Asp Arg Gly Ile Gly Met			
145	150	155	160
acg aag gag gat ttg ata aag aat ttg ggg aca ata gcg aaa tct gga			528
Thr Lys Glu Asp Leu Ile Lys Asn Leu Gly Thr Ile Ala Lys Ser Gly			
165	170	175	
act tct gca ttt gtt gag aag atg caa aca agt gga gat ctc aat ctg			576
Thr Ser Ala Phe Val Glu Lys Met Gln Thr Ser Gly Asp Leu Asn Leu			

180	185	190	
att ggg cag ttt gga gtc ggc ttc tac tct gtt tat ctt gtg gcc gac			624
Ile Gly Gln Phe Gly Val Gly Phe Tyr Ser Val Tyr Leu Val Ala Asp			
195	200	205	
tat gtc gaa gtt att agc aag aat aac gat gat aag cag tat gta tgg			672
Tyr Val Glu Val Ile Ser Lys Asn Asn Asp Asp Lys Gln Tyr Val Trp			
210	215	220	
gaa tca aaa gct gat gga gca ttc gct att tca gaa gat aca tgg aat			720
Glu Ser Lys Ala Asp Gly Ala Phe Ala Ile Ser Glu Asp Thr Trp Asn			
225	230	235	240
gaa cca ctt gga cga gga act gag att aga tta cac ctc aag gaa gag			768
Glu Pro Leu Gly Arg Gly Thr Glu Ile Arg Leu His Leu Lys Glu Glu			
245	250	255	
gct ggg gaa tac ttg gag gag tct aaa ctg aaa gaa ttg gtg aag aga			816
Ala Gly Glu Tyr Leu Glu Glu Ser Lys Leu Lys Glu Leu Val Lys Arg			
260	265	270	
tac tct gaa ttt att aac ttc cct atc tat att tgg gca agc aaa gaa			864
Tyr Ser Glu Phe Ile Asn Phe Pro Ile Tyr Ile Trp Ala Ser Lys Glu			
275	280	285	
gtt gat gtg gag gtt ccc gct gat gaa gat gat tcc agt gat gaa gag			912
Val Asp Val Glu Val Pro Ala Asp Glu Asp Asp Ser Ser Asp Glu Glu			
290	295	300	
gat tca tct gaa agc agc tcc aag gag gaa agc gaa gat gaa gat gct			960
Asp Ser Ser Glu Ser Ser Ser Lys Glu Glu Ser Glu Asp Glu Asp Ala			
305	310	315	320
gat aaa agt gaa gat gaa gaa aaa aag cct aag aca aag aca gtg aag			1008
Asp Lys Ser Glu Asp Glu Glu Lys Lys Pro Lys Thr Lys Thr Val Lys			
325	330	335	
gaa aca act tat gag tgg gaa ctt tta aat gat gtg aaa gct ata tgg			1056

Glu Thr Thr Tyr Glu Trp Glu Leu Leu Asn Asp Val Lys Ala Ile Trp	
340 345 350	
ctg agg aat cca aaa gag gtt aca gaa gaa gaa tac acc aaa ttc tac	1104
Leu Arg Asn Pro Lys Glu Val Thr Glu Glu Glu Tyr Thr Lys Phe Tyr	
355 360 365	
cac tct ctt gcc aag gat ttc agt gat gag aaa cct tta gca tgg agt	1152
His Ser Leu Ala Lys Asp Phe Ser Asp Glu Lys Pro Leu Ala Trp Ser	
370 375 380	
cat ttc act gct gag ggt gat gtt gag ttc aag gca gtc ctg ttt gta	1200
His Phe Thr Ala Glu Gly Asp Val Glu Phe Lys Ala Val Leu Phe Val	
385 390 395 400	
cca cct aag gca cct caa gat tta tat gag agc tat tat aac gca aac	1248
Pro Pro Lys Ala Pro Gln Asp Leu Tyr Glu Ser Tyr Tyr Asn Ala Asn	
405 410 415	
aaa tcg aac ctg aag ttg tat gtt aga cgt gtg ttc att tca gat gaa	1296
Lys Ser Asn Leu Lys Leu Tyr Val Arg Arg Val Phe Ile Ser Asp Glu	
420 425 430	
ttt aat gaa ctg ttg ccc aag tac cta aac ttt ttg ctg ggt ctt gtt	1344
Phe Asn Glu Leu Leu Pro Lys Tyr Leu Asn Phe Leu Leu Gly Leu Val	
435 440 445	
gat tct gac act ttg cca ctt aat gta tca cga gaa atg ctt caa caa	1392
Asp Ser Asp Thr Leu Pro Leu Asn Val Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln	
450 455 460	
cat agt agt ctg aag aca atc aag aag aaa ctt att agg aaa gcc ctt	1440
His Ser Ser Leu Lys Thr Ile Lys Lys Lys Leu Ile Arg Lys Ala Leu	
465 470 475 480	
gat atg atc cgc agg att gct gat gag gat cct gac gag tca act gac	1488
Asp Met Ile Arg Arg Ile Ala Asp Glu Asp Pro Asp Glu Ser Thr Asp	
485 490 495	
aaa gaa aag aaa gat gca tcc tct gac aat gat gag aag aaa ggt caa	1536
Lys Glu Lys Lys Asp Ala Ser Ser Asp Asn Asp Glu Lys Lys Gly Gln	

500	505	510	
tat tct aag ttc tgg aat gag ttt ggt aaa tcc att aaa ctt ggt atc			1584
Tyr Ser Lys Phe Trp Asn Glu Phe Gly Lys Ser Ile Lys Leu Gly Ile			
515	520	525	
atc gag gat gcc acc aac aga aat cgt ttg gca aaa ctg ctc aga ttt			1632
Ile Glu Asp Ala Thr Asn Arg Asn Arg Leu Ala Lys Leu Leu Arg Phe			
530	535	540	
gag agc acc aag tct gag ggt aaa ttg aca tct ctg gat cag tac ata			1680
Glu Ser Thr Lys Ser Glu Gly Lys Leu Thr Ser Leu Asp Gln Tyr Ile			
545	550	555	560
tct aga atg aaa act ggg cag aag gat atc ttt tac ata act gga acc			1728
Ser Arg Met Lys Thr Gly Gln Lys Asp Ile Phe Tyr Ile Thr Gly Thr			
565	570	575	
agc aaa gaa caa ctg gaa aac tct ccc ttc ctt gag cgg ctt aag aag			1776
Ser Lys Glu Gln Leu Glu Asn Ser Pro Phe Leu Glu Arg Leu Lys Lys			
580	585	590	
aaa aat ttt gag gtt att ttc ttc acg gat cca gtt gat gag tac ttg			1824
Lys Asn Phe Glu Val Ile Phe Phe Thr Asp Pro Val Asp Glu Tyr Leu			
595	600	605	
atg caa tac ctg atg gat tat gaa gac aag aag ttc caa aat gtg tcc			1872
Met Gln Tyr Leu Met Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Phe Gln Asn Val Ser			
610	615	620	
aag gag ggt ttg aaa ctt ggg aaa gat tca aaa gac aag gaa ctg aag			1920
Lys Glu Gly Leu Lys Leu Gly Lys Asp Ser Lys Asp Lys Glu Leu Lys			
625	630	635	640
gaa tct ttt aag gat ctt acc aag tgg tgg aaa act gct ctt tcc aaa			1968
Glu Ser Phe Lys Asp Leu Thr Lys Trp Trp Lys Thr Ala Leu Ser Lys			
645	650	655	
gac aat gtt gat gat gtg aag att tcc aac cga tta gat aac act cct			2016
Asp Asn Val Asp Asp Val Lys Ile Ser Asn Arg Leu Asp Asn Thr Pro			
660	665	670	

tgt gta gtg gtg aca tca aaa ttt ggt tgg agt gct aac atg gag aga 2064

Cys Val Val Val Thr Ser Lys Phe Gly Trp Ser Ala Asn Met Glu Arg

675 680 685

atc atg cag tct caa act ttg tca gat gct agc aag caa gca tac atg 2112

Ile Met Gln Ser Gln Thr Leu Ser Asp Ala Ser Lys Gln Ala Tyr Met

690 695 700

cgc ggc aag agg gtt ctt gag atc aat cct agg cac cct att atc aag 2160

Arg Gly Lys Arg Val Leu Glu Ile Asn Pro Arg His Pro Ile Ile Lys

705 710 715 720

gag ctc cga gag aga gta gta aag aac cct gag gat gag ggt gtg aag 2208

Glu Leu Arg Glu Arg Val Val Lys Asn Pro Glu Asp Glu Gly Val Lys

725 730 735

cat aca gca cag ctg atg tac cag act gca ctc ttt gaa agc ggc ttc 2256

His Thr Ala Gln Leu Met Tyr Gln Thr Ala Leu Phe Glu Ser Gly Phe

740 745 750

ctg ctt gat gat ccc aag gat ttt gct tcc cgg att tat gat tca gtg 2304

Leu Leu Asp Asp Pro Lys Asp Phe Ala Ser Arg Ile Tyr Asp Ser Val

755 760 765

aag act agc ctg gac atc agt cct gaa gca aca gtt gag gag gaa gat 2352

Lys Thr Ser Leu Asp Ile Ser Pro Glu Ala Thr Val Glu Glu Glu Asp

770 775 780

gac act gaa gta gag gct gaa agt gac gcg aaa gaa gat tca aag cct 2400

Asp Thr Glu Val Glu Ala Glu Ser Asp Ala Lys Glu Asp Ser Lys Pro

785 790 795 800

gaa act gat gct gtt aac gat gat aat gat gtc aag gac gag ttg tag 2448

Glu Thr Asp Ala Val Asn Asp Asp Asn Asp Val Lys Asp Glu Leu

805 810 815

<210> 70

<211> 815

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 70

Met Arg Lys Trp Thr Val Ala Ser Ala Leu Leu Leu Leu Ser Leu Leu

1 5 10 15

Phe Leu Phe Ala Asp Gln Gly Arg Lys Phe Gln Ala Asn Ala Glu Gly

20 25 30

Asp Ser Asp Glu Leu Val Asp Pro Pro Lys Val Glu Asp Lys Ile Gly

35 40 45

Ala Val Pro His Gly Leu Ser Thr Asp Ser Asp Val Val Lys Arg Glu

50 55 60

Ala Glu Ser Ile Ser Lys Arg Ser Leu Arg Ser Asn Ala Glu Lys Phe

65 70 75 80

Glu Phe Gln Ala Glu Val Ser Arg Leu Met Asp Ile Ile Ile Asn Ser

85 90 95

Leu Tyr Ser Asn Lys Asp Ile Phe Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala

100 105 110

Ser Asp Ala Leu Asp Lys Ile Arg Phe Leu Ser Leu Thr Asp Lys Glu

115 120 125

Val Leu Gly Glu Gly Asp Asn Thr Lys Leu Asp Ile Gln Ile Lys Leu

130 135 140

Asp Lys Glu Lys Lys Ile Leu Ser Ile Arg Asp Arg Gly Ile Gly Met

145 150 155 160

Thr Lys Glu Asp Leu Ile Lys Asn Leu Gly Thr Ile Ala Lys Ser Gly

165 170 175

Thr Ser Ala Phe Val Glu Lys Met Gln Thr Ser Gly Asp Leu Asn Leu

180 185 190

Ile Gly Gln Phe Gly Val Gly Phe Tyr Ser Val Tyr Leu Val Ala Asp

195 200 205

Tyr Val Glu Val Ile Ser Lys Asn Asn Asp Asp Lys Gln Tyr Val Trp

210 215 220

Glu Ser Lys Ala Asp Gly Ala Phe Ala Ile Ser Glu Asp Thr Trp Asn

225 230 235 240

Glu Pro Leu Gly Arg Gly Thr Glu Ile Arg Leu His Leu Lys Glu Glu
 245 250 255
 Ala Gly Glu Tyr Leu Glu Glu Ser Lys Leu Lys Glu Leu Val Lys Arg
 260 265 270
 Tyr Ser Glu Phe Ile Asn Phe Pro Ile Tyr Ile Trp Ala Ser Lys Glu
 275 280 285
 Val Asp Val Glu Val Pro Ala Asp Glu Asp Asp Ser Ser Asp Glu Glu
 290 295 300
 Asp Ser Ser Glu Ser Ser Ser Lys Glu Glu Ser Glu Asp Glu Asp Ala
 305 310 315 320
 Asp Lys Ser Glu Asp Glu Glu Lys Lys Pro Lys Thr Lys Thr Val Lys
 325 330 335
 Glu Thr Thr Tyr Glu Trp Glu Leu Leu Asn Asp Val Lys Ala Ile Trp
 340 345 350
 Leu Arg Asn Pro Lys Glu Val Thr Glu Glu Glu Tyr Thr Lys Phe Tyr
 355 360 365
 His Ser Leu Ala Lys Asp Phe Ser Asp Glu Lys Pro Leu Ala Trp Ser
 370 375 380
 His Phe Thr Ala Glu Gly Asp Val Glu Phe Lys Ala Val Leu Phe Val
 385 390 395 400
 Pro Pro Lys Ala Pro Gln Asp Leu Tyr Glu Ser Tyr Tyr Asn Ala Asn
 405 410 415
 Lys Ser Asn Leu Lys Leu Tyr Val Arg Arg Val Phe Ile Ser Asp Glu
 420 425 430
 Phe Asn Glu Leu Leu Pro Lys Tyr Leu Asn Phe Leu Leu Gly Leu Val
 435 440 445
 Asp Ser Asp Thr Leu Pro Leu Asn Val Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln
 450 455 460
 His Ser Ser Leu Lys Thr Ile Lys Lys Lys Leu Ile Arg Lys Ala Leu
 465 470 475 480
 Asp Met Ile Arg Arg Ile Ala Asp Glu Asp Pro Asp Glu Ser Thr Asp

485 490 495
 Lys Glu Lys Lys Asp Ala Ser Ser Asp Asn Asp Glu Lys Lys Gly Gln
 500 505 510
 Tyr Ser Lys Phe Trp Asn Glu Phe Gly Lys Ser Ile Lys Leu Gly Ile

 515 520 525
 Ile Glu Asp Ala Thr Asn Arg Asn Arg Leu Ala Lys Leu Leu Arg Phe
 530 535 540
 Glu Ser Thr Lys Ser Glu Gly Lys Leu Thr Ser Leu Asp Gln Tyr Ile
 545 550 555 560
 Ser Arg Met Lys Thr Gly Gln Lys Asp Ile Phe Tyr Ile Thr Gly Thr
 565 570 575
 Ser Lys Glu Gln Leu Glu Asn Ser Pro Phe Leu Glu Arg Leu Lys Lys

 580 585 590
 Lys Asn Phe Glu Val Ile Phe Phe Thr Asp Pro Val Asp Glu Tyr Leu
 595 600 605
 Met Gln Tyr Leu Met Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Phe Gln Asn Val Ser
 610 615 620
 Lys Glu Gly Leu Lys Leu Gly Lys Asp Ser Lys Asp Lys Glu Leu Lys
 625 630 635 640
 Glu Ser Phe Lys Asp Leu Thr Lys Trp Trp Lys Thr Ala Leu Ser Lys

 645 650 655
 Asp Asn Val Asp Asp Val Lys Ile Ser Asn Arg Leu Asp Asn Thr Pro
 660 665 670
 Cys Val Val Val Thr Ser Lys Phe Gly Trp Ser Ala Asn Met Glu Arg
 675 680 685
 Ile Met Gln Ser Gln Thr Leu Ser Asp Ala Ser Lys Gln Ala Tyr Met
 690 695 700
 Arg Gly Lys Arg Val Leu Glu Ile Asn Pro Arg His Pro Ile Ile Lys

 705 710 715 720
 Glu Leu Arg Glu Arg Val Val Lys Asn Pro Glu Asp Glu Gly Val Lys
 725 730 735

His Thr Ala Gln Leu Met Tyr Gln Thr Ala Leu Phe Glu Ser Gly Phe
740 745 750

Leu Leu Asp Asp Pro Lys Asp Phe Ala Ser Arg Ile Tyr Asp Ser Val
755 760 765

Lys Thr Ser Leu Asp Ile Ser Pro Glu Ala Thr Val Glu Glu Glu Asp

770 775 780

Asp Thr Glu Val Glu Ala Glu Ser Asp Ala Lys Glu Asp Ser Lys Pro
785 790 795 800

Glu Thr Asp Ala Val Asn Asp Asp Asn Asp Val Lys Asp Glu Leu
805 810 815

<210> 71

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 71

Ala Pro Gln Asp Leu Tyr Glu Ser Tyr Tyr Asn Ala Asn Lys

1 5 10

<210>

> 72

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 72

Ala Val Leu Phe Val Pro Pro Lys

1 5

<210> 73

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 73

Asp Phe Ala Ser Arg Ile Tyr Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 74

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 74

Asp Ile Phe Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala Ser Asp Ala Leu Asp

1 5 10 15

Lys

<210> 75

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 75

Asp Ile Phe Tyr Ile Thr Gly Thr Ser Lys

1 5 10

<210> 76

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 76

Asp Asn Val Asp Asp Val Lys

1 5

<210> 77

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 77

Glu Asp Ser Lys Pro Glu Thr Asp Ala Val Asn Asp Asp Asn Asp Val

1 5 10 15

Lys

<210> 78

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 78

Glu Glu Ala Gly Glu Tyr Leu Glu Glu Ser Lys

1 5 10

<210> 79

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 79

Glu Gln Leu Glu Asn Ser Pro Phe Leu Glu Arg Leu Lys

1 5 10

<210> 80

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 80

Glu Val Leu Gly Glu Gly Asp Asn Thr Lys

1 5 10

<210> 81

<211> 9

<212>

PRT

<213> Glycine max

<400> 81

Glu Val Thr Glu Glu Glu Tyr Thr Lys

1 5

<210> 82

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 82

Phe Tyr His Ser Leu Ala Lys

1 5

<210> 83

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 83

Ile Gly Ala Val Pro His Gly Leu Ser Thr Asp Ser Asp Val Val Lys

1 5 10 15

<210> 84

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400>

> 84

Leu Gly Ile Ile Glu Asp Ala Thr Asn Arg Asn Arg Leu Ala Lys

1 5 10 15

<210> 85

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 85

Asn Pro Glu Asp Glu Gly Val Lys

1 5

<210> 86

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 86

Ser Gly Thr Ser Ala Phe Val Glu Lys

1 5

<210> 87

<211> 26

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 87

Thr Ser Leu Asp Ile Ser Pro Glu Ala Thr Val Glu Glu Glu Asp Asp

1 5 10 15

Thr Glu Val Glu Ala Glu Ser Asp Ala Lys

20

25

<210> 88

<211> 2442

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(2442)

<400> 88

atg agg aag tgg acg gtt gct tcc gct ctc ctt ctt ctc tct ctc ctc 48

Met Arg Lys Trp Thr Val Ala Ser Ala Leu Leu Leu Ser Leu Leu

1 5 10 15

ttt ctc ttt gca gat caa ggt cga aag ttt cag gcg aat gcc gag gga 96

Phe Leu Phe Ala Asp Gln Gly Arg Lys Phe Gln Ala Asn Ala Glu Gly

20

25

30

gat tcc gac gag ctt gta gat cct ccg aag gtg gag gac aag atc ggt 144

Asp Ser Asp Glu Leu Val Asp Pro Pro Lys Val Glu Asp Lys Ile Gly

35

40

45

gct gtg cct cat ggc ctt tcc acc gat tca gat gtc gtc aag agg gag 192

Ala Val Pro His Gly Leu Ser Thr Asp Ser Asp Val Val Lys Arg Glu

50

55

60

tcg gag tcg atc tcg aag aga tct ctc cgg agc aat gcg gag aag ttt 240

Ser Glu Ser Ile Ser Lys Arg Ser Leu Arg Ser Asn Ala Glu Lys Phe

65 70 75 80

gag ttc caa gcg gaa gtg tca cgg ctt atg gat att atc atc aat tct 288

Glu Phe Gln Ala Glu Val Ser Arg Leu Met Asp Ile Ile Ile Asn Ser

85

90

95

ctc tac agt aac aag gat atc ttc ctc aga gag ttg att tcc aat gct 336

Leu Tyr Ser Asn Lys Asp Ile Phe Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala

100

105

110

tct gat gct ttg gac aag att agg ttc ctt tcc ctc acg gat aag gac 384

Ser Asp Ala Leu Asp Lys Ile Arg Phe Leu Ser Leu Thr Asp Lys Asp

115	120	125	
gtt ttg gga gaa ggt gat aac acc aag ctt gat att cag att aag ttg			432
Val Leu Gly Glu Gly Asp Asn Thr Lys Leu Asp Ile Gln Ile Lys Leu			
130	135	140	
gac aag gaa aag aaa att ctc tca att cga gac aga ggt att ggt atg			480
Asp Lys Glu Lys Lys Ile Leu Ser Ile Arg Asp Arg Gly Ile Gly Met			
145	150	155	160
acg aag gag gat ttg ata aag aat ttg ggg aca ata gca aaa tct gga			528
Thr Lys Glu Asp Leu Ile Lys Asn Leu Gly Thr Ile Ala Lys Ser Gly			
165	170	175	
act tct gca ttt gtt gag aag atg caa aca agt gga gat ctc aat ctg			576
Thr Ser Ala Phe Val Glu Lys Met Gln Thr Ser Gly Asp Leu Asn Leu			
180	185	190	
att ggg cag ttt gga gtc ggc ttc tac tct gtt tat ctc gtg gct gac			624
Ile Gly Gln Phe Gly Val Gly Phe Tyr Ser Val Tyr Leu Val Ala Asp			
195	200	205	
tat gtc gaa gtc att agc aag aat aat gat gat aaa cag tat gta tgg			672
Tyr Val Glu Val Ile Ser Lys Asn Asn Asp Asp Lys Gln Tyr Val Trp			
210	215	220	
gaa tca aaa gct gat gga gca ttt gca att tca gaa gat aca tgg aat			720
Glu Ser Lys Ala Asp Gly Ala Phe Ala Ile Ser Glu Asp Thr Trp Asn			
225	230	235	240
gaa cct cta ggg cgt gga act gag att aga tta cac ctc aag gaa gag			768
Glu Pro Leu Gly Arg Gly Thr Glu Ile Arg Leu His Leu Lys Glu Glu			
245	250	255	
gct ggg gag tac ttg cag gag tct aaa ctg aaa gaa ttg gtg aag aga			816
Ala Gly Glu Tyr Leu Gln Glu Ser Lys Leu Lys Glu Leu Val Lys Arg			
260	265	270	
tac tct gaa ttt att aac ttc cct atc tat att tgg gca agc aaa gag			864

Tyr Ser Glu Phe Ile Asn Phe Pro Ile Tyr Ile Trp Ala Ser Lys Glu

275	280	285	
gtt gat gtg gag gtt ccc gct gat gaa gat gat tcc agt gat gaa gag			912
Val Asp Val Glu Val Pro Ala Asp Glu Asp Asp Ser Ser Asp Glu Glu			
290	295	300	
gat tca tct gaa agc agc tcc aag gag gaa agc gaa gat gaa gat gct			960
Asp Ser Ser Glu Ser Ser Ser Lys Glu Glu Ser Glu Asp Glu Asp Ala			
305	310	315	320
gat aaa agt gaa gac gaa gaa aaa aag ccc aag aca aag acg gtg aag			1008
Asp Lys Ser Glu Asp Glu Glu Lys Lys Pro Lys Thr Lys Thr Val Lys			
325	330	335	
gaa aca acttat gaa tgg gaa ctt tta aat gat gtg aaa gct ata tgg			1056
Glu Thr Thr Tyr Glu Trp Glu Leu Leu Asn Asp Val Lys Ala Ile Trp			
340	345	350	
ctg agg aat cca aag gag gtt aca gaa gaa gaa tac acc aaa ttc tac			1104
Leu Arg Asn Pro Lys Glu Val Thr Glu Glu Glu Tyr Thr Lys Phe Tyr			
355	360	365	
cac tct ctt gcc aag gat ttc agt gat gag aaa cct tta gca tgg agt			1152
His Ser Leu Ala Lys Asp Phe Ser Asp Glu Lys Pro Leu Ala Trp Ser			
370	375	380	
cat ttc act gct gag ggc gat gtc gag ttc aag gca gtc ctg ttt gta			1200
His Phe Thr Ala Glu Gly Asp Val Glu Phe Lys Ala Val Leu Phe Val			
385	390	395	400
cca cct aag gca cct caa gat tta tac gag agc tat tat aac gca aac			1248
Pro Pro Lys Ala Pro Gln Asp Leu Tyr Glu Ser Tyr Tyr Asn Ala Asn			
405	410	415	
aaa tcc aac ctg aag ttg tat gtt aga cgt gtg ttc att tca gat gaa			1296
Lys Ser Asn Leu Lys Leu Tyr Val Arg Arg Val Phe Ile Ser Asp Glu			
420	425	430	

ttt aat gaa ctg ttg cct aag tac cta aac ttt ttg ctg ggt ctt gtt	1344
Phe Asn Glu Leu Leu Pro Lys Tyr Leu Asn Phe Leu Leu Gly Leu Val	
435 440 445	
gat tct gac aca ttg cca ctt aat gta tgc cga gaa atg ctt cag caa	1392
Asp Ser Asp Thr Leu Pro Leu Asn Val Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln	
450 455 460	
cat agt agt cta aag aca atc aag aag aaa ctt att agg aaa gcc ctt	1440
His Ser Ser Leu Lys Thr Ile Lys Lys Lys Leu Ile Arg Lys Ala Leu	
465 470 475 480	
gat atg atc cgt agg att gct gat gag gat cct gat gag tcc act gac	1488
Asp Met Ile Arg Arg Ile Ala Asp Glu Asp Pro Asp Glu Ser Thr Asp	
485 490 495	
aaa gaa aag aaa gat acg tca tct gac aat aat gag aag aaa ggt caa	1536
Lys Glu Lys Lys Asp Thr Ser Ser Asp Asn Asn Glu Lys Lys Gly Gln	
500 505 510	
tat tcc aag ttc tgg aat gag ttt ggt aaa tcc att aaa ctt ggt atc	1584
Tyr Ser Lys Phe Trp Asn Glu Phe Gly Lys Ser Ile Lys Leu Gly Ile	
515 520 525	
atc gag gat gcc acc aac aga aat cgt ttg gca aaa ctg ctc aga ttt	1632
Ile Glu Asp Ala Thr Asn Arg Asn Arg Leu Ala Lys Leu Leu Arg Phe	
530 535 540	
gag agc acc aag tct gag ggt aaa ttg aca tct ctg gat cag tac ata	1680
Glu Ser Thr Lys Ser Glu Gly Lys Leu Thr Ser Leu Asp Gln Tyr Ile	
545 550 555 560	
tct aga atg aaa gct ggg cag aag gat atc ttt tac ata act gga acc	1728
Ser Arg Met Lys Ala Gly Gln Lys Asp Ile Phe Tyr Ile Thr Gly Thr	
565 570 575	
agc aaa gaa caa ctg gaa aac tct cca ttc ctt gag cgg ctt aag aag	1776
Ser Lys Glu Gln Leu Glu Asn Ser Pro Phe Leu Glu Arg Leu Lys Lys	
580 585 590	
aaa aat ttt gag gtt att ttc ttc acg gat cca gtt gat gaa tac ttg	1824

Lys Asn Phe Glu Val Ile Phe Phe Thr Asp Pro Val Asp Glu Tyr Leu
595 600 605
atg caa tac ctg atg gat tat gaa gac aag aag ttc caa aat gtg tcc 1872
Met Gln Tyr Leu Met Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Phe Gln Asn Val Ser
610 615 620
aag gag ggt ttg aaa ctc ggg aaa gat tca aaa gac aag gaa ctg aag 1920
Lys Glu Gly Leu Lys Leu Gly Lys Asp Ser Lys Asp Lys Glu Leu Lys
625 630 635 640
gaa tcc ttc aag gac ctt acc aag tgg tgg aaa act gct ctt tcc aaa 1968
Glu Ser Phe Lys Asp Leu Thr Lys Trp Trp Lys Thr Ala Leu Ser Lys
645 650 655
gac aat gtt gat gat gtg aag att tcc aac cga ttg gac aac act cct 2016
Asp Asn Val Asp Asp Val Lys Ile Ser Asn Arg Leu Asp Asn Thr Pro
660 665 670
tgt gta gtg gta aca tca aaa ttt ggt tgg agt gct aac atg gag aga 2064
Cys Val Val Val Thr Ser Lys Phe Gly Trp Ser Ala Asn Met Glu Arg
675 680 685
atc atg cag tct caa act ttg tct gat gct agc aag caa gca tac atg 2112
Ile Met Gln Ser Gln Thr Leu Ser Asp Ala Ser Lys Gln Ala Tyr Met
690 695 700
cgc ggc aag agg gtt ctt gag gtc aat cct agg cac cct att atc aag 2160
Arg Gly Lys Arg Val Leu Glu Val Asn Pro Arg His Pro Ile Ile Lys
705 710 715 720
gag ctc cga gag aga gta gta aag aac cct gag gat gag ggt gtg aaa 2208
Glu Leu Arg Glu Arg Val Val Lys Asn Pro Glu Asp Glu Gly Val Lys
725 730 735
cat aca gca cag ttg atg tac cag acc gca ctc ttc gaa agt ggc ttc 2256
His Thr Ala Gln Leu Met Tyr Gln Thr Ala Leu Phe Glu Ser Gly Phe
740 745 750
ctg ctt gat gat ccc aag gat ttt gct tcc cgt att tat gat tca gtt 2304
Leu Leu Asp Asp Pro Lys Asp Phe Ala Ser Arg Ile Tyr Asp Ser Val

755 760 765

aag acc agc ttg gac atc agt cct gaa gca aca gtt gag gag gaa gat 2352

Lys Thr Ser Leu Asp Ile Ser Pro Glu Ala Thr Val Glu Glu Glu Asp

770 775 780

gac acc gaa gta gag gct gaa agt gat tca aag cct gaa gct gat gcg 2400

Asp Thr Glu Val Glu Ala Glu Ser Asp Ser Lys Pro Glu Ala Asp Ala

785 790 795 800

gtt cat gat ggt gat gtt gat gat gcc aag gac gag ttg tag 2442

Val His Asp Gly Asp Val Asp Asp Ala Lys Asp Glu Leu

805 810

<210> 89

<211> 813

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 89

Met Arg Lys Trp Thr Val Ala Ser Ala Leu Leu Leu Leu Ser Leu Leu

1 5 10 15

Phe Leu Phe Ala Asp Gln Gly Arg Lys Phe Gln Ala Asn Ala Glu Gly

20 25 30

Asp Ser Asp Glu Leu Val Asp Pro Pro Lys Val Glu Asp Lys Ile Gly

35 40 45

Ala Val Pro His Gly Leu Ser Thr Asp Ser Asp Val Val Lys Arg Glu

50 55 60

Ser Glu Ser Ile Ser Lys Arg Ser Leu Arg Ser Asn Ala Glu Lys Phe

65 70 75 80

Glu Phe Gln Ala Glu Val Ser Arg Leu Met Asp Ile Ile Ile Asn Ser

85 90 95

Leu Tyr Ser Asn Lys Asp Ile Phe Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala

100 105 110

Ser Asp Ala Leu Asp Lys Ile Arg Phe Leu Ser Leu Thr Asp Lys Asp

115 120 125

Val Leu Gly Glu Gly Asp Asn Thr Lys Leu Asp Ile Gln Ile Lys Leu
130 135 140
Asp Lys Glu Lys Lys Ile Leu Ser Ile Arg Asp Arg Gly Ile Gly Met
145 150 155 160
Thr Lys Glu Asp Leu Ile Lys Asn Leu Gly Thr Ile Ala Lys Ser Gly
165 170 175
Thr Ser Ala Phe Val Glu Lys Met Gln Thr Ser Gly Asp Leu Asn Leu
180 185 190
Ile Gly Gln Phe Gly Val Gly Phe Tyr Ser Val Tyr Leu Val Ala Asp
195 200 205
Tyr Val Glu Val Ile Ser Lys Asn Asn Asp Asp Lys Gln Tyr Val Trp
210 215 220
Glu Ser Lys Ala Asp Gly Ala Phe Ala Ile Ser Glu Asp Thr Trp Asn
225 230 235 240
Glu Pro Leu Gly Arg Gly Thr Glu Ile Arg Leu His Leu Lys Glu Glu
245 250 255
Ala Gly Glu Tyr Leu Gln Glu Ser Lys Leu Lys Glu Leu Val Lys Arg
260 265 270
Tyr Ser Glu Phe Ile Asn Phe Pro Ile Tyr Ile Trp Ala Ser Lys Glu
275 280 285
Val Asp Val Glu Val Pro Ala Asp Glu Asp Asp Ser Ser Asp Glu Glu
290 295 300
Asp Ser Ser Glu Ser Ser Ser Lys Glu Glu Ser Glu Asp Glu Asp Ala
305 310 315 320
Asp Lys Ser Glu Asp Glu Glu Lys Lys Pro Lys Thr Lys Thr Val Lys
325 330 335
Glu Thr Thr Tyr Glu Trp Glu Leu Leu Asn Asp Val Lys Ala Ile Trp
340 345 350
Leu Arg Asn Pro Lys Glu Val Thr Glu Glu Glu Tyr Thr Lys Phe Tyr
355 360 365
His Ser Leu Ala Lys Asp Phe Ser Asp Glu Lys Pro Leu Ala Trp Ser

370 375 380
 His Phe Thr Ala Glu Gly Asp Val Glu Phe Lys Ala Val Leu Phe Val
 385 390 395 400
 Pro Pro Lys Ala Pro Gln Asp Leu Tyr Glu Ser Tyr Tyr Asn Ala Asn
 405 410 415
 Lys Ser Asn Leu Lys Leu Tyr Val Arg Arg Val Phe Ile Ser Asp Glu

 420 425 430
 Phe Asn Glu Leu Leu Pro Lys Tyr Leu Asn Phe Leu Leu Gly Leu Val
 435 440 445
 Asp Ser Asp Thr Leu Pro Leu Asn Val Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln
 450 455 460
 His Ser Ser Leu Lys Thr Ile Lys Lys Lys Leu Ile Arg Lys Ala Leu
 465 470 475 480
 Asp Met Ile Arg Arg Ile Ala Asp Glu Asp Pro Asp Glu Ser Thr Asp

 485 490 495
 Lys Glu Lys Lys Asp Thr Ser Ser Asp Asn Asn Glu Lys Lys Gly Gln
 500 505 510
 Tyr Ser Lys Phe Trp Asn Glu Phe Gly Lys Ser Ile Lys Leu Gly Ile
 515 520 525
 Ile Glu Asp Ala Thr Asn Arg Asn Arg Leu Ala Lys Leu Leu Arg Phe
 530 535 540
 Glu Ser Thr Lys Ser Glu Gly Lys Leu Thr Ser Leu Asp Gln Tyr Ile

 545 550 555 560
 Ser Arg Met Lys Ala Gly Gln Lys Asp Ile Phe Tyr Ile Thr Gly Thr
 565 570 575
 Ser Lys Glu Gln Leu Glu Asn Ser Pro Phe Leu Glu Arg Leu Lys Lys
 580 585 590
 Lys Asn Phe Glu Val Ile Phe Phe Thr Asp Pro Val Asp Glu Tyr Leu
 595 600 605
 Met Gln Tyr Leu Met Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Phe Gln Asn Val Ser

 610 615 620

Lys Glu Gly Leu Lys Leu Gly Lys Asp Ser Lys Asp Lys Glu Leu Lys
625 630 635 640
Glu Ser Phe Lys Asp Leu Thr Lys Trp Trp Lys Thr Ala Leu Ser Lys
 645 650 655
Asp Asn Val Asp Asp Val Lys Ile Ser Asn Arg Leu Asp Asn Thr Pro
 660 665 670
Cys Val Val Val Thr Ser Lys Phe Gly Trp Ser Ala Asn Met Glu Arg

 675 680 685
Ile Met Gln Ser Gln Thr Leu Ser Asp Ala Ser Lys Gln Ala Tyr Met
 690 695 700
Arg Gly Lys Arg Val Leu Glu Val Asn Pro Arg His Pro Ile Ile Lys
705 710 715 720
Glu Leu Arg Glu Arg Val Val Lys Asn Pro Glu Asp Glu Gly Val Lys
 725 730 735
His Thr Ala Gln Leu Met Tyr Gln Thr Ala Leu Phe Glu Ser Gly Phe

 740 745 750
Leu Leu Asp Asp Pro Lys Asp Phe Ala Ser Arg Ile Tyr Asp Ser Val
 755 760 765
Lys Thr Ser Leu Asp Ile Ser Pro Glu Ala Thr Val Glu Glu Glu Asp
 770 775 780
Asp Thr Glu Val Glu Ala Glu Ser Asp Ser Lys Pro Glu Ala Asp Ala
785 790 795 800
Val His Asp Gly Asp Val Asp Asp Ala Lys Asp Glu Leu

 805 810

<210> 90

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 90

Ala Pro Gln Asp Leu Tyr Glu Ser Tyr Tyr Asn Ala Asn Lys

1 5 10

<210> 91

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 91

Ala Val Leu Phe Val Pro Pro Lys

1 5

<210> 92

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 92

Asp Phe Ala Ser Arg Ile Tyr Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 93

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 93

Asp Ile Phe Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala Ser Asp Ala Leu Asp

1 5 10 15

Lys

<210> 94

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 94

Asp Ile Phe Tyr Ile Thr Gly Thr Ser Lys

1 5 10

<210> 95

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 95

Asp Asn Val Asp Asp Val Lys

1 5

<210> 96

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 96

Asp Val Leu Gly Glu Gly Asp Asn Thr Lys

1 5 10

<210> 97

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 97

Glu Glu Ala Gly Glu Tyr Leu Gln Glu Ser Lys

1 5 10

<210> 98

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 98

Glu Gln Leu Glu Asn Ser Pro Phe Leu Glu Arg Leu Lys

1 5 10

<210> 99

<211> 9

<212>

PRT

<213> Glycine max

<400> 99

Glu Val Thr Glu Glu Glu Tyr Thr Lys

1 5

<210> 100

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 100

Phe Tyr His Ser Leu Ala Lys

1 5

<210> 101

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 101

Ile Gly Ala Val Pro His Gly Leu Ser Thr Asp Ser Asp Val Val Lys

1 5 10 15

<210> 102

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 102

Leu Gly Ile Ile Glu Asp Ala Thr Asn Arg Asn Arg Leu Ala Lys

1 5 10 15

<210> 103

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 103

Asn Pro Glu Asp Glu Gly Val Lys

1 5

<210> 104

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 104

Ser Gly Thr Ser Ala Phe Val Glu Lys

1 5

<210> 105

<211> 2103

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(2103)

<400> 105

atg gct tcg gag act gag acg ttc gct ttt cag gcc gag atc aac cag 48

Met Ala Ser Glu Thr Glu Thr Phe Ala Phe Gln Ala Glu Ile Asn Gln

1 5 10 15

ctc ctc agt cta ata atc aac acc ttc tac agc aac aag gag atc ttt 96

Leu Leu Ser Leu Ile Ile Asn Thr Phe Tyr Ser Asn Lys Glu Ile Phe

20 25 30

ctt cgt gag ctc atc agc aat gcc tct gac gct ttg gac aag att cga 144

Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala Ser Asp Ala Leu Asp Lys Ile Arg

35 40 45

ttt gag agt ctt aca gac aag agc aag ctt gat gct cag cca gag ttg 192

Phe Glu Ser Leu Thr Asp Lys Ser Lys Leu Asp Ala Gln Pro Glu Leu

50 55 60

ttc att cac att att cct gac aag acc aac aac aca ttg tct atc att 240

Phe Ile His Ile Ile Pro Asp Lys Thr Asn Asn Thr Leu Ser Ile Ile

65 70 75 80

gac agt ggt att ggc atg act aag gct gat ttg gtg aat aac ctc ggt 288

Asp Ser Gly Ile Gly Met Thr Lys Ala Asp Leu Val Asn Asn Leu Gly

85 90 95

act att gca agg tct ggg acc aag gaa ttc atg gaa gcc ctg gct gct 336

Thr Ile Ala Arg Ser Gly Thr Lys Glu Phe Met Glu Ala Leu Ala Ala

100 105 110

ggt gct gac gtg agc atg att ggg cag ttc ggt gtt ggt ttc tac tcg 384

Gly Ala Asp Val Ser Met Ile Gly Gln Phe Gly Val Gly Phe Tyr Ser

115 120 125

gct tat ctt gta gct gat aag gtt att gtt acc aca aag cac aat gat 432

Ala Tyr Leu Val Ala Asp Lys Val Ile Val Thr Thr Lys His Asn Asp

130	135	140	
gat gaa cag tat gtc tgg gag tcc cat gcc ggt ggc tca ttt act gtg			480
Asp Glu Gln Tyr Val Trp Glu Ser His Ala Gly Gly Ser Phe Thr Val			
145	150	155	160
aca aga gat aca tct ggt gag aac ctt ggt agg gga aca aag ata act			528
Thr Arg Asp Thr Ser Gly Glu Asn Leu Gly Arg Gly Thr Lys Ile Thr			
	165	170	175
ttg ttt ctt aag gaa gat caa ctt gag tat ctt gag gaa cgc cgt ctg			576
Leu Phe Leu Lys Glu Asp Gln Leu Glu Tyr Leu Glu Glu Arg Arg Leu			
180	185	190	
aag gat ttg ata aag aag cat tct gaa ttc att agc tat cca att tct			624
Lys Asp Leu Ile Lys Lys His Ser Glu Phe Ile Ser Tyr Pro Ile Ser			
195	200	205	
ctc tgg att gag aag act act gaa aag gag att tct gat gat gag gat			672
Leu Trp Ile Glu Lys Thr Thr Glu Lys Glu Ile Ser Asp Asp Glu Asp			
210	215	220	
gag gaa gag aag aag gat gag gag ggt aaa gtt gaa gat gtg gat gaa			720
Glu Glu Glu Lys Lys Asp Glu Glu Gly Lys Val Glu Asp Val Asp Glu			
225	230	235	240
gat aag gag aag gag gag aag aaa aag aag acc att aag gag gta tct			768
Asp Lys Glu Lys Glu Glu Lys Lys Lys Lys Thr Ile Lys Glu Val Ser			
	245	250	255
cac gag tgg tca ttg gtg aac aag cag aag cct att tgg atg agg aaa			816
His Glu Trp Ser Leu Val Asn Lys Gln Lys Pro Ile Trp Met Arg Lys			
260	265	270	
cct gaa gag att acg aaa gaa gaa tat gct gct ttc tac aag agt ctt			864
Pro Glu Glu Ile Thr Lys Glu Glu Tyr Ala Ala Phe Tyr Lys Ser Leu			
275	280	285	
acc aat gat tgg gaa gag cat ttg gct gtt aag cac ttt tct gtt gag			912

Thr Asn Asp Trp Glu Glu His Leu Ala Val Lys His Phe Ser Val Glu

290	295	300	
ggt cag ctg gag ttt aag gct gtc ctc ttt atc ccc aag agg gca cct			960
Gly Gln Leu Glu Phe Lys Ala Val Leu Phe Ile Pro Lys Arg Ala Pro			
305	310	315	320
ttt gat ctc ttt gac acc agg aag aag cct aac aac atc aaa ctg tat			1008
Phe Asp Leu Phe Asp Thr Arg Lys Lys Pro Asn Asn Ile Lys Leu Tyr			
325	330	335	
gtc cgc cgt gtc ttc atc atg gac aac tgt gag gag ttg atg cct gaa			1056
Val Arg Arg Val Phe Ile Met Asp Asn Cys Glu Glu Leu Met Pro Glu			
340	345	350	
tat ctt agc ttt gtt aag ggt att gtg gat tct gag gat ctt cct ctc			1104
Tyr Leu Ser Phe Val Lys Gly Ile Val Asp Ser Glu Asp Leu Pro Leu			
355	360	365	
aac att tct aga gaa atg ctg cag cag aac aag atc ctg aaa gtc atc			1152
Asn Ile Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln Asn Lys Ile Leu Lys Val Ile			
370	375	380	
agg aag aac ttg gtc aag aag tgc att gag atg ttc ttt gaa att gct			1200
Arg Lys Asn Leu Val Lys Lys Cys Ile Glu Met Phe Phe Glu Ile Ala			
385	390	395	400
gaa aac aag gaa gac tat aac aag ttt tat gaa gcc ttc tct aag aac			1248
Glu Asn Lys Glu Asp Tyr Asn Lys Phe Tyr Glu Ala Phe Ser Lys Asn			
405	410	415	
ctg aaa ctt ggt att cat gag gat tct cag aac aag aca aag cta gct			1296
Leu Lys Leu Gly Ile His Glu Asp Ser Gln Asn Lys Thr Lys Leu Ala			
420	425	430	
gaa ttg ctc agg tat cac tcc act aag agt ggt gat gag atg acc agc			1344
Glu Leu Leu Arg Tyr His Ser Thr Lys Ser Gly Asp Glu Met Thr Ser			
435	440	445	

ctc aag gac tat gtt acc agg atg aag gaa gga cag aat gac atc tac	1392
Leu Lys Asp Tyr Val Thr Arg Met Lys Glu Gly Gln Asn Asp Ile Tyr	
450 455 460	
tac att act ggt gaa agc aag aaa gct gtc gag aat tcc ccc ttc ctt	1440
Tyr Ile Thr Gly Glu Ser Lys Lys Ala Val Glu Asn Ser Pro Phe Leu	
465 470 475 480	
gaa aag ctt aag aag aag gga tac gag gtt ctc tac atg gtt gat gct	1488
Glu Lys Leu Lys Lys Lys Gly Tyr Glu Val Leu Tyr Met Val Asp Ala	
485 490 495	
att gat gag tat gct gtt ggc cag ctt aag gaa ttt gag gga aag aag	1536
Ile Asp Glu Tyr Ala Val Gly Gln Leu Lys Glu Phe Glu Gly Lys Lys	
500 505 510	
ttg gtc tct gct acc aag gaa ggc cta aaa ctt gat gag agc gaa gac	1584
Leu Val Ser Ala Thr Lys Glu Gly Leu Lys Leu Asp Glu Ser Glu Asp	
515 520 525	
gag aag aaa aag aag gaa gaa cta aag gat aaa ttt gag ggt ctt tgc	1632
Glu Lys Lys Lys Lys Glu Glu Leu Lys Asp Lys Phe Glu Gly Leu Cys	
530 535 540	
cat gtg atc aag gat gtg ttg ggt gac aag gtg gag aaa gtt gtg gtg	1680
His Val Ile Lys Asp Val Leu Gly Asp Lys Val Glu Lys Val Val Val	
545 550 555 560	
tct gat cgt gtt gtg gat tct cct tgc tgt ctg gtg aca ggt gaa tat	1728
Ser Asp Arg Val Val Asp Ser Pro Cys Cys Leu Val Thr Gly Glu Tyr	
565 570 575	
ggg tgg aca gcc aac atg gaa agg att atg aaa gca cag gca ttg agg	1776
Gly Trp Thr Ala Asn Met Glu Arg Ile Met Lys Ala Gln Ala Leu Arg	
580 585 590	
gac agc agc atg gct gga tac atg tca agc aag aag acg atg gag att	1824
Asp Ser Ser Met Ala Gly Tyr Met Ser Ser Lys Lys Thr Met Glu Ile	
595 600 605	
aac cct gag aac ccc atc atg gag gag ctg agg aag cga gca gat gct	1872

Asn Pro Glu Asn Pro Ile Met Glu Glu Leu Arg Lys Arg Ala Asp Ala
610 615 620
gat aag aat gac aag tct gtg aag gat ctc gtg ctc ttg ctc ttt gag 1920
Asp Lys Asn Asp Lys Ser Val Lys Asp Leu Val Leu Leu Leu Phe Glu
625 630 635 640
act gct ctt cta act tct ggg ttc agc ctt gat gat ccc aac act ttc 1968
Thr Ala Leu Leu Thr Ser Gly Phe Ser Leu Asp Asp Pro Asn Thr Phe
645 650 655
ggt aac agg att cac agg atg ctg aag ctt gga ctg agc att gat gaa 2016
Gly Asn Arg Ile His Arg Met Leu Lys Leu Gly Leu Ser Ile Asp Glu
660 665 670
gat gct ggt gaa gca gat gct gac atg cct cct ctt gag gac gct gat 2064
Asp Ala Gly Glu Ala Asp Ala Asp Met Pro Pro Leu Glu Asp Ala Asp
675 680 685
gca gat gct gag ggt agc aag atg gaa gaa gtt gat taa 2103
Ala Asp Ala Glu Gly Ser Lys Met Glu Glu Val Asp
690 695 700
<210> 106
<211> 700
<212> PRT
<213> Glycine max
<400> 106
Met Ala Ser Glu Thr Glu Thr Phe Ala Phe Gln Ala Glu Ile Asn Gln
1 5 10 15
Leu Leu Ser Leu Ile Ile Asn Thr Phe Tyr Ser Asn Lys Glu Ile Phe
20 25 30
Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala Ser Asp Ala Leu Asp Lys Ile Arg
35 40 45
Phe Glu Ser Leu Thr Asp Lys Ser Lys Leu Asp Ala Gln Pro Glu Leu
50 55 60
Phe Ile His Ile Ile Pro Asp Lys Thr Asn Asn Thr Leu Ser Ile Ile

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

Phe Asp Leu Phe Asp Thr Arg Lys Lys Pro Asn Asn Ile Lys Leu Tyr
 325 330 335
 Val Arg Arg Val Phe Ile Met Asp Asn Cys Glu Glu Leu Met Pro Glu
 340 345 350
 Tyr Leu Ser Phe Val Lys Gly Ile Val Asp Ser Glu Asp Leu Pro Leu
 355 360 365
 Asn Ile Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln Asn Lys Ile Leu Lys Val Ile
 370 375 380

 Arg Lys Asn Leu Val Lys Lys Cys Ile Glu Met Phe Phe Glu Ile Ala
 385 390 395 400
 Glu Asn Lys Glu Asp Tyr Asn Lys Phe Tyr Glu Ala Phe Ser Lys Asn
 405 410 415
 Leu Lys Leu Gly Ile His Glu Asp Ser Gln Asn Lys Thr Lys Leu Ala
 420 425 430
 Glu Leu Leu Arg Tyr His Ser Thr Lys Ser Gly Asp Glu Met Thr Ser
 435 440 445

 Leu Lys Asp Tyr Val Thr Arg Met Lys Glu Gly Gln Asn Asp Ile Tyr
 450 455 460
 Tyr Ile Thr Gly Glu Ser Lys Lys Ala Val Glu Asn Ser Pro Phe Leu
 465 470 475 480
 Glu Lys Leu Lys Lys Lys Gly Tyr Glu Val Leu Tyr Met Val Asp Ala
 485 490 495
 Ile Asp Glu Tyr Ala Val Gly Gln Leu Lys Glu Phe Glu Gly Lys Lys
 500 505 510

 Leu Val Ser Ala Thr Lys Glu Gly Leu Lys Leu Asp Glu Ser Glu Asp
 515 520 525
 Glu Lys Lys Lys Lys Glu Glu Leu Lys Asp Lys Phe Glu Gly Leu Cys
 530 535 540
 His Val Ile Lys Asp Val Leu Gly Asp Lys Val Glu Lys Val Val Val
 545 550 555 560
 Ser Asp Arg Val Val Asp Ser Pro Cys Cys Leu Val Thr Gly Glu Tyr

565 570 575

Gly Trp Thr Ala Asn Met Glu Arg Ile Met Lys Ala Gln Ala Leu Arg

580 585 590

Asp Ser Ser Met Ala Gly Tyr Met Ser Ser Lys Lys Thr Met Glu Ile

595 600 605

Asn Pro Glu Asn Pro Ile Met Glu Glu Leu Arg Lys Arg Ala Asp Ala

610 615 620

Asp Lys Asn Asp Lys Ser Val Lys Asp Leu Val Leu Leu Leu Phe Glu

625 630 635 640

Thr Ala Leu Leu Thr Ser Gly Phe Ser Leu Asp Asp Pro Asn Thr Phe

645 650 655

Gly Asn Arg Ile His Arg Met Leu Lys Leu Gly Leu Ser Ile Asp Glu

660 665 670

Asp Ala Gly Glu Ala Asp Ala Asp Met Pro Pro Leu Glu Asp Ala Asp

675 680 685

Ala Asp Ala Glu Gly Ser Lys Met Glu Glu Val Asp

690 695 700

<210> 107

<

211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 107

Ala Asp Leu Val Asn Asn Leu Gly Thr Ile Ala Arg Ser Gly Thr Lys

1 5 10 15

<210> 108

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 108

Ala Val Glu Asn Ser Pro Phe Leu Glu Lys

1 5 10

<210> 109

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 109

Glu Asp Gln Leu Glu Tyr Leu Glu Glu Arg Arg Leu Lys

1 5 10

<210> 110

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 110

Glu Glu Tyr Ala Ala Phe Tyr Lys

1 5

<210> 111

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 111

Glu Gly Gln Asn Asp Ile Tyr Tyr Ile Thr Gly Glu Ser Lys

1 5 10

<210> 112

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 112

Glu Ile Phe Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala Ser Asp Ala Leu Asp

1 5 10 15

Lys

<210> 113

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 113

Phe Tyr Glu Ala Phe Ser Lys

1 5

<210> 114

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 114

His Phe Ser Val Glu Gly Gln Leu Glu Phe Lys

1 5 10

<210> 115

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 115

Ile Arg Phe Glu Ser Leu Thr Asp Lys

1 5

<210> 116

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 116

Leu Ala Glu Leu Leu Arg Tyr His Ser Thr Lys

1 5 10

<210> 117

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 117

Leu Asp Glu Ser Glu Asp Glu Lys

1 5

<210> 118

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 118

Leu Gly Ile His Glu Asp Ser Gln Asn Lys

1 5 10

<210> 119

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 119

Arg Ala Pro Phe Asp Leu Phe Asp Thr Arg Lys

1 5 10

<210> 120

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 120

Val Glu Asp Val Asp Glu Asp Lys

1 5

<210> 121

<211> 2109

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(2109)

<400> 121

atg gcg gag aca gag acg ttc gca ttc caa gca gag atc aac cag etc 48

Met Ala Glu Thr Glu Thr Phe Ala Phe Gln Ala Glu Ile Asn Gln Leu

1 5 10 15

ctc agt ctc atc atc aac acc ttc tac tcc aac aag gag att ttc ctt 96

Leu Ser Leu Ile Ile Asn Thr Phe Tyr Ser Asn Lys Glu Ile Phe Leu

20 25 30

cgt gaa ctc atc agc aac gcc tcc gat gct ttg gac aag att cga ttt 144

Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala Ser Asp Ala Leu Asp Lys Ile Arg Phe

35	40	45	
gag agt ttg aca gat aag agc aag ctc gat gct cag cca gag ttg ttc			192
Glu Ser Leu Thr Asp Lys Ser Lys Leu Asp Ala Gln Pro Glu Leu Phe			
50	55	60	
att cat att att cca gac aag act aac aat aca ctg acc att gtt gac			240
Ile His Ile Ile Pro Asp Lys Thr Asn Asn Thr Leu Thr Ile Val Asp			
65	70	75	80
agt ggt att ggc atg acc aaa gct gat ttg gtg aac aac ttg ggt aca			288
Ser Gly Ile Gly Met Thr Lys Ala Asp Leu Val Asn Asn Leu Gly Thr			
85	90	95	
att gct aga tct ggt acc aag gaa ttc atg gaa gcc ttg gct gct ggt			336
Ile Ala Arg Ser Gly Thr Lys Glu Phe Met Glu Ala Leu Ala Ala Gly			
100	105	110	
gct gat gtt agt atg att gga cag ttt ggt gtg ggg ttc tac tct gca			384
Ala Asp Val Ser Met Ile Gly Gln Phe Gly Val Gly Phe Tyr Ser Ala			
115	120	125	
tat ctt gtt gct gag aag gtc att gtt aca acc aaa cac aat gat gat			
			432
Tyr Leu Val Ala Glu Lys Val Ile Val Thr Thr Lys His Asn Asp Asp			
130	135	140	
gaa cag tat gtt tgg gag tct caa gct gga ggt tct ttc act gtc acc			480
Glu Gln Tyr Val Trp Glu Ser Gln Ala Gly Gly Ser Phe Thr Val Thr			
145	150	155	160
agg gat aac act ggt gag gtt ctt ggc agg ggt act aag atc act ctc			528
Arg Asp Asn Thr Gly Glu Val Leu Gly Arg Gly Thr Lys Ile Thr Leu			
165	170	175	
tac ctc aag gaa gat cag ctt gag tac ctt gag gag cgt cgc ttg aag			576
Tyr Leu Lys Glu Asp Gln Leu Glu Tyr Leu Glu Glu Arg Arg Leu Lys			
180	185	190	
gat ctg atc aag aag cat tct gag ttc att agc tac cca att tct ctt			624

Asp Leu Ile Lys Lys His Ser Glu Phe Ile Ser Tyr Pro Ile Ser Leu

195	200	205	
tgg att gag aag act act gag aag gag atc tct gac gat gag gat gag	672		
Trp Ile Glu Lys Thr Thr Glu Lys Glu Ile Ser Asp Asp Glu Asp Glu			
210	215	220	
gaa gag aag aag gat gag gag ggt aag gtg gag gat gtt gac gaa gag	720		
Glu Glu Lys Lys Asp Glu Glu Gly Lys Val Glu Asp Val Asp Glu Glu			
225	230	235	240
aag gag aag gaa gaa aaa aag aaa aag aag atc aag gaa gtg tca cat	768		
Lys Glu Lys Glu Glu Lys Lys Lys Lys Lys Ile Lys Glu Val Ser His			
245	250	255	
gaa tgg tcc ttg gtg aac aag cag aag ccc att tgg atg agg aag cct	816		
Glu Trp Ser Leu Val Asn Lys Gln Lys Pro Ile Trp Met Arg Lys Pro			
260	265	270	
gag gag atc aca aaa gag gag tat tct gct ttc tac aag agt ctt acc	864		
Glu Glu Ile Thr Lys Glu Glu Tyr Ser Ala Phe Tyr Lys Ser Leu Thr			
275	280	285	
aat gac tgg gaa gag cat ttg gct gtc aag cac ttc tct gtt gag ggt	912		
Asn Asp Trp Glu Glu His Leu Ala Val Lys His Phe Ser Val Glu Gly			
290	295	300	
cag ttg gag ttt aag gct ata ctc ttt gtt ccc aag agg gca cct ttt	960		
Gln Leu Glu Phe Lys Ala Ile Leu Phe Val Pro Lys Arg Ala Pro Phe			
305	310	315	320
gac ctc ttt gac aca agg aag aag cct aac aac att aag ctc tat gtc	1008		
Asp Leu Phe Asp Thr Arg Lys Lys Pro Asn Asn Ile Lys Leu Tyr Val			
325	330	335	
cgc cgt gtc ttt att atg gac aac tgt gag gag ttg att cct gag tat	1056		
Arg Arg Val Phe Ile Met Asp Asn Cys Glu Glu Leu Ile Pro Glu Tyr			
340	345	350	

ttg ggc ttt gtc aag ggt att gtt gat tct gaa gat ctc cca ctc aac	1104
Leu Gly Phe Val Lys Gly Ile Val Asp Ser Glu Asp Leu Pro Leu Asn	
355 360 365	
att tca aga gaa atg ttg caa cag aac aag atc ttg aag gtc atc cgt	1152
Ile Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln Asn Lys Ile Leu Lys Val Ile Arg	
370 375 380	
aag aac ttg gtc aag aag tgc ctt gag ctc ttc ttt gaa att gca gag	1200
Lys Asn Leu Val Lys Lys Cys Leu Glu Leu Phe Phe Glu Ile Ala Glu	
385 390 395 400	
aac aag gag gat tac aac aag ttc tat gag gct ttc tct aag aac tta	1248
Asn Lys Glu Asp Tyr Asn Lys Phe Tyr Glu Ala Phe Ser Lys Asn Leu	
405 410 415	
aag ctt ggt atc cat gag gat tcc cag aac aag gga aag att gct gaa	1296
Lys Leu Gly Ile His Glu Asp Ser Gln Asn Lys Gly Lys Ile Ala Glu	
420 425 430	
ttg ctc agg tac cac tcc acc aag agt ggt gat gag ctg aca agc ctc	1344
Leu Leu Arg Tyr His Ser Thr Lys Ser Gly Asp Glu Leu Thr Ser Leu	
435 440 445	
aag gat tat gtg acc agg atg aag gaa ggt cag agt gac atc tac tac	1392
Lys Asp Tyr Val Thr Arg Met Lys Glu Gly Gln Ser Asp Ile Tyr Tyr	
450 455 460	
atc acc ggt gaa agc aag aag gct gtt gag aac tcc cca ttc ttg gag	1440
Ile Thr Gly Glu Ser Lys Lys Ala Val Glu Asn Ser Pro Phe Leu Glu	
465 470 475 480	
aag ttg aag aag aaa ggg tat gag gtt ctt ttc atg gtt gat gcc att	1488
Lys Leu Lys Lys Lys Gly Tyr Glu Val Leu Phe Met Val Asp Ala Ile	
485 490 495	
gat gaa tat gct gtt ggc cag ctc aag gaa ttt gag ggc aag aag ctt	1536
Asp Glu Tyr Ala Val Gly Gln Leu Lys Glu Phe Glu Gly Lys Lys Leu	
500 505 510	
gtc tct gcc acc aag gag ggt ctc aaa ctt gac gag agt gaa gat gag	1584

Val Ser Ala Thr Lys Glu Gly Leu Lys Leu Asp Glu Ser Glu Asp Glu	
515 520 525	
aag aag aag caa gag gag ttg aag gag aag ttt gac aac cta tgc aag	1632
Lys Lys Lys Gln Glu Glu Leu Lys Glu Lys Phe Asp Asn Leu Cys Lys	
530 535 540	
gtg atc aag gat gtt ttg ggt gac aag gtt gag aag gtt gta gtc tct	1680
Val Ile Lys Asp Val Leu Gly Asp Lys Val Glu Lys Val Val Val Ser	
545 550 555 560	
gac cgt gtt gtt gat tca cca tgc tgt ctg gtg act gga gaa tac ggt	1728
Asp Arg Val Val Asp Ser Pro Cys Cys Leu Val Thr Gly Glu Tyr Gly	
565 570 575	
tgg act gca aac atg gaa agg atc atg aaa gct caa gcc cta agg gac	1776
Trp Thr Ala Asn Met Glu Arg Ile Met Lys Ala Gln Ala Leu Arg Asp	
580 585 590	
aac agc atg gca gga tac atg tca agc aag aag aca atg gag atc aac	1824
Asn Ser Met Ala Gly Tyr Met Ser Ser Lys Lys Thr Met Glu Ile Asn	
595 600 605	
cct gag aac cca atc atg gag gag ctc agg aag cgt gcg gat gct gac	1872
Pro Glu Asn Pro Ile Met Glu Glu Leu Arg Lys Arg Ala Asp Ala Asp	
610 615 620	
aag aac gac aaa tcc gtg aag gac ctt gtt ctg ttg ctg ttc gag act	1920
Lys Asn Asp Lys Ser Val Lys Asp Leu Val Leu Leu Leu Phe Glu Thr	
625 630 635 640	
gct ctt ctc act tct ggt ttc agc ctt gac gaa ccc aac act ttt gga	1968
Ala Leu Leu Thr Ser Gly Phe Ser Leu Asp Glu Pro Asn Thr Phe Gly	
645 650 655	
aac agg atc cac aga atg ttg aag ctt gga ctg agc atc gac gag gat	2016
Asn Arg Ile His Arg Met Leu Lys Leu Gly Leu Ser Ile Asp Glu Asp	
660 665 670	
gca gct gaa gct gat gct gat gct gat atg ccc cca ctg gag gag gag	2064
Ala Ala Glu Ala Asp Ala Asp Ala Asp Met Pro Pro Leu Glu Glu Glu	

675	680	685													
gct gaa gct gat gct gag ggc agc aaa atg gag gag gtt gat taa												2109			
Ala Glu Ala Asp Ala Glu Gly Ser Lys Met Glu Glu Val Asp															
690				695				700							
<210> 122															
<211> 702															
<212> PRT															
<213> Glycine max															
<400> 122															
Met Ala Glu Thr Glu Thr Phe Ala Phe Gln Ala Glu Ile Asn Gln Leu															
1				5				10				15			
Leu Ser Leu Ile Ile Asn Thr Phe Tyr Ser Asn Lys Glu Ile Phe Leu															
20				25				30							
Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala Ser Asp Ala Leu Asp Lys Ile Arg Phe															
35				40				45							
Glu Ser Leu Thr Asp Lys Ser Lys Leu Asp Ala Gln Pro Glu Leu Phe															
50				55				60							
Ile His Ile Ile Pro Asp Lys Thr Asn Asn Thr Leu Thr Ile Val Asp															
65				70				75				80			
Ser Gly Ile Gly Met Thr Lys Ala Asp Leu Val Asn Asn Leu Gly Thr															
85				90				95							
Ile Ala Arg Ser Gly Thr Lys Glu Phe Met Glu Ala Leu Ala Ala Gly															
100				105				110							
Ala Asp Val Ser Met Ile Gly Gln Phe Gly Val Gly Phe Tyr Ser Ala															
115				120				125							
Tyr Leu Val Ala Glu Lys Val Ile Val Thr Thr Lys His Asn Asp Asp															
130				135				140							
Glu Gln Tyr Val Trp Glu Ser Gln Ala Gly Gly Ser Phe Thr Val Thr															
145				150				155				160			
Arg Asp Asn Thr Gly Glu Val Leu Gly Arg Gly Thr Lys Ile Thr Leu															
165				170				175							

Tyr Leu Lys Glu Asp Gln Leu Glu Tyr Leu Glu Glu Arg Arg Leu Lys
 180 185 190
 Asp Leu Ile Lys Lys His Ser Glu Phe Ile Ser Tyr Pro Ile Ser Leu
 195 200 205
 Trp Ile Glu Lys Thr Thr Glu Lys Glu Ile Ser Asp Asp Glu Asp Glu
 210 215 220

 Glu Glu Lys Lys Asp Glu Glu Gly Lys Val Glu Asp Val Asp Glu Glu
 225 230 235 240
 Lys Glu Lys Glu Glu Lys Lys Lys Lys Lys Ile Lys Glu Val Ser His
 245 250 255
 Glu Trp Ser Leu Val Asn Lys Gln Lys Pro Ile Trp Met Arg Lys Pro
 260 265 270
 Glu Glu Ile Thr Lys Glu Glu Tyr Ser Ala Phe Tyr Lys Ser Leu Thr
 275 280 285

 Asn Asp Trp Glu Glu His Leu Ala Val Lys His Phe Ser Val Glu Gly
 290 295 300
 Gln Leu Glu Phe Lys Ala Ile Leu Phe Val Pro Lys Arg Ala Pro Phe
 305 310 315 320
 Asp Leu Phe Asp Thr Arg Lys Lys Pro Asn Asn Ile Lys Leu Tyr Val
 325 330 335
 Arg Arg Val Phe Ile Met Asp Asn Cys Glu Glu Leu Ile Pro Glu Tyr
 340 345 350

 Leu Gly Phe Val Lys Gly Ile Val Asp Ser Glu Asp Leu Pro Leu Asn
 355 360 365
 Ile Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln Asn Lys Ile Leu Lys Val Ile Arg
 370 375 380
 Lys Asn Leu Val Lys Lys Cys Leu Glu Leu Phe Phe Glu Ile Ala Glu
 385 390 395 400
 Asn Lys Glu Asp Tyr Asn Lys Phe Tyr Glu Ala Phe Ser Lys Asn Leu
 405 410 415

 Lys Leu Gly Ile His Glu Asp Ser Gln Asn Lys Gly Lys Ile Ala Glu

420 425 430
 Leu Leu Arg Tyr His Ser Thr Lys Ser Gly Asp Glu Leu Thr Ser Leu
 435 440 445
 Lys Asp Tyr Val Thr Arg Met Lys Glu Gly Gln Ser Asp Ile Tyr Tyr
 450 455 460
 Ile Thr Gly Glu Ser Lys Lys Ala Val Glu Asn Ser Pro Phe Leu Glu
 465 470 475 480

 Lys Leu Lys Lys Lys Gly Tyr Glu Val Leu Phe Met Val Asp Ala Ile
 485 490 495
 Asp Glu Tyr Ala Val Gly Gln Leu Lys Glu Phe Glu Gly Lys Lys Leu
 500 505 510
 Val Ser Ala Thr Lys Glu Gly Leu Lys Leu Asp Glu Ser Glu Asp Glu
 515 520 525
 Lys Lys Lys Gln Glu Glu Leu Lys Glu Lys Phe Asp Asn Leu Cys Lys
 530 535 540

 Val Ile Lys Asp Val Leu Gly Asp Lys Val Glu Lys Val Val Val Ser
 545 550 555 560
 Asp Arg Val Val Asp Ser Pro Cys Cys Leu Val Thr Gly Glu Tyr Gly
 565 570 575
 Trp Thr Ala Asn Met Glu Arg Ile Met Lys Ala Gln Ala Leu Arg Asp
 580 585 590
 Asn Ser Met Ala Gly Tyr Met Ser Ser Lys Lys Thr Met Glu Ile Asn
 595 600 605

 Pro Glu Asn Pro Ile Met Glu Glu Leu Arg Lys Arg Ala Asp Ala Asp
 610 615 620
 Lys Asn Asp Lys Ser Val Lys Asp Leu Val Leu Leu Leu Phe Glu Thr
 625 630 635 640
 Ala Leu Leu Thr Ser Gly Phe Ser Leu Asp Glu Pro Asn Thr Phe Gly
 645 650 655
 Asn Arg Ile His Arg Met Leu Lys Leu Gly Leu Ser Ile Asp Glu Asp
 660 665 670

Ala Ala Glu Ala Asp Ala Asp Ala Asp Met Pro Pro Leu Glu Glu Glu

675

680

685

Ala Glu Ala Asp Ala Glu Gly Ser Lys Met Glu Glu Val Asp

690

695

700

<210> 123

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 123

Ala Asp Leu Val Asn Asn Leu Gly Thr Ile Ala Arg Ser Gly Thr Lys

1

5

10

15

<210> 124

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 124

Ala Val Glu Asn Ser Pro Phe Leu Glu Lys

1

5

10

<210> 125

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 125

Glu Asp Gln Leu Glu Tyr Leu Glu Glu Arg Arg Leu Lys

1

5

10

<210> 126

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 126

Glu Glu Tyr Ser Ala Phe Tyr Lys

1

5

<210> 127

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 127

Glu Gly Gln Ser Asp Ile Tyr Tyr Ile Thr Gly Glu Ser Lys

1 5 10

<210> 128

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 128

Glu Ile Phe Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala Ser Asp Ala Leu Asp

1 5 10 15

Lys

<210> 129

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 129

Phe Tyr Glu Ala Phe Ser Lys

1 5

<210> 130

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 130

His Phe Ser Val Glu Gly Gln Leu Glu Phe Lys

1 5 10

<210> 131

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 131

Ile Ala Glu Leu Leu Arg Tyr His Ser Thr Lys

1 5 10

<210> 132

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 132

Ile Arg Phe Glu Ser Leu Thr Asp Lys

1 5

<210> 133

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 133

Leu Asp Glu Ser Glu Asp Glu Lys

1 5

<210> 134

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 134

Leu Gly Ile His Glu Asp Ser Gln Asn Lys

1 5 10

<210> 135

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 135

Arg Ala Pro Phe Asp Leu Phe Asp Thr Arg Lys

1 5 10

<210> 136

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 136

Ser Gly Asp Glu Leu Thr Ser Leu Lys

1 5

<210> 137

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 137

Val Glu Asp Val Asp Glu Glu Lys

1 5

<210> 138

<211> 2109

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(2109)

<400> 138

atg gct tcg gag act gag acg ttt gct ttt cag gcc gag atc aac cag 48

Met Ala Ser Glu Thr Glu Thr Phe Ala Phe Gln Ala Glu Ile Asn Gln

1 5 10 15

ctc ctc agt cta atc atc aac acc ttc tac agc aac aag gag atc ttt 96

Leu Leu Ser Leu Ile Ile Asn Thr Phe Tyr Ser Asn Lys Glu Ile Phe

20 25 30

ctt cgt gag ctc atc agc aat gcc tct gat gct ttg gac aag att cga 144

Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala Ser Asp Ala Leu Asp Lys Ile Arg

35 40 45

ttt gag agt ctt aca gac aag agc aag ctt gat gct cag cca gag ttg 192

Phe Glu Ser Leu Thr Asp Lys Ser Lys Leu Asp Ala Gln Pro Glu Leu

50 55 60

ttc att cac att att cct gac aag acc aac aac aca ttg tct atc att 240

Phe Ile His Ile Ile Pro Asp Lys Thr Asn Asn Thr Leu Ser Ile Ile

65 70 75 80

gac agt ggt att ggc atg act aag gcc gat ttg gtg aat aac ctc ggt	288
Asp Ser Gly Ile Gly Met Thr Lys Ala Asp Leu Val Asn Asn Leu Gly	
85 90 95	
act att gca agg tct ggg acc aag gaa ttc atg gaa gcc ctg gct gct	336
Thr Ile Ala Arg Ser Gly Thr Lys Glu Phe Met Glu Ala Leu Ala Ala	
100 105 110	
ggt gct gat gtg agc atg att gga cag ttt ggt gtt ggt ttc tac tcg	384
Gly Ala Asp Val Ser Met Ile Gly Gln Phe Gly Val Gly Phe Tyr Ser	
115 120 125	
gct tat ctt gta gct gac aag gtt att gtt acc aca aag cac aat gat	432
Ala Tyr Leu Val Ala Asp Lys Val Ile Val Thr Thr Lys His Asn Asp	
130 135 140	
gat gag cag tat gtc tgg gag tcc cat gct ggt ggc tca ttt act gtg	480
Asp Glu Gln Tyr Val Trp Glu Ser His Ala Gly Gly Ser Phe Thr Val	
145 150 155 160	
aca agg gat aca tct ggt gag aac ctt ggt agg gga aca aag ata act	528
Thr Arg Asp Thr Ser Gly Glu Asn Leu Gly Arg Gly Thr Lys Ile Thr	
165 170 175	
ttg ttt ctc aag gaa gat caa ctt gag tat ctt gag gaa cgc cgt ctg	576
Leu Phe Leu Lys Glu Asp Gln Leu Glu Tyr Leu Glu Glu Arg Arg Leu	
180 185 190	
aag gat ttg ata aag aag cat tct gaa ttc att agc tat cca att tct	624
Lys Asp Leu Ile Lys Lys His Ser Glu Phe Ile Ser Tyr Pro Ile Ser	
195 200 205	
ctt tgg att gag aag acc act gaa aag gag att tct gat gat gag gac	672
Leu Trp Ile Glu Lys Thr Thr Glu Lys Glu Ile Ser Asp Asp Glu Asp	
210 215 220	
gag gaa gag aag aag gat gag gag ggt aaa gtt gaa gat gtg gat gaa	720
Glu Glu Glu Lys Lys Asp Glu Glu Gly Lys Val Glu Asp Val Asp Glu	
225 230 235 240	
gat aag gag aag gag gag aag aaa aag aag acc att aag gag gta tct	768

Asp Lys Glu Lys Glu Glu Lys Lys Lys Lys Thr Ile Lys Glu Val Ser

245 250 255

cat gag tgg tca ttg gtg aac aag cag aag cct att tgg atg agg aaa 816

His Glu Trp Ser Leu Val Asn Lys Gln Lys Pro Ile Trp Met Arg Lys

260 265 270

cct gaa gag atc aca aaa gaa gaa tat gct gct ttc tac aag agt ctt 864

Pro Glu Glu Ile Thr Lys Glu Glu Tyr Ala Ala Phe Tyr Lys Ser Leu

275 280 285

acc aat gat tgg gaa gag cat ttg gct gtt aag cac ttt tct gtt gag 912

Thr Asn Asp Trp Glu Glu His Leu Ala Val Lys His Phe Ser Val Glu

290 295 300

ggt cag ctg gag ttt aag gct gtc ctc ttt atc ccc aag agg gca cct 960

Gly Gln Leu Glu Phe Lys Ala Val Leu Phe Ile Pro Lys Arg Ala Pro

305 310 315 320

ttt gat ctt ttt gac act aag aag aag cct aac aac atc aaa ctg tat 1008

Phe Asp Leu Phe Asp Thr Lys Lys Lys Pro Asn Asn Ile Lys Leu Tyr

325 330 335

gtc cgc cgt gtt ttc atc atg gac aac tgt gag gag ttg atg cca gaa 1056

Val Arg Arg Val Phe Ile Met Asp Asn Cys Glu Glu Leu Met Pro Glu

340 345 350

tat ctt agc ttt gtt aag ggt att gtg gat tct gag gat ctt cct ctc 1104

Tyr Leu Ser Phe Val Lys Gly Ile Val Asp Ser Glu Asp Leu Pro Leu

355 360 365

aac att tct aga gaa atg ctg cag cag aac aag atc ctg aaa gtc atc 1152

Asn Ile Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln Asn Lys Ile Leu Lys Val Ile

370 375 380

agg aag aac ttg gtc aag aag tgc att gag atg ttc ttt gaa att gct 1200

Arg Lys Asn Leu Val Lys Lys Cys Ile Glu Met Phe Phe Glu Ile Ala

385 390 395 400

gag aac aag gaa gac tat aac aag ttt tat gaa gcc ttc tct aag aat	1248
Glu Asn Lys Glu Asp Tyr Asn Lys Phe Tyr Glu Ala Phe Ser Lys Asn	
405 410 415	
ctg aaa ctt ggt att cat gag gat tct cag aac aag aca aaa ctt gct	1296
Leu Lys Leu Gly Ile His Glu Asp Ser Gln Asn Lys Thr Lys Leu Ala	
420 425 430	
gaa ttg ctc agg tat cac tcc acc aag agt ggt gat gag atg acc agc	1344
Glu Leu Leu Arg Tyr His Ser Thr Lys Ser Gly Asp Glu Met Thr Ser	
435 440 445	
ctc aag gac tat gtt acc agg atg aag gaa ggg cag aat gac atc tac	1392
Leu Lys Asp Tyr Val Thr Arg Met Lys Glu Gly Gln Asn Asp Ile Tyr	
450 455 460	
tac att act ggt gaa agc aag aaa gct gtt gag aat tcc cct ttc ctt	1440
Tyr Ile Thr Gly Glu Ser Lys Lys Ala Val Glu Asn Ser Pro Phe Leu	
465 470 475 480	
gaa aag ctt aag aag aag ggg ttc gag gtt ctc tac atg gtt gat gct	1488
Glu Lys Leu Lys Lys Lys Gly Phe Glu Val Leu Tyr Met Val Asp Ala	
485 490 495	
att gac gag tat gct gtt ggt cag ctt aag gaa ttt gag gga aag aag	1536
Ile Asp Glu Tyr Ala Val Gly Gln Leu Lys Glu Phe Glu Gly Lys Lys	
500 505 510	
ttg gtc tct gct act aag gaa ggc ctg aaa ctt gac gag agc gaa gac	1584
Leu Val Ser Ala Thr Lys Glu Gly Leu Lys Leu Asp Glu Ser Glu Asp	
515 520 525	
gaa aag aaa aag aag gaa gaa ttg aag gag aaa ttt gag ggt ctc tgc	1632
Glu Lys Lys Lys Lys Glu Glu Leu Lys Glu Lys Phe Glu Gly Leu Cys	
530 535 540	
cat gtg atc aag gat gtg ttg ggt gac aag gtg gag aaa gtt gtg gtg	1680
His Val Ile Lys Asp Val Leu Gly Asp Lys Val Glu Lys Val Val Val	
545 550 555 560	
tct gat cgt gtt gtg gat tct cct tgc tgt ctc gtg act ggt gaa tat	1728

Ser Asp Arg Val Val Asp Ser Pro Cys Cys Leu Val Thr Gly Glu Tyr
565 570 575
ggg tgg aca gcc aac atg gaa agg att atg aaa gca cag gca ttg agg 1776
Gly Trp Thr Ala Asn Met Glu Arg Ile Met Lys Ala Gln Ala Leu Arg
580 585 590
gac agc agc atg gct gga tac atg tcg agc aag aag acc atg gag att 1824
Asp Ser Ser Met Ala Gly Tyr Met Ser Ser Lys Lys Thr Met Glu Ile
595 600 605
aac cct gag aac ccc atc atg gat gaa ctg agg aag cga gct gat gct 1872
Asn Pro Glu Asn Pro Ile Met Asp Glu Leu Arg Lys Arg Ala Asp Ala
610 615 620
gac aag aat gac aaa tct gtg aag gat ctc gtt ctc cta ctc ttt gag 1920
Asp Lys Asn Asp Lys Ser Val Lys Asp Leu Val Leu Leu Leu Phe Glu
625 630 635 640
act gct ctt cta act tct ggg ttc agc ctt gat gat ccc aac act ttc 1968
Thr Ala Leu Leu Thr Ser Gly Phe Ser Leu Asp Asp Pro Asn Thr Phe
645 650 655
ggt aac agg att cac agg atg ctg aag ctt gga ctg agc att gat gaa 2016
Gly Asn Arg Ile His Arg Met Leu Lys Leu Gly Leu Ser Ile Asp Glu
660 665 670
gat gct ggt gaa gca gat gct gac atg cct cct ctc gag gac gcc gat 2064
Asp Ala Gly Glu Ala Asp Ala Asp Met Pro Pro Leu Glu Asp Ala Asp
675 680 685
gct gat gcc gat gct gag ggt agc aag atg gaa gaa gtt gat taa 2109
Ala Asp Ala Asp Ala Glu Gly Ser Lys Met Glu Glu Val Asp
690 695 700
<210> 139
<211> 702
<212> PRT
<213> Glycine max
<400> 139

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

245	250	255
His Glu Trp Ser Leu Val Asn Lys Gln Lys Pro Ile Trp Met Arg Lys		
260	265	270
Pro Glu Glu Ile Thr Lys Glu Glu Tyr Ala Ala Phe Tyr Lys Ser Leu		
275	280	285
Thr Asn Asp Trp Glu Glu His Leu Ala Val Lys His Phe Ser Val Glu		
290	295	300
Gly Gln Leu Glu Phe Lys Ala Val Leu Phe Ile Pro Lys Arg Ala Pro		
305	310	315
Phe Asp Leu Phe Asp Thr Lys Lys Lys Pro Asn Asn Ile Lys Leu Tyr		
325	330	335
Val Arg Arg Val Phe Ile Met Asp Asn Cys Glu Glu Leu Met Pro Glu		
340	345	350
Tyr Leu Ser Phe Val Lys Gly Ile Val Asp Ser Glu Asp Leu Pro Leu		
355	360	365
Asn Ile Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln Asn Lys Ile Leu Lys Val Ile		
370	375	380
Arg Lys Asn Leu Val Lys Lys Cys Ile Glu Met Phe Phe Glu Ile Ala		
385	390	395
Glu Asn Lys Glu Asp Tyr Asn Lys Phe Tyr Glu Ala Phe Ser Lys Asn		
405	410	415
Leu Lys Leu Gly Ile His Glu Asp Ser Gln Asn Lys Thr Lys Leu Ala		
420	425	430
Glu Leu Leu Arg Tyr His Ser Thr Lys Ser Gly Asp Glu Met Thr Ser		
435	440	445
Leu Lys Asp Tyr Val Thr Arg Met Lys Glu Gly Gln Asn Asp Ile Tyr		
450	455	460
Tyr Ile Thr Gly Glu Ser Lys Lys Ala Val Glu Asn Ser Pro Phe Leu		
465	470	475
Glu Lys Leu Lys Lys Lys Gly Phe Glu Val Leu Tyr Met Val Asp Ala		
485	490	495

Ile Asp Glu Tyr Ala Val Gly Gln Leu Lys Glu Phe Glu Gly Lys Lys
500 505 510
Leu Val Ser Ala Thr Lys Glu Gly Leu Lys Leu Asp Glu Ser Glu Asp
515 520 525
Glu Lys Lys Lys Lys Glu Glu Leu Lys Glu Lys Phe Glu Gly Leu Cys
530 535 540
His Val Ile Lys Asp Val Leu Gly Asp Lys Val Glu Lys Val Val Val
545 550 555 560

Ser Asp Arg Val Val Asp Ser Pro Cys Cys Leu Val Thr Gly Glu Tyr
565 570 575
Gly Trp Thr Ala Asn Met Glu Arg Ile Met Lys Ala Gln Ala Leu Arg
580 585 590
Asp Ser Ser Met Ala Gly Tyr Met Ser Ser Lys Lys Thr Met Glu Ile
595 600 605
Asn Pro Glu Asn Pro Ile Met Asp Glu Leu Arg Lys Arg Ala Asp Ala
610 615 620

Asp Lys Asn Asp Lys Ser Val Lys Asp Leu Val Leu Leu Leu Phe Glu
625 630 635 640
Thr Ala Leu Leu Thr Ser Gly Phe Ser Leu Asp Asp Pro Asn Thr Phe
645 650 655
Gly Asn Arg Ile His Arg Met Leu Lys Leu Gly Leu Ser Ile Asp Glu
660 665 670
Asp Ala Gly Glu Ala Asp Ala Asp Met Pro Pro Leu Glu Asp Ala Asp
675 680 685

Ala Asp Ala Asp Ala Glu Gly Ser Lys Met Glu Glu Val Asp
690 695 700

<210> 140

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 140

Ala Asp Leu Val Asn Asn Leu Gly Thr Ile Ala Arg Ser Gly Thr Lys

1 5 10 15

<210> 141

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 141

Ala Val Glu Asn Ser Pro Phe Leu Glu Lys

1 5 10

<210> 142

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 142

Glu Asp Gln Leu Glu Tyr Leu Glu Glu Arg Arg Leu Lys

1 5 10

<210> 143

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 143

Glu Glu Tyr Ala Ala Phe Tyr Lys

1 5

<210> 144

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 144

Glu Gly Gln Asn Asp Ile Tyr Tyr Ile Thr Gly Glu Ser Lys

1 5 10

<210> 145

<211> 17

<212> PRT

<213>

> Glycine max

<400> 145

Glu Ile Phe Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala Ser Asp Ala Leu Asp

1 5 10 15

Lys

<210> 146

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 146

Phe Tyr Glu Ala Phe Ser Lys

1 5

<210> 147

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 147

His Phe Ser Val Glu Gly Gln Leu Glu Phe Lys

1 5 10

<210> 148

<211> 9

<212> PRT

<213>

> Glycine max

<400> 148

Ile Arg Phe Glu Ser Leu Thr Asp Lys

1 5

<210> 149

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 149

Leu Ala Glu Leu Leu Arg Tyr His Ser Thr Lys

1 5 10

<210> 150

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 150

Leu Asp Glu Ser Glu Asp Glu Lys

1 5

<210> 151

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 151

Leu Gly Ile His Glu Asp Ser Gln Asn Lys

1 5 10

<210> 152

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 152

Arg Ala Pro Phe Asp Leu Phe Asp Thr Lys

1 5 10

<210> 153

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 153

Val Glu Asp Val Asp Glu Asp Lys

1 5

<210> 154

<211> 2109

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(2109)

<400> 154

atg gct tcg gag act gag acg ttt gct ttt cag gcc gag atc aac cag	48
Met Ala Ser Glu Thr Glu Thr Phe Ala Phe Gln Ala Glu Ile Asn Gln	
1 5 10 15	
ctc ctc agt cta atc atc aac acc ttc tac agc aac aag gag atc ttt	96
Leu Leu Ser Leu Ile Ile Asn Thr Phe Tyr Ser Asn Lys Glu Ile Phe	
20 25 30	
ctt cgt gag ctc atc agc aat gcc tct gat gct ttg gac aag att cga	144
Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala Ser Asp Ala Leu Asp Lys Ile Arg	
35 40 45	
ttt gag agt ctt aca gac aag agc aag ctt gat gct cag cca gag ttg	192
Phe Glu Ser Leu Thr Asp Lys Ser Lys Leu Asp Ala Gln Pro Glu Leu	
50 55 60	
ttc att cac att att cct gac aag acc aac aac aca ttg tct atc att	240
Phe Ile His Ile Ile Pro Asp Lys Thr Asn Asn Thr Leu Ser Ile Ile	
65 70 75 80	
gac agt ggt att ggc atg act aag gcc gat ttg gtg aat aac ctc ggt	288
Asp Ser Gly Ile Gly Met Thr Lys Ala Asp Leu Val Asn Asn Leu Gly	
85 90 95	
act att gca agg tct ggg acc aag gaa ttc atg gaa gcc ctg gct gct	336
Thr Ile Ala Arg Ser Gly Thr Lys Glu Phe Met Glu Ala Leu Ala Ala	
100 105 110	
ggt gct gat gtg agc atg att gga cag ttt ggt gtt ggt ttc tac tcg	384
Gly Ala Asp Val Ser Met Ile Gly Gln Phe Gly Val Gly Phe Tyr Ser	
115 120 125	
gct tat ctt gta gct gac aag gtt att gtt acc aca aag cac aat gat	432
Ala Tyr Leu Val Ala Asp Lys Val Ile Val Thr Thr Lys His Asn Asp	
130 135 140	
gat gag cag tat gtc tgg gag tcc cat gct ggt ggc tca ttt act gtg	480
Asp Glu Gln Tyr Val Trp Glu Ser His Ala Gly Gly Ser Phe Thr Val	

145	150	155	160	
aca agg gat aca tct ggt gag aac ctt ggt agg gga aca aag ata act				528
Thr Arg Asp Thr Ser Gly Glu Asn Leu Gly Arg Gly Thr Lys Ile Thr				
	165	170	175	
ttg ttt ctc aag gaa gat caa ctt gag tat ctt gag gaa cgc cgt ctg				576
Leu Phe Leu Lys Glu Asp Gln Leu Glu Tyr Leu Glu Glu Arg Arg Leu				
	180	185	190	
aag gat ttg ata aag aag cat tct gaa ttc att agc tat cca att tct				624
Lys Asp Leu Ile Lys Lys His Ser Glu Phe Ile Ser Tyr Pro Ile Ser				
	195	200	205	
ctt tgg att gag aag acc act gaa aag gag att tct gat gat gag gac				672
Leu Trp Ile Glu Lys Thr Thr Glu Lys Glu Ile Ser Asp Asp Glu Asp				
	210	215	220	
gag gaa gag aag aag gat gag gag ggt aaa gtt gaa gat gtg gat gaa				720
Glu Glu Glu Lys Lys Asp Glu Glu Gly Lys Val Glu Asp Val Asp Glu				
225	230	235	240	
gat aag gag aag gag gag aag aaa aag aag acc att aag gag gta tct				768
Asp Lys Glu Lys Glu Glu Lys Lys Lys Lys Thr Ile Lys Glu Val Ser				
	245	250	255	
cat gag tgg tca ttg gtg aac aag cag aag cct att tgg atg agg aaa				816
His Glu Trp Ser Leu Val Asn Lys Gln Lys Pro Ile Trp Met Arg Lys				
	260	265	270	
cct gaa gag atc aca aaa gaa gaa tat gct gct ttc tac aag agt ctt				864
Pro Glu Glu Ile Thr Lys Glu Glu Tyr Ala Ala Phe Tyr Lys Ser Leu				
	275	280	285	
acc aat gat tgg gaa gag cat ttg gct gtt aag cac ttt tct gtt gag				912
Thr Asn Asp Trp Glu Glu His Leu Ala Val Lys His Phe Ser Val Glu				
	290	295	300	
ggt cag ctg gag ttt aag gct gtc ctc ttt atc ccc aag agg gca cct				960
Gly Gln Leu Glu Phe Lys Ala Val Leu Phe Ile Pro Lys Arg Ala Pro				
305	310	315	320	

ttt gat ctt ttt gac act aag aag aag cct aac aac atc aaa ctg tat	1008
Phe Asp Leu Phe Asp Thr Lys Lys Lys Pro Asn Asn Ile Lys Leu Tyr	
325 330 335	
gtc cgc cgt gtt ttc atc atg gac aac tgt gag gag ttg atg cca gaa	1056
Val Arg Arg Val Phe Ile Met Asp Asn Cys Glu Glu Leu Met Pro Glu	
340 345 350	
tat ctt agc ttt gtt aag ggt att gtg gat tct gag gat ctt cct ctc	1104
Tyr Leu Ser Phe Val Lys Gly Ile Val Asp Ser Glu Asp Leu Pro Leu	
355 360 365	
aac att tct aga gaa atg ctg cag cag aac aag atc ctg aaa gtc atc	1152
Asn Ile Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln Asn Lys Ile Leu Lys Val Ile	
370 375 380	
agg aag aac ttg gtc aag aag tgc att gag atg ttc ttt gaa att gct	1200
Arg Lys Asn Leu Val Lys Lys Cys Ile Glu Met Phe Phe Glu Ile Ala	
385 390 395 400	
gag aac aag gaa gac tat aac aag ttt tat gaa gcc ttc tct aag aat	1248
Glu Asn Lys Glu Asp Tyr Asn Lys Phe Tyr Glu Ala Phe Ser Lys Asn	
405 410 415	
ctg aaa ctt ggt att cat gag gat tct cag aac aag aca aaa ctt gct	1296
Leu Lys Leu Gly Ile His Glu Asp Ser Gln Asn Lys Thr Lys Leu Ala	
420 425 430	
gaa ttg ctc agg tat cac tcc acc aag agt ggt gat gag atg acc agc	1344
Glu Leu Leu Arg Tyr His Ser Thr Lys Ser Gly Asp Glu Met Thr Ser	
435 440 445	
ctc aag gac tat gtt acc agg atg aag gaa ggg cag aat gac atc tac	1392
Leu Lys Asp Tyr Val Thr Arg Met Lys Glu Gly Gln Asn Asp Ile Tyr	
450 455 460	
tac att act ggt gaa agc aag aaa gct gtt gag aat tcc cct ttc ctt	1440
Tyr Ile Thr Gly Glu Ser Lys Lys Ala Val Glu Asn Ser Pro Phe Leu	
465 470 475 480	
gaa aag ctt aag aag aag ggg ttc gag gtt ctc tac atg gtt gat gct	1488

Glu Lys Leu Lys Lys Lys Gly Phe Glu Val Leu Tyr Met Val Asp Ala

485 490 495
att gac gag tat gct gtt ggt cag ctt aag gaa ttt gag gga aag aag 1536

Ile Asp Glu Tyr Ala Val Gly Gln Leu Lys Glu Phe Glu Gly Lys Lys

500 505 510
ttg gtc tct gct act aag gaa ggc ctg aaa ctt gac gag agc gaa gac 1584

Leu Val Ser Ala Thr Lys Glu Gly Leu Lys Leu Asp Glu Ser Glu Asp

515 520 525
gaa aag aaa aag aag gaa gaa ttg aag gag aaa ttt gag ggt ctc tgc 1632

Glu Lys Lys Lys Lys Glu Glu Leu Lys Glu Lys Phe Glu Gly Leu Cys

530 535 540
cat gtg atc aag gat gtg ttg ggt gac aag gtg gag aaa gtt gtg gtg 1680

His Val Ile Lys Asp Val Leu Gly Asp Lys Val Glu Lys Val Val Val

545 550 555 560
tct gat cgt gtt gtg gat tct cct tgc tgt ctc gtg act ggt gaa tat 1728

Ser Asp Arg Val Val Asp Ser Pro Cys Cys Leu Val Thr Gly Glu Tyr

565 570 575
ggg tgg aca gcc aac atg gaa agg att atg aaa gca cag gca ttg agg 1776

Gly Trp Thr Ala Asn Met Glu Arg Ile Met Lys Ala Gln Ala Leu Arg

580 585 590
gac agc agc atg gct gga tac atg tcg agc aag aag acc atg gag att 1824

Asp Ser Ser Met Ala Gly Tyr Met Ser Ser Lys Lys Thr Met Glu Ile

595 600 605
aac cct gag aac ccc atc atg gat gaa ctg agg aag cga gct gat gct 1872

Asn Pro Glu Asn Pro Ile Met Asp Glu Leu Arg Lys Arg Ala Asp Ala

610 615 620
gac aag aat gac aaa tct gtg aag gat ctc gtt ctc cta ctc ttt gag 1920

Asp Lys Asn Asp Lys Ser Val Lys Asp Leu Val Leu Leu Leu Phe Glu

625 630 635 640
gac aag aat gac aaa tct gtg aag gat ctc gtt ctc cta ctc ttt gag 1920

Asp Lys Asn Asp Lys Ser Val Lys Asp Leu Val Leu Leu Leu Phe Glu

625 630 635 640
gac aag aat gac aaa tct gtg aag gat ctc gtt ctc cta ctc ttt gag 1920

Asp Lys Asn Asp Lys Ser Val Lys Asp Leu Val Leu Leu Leu Phe Glu

act gct ctt cta act tct ggg ttc agc ctt gat gat ccc aac act ttc 1968
 Thr Ala Leu Leu Thr Ser Gly Phe Ser Leu Asp Asp Pro Asn Thr Phe
 645 650 655

ggg aac agg att cac agg atg ctg aag ctt gga ctg agc att gat gaa 2016
 Gly Asn Arg Ile His Arg Met Leu Lys Leu Gly Leu Ser Ile Asp Glu
 660 665 670

gat gct ggt gaa gca gat gct gac atg cct cct ctc gag gac gcc gat 2064

Asp Ala Gly Glu Ala Asp Ala Asp Met Pro Pro Leu Glu Asp Ala Asp
 675 680 685

gct gat gcc gat gct gag ggt agc aag atg gaa gaa gtt gat taa 2109
 Ala Asp Ala Asp Ala Glu Gly Ser Lys Met Glu Glu Val Asp
 690 695 700

<210> 155
 <211> 702
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 155

Met Ala Ser Glu Thr Glu Thr Phe Ala Phe Gln Ala Glu Ile Asn Gln

1 5 10 15
 Leu Leu Ser Leu Ile Ile Asn Thr Phe Tyr Ser Asn Lys Glu Ile Phe
 20 25 30

Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ala Ser Asp Ala Leu Asp Lys Ile Arg
 35 40 45

Phe Glu Ser Leu Thr Asp Lys Ser Lys Leu Asp Ala Gln Pro Glu Leu
 50 55 60

Phe Ile His Ile Ile Pro Asp Lys Thr Asn Asn Thr Leu Ser Ile Ile

65 70 75 80
 Asp Ser Gly Ile Gly Met Thr Lys Ala Asp Leu Val Asn Asn Leu Gly
 85 90 95

Thr Ile Ala Arg Ser Gly Thr Lys Glu Phe Met Glu Ala Leu Ala Ala
 100 105 110

Gly Ala Asp Val Ser Met Ile Gly Gln Phe Gly Val Gly Phe Tyr Ser

115 120 125
 Ala Tyr Leu Val Ala Asp Lys Val Ile Val Thr Thr Lys His Asn Asp

 130 135 140
 Asp Glu Gln Tyr Val Trp Glu Ser His Ala Gly Gly Ser Phe Thr Val
 145 150 155 160
 Thr Arg Asp Thr Ser Gly Glu Asn Leu Gly Arg Gly Thr Lys Ile Thr
 165 170 175
 Leu Phe Leu Lys Glu Asp Gln Leu Glu Tyr Leu Glu Glu Arg Arg Leu
 180 185 190
 Lys Asp Leu Ile Lys Lys His Ser Glu Phe Ile Ser Tyr Pro Ile Ser

 195 200 205
 Leu Trp Ile Glu Lys Thr Thr Glu Lys Glu Ile Ser Asp Asp Glu Asp
 210 215 220
 Glu Glu Glu Lys Lys Asp Glu Glu Gly Lys Val Glu Asp Val Asp Glu
 225 230 235 240
 Asp Lys Glu Lys Glu Glu Lys Lys Lys Lys Thr Ile Lys Glu Val Ser
 245 250 255
 His Glu Trp Ser Leu Val Asn Lys Gln Lys Pro Ile Trp Met Arg Lys

 260 265 270
 Pro Glu Glu Ile Thr Lys Glu Glu Tyr Ala Ala Phe Tyr Lys Ser Leu
 275 280 285
 Thr Asn Asp Trp Glu Glu His Leu Ala Val Lys His Phe Ser Val Glu
 290 295 300
 Gly Gln Leu Glu Phe Lys Ala Val Leu Phe Ile Pro Lys Arg Ala Pro
 305 310 315 320
 Phe Asp Leu Phe Asp Thr Lys Lys Lys Pro Asn Asn Ile Lys Leu Tyr

 325 330 335
 Val Arg Arg Val Phe Ile Met Asp Asn Cys Glu Glu Leu Met Pro Glu
 340 345 350
 Tyr Leu Ser Phe Val Lys Gly Ile Val Asp Ser Glu Asp Leu Pro Leu
 355 360 365

Asn Ile Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln Asn Lys Ile Leu Lys Val Ile
 370 375 380
 Arg Lys Asn Leu Val Lys Lys Cys Ile Glu Met Phe Phe Glu Ile Ala

 385 390 395 400
 Glu Asn Lys Glu Asp Tyr Asn Lys Phe Tyr Glu Ala Phe Ser Lys Asn
 405 410 415
 Leu Lys Leu Gly Ile His Glu Asp Ser Gln Asn Lys Thr Lys Leu Ala
 420 425 430
 Glu Leu Leu Arg Tyr His Ser Thr Lys Ser Gly Asp Glu Met Thr Ser
 435 440 445
 Leu Lys Asp Tyr Val Thr Arg Met Lys Glu Gly Gln Asn Asp Ile Tyr

 450 455 460
 Tyr Ile Thr Gly Glu Ser Lys Lys Ala Val Glu Asn Ser Pro Phe Leu
 465 470 475 480
 Glu Lys Leu Lys Lys Lys Gly Phe Glu Val Leu Tyr Met Val Asp Ala
 485 490 495
 Ile Asp Glu Tyr Ala Val Gly Gln Leu Lys Glu Phe Glu Gly Lys Lys
 500 505 510
 Leu Val Ser Ala Thr Lys Glu Gly Leu Lys Leu Asp Glu Ser Glu Asp

 515 520 525
 Glu Lys Lys Lys Lys Glu Glu Leu Lys Glu Lys Phe Glu Gly Leu Cys
 530 535 540
 His Val Ile Lys Asp Val Leu Gly Asp Lys Val Glu Lys Val Val Val
 545 550 555 560
 Ser Asp Arg Val Val Asp Ser Pro Cys Cys Leu Val Thr Gly Glu Tyr
 565 570 575
 Gly Trp Thr Ala Asn Met Glu Arg Ile Met Lys Ala Gln Ala Leu Arg

 580 585 590
 Asp Ser Ser Met Ala Gly Tyr Met Ser Ser Lys Lys Thr Met Glu Ile
 595 600 605
 Asn Pro Glu Asn Pro Ile Met Asp Glu Leu Arg Lys Arg Ala Asp Ala

610 615 620
 Asp Lys Asn Asp Lys Ser Val Lys Asp Leu Val Leu Leu Leu Phe Glu
 625 630 635 640
 Thr Ala Leu Leu Thr Ser Gly Phe Ser Leu Asp Asp Pro Asn Thr Phe

645 650 655
 Gly Asn Arg Ile His Arg Met Leu Lys Leu Gly Leu Ser Ile Asp Glu
 660 665 670
 Asp Ala Gly Glu Ala Asp Ala Asp Met Pro Pro Leu Glu Asp Ala Asp
 675 680 685
 Ala Asp Ala Asp Ala Glu Gly Ser Lys Met Glu Glu Val Asp
 690 695 700

<210> 156
 <211> 12
 <212> PRT
 <213> Glycine max

<400

> 156

Ala Gly Gly Ala Leu Ser Ile Ala Phe Val Ser Lys

1 5 10

<210> 157
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Glycine max

<400> 157

Asp Gly Leu Ile Val Ser Ile Gly Lys

1 5

<210> 158
 <211> 2946
 <212> DNA
 <213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(2946)

<400> 158

atg gct tct tct tcc acg aca atg cgg ttc tcc gcg gcc tcc acc ggc

48

Met Ala Ser Ser Ser Thr Thr Met Arg Phe Ser Ala Ala Ser Thr Gly

1 5 10 15
gcc gcg gcg gcg ctt cct cgc cgg agc tcc gtc gcc gga ttc atc ggc 96

Ala Ala Ala Ala Leu Pro Arg Arg Ser Ser Val Ala Gly Phe Ile Gly

20 25 30
gtc gcg gcc aga tcc tcc gcc aaa tcg agg ctc cgc ttc atc gga agg 144

Val Ala Ala Arg Ser Ser Ala Lys Ser Arg Leu Arg Phe Ile Gly Arg

35 40 45

aac gcg aac ttg agc ctc cgg atg agg agg atg agc tct ttc tcc gtc 192

Asn Ala Asn Leu Ser Leu Arg Met Arg Arg Met Ser Ser Phe Ser Val

50 55 60

gtg aag tgc gtc tcc gga agc gag gcc aag gtg cag gat acc gtg gcc 240

Val Lys Cys Val Ser Gly Ser Glu Ala Lys Val Gln Asp Thr Val Ala

65 70 75 80

aaa caa caa gaa gct aca acc tct ctc agc tcc ttc acg cca gat gct 288

Lys Gln Gln Glu Ala Thr Thr Ser Leu Ser Ser Phe Thr Pro Asp Ala

85 90 95

tca tct att gcc tca agt att aaa tac cat gca gag ttc act cca ttg 336

Ser Ser Ile Ala Ser Ser Ile Lys Tyr His Ala Glu Phe Thr Pro Leu

100 105 110

ttt tct cca gag aat ttt gat cta cca cag gct ttt ctt gca act gca 384

Phe Ser Pro Glu Asn Phe Asp Leu Pro Gln Ala Phe Leu Ala Thr Ala

115 120 125

caa agt gtt cga gat tct ctc att ata aac tgg aat gct acc tat gat 432

Gln Ser Val Arg Asp Ser Leu Ile Ile Asn Trp Asn Ala Thr Tyr Asp

130 135 140

tac tat gag aaa ctg aat gtt aag cag gca tat tac ctt tcg atg gaa 480

Tyr Tyr Glu Lys Leu Asn Val Lys Gln Ala Tyr Tyr Leu Ser Met Glu

145 150 155 160

ttt ttg cag ggt aga gca tta tta aat gca ata ggc aat ctg gag cta	528
Phe Leu Gln Gly Arg Ala Leu Leu Asn Ala Ile Gly Asn Leu Glu Leu	
165 170 175	
act ggt ccc tat gct gag gct ttg agc aag ctc ggg cat aaa tta gaa	576
Thr Gly Pro Tyr Ala Glu Ala Leu Ser Lys Leu Gly His Lys Leu Glu	
180 185 190	
aat gtg gca tac cag gag cca gat gct gca ctt gga aat ggt ggt ctt	624
Asn Val Ala Tyr Gln Glu Pro Asp Ala Ala Leu Gly Asn Gly Gly Leu	
195 200 205	
ggg cgt ctt gct tca tgt ttc ttg gac tct ttg gca acc ttg aac tat	672
Gly Arg Leu Ala Ser Cys Phe Leu Asp Ser Leu Ala Thr Leu Asn Tyr	
210 215 220	
cca gct tgg ggt tat gga ttg aga tat aag tat ggt tta ttt aaa cag	720
Pro Ala Trp Gly Tyr Gly Leu Arg Tyr Lys Tyr Gly Leu Phe Lys Gln	
225 230 235 240	
cga ata acc aaa gat ggg cag gag gaa gtt gct gaa gat tgg ctt gag	768
Arg Ile Thr Lys Asp Gly Gln Glu Glu Val Ala Glu Asp Trp Leu Glu	
245 250 255	
atg ggc aat ccc tgg gag att att aga aat gat gtt tca tat cct gta	816
Met Gly Asn Pro Trp Glu Ile Ile Arg Asn Asp Val Ser Tyr Pro Val	
260 265 270	
aag ttc tat ggc aag gtt gtt tca ggg tca gat ggt aaa aaa cat tgg	864
Lys Phe Tyr Gly Lys Val Val Ser Gly Ser Asp Gly Lys Lys His Trp	
275 280 285	
att gga gga gaa gat ata aaa gct gtt gca cat gat gtt ccc ata cca	912
Ile Gly Gly Glu Asp Ile Lys Ala Val Ala His Asp Val Pro Ile Pro	
290 295 300	
gga tat aaa act aag act aca atc aac ttg aga ctt tgg tct aca aaa	960
Gly Tyr Lys Thr Lys Thr Thr Ile Asn Leu Arg Leu Trp Ser Thr Lys	
305 310 315 320	
gct gca tca gaa gaa ttt gat tta tct gct ttt aat gct gga agg cac	1008

Ala Ala Ser Glu Glu Phe Asp Leu Ser Ala Phe Asn Ala Gly Arg His	
325 330 335	
act gaa gca tct gag gct cta gca aat gct gaa aag ata tgc tat ata	1056
Thr Glu Ala Ser Glu Ala Leu Ala Asn Ala Glu Lys Ile Cys Tyr Ile	
340 345 350	
ctc tac cct ggg gat gaa cca ata gag ggc aag atc ctt cgc ctc aag	1104
Leu Tyr Pro Gly Asp Glu Pro Ile Glu Gly Lys Ile Leu Arg Leu Lys	
355 360 365	
caa caa tat act tta tgt tct gct tct ctt caa gac atc att gct cgt	1152
Gln Gln Tyr Thr Leu Cys Ser Ala Ser Leu Gln Asp Ile Ile Ala Arg	
370 375 380	
ttt gag aga aga tca gga gca aat gtt aat tgg gaa gag ttt ccc gag	1200
Phe Glu Arg Arg Ser Gly Ala Asn Val Asn Trp Glu Glu Phe Pro Glu	
385 390 395 400	
aag gtt gca gtg cag atg aat gat act cac cca acg ttg tgc atc cca	1248
Lys Val Ala Val Gln Met Asn Asp Thr His Pro Thr Leu Cys Ile Pro	
405 410 415	
gag ctc atg aga att tta ata gat gta aag ggc tta aat tgg aag gat	1296
Glu Leu Met Arg Ile Leu Ile Asp Val Lys Gly Leu Asn Trp Lys Asp	
420 425 430	
gct tgg aat att aca caa agg act gta gca tat aca aac cac act gtt	1344
Ala Trp Asn Ile Thr Gln Arg Thr Val Ala Tyr Thr Asn His Thr Val	
435 440 445	
ctt cca gag gca tta gag aaa tgg agc ttg gat ctt atg cag aaa ctg	1392
Leu Pro Glu Ala Leu Glu Lys Trp Ser Leu Asp Leu Met Gln Lys Leu	
450 455 460	
ctt cca cgc cat att gag ata ata gaa atg att gac gag gag ctg gtt	1440
Leu Pro Arg His Ile Glu Ile Ile Glu Met Ile Asp Glu Glu Leu Val	
465 470 475 480	
cgg acc ata att gca gaa tat ggc aca gaa aat tca gac ttg ctg gag	1488
Arg Thr Ile Ile Ala Glu Tyr Gly Thr Glu Asn Ser Asp Leu Leu Glu	

485	490	495	
aaa aaa ttg aag gaa atg aga ata cta gaa aat gtc gaa ttg act gca			1536
Lys Lys Leu Lys Glu Met Arg Ile Leu Glu Asn Val Glu Leu Thr Ala			
500	505	510	
gaa ttt gca gat ata ctg gtt aag tcc aaa gag gcc att gat att cct			1584
Glu Phe Ala Asp Ile Leu Val Lys Ser Lys Glu Ala Ile Asp Ile Pro			
515	520	525	
agt gag gag ctg caa agt tct gaa caa gca gaa gca gaa gac gaa aaa			1632
Ser Glu Glu Leu Gln Ser Ser Glu Gln Ala Glu Ala Glu Asp Glu Lys			
530	535	540	
gat gat gat gaa gtg gaa gca gtt gct aaa aag aat gga aca gat gaa			1680
Asp Asp Asp Glu Val Glu Ala Val Ala Lys Lys Asn Gly Thr Asp Glu			
545	550	555	560
agt tcc att gag gat gag aaa gaa gag ttg cct gag cca gta cca gaa			1728
Ser Ser Ile Glu Asp Glu Lys Glu Glu Leu Pro Glu Pro Val Pro Glu			
565	570	575	
cca cca aaa ttg gtt cgt atg gca aat ttg tgt gtt gtg ggt ggt cat			1776
Pro Pro Lys Leu Val Arg Met Ala Asn Leu Cys Val Val Gly Gly His			
580	585	590	
gca gtg aat ggg gtt gca gag ata cat agt gaa att gta aaa gat gat			1824
Ala Val Asn Gly Val Ala Glu Ile His Ser Glu Ile Val Lys Asp Asp			
595	600	605	
gtt ttc aat gca ttt tat aag ttg tgg ccc gag aag ttc caa aac aaa			1872
Val Phe Asn Ala Phe Tyr Lys Leu Trp Pro Glu Lys Phe Gln Asn Lys			
610	615	620	
aca aat ggt gtg aca cca agg aga tgg atc agg ttc tgc aat cca gat			1920
Thr Asn Gly Val Thr Pro Arg Arg Trp Ile Arg Phe Cys Asn Pro Asp			
625	630	635	640
ctg agt aaa ata ata acc gag tgg ata ggt act gag gat tgg gtc cta			1968

Leu Ser Lys Ile Ile Thr Glu Trp Ile Gly Thr Glu Asp Trp Val Leu	
645 650 655	
aat act gga aaa ttg gcc gag cta cgg aag ttt gta gac aat gag gat	2016
Asn Thr Gly Lys Leu Ala Glu Leu Arg Lys Phe Val Asp Asn Glu Asp	
660 665 670	
cta caa gtg cag tgg agg gaa gca aag agg agt aac aaa gtt aaa gtt	2064
Leu Gln Val Gln Trp Arg Glu Ala Lys Arg Ser Asn Lys Val Lys Val	
675 680 685	
gca gca ttc atc aga gaa aaa aca ggg tat tct gtc agt cct gat gca	2112
Ala Ala Phe Ile Arg Glu Lys Thr Gly Tyr Ser Val Ser Pro Asp Ala	
690 695 700	
atg ttt gac atc cag gtg aag aga atc cat gaa tat aag cga caa tta	2160
Met Phe Asp Ile Gln Val Lys Arg Ile His Glu Tyr Lys Arg Gln Leu	
705 710 715 720	
atg aac ata ttt gga att gtt tac cga tac aag aag atg aaa gaa atg	2208
Met Asn Ile Phe Gly Ile Val Tyr Arg Tyr Lys Lys Met Lys Glu Met	
725 730 735	
agt gcg gca gaa agg gaa gca aat ttt gtt cct aga gtt tgt ata ttt	2256
Ser Ala Ala Glu Arg Glu Ala Asn Phe Val Pro Arg Val Cys Ile Phe	
740 745 750	
ggg gga aaa gca ttt gct aca tat gtg caa gcc aag aga att gtg aaa	2304
Gly Gly Lys Ala Phe Ala Thr Tyr Val Gln Ala Lys Arg Ile Val Lys	
755 760 765	
ttt att aca gat gtt ggg gct aca gta aat cat gac cct gaa ata gga	2352
Phe Ile Thr Asp Val Gly Ala Thr Val Asn His Asp Pro Glu Ile Gly	
770 775 780	
gat cta ctt aag gtt gtt ttt gtc cct gat tat aat gtc agt gtt gcc	2400
Asp Leu Leu Lys Val Val Phe Val Pro Asp Tyr Asn Val Ser Val Ala	
785 790 795 800	
gag atg ctt att cca gca agt gaa ttg tca caa cat atc agt act gct	2448
Glu Met Leu Ile Pro Ala Ser Glu Leu Ser Gln His Ile Ser Thr Ala	

805	810	815	
gga atg gag gca agt gga act agc aat atg aaa ttt gca atg aat ggc			2496
Gly Met Glu Ala Ser Gly Thr Ser Asn Met Lys Phe Ala Met Asn Gly			
820	825	830	
tgc ata ttg att gga act tta gat ggg gcc aat gtt gaa ata agg gaa			2544
Cys Ile Leu Ile Gly Thr Leu Asp Gly Ala Asn Val Glu Ile Arg Glu			
835	840	845	
gag gtt ggt gca gac aac ttc ttc ctc ttt ggt gcc aag gct cat gaa			2592
Glu Val Gly Ala Asp Asn Phe Phe Leu Phe Gly Ala Lys Ala His Glu			
850	855	860	
att gct ggg ctg agg aaa gaa aga gca gag gga aag ttt gtg cct gat			2640
Ile Ala Gly Leu Arg Lys Glu Arg Ala Glu Gly Lys Phe Val Pro Asp			
865	870	875	880
cca cga ttt gaa gaa gtt aaa gaa ttt gtc aga agt ggc att ttt gga			2688
Pro Arg Phe Glu Glu Val Lys Glu Phe Val Arg Ser Gly Ile Phe Gly			
885	890	895	
tct tac aac tat gac gaa ttg atg gga tcc tta gaa gga aat gaa ggt			2736
Ser Tyr Asn Tyr Asp Glu Leu Met Gly Ser Leu Glu Gly Asn Glu Gly			
900	905	910	
ttt ggt cga gca gat tat ttc ctt gta ggg aaa gac ttt ccc agc tac			2784
Phe Gly Arg Ala Asp Tyr Phe Leu Val Gly Lys Asp Phe Pro Ser Tyr			
915	920	925	
ata gaa tgc caa gag aag gtt gat gaa gca tac cgt gac caa act aaa			2832
Ile Glu Cys Gln Glu Lys Val Asp Glu Ala Tyr Arg Asp Gln Thr Lys			
930	935	940	
tgg aca aga atg tca ata ttg aac aca gca ggt tca tac aag ttt agc			2880
Trp Thr Arg Met Ser Ile Leu Asn Thr Ala Gly Ser Tyr Lys Phe Ser			
945	950	955	960
agt gac cgc acg att cat gaa tat gcc cga gag ata tgg aac att gaa			2928
Ser Asp Arg Thr Ile His Glu Tyr Ala Arg Glu Ile Trp Asn Ile Glu			
965	970	975	

cca gtc caa ttg cca tag

2946

Pro Val Gln Leu Pro

980

<210> 159

<211> 981

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 159

Met Ala Ser Ser Ser Thr Thr Met Arg Phe Ser Ala Ala Ser Thr Gly

1 5 10 15

Ala Ala Ala Ala Leu Pro Arg Arg Ser Ser Val Ala Gly Phe Ile Gly

20 25 30

Val Ala Ala Arg Ser Ser Ala Lys Ser Arg Leu Arg Phe Ile Gly Arg

35 40 45

Asn Ala Asn Leu Ser Leu Arg Met Arg Arg Met Ser Ser Phe Ser Val

50 55 60

Val Lys Cys Val Ser Gly Ser Glu Ala Lys Val Gln Asp Thr Val Ala

65 70 75 80

Lys Gln Gln Glu Ala Thr Thr Ser Leu Ser Ser Phe Thr Pro Asp Ala

85 90 95

Ser Ser Ile Ala Ser Ser Ile Lys Tyr His Ala Glu Phe Thr Pro Leu

100 105 110

Phe Ser Pro Glu Asn Phe Asp Leu Pro Gln Ala Phe Leu Ala Thr Ala

115 120 125

Gln Ser Val Arg Asp Ser Leu Ile Ile Asn Trp Asn Ala Thr Tyr Asp

130 135 140

Tyr Tyr Glu Lys Leu Asn Val Lys Gln Ala Tyr Tyr Leu Ser Met Glu

145 150 155 160

Phe Leu Gln Gly Arg Ala Leu Leu Asn Ala Ile Gly Asn Leu Glu Leu

165 170 175

Thr Gly Pro Tyr Ala Glu Ala Leu Ser Lys Leu Gly His Lys Leu Glu

180	185	190	
Asn Val Ala Tyr Gln Glu Pro Asp Ala Ala Leu Gly Asn Gly Gly Leu			
195	200	205	
Gly Arg Leu Ala Ser Cys Phe Leu Asp Ser Leu Ala Thr Leu Asn Tyr			
210	215	220	
Pro Ala Trp Gly Tyr Gly Leu Arg Tyr Lys Tyr Gly Leu Phe Lys Gln			
225	230	235	240
Arg Ile Thr Lys Asp Gly Gln Glu Glu Val Ala Glu Asp Trp Leu Glu			
245	250	255	
Met Gly Asn Pro Trp Glu Ile Ile Arg Asn Asp Val Ser Tyr Pro Val			
260	265	270	
Lys Phe Tyr Gly Lys Val Val Ser Gly Ser Asp Gly Lys Lys His Trp			
275	280	285	
Ile Gly Gly Glu Asp Ile Lys Ala Val Ala His Asp Val Pro Ile Pro			
290	295	300	
Gly Tyr Lys Thr Lys Thr Thr Ile Asn Leu Arg Leu Trp Ser Thr Lys			
305	310	315	320
Ala Ala Ser Glu Glu Phe Asp Leu Ser Ala Phe Asn Ala Gly Arg His			
325	330	335	
Thr Glu Ala Ser Glu Ala Leu Ala Asn Ala Glu Lys Ile Cys Tyr Ile			
340	345	350	
Leu Tyr Pro Gly Asp Glu Pro Ile Glu Gly Lys Ile Leu Arg Leu Lys			
355	360	365	
Gln Gln Tyr Thr Leu Cys Ser Ala Ser Leu Gln Asp Ile Ile Ala Arg			
370	375	380	
Phe Glu Arg Arg Ser Gly Ala Asn Val Asn Trp Glu Glu Phe Pro Glu			
385	390	395	400
Lys Val Ala Val Gln Met Asn Asp Thr His Pro Thr Leu Cys Ile Pro			
405	410	415	
Glu Leu Met Arg Ile Leu Ile Asp Val Lys Gly Leu Asn Trp Lys Asp			
420	425	430	

Ala Trp Asn Ile Thr Gln Arg Thr Val Ala Tyr Thr Asn His Thr Val
435 440 445

Leu Pro Glu Ala Leu Glu Lys Trp Ser Leu Asp Leu Met Gln Lys Leu
450 455 460

Leu Pro Arg His Ile Glu Ile Ile Glu Met Ile Asp Glu Glu Leu Val
465 470 475 480

Arg Thr Ile Ile Ala Glu Tyr Gly Thr Glu Asn Ser Asp Leu Leu Glu
485 490 495

Lys Lys Leu Lys Glu Met Arg Ile Leu Glu Asn Val Glu Leu Thr Ala
500 505 510

Glu Phe Ala Asp Ile Leu Val Lys Ser Lys Glu Ala Ile Asp Ile Pro
515 520 525

Ser Glu Glu Leu Gln Ser Ser Glu Gln Ala Glu Ala Glu Asp Glu Lys
530 535 540

Asp Asp Asp Glu Val Glu Ala Val Ala Lys Lys Asn Gly Thr Asp Glu
545 550 555 560

Ser Ser Ile Glu Asp Glu Lys Glu Glu Leu Pro Glu Pro Val Pro Glu
565 570 575

Pro Pro Lys Leu Val Arg Met Ala Asn Leu Cys Val Val Gly Gly His
580 585 590

Ala Val Asn Gly Val Ala Glu Ile His Ser Glu Ile Val Lys Asp Asp
595 600 605

Val Phe Asn Ala Phe Tyr Lys Leu Trp Pro Glu Lys Phe Gln Asn Lys
610 615 620

Thr Asn Gly Val Thr Pro Arg Arg Trp Ile Arg Phe Cys Asn Pro Asp
625 630 635 640

Leu Ser Lys Ile Ile Thr Glu Trp Ile Gly Thr Glu Asp Trp Val Leu
645 650 655

Asn Thr Gly Lys Leu Ala Glu Leu Arg Lys Phe Val Asp Asn Glu Asp
660 665 670

Leu Gln Val Gln Trp Arg Glu Ala Lys Arg Ser Asn Lys Val Lys Val

675 680 685
 Ala Ala Phe Ile Arg Glu Lys Thr Gly Tyr Ser Val Ser Pro Asp Ala
 690 695 700
 Met Phe Asp Ile Gln Val Lys Arg Ile His Glu Tyr Lys Arg Gln Leu
 705 710 715 720
 Met Asn Ile Phe Gly Ile Val Tyr Arg Tyr Lys Lys Met Lys Glu Met
 725 730 735
 Ser Ala Ala Glu Arg Glu Ala Asn Phe Val Pro Arg Val Cys Ile Phe

 740 745 750
 Gly Gly Lys Ala Phe Ala Thr Tyr Val Gln Ala Lys Arg Ile Val Lys
 755 760 765
 Phe Ile Thr Asp Val Gly Ala Thr Val Asn His Asp Pro Glu Ile Gly
 770 775 780
 Asp Leu Leu Lys Val Val Phe Val Pro Asp Tyr Asn Val Ser Val Ala
 785 790 795 800
 Glu Met Leu Ile Pro Ala Ser Glu Leu Ser Gln His Ile Ser Thr Ala

 805 810 815
 Gly Met Glu Ala Ser Gly Thr Ser Asn Met Lys Phe Ala Met Asn Gly
 820 825 830
 Cys Ile Leu Ile Gly Thr Leu Asp Gly Ala Asn Val Glu Ile Arg Glu
 835 840 845
 Glu Val Gly Ala Asp Asn Phe Phe Leu Phe Gly Ala Lys Ala His Glu
 850 855 860
 Ile Ala Gly Leu Arg Lys Glu Arg Ala Glu Gly Lys Phe Val Pro Asp

 865 870 875 880
 Pro Arg Phe Glu Glu Val Lys Glu Phe Val Arg Ser Gly Ile Phe Gly
 885 890 895
 Ser Tyr Asn Tyr Asp Glu Leu Met Gly Ser Leu Glu Gly Asn Glu Gly
 900 905 910
 Phe Gly Arg Ala Asp Tyr Phe Leu Val Gly Lys Asp Phe Pro Ser Tyr
 915 920 925

Ile Glu Cys Gln Glu Lys Val Asp Glu Ala Tyr Arg Asp Gln Thr Lys

930 935 940
 Trp Thr Arg Met Ser Ile Leu Asn Thr Ala Gly Ser Tyr Lys Phe Ser
 945 950 955 960
 Ser Asp Arg Thr Ile His Glu Tyr Ala Arg Glu Ile Trp Asn Ile Glu
 965 970 975
 Pro Val Gln Leu Pro
 980

<210> 160

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 160

Ala Phe Ala Thr Tyr Val Gln Ala Lys

1 5

<210> 161

<211> 23

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 161

Gln Gln Glu Ala Thr Thr Ser Leu Ser Ser Phe Thr Pro Asp Ala Ser

1 5 10 15

Ser Ile Ala Ser Ser Ile Lys

20

<210> 162

<211> 2706

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(2706)

<400> 162

atg gcg act gag aat cct ttc aat agc att ttg acg acg ctc gaa aag

48

Met Ala Thr Glu Asn Pro Phe Asn Ser Ile Leu Thr Thr Leu Glu Lys

1 5 10 15

ccc ggt ggt gct ggc gag ttt gga aag tac ttt agc ttg cct gct ctc 96

Pro Gly Gly Ala Gly Glu Phe Gly Lys Tyr Phe Ser Leu Pro Ala Leu

20 25 30

aac gat cgt aga atc gat aga ctt cct tac tct gtg agg ata ctt ttg 144

Asn Asp Arg Arg Ile Asp Arg Leu Pro Tyr Ser Val Arg Ile Leu Leu

35 40 45

gaa tct gca atc cgg aac tgt gat gag ttt caa gtt aag agt aac gac 192

Glu Ser Ala Ile Arg Asn Cys Asp Glu Phe Gln Val Lys Ser Asn Asp

50 55 60

gtt gaa aaa att att gat tgg gag aat acc tct ccg aag ctg gtg gag 240

Val Glu Lys Ile Ile Asp Trp Glu Asn Thr Ser Pro Lys Leu Val Glu

65 70 75 80

att cca ttc aag cca gct aga gtg ctt ctc cag gat ttt act ggc gtg 288

Ile Pro Phe Lys Pro Ala Arg Val Leu Leu Gln Asp Phe Thr Gly Val

85 90 95

cct gct gtt gtc gat ctt gct tgc atg cga gat gcc atg aac aaa ctt 336

Pro Ala Val Val Asp Leu Ala Cys Met Arg Asp Ala Met Asn Lys Leu

100 105 110

ggt ggt gat tct aat aaa att aat ccc ttg gta cca gtt gat ctt gtc 384

Gly Gly Asp Ser Asn Lys Ile Asn Pro Leu Val Pro Val Asp Leu Val

115 120 125

att gat cac tct gtt caa gtt gat gtg gca aga tca gaa aat gct gtc 432

Ile Asp His Ser Val Gln Val Asp Val Ala Arg Ser Glu Asn Ala Val

130 135 140

cag gca aat atg gaa ctt gaa ttc caa aga aac aag gaa aga ttt ggt 480

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

145 150 155 160

ttc ctc aaa tgg ggt tct aat gca ttc aat aat atg ctt gtc gtt cct	528
Phe Leu Lys Trp Gly Ser Asn Ala Phe Asn Asn Met Leu Val Val Pro	
165 170 175	
cct gga tca ggg ata gtt cac cag gtt aat tta gaa tac ctt ggt aga	576
Pro Gly Ser Gly Ile Val His Gln Val Asn Leu Glu Tyr Leu Gly Arg	
180 185 190	
gtt gtg ttc aac aca aat ggt gtg ctt tat cct gac agc gtt gtt gga	624
Val Val Phe Asn Thr Asn Gly Val Leu Tyr Pro Asp Ser Val Val Gly	
195 200 205	
act gat tca cac aca act atg att gat ggc ctg ggt gtt gct gga tgg	672
Thr Asp Ser His Thr Thr Met Ile Asp Gly Leu Gly Val Ala Gly Trp	
210 215 220	
gga gtt ggt gga ata gaa gca gaa gct gca atg ctt ggc caa ccc atg	720
Gly Val Gly Gly Ile Glu Ala Glu Ala Ala Met Leu Gly Gln Pro Met	
225 230 235 240	
agc atg gtc cta ccg ggt gtc gtt ggg ttc aaa tta tta ggc aaa cta	768
Ser Met Val Leu Pro Gly Val Val Gly Phe Lys Leu Leu Gly Lys Leu	
245 250 255	
cga gat ggt gtc aca gct act gac ttg gtg ttg act gtt aca caa atg	816
Arg Asp Gly Val Thr Ala Thr Asp Leu Val Leu Thr Val Thr Gln Met	
260 265 270	
cta aga aag cat ggg gtt gtt ggc aag ttt gta gag ttt tat ggg gaa	864
Leu Arg Lys His Gly Val Val Gly Lys Phe Val Glu Phe Tyr Gly Glu	
275 280 285	
ggc atg agt gaa ctg tct ttg gca gat cgt gcc acc ata gca aac atg	912
Gly Met Ser Glu Leu Ser Leu Ala Asp Arg Ala Thr Ile Ala Asn Met	
290 295 300	
tct cct gag tat ggt gca acc atg ggc ttc ttt cct gtg gat cat gtc	960
Ser Pro Glu Tyr Gly Ala Thr Met Gly Phe Phe Pro Val Asp His Val	
305 310 315 320	
act ttg caa tat ttg aga ctg act ggc aga agt gat gag act gtt tct	1008

Thr Leu Gln Tyr Leu Arg Leu Thr Gly Arg Ser Asp Glu Thr Val Ser	
325 330 335	
atg ata gaa tcg tac tta cga gca aat aag atg ttt gtg gat tac agc	1056
Met Ile Glu Ser Tyr Leu Arg Ala Asn Lys Met Phe Val Asp Tyr Ser	
340 345 350	
gag ccc caa gtg gag aga gtg tac tca tcg tat ttg gaa ctc aat ctt	1104
Glu Pro Gln Val Glu Arg Val Tyr Ser Ser Tyr Leu Glu Leu Asn Leu	
355 360 365	
gag gat gta gaa ccc tgt gtc tca ggt cca aaa agg cct cat gac cgt	1152
Glu Asp Val Glu Pro Cys Val Ser Gly Pro Lys Arg Pro His Asp Arg	
370 375 380	
gtc cct ttg aga gaa atg aag gta gac tgg cat gcc tgc ctc aac aat	1200
Val Pro Leu Arg Glu Met Lys Val Asp Trp His Ala Cys Leu Asn Asn	
385 390 395 400	
aaa gtt gga ttc aag ggt ttt gct gta cca aaa gaa tct cag aat aag	1248
Lys Val Gly Phe Lys Gly Phe Ala Val Pro Lys Glu Ser Gln Asn Lys	
405 410 415	
gtt gca gag ttc aca ttc caa ggg aca cca gca cat ctt agg cac ggt	1296
Val Ala Glu Phe Thr Phe Gln Gly Thr Pro Ala His Leu Arg His Gly	
420 425 430	
gat gtt gtt ata gct gct atc acc agt tgt aca aat act tca aat cct	1344
Asp Val Val Ile Ala Ala Ile Thr Ser Cys Thr Asn Thr Ser Asn Pro	
435 440 445	
agc gta atg ctt gga gct gca ttg gtt gca aag aaa gca tgt gaa ttg	1392
Ser Val Met Leu Gly Ala Ala Leu Val Ala Lys Lys Ala Cys Glu Leu	
450 455 460	
gga ttg cag gtg aag cca tgg att aaa aca agc ctt gcc cca ggt tct	1440
Gly Leu Gln Val Lys Pro Trp Ile Lys Thr Ser Leu Ala Pro Gly Ser	
465 470 475 480	
ggt gtt gtg act aag tat ttg cag agg agt ggc ttg cag aag tat ttg	1488
Gly Val Val Thr Lys Tyr Leu Gln Arg Ser Gly Leu Gln Lys Tyr Leu	

485	490	495	
aat gag cta ggg ttt aat ata gtt ggg tat gga tgc acc aca tgc att			1536
Asn Glu Leu Gly Phe Asn Ile Val Gly Tyr Gly Cys Thr Thr Cys Ile			
500	505	510	
gga aat tca ggg gat att aat gaa gct gtt gca tct gca att act gaa			1584
Gly Asn Ser Gly Asp Ile Asn Glu Ala Val Ala Ser Ala Ile Thr Glu			
515	520	525	
aat gat ata gta gct gca gct gta ctg tct gga aat agg aac ttt gag			1632
Asn Asp Ile Val Ala Ala Ala Val Leu Ser Gly Asn Arg Asn Phe Glu			
530	535	540	
ggc cga gtt cac cca tta aca aga gct aat tat ctt gct tct cct cct			1680
Gly Arg Val His Pro Leu Thr Arg Ala Asn Tyr Leu Ala Ser Pro Pro			
545	550	555	560
ctt gtt gtt gcc tat gcc ctt gct ggc aca gtg gac att gac ttt gac			1728
Leu Val Val Ala Tyr Ala Leu Ala Gly Thr Val Asp Ile Asp Phe Asp			
565	570	575	
act gaa ccc att ggg ata ggg aag gat ggc aca aag atc ttc ttc agg			1776
Thr Glu Pro Ile Gly Ile Gly Lys Asp Gly Thr Lys Ile Phe Phe Arg			
580	585	590	
gat att tgg cca tcc agt gaa gaa ata gca aat gtt gta caa tca agt			1824
Asp Ile Trp Pro Ser Ser Glu Glu Ile Ala Asn Val Val Gln Ser Ser			
595	600	605	
gtg ctg cct gct atg ttt agg gac aca tat aat gcg atc acc caa ggg			1872
Val Leu Pro Ala Met Phe Arg Asp Thr Tyr Asn Ala Ile Thr Gln Gly			
610	615	620	
aat ccc atg tgg aat aat tta tct gtt cca act ggc act ctt tat gct			1920
Asn Pro Met Trp Asn Asn Leu Ser Val Pro Thr Gly Thr Leu Tyr Ala			
625	630	635	640
tgg gac cct aca tca act tat att cat gag cca cct tat ttt aga gat			1968

Trp Asp Pro Thr Ser Thr Tyr Ile His Glu Pro Pro Tyr Phe Arg Asp	
645 650 655	
atg agc atg tct ccc cca ggc tct cat gga gtg aaa gat gct tac tgt	2016
Met Ser Met Ser Pro Pro Gly Ser His Gly Val Lys Asp Ala Tyr Cys	
660 665 670	
ttg ctc aac ttt gga gac agt atc aca act gac cac atc tct cca gct	2064
Leu Leu Asn Phe Gly Asp Ser Ile Thr Thr Asp His Ile Ser Pro Ala	
675 680 685	
ggc agc ata cat aag gac agt cct gca gcc aga tac ctt ata gaa cgt	2112
Gly Ser Ile His Lys Asp Ser Pro Ala Ala Arg Tyr Leu Ile Glu Arg	
690 695 700	
ggg gtt gat aga cgg gac ttc aac tcc tat gga agt cgc cgt ggt aat	2160
Gly Val Asp Arg Arg Asp Phe Asn Ser Tyr Gly Ser Arg Arg Gly Asn	
705 710 715 720	
gat gag gtg atg gcc cga gga act ttt gcc aat att cgc att gtc aac	2208
Asp Glu Val Met Ala Arg Gly Thr Phe Ala Asn Ile Arg Ile Val Asn	
725 730 735	
aaa ttt ttg aat gga gaa gtt gga cct aaa act att cat att cct tct	2256
Lys Phe Leu Asn Gly Glu Val Gly Pro Lys Thr Ile His Ile Pro Ser	
740 745 750	
ggg gag aag tta tca gtc ttt gat gct gca gag aaa tac aag agt gag	2304
Gly Glu Lys Leu Ser Val Phe Asp Ala Ala Glu Lys Tyr Lys Ser Glu	
755 760 765	
ggg cat gat atg att atc ttg gct ggt gct gag tat ggg agt gga agc	2352
Gly His Asp Met Ile Ile Leu Ala Gly Ala Glu Tyr Gly Ser Gly Ser	
770 775 780	
tct cgt gat tgg gct gca aag ggg cca atg cta ctg ggc gtg aaa gct	2400
Ser Arg Asp Trp Ala Ala Lys Gly Pro Met Leu Leu Gly Val Lys Ala	
785 790 795 800	
gtc ata gca aaa agt ttt gaa agg att cac cga agt aat ttg gtg gga	2448
Val Ile Ala Lys Ser Phe Glu Arg Ile His Arg Ser Asn Leu Val Gly	

805	810	815	
atg ggt atc att cca ttg tgt ttt aag ccc ggg gat gat gct gat tct			2496
Met Gly Ile Ile Pro Leu Cys Phe Lys Pro Gly Asp Asp Ala Asp Ser			
820	825	830	
ctt gga tta act ggc cat gaa cgt tac acc att gat cta cca agc aat			2544
Leu Gly Leu Thr Gly His Glu Arg Tyr Thr Ile Asp Leu Pro Ser Asn			
835	840	845	
gtg aat gaa ata cga ccc ggc caa gat gtc aca gtg gtg aca gat gcc			2592
Val Asn Glu Ile Arg Pro Gly Gln Asp Val Thr Val Val Thr Asp Ala			
850	855	860	
ggg aaa tca ttt gta tct aca ctg aga ttt gat aca gag gtt gaa cta			2640
Gly Lys Ser Phe Val Ser Thr Leu Arg Phe Asp Thr Glu Val Glu Leu			
865	870	875	880
gct tac ttc aac cat gga ggc atc tta caa tat gtc atc aga aac atg			2688
Ala Tyr Phe Asn His Gly Gly Ile Leu Gln Tyr Val Ile Arg Asn Met			
885	890	895	
gtc aat gct aaa cat tga			2706
Val Asn Ala Lys His			
900			
<210> 163			
<211> 901			
<212> PRT			
<213> Glycine max			
<400> 163			
Met Ala Thr Glu Asn Pro Phe Asn Ser Ile Leu Thr Thr Leu Glu Lys			
1	5	10	15
Pro Gly Gly Ala Gly Glu Phe Gly Lys Tyr Phe Ser Leu Pro Ala Leu			
20	25	30	
Asn Asp Arg Arg Ile Asp Arg Leu Pro Tyr Ser Val Arg Ile Leu Leu			
35	40	45	
Glu Ser Ala Ile Arg Asn Cys Asp Glu Phe Gln Val Lys Ser Asn Asp			

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

Ser Pro Glu Tyr Gly Ala Thr Met Gly Phe Phe Pro Val Asp His Val
 305 310 315 320
 Thr Leu Gln Tyr Leu Arg Leu Thr Gly Arg Ser Asp Glu Thr Val Ser
 325 330 335
 Met Ile Glu Ser Tyr Leu Arg Ala Asn Lys Met Phe Val Asp Tyr Ser
 340 345 350
 Glu Pro Gln Val Glu Arg Val Tyr Ser Ser Tyr Leu Glu Leu Asn Leu
 355 360 365

 Glu Asp Val Glu Pro Cys Val Ser Gly Pro Lys Arg Pro His Asp Arg
 370 375 380
 Val Pro Leu Arg Glu Met Lys Val Asp Trp His Ala Cys Leu Asn Asn
 385 390 395 400
 Lys Val Gly Phe Lys Gly Phe Ala Val Pro Lys Glu Ser Gln Asn Lys
 405 410 415
 Val Ala Glu Phe Thr Phe Gln Gly Thr Pro Ala His Leu Arg His Gly
 420 425 430

 Asp Val Val Ile Ala Ala Ile Thr Ser Cys Thr Asn Thr Ser Asn Pro
 435 440 445
 Ser Val Met Leu Gly Ala Ala Leu Val Ala Lys Lys Ala Cys Glu Leu
 450 455 460
 Gly Leu Gln Val Lys Pro Trp Ile Lys Thr Ser Leu Ala Pro Gly Ser
 465 470 475 480
 Gly Val Val Thr Lys Tyr Leu Gln Arg Ser Gly Leu Gln Lys Tyr Leu
 485 490 495

 Asn Glu Leu Gly Phe Asn Ile Val Gly Tyr Gly Cys Thr Thr Cys Ile
 500 505 510
 Gly Asn Ser Gly Asp Ile Asn Glu Ala Val Ala Ser Ala Ile Thr Glu
 515 520 525
 Asn Asp Ile Val Ala Ala Ala Val Leu Ser Gly Asn Arg Asn Phe Glu
 530 535 540
 Gly Arg Val His Pro Leu Thr Arg Ala Asn Tyr Leu Ala Ser Pro Pro

545 550 555 560

 Leu Val Val Ala Tyr Ala Leu Ala Gly Thr Val Asp Ile Asp Phe Asp
 565 570 575
 Thr Glu Pro Ile Gly Ile Gly Lys Asp Gly Thr Lys Ile Phe Phe Arg
 580 585 590
 Asp Ile Trp Pro Ser Ser Glu Glu Ile Ala Asn Val Val Gln Ser Ser
 595 600 605
 Val Leu Pro Ala Met Phe Arg Asp Thr Tyr Asn Ala Ile Thr Gln Gly
 610 615 620

 Asn Pro Met Trp Asn Asn Leu Ser Val Pro Thr Gly Thr Leu Tyr Ala
 625 630 635 640
 Trp Asp Pro Thr Ser Thr Tyr Ile His Glu Pro Pro Tyr Phe Arg Asp
 645 650 655
 Met Ser Met Ser Pro Pro Gly Ser His Gly Val Lys Asp Ala Tyr Cys
 660 665 670
 Leu Leu Asn Phe Gly Asp Ser Ile Thr Thr Asp His Ile Ser Pro Ala
 675 680 685

 Gly Ser Ile His Lys Asp Ser Pro Ala Ala Arg Tyr Leu Ile Glu Arg
 690 695 700
 Gly Val Asp Arg Arg Asp Phe Asn Ser Tyr Gly Ser Arg Arg Gly Asn
 705 710 715 720
 Asp Glu Val Met Ala Arg Gly Thr Phe Ala Asn Ile Arg Ile Val Asn
 725 730 735
 Lys Phe Leu Asn Gly Glu Val Gly Pro Lys Thr Ile His Ile Pro Ser
 740 745 750

 Gly Glu Lys Leu Ser Val Phe Asp Ala Ala Glu Lys Tyr Lys Ser Glu
 755 760 765
 Gly His Asp Met Ile Ile Leu Ala Gly Ala Glu Tyr Gly Ser Gly Ser
 770 775 780
 Ser Arg Asp Trp Ala Ala Lys Gly Pro Met Leu Leu Gly Val Lys Ala
 785 790 795 800

Val Ile Ala Lys Ser Phe Glu Arg Ile His Arg Ser Asn Leu Val Gly
805 810 815

Met Gly Ile Ile Pro Leu Cys Phe Lys Pro Gly Asp Asp Ala Asp Ser
820 825 830

Leu Gly Leu Thr Gly His Glu Arg Tyr Thr Ile Asp Leu Pro Ser Asn
835 840 845

Val Asn Glu Ile Arg Pro Gly Gln Asp Val Thr Val Val Thr Asp Ala
850 855 860

Gly Lys Ser Phe Val Ser Thr Leu Arg Phe Asp Thr Glu Val Glu Leu
865 870 875 880

Ala Tyr Phe Asn His Gly Gly Ile Leu Gln Tyr Val Ile Arg Asn Met
885 890 895

Val Asn Ala Lys His
900

<210> 164

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 164

Phe Leu Asn Gly Glu Val Gly Pro Lys

1 5

<210> 165

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 165

Leu Ser Val Phe Asp Ala Ala Glu Lys

1 5

<210> 166

<211> 9

<212> PRT

<213>

> Glycine max

<400> 166

Leu Ser Val Phe Asp Val Ala Glu Lys

1 5

<210> 167

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 167

Thr Ser Leu Ala Pro Gly Ser Gly Val Val Thr Lys

1 5 10

<210> 168

<211> 2706

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(2706)

<400> 168

atg gcg act gag aac cct ttc aat agc att ttg agg acg ctc gag aag 48

Met Ala Thr Glu Asn Pro Phe Asn Ser Ile Leu Arg Thr Leu Glu Lys

1 5 10 15

ccc ggc ggc gct ggc gag ttt gga aag tac ttt agc ttg ccc gct ctc 96

Pro Gly Gly Ala Gly Glu Phe Gly Lys Tyr Phe Ser Leu Pro Ala Leu

20 25 30

aac gat cct aga atc gat aga ctt cct tac tct gtg agg ata ctt ttg 144

Asn Asp Pro Arg Ile Asp Arg Leu Pro Tyr Ser Val Arg Ile Leu Leu

35 40 45

gaa tct gca atc cgt aac tgt gat gag ttt caa gtt aag agt aac gac 192

Glu Ser Ala Ile Arg Asn Cys Asp Glu Phe Gln Val Lys Ser Asn Asp

50 55 60

att gaa aaa att att gat tgg gag aat acc tct ccc aag ctg gtg gag 240

Ile Glu Lys Ile Ile Asp Trp Glu Asn Thr Ser Pro Lys Leu Val Glu

65 70 75 80

att cca ttc aag cca gct aga gtg ctt ctg cag gac ttt act ggg gtg 288

Ile Pro Phe Lys Pro Ala Arg Val Leu Leu Gln Asp Phe Thr Gly Val

85 90 95

cct gct gtg gtt gat ctt gct tgc atg cga gat gca atg aac aaa ctt 336

Pro Ala Val Val Asp Leu Ala Cys Met Arg Asp Ala Met Asn Lys Leu

100 105 110

ggg ggt gat tct aat aaa att aac ccc ttg gta cca gtt gat ctt gtc 384

Gly Gly Asp Ser Asn Lys Ile Asn Pro Leu Val Pro Val Asp Leu Val

115 120 125

att gat cac tct gtt caa gtt gat gtg gca aga tca gaa aat gct gtc 432

Ile Asp His Ser Val Gln Val Asp Val Ala Arg Ser Glu Asn Ala Val

130 135 140

cag gca aat atg gaa ctt gaa ttc caa aga aac aag gaa aga ttt ggt 480

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

145 150 155 160

ttc ctc aaa tgg ggt tct aat gca ttc aat aat atg ctt gtc gtt cct 528

Phe Leu Lys Trp Gly Ser Asn Ala Phe Asn Asn Met Leu Val Val Pro

165 170 175

cct gga tca ggg ata gtt cat cag gtt aat tta gaa tac ctt ggt aga 576

Pro Gly Ser Gly Ile Val His Gln Val Asn Leu Glu Tyr Leu Gly Arg

180 185 190

gtt gtg ttc aac aca aat ggt gtg ctt tat cca gac agc gtt gtc gga 624

Val Val Phe Asn Thr Asn Gly Val Leu Tyr Pro Asp Ser Val Val Gly

195 200 205

act gat tca cac act act atg ata gat ggc ctg ggt gtt gct gga tgg 672

Thr Asp Ser His Thr Thr Met Ile Asp Gly Leu Gly Val Ala Gly Trp

210 215 220

gga gtt ggt gga ata gaa gca gaa gct gca atg ctt ggc cag ccc atg 720

Gly Val Gly Gly Ile Glu Ala Glu Ala Ala Met Leu Gly Gln Pro Met

225	230	235	240	
agc atg gtc cta ccg ggt gtt gtt ggg ttc aaa tta tta ggc aaa cta				768
Ser Met Val Leu Pro Gly Val Val Gly Phe Lys Leu Leu Gly Lys Leu				
	245	250	255	
cga gat ggt gtc aca gct act gac ttg gtg ttg act gtt act caa atg				816
Arg Asp Gly Val Thr Ala Thr Asp Leu Val Leu Thr Val Thr Gln Met				
	260	265	270	
cta aga aag cat ggg gtt gtt ggc aag ttt gta gag ttt tat ggg gaa				864
Leu Arg Lys His Gly Val Val Gly Lys Phe Val Glu Phe Tyr Gly Glu				
	275	280	285	
ggc atg agt gaa ctg tct ttg gca gat cgt gcc act ata gca aac atg				912
Gly Met Ser Glu Leu Ser Leu Ala Asp Arg Ala Thr Ile Ala Asn Met				
	290	295	300	
tct cct gag tat ggt gca acc atg ggc ttc ttt cct gtg gat cat gtc				960
Ser Pro Glu Tyr Gly Ala Thr Met Gly Phe Phe Pro Val Asp His Val				
305	310	315	320	
act ttg caa tat ttg aga ctg act ggc aga agt gat gag act gtt tct				1008
Thr Leu Gln Tyr Leu Arg Leu Thr Gly Arg Ser Asp Glu Thr Val Ser				
	325	330	335	
atg ata gaa tcc tat tta cga gca aat aag atg ttt gtg gat tat agc				1056
Met Ile Glu Ser Tyr Leu Arg Ala Asn Lys Met Phe Val Asp Tyr Ser				
	340	345	350	
gag ccc caa gtg gag aga gtg tac tca tcc tat ttg gaa ctc aat ctt				1104
Glu Pro Gln Val Glu Arg Val Tyr Ser Ser Tyr Leu Glu Leu Asn Leu				
	355	360	365	
gag gat gta gag ccc tgt gtc tca ggt cca aaa agg cct cac gac cgt				1152
Glu Asp Val Glu Pro Cys Val Ser Gly Pro Lys Arg Pro His Asp Arg				
	370	375	380	
gtc cct ttg aga gaa atg aag gta gac tgg cat gcc tgc ctc aac aat				1200
Val Pro Leu Arg Glu Met Lys Val Asp Trp His Ala Cys Leu Asn Asn				
385	390	395	400	

aaa gtt gga ttt aag ggt ttt gct gta tca aaa gaa tct cag aat aag	1248
Lys Val Gly Phe Lys Gly Phe Ala Val Ser Lys Glu Ser Gln Asn Lys	
405 410 415	
gtt gca gag ttc aca ttc caa ggg aca cca gca cat ctt agg cat ggt	1296
Val Ala Glu Phe Thr Phe Gln Gly Thr Pro Ala His Leu Arg His Gly	
420 425 430	
gat gtt gtt ata gct gct atc acc agt tgt aca aat act tca aat cct	1344
Asp Val Val Ile Ala Ala Ile Thr Ser Cys Thr Asn Thr Ser Asn Pro	
435 440 445	
agc gta atg ctt gga gct gca ttg gtt gca aag aaa gca tgt gaa ttg	1392
Ser Val Met Leu Gly Ala Ala Leu Val Ala Lys Lys Ala Cys Glu Leu	
450 455 460	
gga ttg cag gtg aag cca tgg att aaa aca agt ctt gcc cca ggt tct	1440
Gly Leu Gln Val Lys Pro Trp Ile Lys Thr Ser Leu Ala Pro Gly Ser	
465 470 475 480	
ggg gtt gta act aag tat ttg cag agg agt ggc ttg cag aag tat ttg	1488
Gly Val Val Thr Lys Tyr Leu Gln Arg Ser Gly Leu Gln Lys Tyr Leu	
485 490 495	
aat gag cta ggg ttt aat ata gtt ggg tat gga tgc acc aca tgc att	1536
Asn Glu Leu Gly Phe Asn Ile Val Gly Tyr Gly Cys Thr Thr Cys Ile	
500 505 510	
gga aat tca ggg gat att aat gaa gct gtt gca tct gcg att acc gaa	1584
Gly Asn Ser Gly Asp Ile Asn Glu Ala Val Ala Ser Ala Ile Thr Glu	
515 520 525	
aat gat ata gta gct gca gct gta ttg tct gga aat agg aac ttt gag	1632
Asn Asp Ile Val Ala Ala Ala Val Leu Ser Gly Asn Arg Asn Phe Glu	
530 535 540	
ggc cga gtt cac cca tta aca aga gct aat tat ctt gct tct cct cct	1680
Gly Arg Val His Pro Leu Thr Arg Ala Asn Tyr Leu Ala Ser Pro Pro	
545 550 555 560	
ctt gtt gtt gcc tat gcc ctt gct ggc aca gtg gac att gac ttt gac	1728

Leu Val Val Ala Tyr Ala Leu Ala Gly Thr Val Asp Ile Asp Phe Asp

565 570 575

act gaa ccc att ggg ata ggg aag gat gga aca gag atc ttc ttc aag 1776

Thr Glu Pro Ile Gly Ile Gly Lys Asp Gly Thr Glu Ile Phe Phe Lys

580 585 590

gat att tgg cca tcc agt gaa gaa ata gca aat gtt gta caa tca agt 1824

Asp Ile Trp Pro Ser Ser Glu Glu Ile Ala Asn Val Val Gln Ser Ser

595 600 605

gtg ctg cct gat atg ttt agg gac aca tat aat gca atc acc caa ggg 1872

Val Leu Pro Asp Met Phe Arg Asp Thr Tyr Asn Ala Ile Thr Gln Gly

610 615 620

aat ccc atg tgg aat aat tta tct gtt cca acg ggc act ctt tat gct 1920

Asn Pro Met Trp Asn Asn Leu Ser Val Pro Thr Gly Thr Leu Tyr Ala

625 630 635 640

tgg gac cct aca tcg act tat att cat gag cca cct tat ttt aga gat 1968

Trp Asp Pro Thr Ser Thr Tyr Ile His Glu Pro Pro Tyr Phe Arg Asp

645 650 655

atg agc atg tct ccc cca ggc tct cat gga gtg aag gat gct tac tgt 2016

Met Ser Met Ser Pro Pro Gly Ser His Gly Val Lys Asp Ala Tyr Cys

660 665 670

ttg ctc aac ttt gga gac agt atc aca act gac cac atc tct cca gct 2064

Leu Leu Asn Phe Gly Asp Ser Ile Thr Thr Asp His Ile Ser Pro Ala

675 680 685

ggc agc ata cat aag gac agt cct gcg gcc aga tac ctt ata gaa cgt 2112

Gly Ser Ile His Lys Asp Ser Pro Ala Ala Arg Tyr Leu Ile Glu Arg

690 695 700

ggg gtt gat aga cgg gac ttc aac tcc tat gga agt cgc cgt ggt aat 2160

Gly Val Asp Arg Arg Asp Phe Asn Ser Tyr Gly Ser Arg Arg Gly Asn

705 710 715 720

gat gag gtg atg gcc cga gga acg ttt gcc aat att cgc att gtc aac	2208
Asp Glu Val Met Ala Arg Gly Thr Phe Ala Asn Ile Arg Ile Val Asn	
725 730 735	
aaa ttt ttg aat gga gaa gtt gga cct aaa act att cat att cct tct	2256
Lys Phe Leu Asn Gly Glu Val Gly Pro Lys Thr Ile His Ile Pro Ser	
740 745 750	
ggg gag aag ttg tca gtc ttt gac gtt gca gag aaa tac aag agt gaa	2304
Gly Glu Lys Leu Ser Val Phe Asp Val Ala Glu Lys Tyr Lys Ser Glu	
755 760 765	
ggg cat gat atg att atc ttg gct ggt gct gag tat ggg agt gga agc	2352
Gly His Asp Met Ile Ile Leu Ala Gly Ala Glu Tyr Gly Ser Gly Ser	
770 775 780	
tct cgt gat tgg gct gca aag ggg cca atg cta ctg ggc gtg aaa gct	2400
Ser Arg Asp Trp Ala Ala Lys Gly Pro Met Leu Leu Gly Val Lys Ala	
785 790 795 800	
gtc ata gca aaa agt ttt gaa agg att cac cga agt aat ttg gtg gga	2448
Val Ile Ala Lys Ser Phe Glu Arg Ile His Arg Ser Asn Leu Val Gly	
805 810 815	
atg ggt atc att cct ttg tgt ttt aag ccc ggg gag gat gct gat tct	2496
Met Gly Ile Ile Pro Leu Cys Phe Lys Pro Gly Glu Asp Ala Asp Ser	
820 825 830	
ctt gga tta act ggt caa gaa cgt tac acc att gat cta cca agc aat	2544
Leu Gly Leu Thr Gly Gln Glu Arg Tyr Thr Ile Asp Leu Pro Ser Asn	
835 840 845	
gtg aat gaa ata cga ccc ggt caa gat gtc aca gtg gtg aca gac acc	2592
Val Asn Glu Ile Arg Pro Gly Gln Asp Val Thr Val Val Thr Asp Thr	
850 855 860	
ggg aaa tca ttt gta tct aca ttg aga ttt gat act gag gtt gaa cta	2640
Gly Lys Ser Phe Val Ser Thr Leu Arg Phe Asp Thr Glu Val Glu Leu	
865 870 875 880	
gct tac ttc aac cat gga ggt atc tta caa tat gtc atc aga aac ttg	2688

Ala Tyr Phe Asn His Gly Gly Ile Leu Gln Tyr Val Ile Arg Asn Leu

885 890 895

atc aat gct aaa cat tga

2706

Ile Asn Ala Lys His

900

<210> 169

<211> 901

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 169

Met Ala Thr Glu Asn Pro Phe Asn Ser Ile Leu Arg Thr Leu Glu Lys

1 5 10 15

Pro Gly Gly Ala Gly Glu Phe Gly Lys Tyr Phe Ser Leu Pro Ala Leu

20 25 30

Asn Asp Pro Arg Ile Asp Arg Leu Pro Tyr Ser Val Arg Ile Leu Leu

35 40 45

Glu Ser Ala Ile Arg Asn Cys Asp Glu Phe Gln Val Lys Ser Asn Asp

50 55 60

Ile Glu Lys Ile Ile Asp Trp Glu Asn Thr Ser Pro Lys Leu Val Glu

65 70 75 80

Ile Pro Phe Lys Pro Ala Arg Val Leu Leu Gln Asp Phe Thr Gly Val

85 90 95

Pro Ala Val Val Asp Leu Ala Cys Met Arg Asp Ala Met Asn Lys Leu

100 105 110

Gly Gly Asp Ser Asn Lys Ile Asn Pro Leu Val Pro Val Asp Leu Val

115 120 125

Ile Asp His Ser Val Gln Val Asp Val Ala Arg Ser Glu Asn Ala Val

130 135 140

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

145 150 155 160

Phe Leu Lys Trp Gly Ser Asn Ala Phe Asn Asn Met Leu Val Val Pro

165	170	175
Pro Gly Ser Gly Ile Val His Gln Val Asn Leu Glu Tyr Leu Gly Arg		
180	185	190
Val Val Phe Asn Thr Asn Gly Val Leu Tyr Pro Asp Ser Val Val Gly		
195	200	205
Thr Asp Ser His Thr Thr Met Ile Asp Gly Leu Gly Val Ala Gly Trp		
210	215	220
Gly Val Gly Gly Ile Glu Ala Glu Ala Ala Met Leu Gly Gln Pro Met		
225	230	235
		240
Ser Met Val Leu Pro Gly Val Val Gly Phe Lys Leu Leu Gly Lys Leu		
245	250	255
Arg Asp Gly Val Thr Ala Thr Asp Leu Val Leu Thr Val Thr Gln Met		
260	265	270
Leu Arg Lys His Gly Val Val Gly Lys Phe Val Glu Phe Tyr Gly Glu		
275	280	285
Gly Met Ser Glu Leu Ser Leu Ala Asp Arg Ala Thr Ile Ala Asn Met		
290	295	300
Ser Pro Glu Tyr Gly Ala Thr Met Gly Phe Phe Pro Val Asp His Val		
305	310	315
Thr Leu Gln Tyr Leu Arg Leu Thr Gly Arg Ser Asp Glu Thr Val Ser		
325	330	335
Met Ile Glu Ser Tyr Leu Arg Ala Asn Lys Met Phe Val Asp Tyr Ser		
340	345	350
Glu Pro Gln Val Glu Arg Val Tyr Ser Ser Tyr Leu Glu Leu Asn Leu		
355	360	365
Glu Asp Val Glu Pro Cys Val Ser Gly Pro Lys Arg Pro His Asp Arg		
370	375	380
Val Pro Leu Arg Glu Met Lys Val Asp Trp His Ala Cys Leu Asn Asn		
385	390	395
Lys Val Gly Phe Lys Gly Phe Ala Val Ser Lys Glu Ser Gln Asn Lys		
405	410	415

Val Ala Glu Phe Thr Phe Gln Gly Thr Pro Ala His Leu Arg His Gly
420 425 430

Asp Val Val Ile Ala Ala Ile Thr Ser Cys Thr Asn Thr Ser Asn Pro
435 440 445

Ser Val Met Leu Gly Ala Ala Leu Val Ala Lys Lys Ala Cys Glu Leu
450 455 460

Gly Leu Gln Val Lys Pro Trp Ile Lys Thr Ser Leu Ala Pro Gly Ser
465 470 475 480

Gly Val Val Thr Lys Tyr Leu Gln Arg Ser Gly Leu Gln Lys Tyr Leu
485 490 495

Asn Glu Leu Gly Phe Asn Ile Val Gly Tyr Gly Cys Thr Thr Cys Ile
500 505 510

Gly Asn Ser Gly Asp Ile Asn Glu Ala Val Ala Ser Ala Ile Thr Glu
515 520 525

Asn Asp Ile Val Ala Ala Ala Val Leu Ser Gly Asn Arg Asn Phe Glu
530 535 540

Gly Arg Val His Pro Leu Thr Arg Ala Asn Tyr Leu Ala Ser Pro Pro
545 550 555 560

Leu Val Val Ala Tyr Ala Leu Ala Gly Thr Val Asp Ile Asp Phe Asp
565 570 575

Thr Glu Pro Ile Gly Ile Gly Lys Asp Gly Thr Glu Ile Phe Phe Lys
580 585 590

Asp Ile Trp Pro Ser Ser Glu Glu Ile Ala Asn Val Val Gln Ser Ser
595 600 605

Val Leu Pro Asp Met Phe Arg Asp Thr Tyr Asn Ala Ile Thr Gln Gly
610 615 620

Asn Pro Met Trp Asn Asn Leu Ser Val Pro Thr Gly Thr Leu Tyr Ala
625 630 635 640

Trp Asp Pro Thr Ser Thr Tyr Ile His Glu Pro Pro Tyr Phe Arg Asp
645 650 655

Met Ser Met Ser Pro Pro Gly Ser His Gly Val Lys Asp Ala Tyr Cys

660	665	670	
Leu Leu Asn Phe Gly Asp Ser Ile Thr Thr Asp His Ile Ser Pro Ala			
675	680	685	
Gly Ser Ile His Lys Asp Ser Pro Ala Ala Arg Tyr Leu Ile Glu Arg			
690	695	700	
Gly Val Asp Arg Arg Asp Phe Asn Ser Tyr Gly Ser Arg Arg Gly Asn			
705	710	715	720
Asp Glu Val Met Ala Arg Gly Thr Phe Ala Asn Ile Arg Ile Val Asn			
725	730	735	
Lys Phe Leu Asn Gly Glu Val Gly Pro Lys Thr Ile His Ile Pro Ser			
740	745	750	
Gly Glu Lys Leu Ser Val Phe Asp Val Ala Glu Lys Tyr Lys Ser Glu			
755	760	765	
Gly His Asp Met Ile Ile Leu Ala Gly Ala Glu Tyr Gly Ser Gly Ser			
770	775	780	
Ser Arg Asp Trp Ala Ala Lys Gly Pro Met Leu Leu Gly Val Lys Ala			
785	790	795	800
Val Ile Ala Lys Ser Phe Glu Arg Ile His Arg Ser Asn Leu Val Gly			
805	810	815	
Met Gly Ile Ile Pro Leu Cys Phe Lys Pro Gly Glu Asp Ala Asp Ser			
820	825	830	
Leu Gly Leu Thr Gly Gln Glu Arg Tyr Thr Ile Asp Leu Pro Ser Asn			
835	840	845	
Val Asn Glu Ile Arg Pro Gly Gln Asp Val Thr Val Val Thr Asp Thr			
850	855	860	
Gly Lys Ser Phe Val Ser Thr Leu Arg Phe Asp Thr Glu Val Glu Leu			
865	870	875	880
Ala Tyr Phe Asn His Gly Gly Ile Leu Gln Tyr Val Ile Arg Asn Leu			
885	890	895	
Ile Asn Ala Lys His			
900			

<210> 170

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 170

Phe Leu Asn Gly Glu Val Gly Pro Lys

1 5

<210> 171

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 171

Leu Ser Val Phe Asp Val Ala Glu Lys

1 5

<210> 172

<211> 12

<212> PRT

<

213> Glycine max

<400> 172

Thr Ser Leu Ala Pro Gly Ser Gly Val Val Thr Lys

1 5 10

<210> 173

<211> 2292

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(2292)

<400> 173

atg gca tct cac atc gtt gga tac ccc cgt atg ggt ccc aag aga gag 48

Met Ala Ser His Ile Val Gly Tyr Pro Arg Met Gly Pro Lys Arg Glu

1 5 10 15

ctc aag ttc gct ctc gag tct ttc tgg gat ggc aag agc agc gcc gag 96

Leu Lys Phe Ala Leu Glu Ser Phe Trp Asp Gly Lys Ser Ser Ala Glu

20	25	30	
gat ttg cag aag gtg tct tct gat ctc agg gca tcc atc tgg aag cag			144
Asp Leu Gln Lys Val Ser Ser Asp Leu Arg Ala Ser Ile Trp Lys Gln			
35	40	45	
atg gct gat gct ggg atc aag tac atc ccc agc aac act ttc tct cac			192
Met Ala Asp Ala Gly Ile Lys Tyr Ile Pro Ser Asn Thr Phe Ser His			
50	55	60	
tat gac cag gtt ctc gac gcc acc gcc acc ctc ggt gcc gtt cca cca			240
Tyr Asp Gln Val Leu Asp Ala Thr Ala Thr Leu Gly Ala Val Pro Pro			
65	70	75	80
agg tac ggc tgg acc ggc ggc gag att ggg ttt gat acc tac ttc tcc			288
Arg Tyr Gly Trp Thr Gly Gly Glu Ile Gly Phe Asp Thr Tyr Phe Ser			
85	90	95	
atg gcc aga ggt aat gct acc gtg cca gct atg gag atg acc aag tgg			336
Met Ala Arg Gly Asn Ala Thr Val Pro Ala Met Glu Met Thr Lys Trp			
100	105	110	
ttc gac acc aac tac cac ttt att gtc cct gaa ttg ggc cct gat gtg			384
Phe Asp Thr Asn Tyr His Phe Ile Val Pro Glu Leu Gly Pro Asp Val			
115	120	125	
aac ttc acc tat gct tct cac aag gct gtt gat gaa tac aag gag gcc			432
Asn Phe Thr Tyr Ala Ser His Lys Ala Val Asp Glu Tyr Lys Glu Ala			
130	135	140	
aag gcg ctt gga gtg gat acc gtt ccg gtc ctc gtt ggc cct gtt aca			480
Lys Ala Leu Gly Val Asp Thr Val Pro Val Leu Val Gly Pro Val Thr			
145	150	155	160
tac ctg ttg ctc tcc aag cct gcc aag gga gtt gag aaa tcc ttt tct			528
Tyr Leu Leu Leu Ser Lys Pro Ala Lys Gly Val Glu Lys Ser Phe Ser			
165	170	175	
ctc ctc tct ctc ctt ccc aag gtt ctt gct gtc tac aag gaa gtt att			576
Leu Leu Ser Leu Leu Pro Lys Val Leu Ala Val Tyr Lys Glu Val Ile			
180	185	190	

gct gac ctt aag gca gct ggt gct tca tgg att cag ttt gat gag cct	624
Ala Asp Leu Lys Ala Ala Gly Ala Ser Trp Ile Gln Phe Asp Glu Pro	
195 200 205	
acc ctt gtc ttg gac ctt gag tct cac aag ttg caa gca ttc act gac	672
Thr Leu Val Leu Asp Leu Glu Ser His Lys Leu Gln Ala Phe Thr Asp	
210 215 220	
gca tat gca gaa ctt gcg cct gct ttg tct ggt ttg aat gtt ctt gtt	720
Ala Tyr Ala Glu Leu Ala Pro Ala Leu Ser Gly Leu Asn Val Leu Val	
225 230 235 240	
gag acc tac ttt gct gac atc cct gct gag gca tac aag acc ctc aca	768
Glu Thr Tyr Phe Ala Asp Ile Pro Ala Glu Ala Tyr Lys Thr Leu Thr	
245 250 255	
tct ctg aat ggc gtc act gca tat gga ttt gat ttg gtc cgt gga acc	816
Ser Leu Asn Gly Val Thr Ala Tyr Gly Phe Asp Leu Val Arg Gly Thr	
260 265 270	
aac act ctt gat ttg atc aag ggt gga ttt ccc agc gga aaa tac ctc	864
Asn Thr Leu Asp Leu Ile Lys Gly Gly Phe Pro Ser Gly Lys Tyr Leu	
275 280 285	
ttt gct gga gtg gtt gat gga agg aac atc tgg gcc aat gac ctt gct	912
Phe Ala Gly Val Val Asp Gly Arg Asn Ile Trp Ala Asn Asp Leu Ala	
290 295 300	
gct tct ctc act acc ttg cag ggt ctt gag ggc att gtg ggc aaa gat	960
Ala Ser Leu Thr Thr Leu Gln Gly Leu Glu Gly Ile Val Gly Lys Asp	
305 310 315 320	
aag ctt gtt gtg tcc acc tcc tcc tcc ctt ctt cac act gct gtt gat	1008
Lys Leu Val Val Ser Thr Ser Ser Ser Leu Leu His Thr Ala Val Asp	
325 330 335	
cta gtt aac gag acc aag ttg gat gat gag atc aag tca tgg cta gct	1056
Leu Val Asn Glu Thr Lys Leu Asp Asp Glu Ile Lys Ser Trp Leu Ala	
340 345 350	

ttt gct gcc caa aaa att gtt gaa gtt aac gca ttg gct aaa gca ttg	1104
Phe Ala Ala Gln Lys Ile Val Glu Val Asn Ala Leu Ala Lys Ala Leu	
355 360 365	
tct ggc cac aag gat gag gcc ttc ttc tct ggt aat gct gct gct ctg	1152
Ser Gly His Lys Asp Glu Ala Phe Phe Ser Gly Asn Ala Ala Ala Leu	
370 375 380	
gct tca agg aag tct tct cca aga gtg acc aac gag gct gtt cag aag	1200
Ala Ser Arg Lys Ser Ser Pro Arg Val Thr Asn Glu Ala Val Gln Lys	
385 390 395 400	
gct gct gct gca ttg aag ggt tca gat cat cgc cgt gca aca aat gtc	1248
Ala Ala Ala Ala Leu Lys Gly Ser Asp His Arg Arg Ala Thr Asn Val	
405 410 415	
agt gcc aga ctg gat tct caa caa aag aag ctc aac ctt cca atc ctg	1296
Ser Ala Arg Leu Asp Ser Gln Gln Lys Lys Leu Asn Leu Pro Ile Leu	
420 425 430	
cca acc acc act att gga tcc ttc cct cag act gta gaa ctg agg agg	1344
Pro Thr Thr Thr Ile Gly Ser Phe Pro Gln Thr Val Glu Leu Arg Arg	
435 440 445	
gta cgc cgt gaa ttc aag gct aac aag atc tcc gag gaa gag tat gta	1392
Val Arg Arg Glu Phe Lys Ala Asn Lys Ile Ser Glu Glu Glu Tyr Val	
450 455 460	
aag tca att aag gag gaa att cgc aaa gtt gtt gag ctt caa gaa gag	1440
Lys Ser Ile Lys Glu Glu Ile Arg Lys Val Val Glu Leu Gln Glu Glu	
465 470 475 480	
ctt gat att gat gtt ctt gtt cat gga gaa cca gag aga aat gat atg	1488
Leu Asp Ile Asp Val Leu Val His Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met	
485 490 495	
gtt gag tac ttc ggt gaa caa ttg tca ggc ttt gcc ttc acc gtt aat	1536
Val Glu Tyr Phe Gly Glu Gln Leu Ser Gly Phe Ala Phe Thr Val Asn	

500	505	510	
ggg tgg gtg caa tcc tat ggt tcc cgt tgc gtg aag cca ccg atc atc			1584
Gly Trp Val Gln Ser Tyr Gly Ser Arg Cys Val Lys Pro Pro Ile Ile			
515	520	525	
tat ggt gat gtg agc cgc cca aag cca atg acc gtc ttc tgg tca tct			1632
Tyr Gly Asp Val Ser Arg Pro Lys Pro Met Thr Val Phe Trp Ser Ser			
530	535	540	
ctg gct cag agc ttt acc aag cgc cca atg aag gga atg ctt acc ggt			1680
Leu Ala Gln Ser Phe Thr Lys Arg Pro Met Lys Gly Met Leu Thr Gly			
545	550	555	560
cct gtt acc att ctc aac tgg tcc ttt gtt aga aat gac caa cct aga			1728
Pro Val Thr Ile Leu Asn Trp Ser Phe Val Arg Asn Asp Gln Pro Arg			
565	570	575	
tct gag acc acc tac cag att gct ttg tct atc aag gac gaa gtg gaa			1776
Ser Glu Thr Thr Tyr Gln Ile Ala Leu Ser Ile Lys Asp Glu Val Glu			
580	585	590	
gac ctt gaa aag gct ggc atc act gtt atc caa att gat gaa gct gct			1824
Asp Leu Glu Lys Ala Gly Ile Thr Val Ile Gln Ile Asp Glu Ala Ala			
595	600	605	
ttg aga gag ggt ctt cca ctg agg aaa tca gag caa gct cac tac ttg			1872
Leu Arg Glu Gly Leu Pro Leu Arg Lys Ser Glu Gln Ala His Tyr Leu			
610	615	620	
gac tgg gct gtc cat gcc ttc aga atc acc aat gtt ggt gtc cag gat			1920
Asp Trp Ala Val His Ala Phe Arg Ile Thr Asn Val Gly Val Gln Asp			
625	630	635	640
acc acc cag atc cac act cac atg tgc tac tcg aat ttc aac gac atc			1968
Thr Thr Gln Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Asn Phe Asn Asp Ile			
645	650	655	
atc cac tcc atc atc gac atg gac gcc gat gtt atc acc att gag aac			2016
Ile His Ser Ile Ile Asp Met Asp Ala Asp Val Ile Thr Ile Glu Asn			
660	665	670	

tct cgc tcc gac gag aag ctt ctg tca gtc ttc cgc gaa ggt gtg aag 2064

Ser Arg Ser Asp Glu Lys Leu Leu Ser Val Phe Arg Glu Gly Val Lys
675 680 685

tat ggt gct gga att ggc cct ggt gtc tat gac atc cac tcc cca aga 2112

Tyr Gly Ala Gly Ile Gly Pro Gly Val Tyr Asp Ile His Ser Pro Arg
690 695 700

ata cca cca act gaa gaa att gct gac aga atc aac aag atg ctg gca 2160

Ile Pro Pro Thr Glu Glu Ile Ala Asp Arg Ile Asn Lys Met Leu Ala
705 710 715 720

gtg ctc gag aag aac atc ttg tgg gtg aac cct gac tgt ggg ctc aag 2208

Val Leu Glu Lys Asn Ile Leu Trp Val Asn Pro Asp Cys Gly Leu Lys

725 730 735

acc cgt aag tac act gag gtg aag cca gcc ctc aca aac atg gtt gcc 2256

Thr Arg Lys Tyr Thr Glu Val Lys Pro Ala Leu Thr Asn Met Val Ala
740 745 750

gca gca aaa ctc atc cgc aac gaa ctt gcc aag tga 2292

Ala Ala Lys Leu Ile Arg Asn Glu Leu Ala Lys
755 760

<210> 174

<211> 763

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 174

Met Ala Ser His Ile Val Gly Tyr Pro Arg Met Gly Pro Lys Arg Glu

1 5 10 15

Leu Lys Phe Ala Leu Glu Ser Phe Trp Asp Gly Lys Ser Ser Ala Glu

20 25 30

Asp Leu Gln Lys Val Ser Ser Asp Leu Arg Ala Ser Ile Trp Lys Gln

35 40 45

Met Ala Asp Ala Gly Ile Lys Tyr Ile Pro Ser Asn Thr Phe Ser His

50 55 60

Tyr Asp Gln Val Leu Asp Ala Thr Ala Thr Leu Gly Ala Val Pro Pro
 65 70 75 80
 Arg Tyr Gly Trp Thr Gly Gly Glu Ile Gly Phe Asp Thr Tyr Phe Ser
 85 90 95
 Met Ala Arg Gly Asn Ala Thr Val Pro Ala Met Glu Met Thr Lys Trp
 100 105 110
 Phe Asp Thr Asn Tyr His Phe Ile Val Pro Glu Leu Gly Pro Asp Val

 115 120 125
 Asn Phe Thr Tyr Ala Ser His Lys Ala Val Asp Glu Tyr Lys Glu Ala
 130 135 140
 Lys Ala Leu Gly Val Asp Thr Val Pro Val Leu Val Gly Pro Val Thr
 145 150 155 160
 Tyr Leu Leu Leu Ser Lys Pro Ala Lys Gly Val Glu Lys Ser Phe Ser
 165 170 175
 Leu Leu Ser Leu Leu Pro Lys Val Leu Ala Val Tyr Lys Glu Val Ile

 180 185 190
 Ala Asp Leu Lys Ala Ala Gly Ala Ser Trp Ile Gln Phe Asp Glu Pro
 195 200 205
 Thr Leu Val Leu Asp Leu Glu Ser His Lys Leu Gln Ala Phe Thr Asp
 210 215 220
 Ala Tyr Ala Glu Leu Ala Pro Ala Leu Ser Gly Leu Asn Val Leu Val
 225 230 235 240
 Glu Thr Tyr Phe Ala Asp Ile Pro Ala Glu Ala Tyr Lys Thr Leu Thr

 245 250 255
 Ser Leu Asn Gly Val Thr Ala Tyr Gly Phe Asp Leu Val Arg Gly Thr
 260 265 270
 Asn Thr Leu Asp Leu Ile Lys Gly Gly Phe Pro Ser Gly Lys Tyr Leu
 275 280 285
 Phe Ala Gly Val Val Asp Gly Arg Asn Ile Trp Ala Asn Asp Leu Ala
 290 295 300
 Ala Ser Leu Thr Thr Leu Gln Gly Leu Glu Gly Ile Val Gly Lys Asp

305 310 315 320
 Lys Leu Val Val Ser Thr Ser Ser Ser Leu Leu His Thr Ala Val Asp
 325 330 335
 Leu Val Asn Glu Thr Lys Leu Asp Asp Glu Ile Lys Ser Trp Leu Ala
 340 345 350
 Phe Ala Ala Gln Lys Ile Val Glu Val Asn Ala Leu Ala Lys Ala Leu
 355 360 365
 Ser Gly His Lys Asp Glu Ala Phe Phe Ser Gly Asn Ala Ala Ala Leu

 370 375 380
 Ala Ser Arg Lys Ser Ser Pro Arg Val Thr Asn Glu Ala Val Gln Lys
 385 390 395 400
 Ala Ala Ala Ala Leu Lys Gly Ser Asp His Arg Arg Ala Thr Asn Val
 405 410 415
 Ser Ala Arg Leu Asp Ser Gln Gln Lys Lys Leu Asn Leu Pro Ile Leu
 420 425 430
 Pro Thr Thr Thr Ile Gly Ser Phe Pro Gln Thr Val Glu Leu Arg Arg

 435 440 445
 Val Arg Arg Glu Phe Lys Ala Asn Lys Ile Ser Glu Glu Glu Tyr Val
 450 455 460
 Lys Ser Ile Lys Glu Glu Ile Arg Lys Val Val Glu Leu Gln Glu Glu
 465 470 475 480
 Leu Asp Ile Asp Val Leu Val His Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met
 485 490 495
 Val Glu Tyr Phe Gly Glu Gln Leu Ser Gly Phe Ala Phe Thr Val Asn

 500 505 510
 Gly Trp Val Gln Ser Tyr Gly Ser Arg Cys Val Lys Pro Pro Ile Ile
 515 520 525
 Tyr Gly Asp Val Ser Arg Pro Lys Pro Met Thr Val Phe Trp Ser Ser
 530 535 540
 Leu Ala Gln Ser Phe Thr Lys Arg Pro Met Lys Gly Met Leu Thr Gly
 545 550 555 560

Pro Val Thr Ile Leu Asn Trp Ser Phe Val Arg Asn Asp Gln Pro Arg

565 570 575

Ser Glu Thr Thr Tyr Gln Ile Ala Leu Ser Ile Lys Asp Glu Val Glu

580 585 590

Asp Leu Glu Lys Ala Gly Ile Thr Val Ile Gln Ile Asp Glu Ala Ala

595 600 605

Leu Arg Glu Gly Leu Pro Leu Arg Lys Ser Glu Gln Ala His Tyr Leu

610 615 620

Asp Trp Ala Val His Ala Phe Arg Ile Thr Asn Val Gly Val Gln Asp

625 630 635 640

Thr Thr Gln Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Asn Phe Asn Asp Ile

645 650 655

Ile His Ser Ile Ile Asp Met Asp Ala Asp Val Ile Thr Ile Glu Asn

660 665 670

Ser Arg Ser Asp Glu Lys Leu Leu Ser Val Phe Arg Glu Gly Val Lys

675 680 685

Tyr Gly Ala Gly Ile Gly Pro Gly Val Tyr Asp Ile His Ser Pro Arg

690 695 700

Ile Pro Pro Thr Glu Glu Ile Ala Asp Arg Ile Asn Lys Met Leu Ala

705 710 715 720

Val Leu Glu Lys Asn Ile Leu Trp Val Asn Pro Asp Cys Gly Leu Lys

725 730 735

Thr Arg Lys Tyr Thr Glu Val Lys Pro Ala Leu Thr Asn Met Val Ala

740 745 750

Ala Ala Lys Leu Ile Arg Asn Glu Leu Ala Lys

755 760

<210> 175

<211> 21

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 175

Ala Gly Ile Thr Val Ile Gln Ile Asp Glu Ala Ala Leu Arg Glu Gly

1 5 10 15

Leu Pro Leu Arg Lys

20

<210> 176

<211> 24

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 176

Ala Leu Gly Val Asp Thr Val Pro Val Leu Val Gly Pro Val Thr Tyr

1 5 10 15

Leu Leu Leu Ser Lys Pro Ala Lys

20

<210> 177

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 177

Asp Glu Ala Phe Phe Ser Gly Asn Ala Ala Ala Leu Ala Ser Arg Lys

1 5 10 15

<210> 178

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 178

Asp Glu Val Glu Asp Leu Glu Lys

1 5

<210> 179

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 179

Ile Ser Glu Glu Glu Tyr Val Lys

1 5

<210> 180

<211> 9

<212

> PRT

<213> Glycine max

<400> 180

Ile Val Glu Val Asn Ala Leu Ala Lys

1 5

<210> 181

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 181

Leu Ile Arg Asn Glu Leu Ala Lys

1 5

<210> 182

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 182

Leu Leu Ser Val Phe Arg Glu Gly Val Lys

1 5 10

<210> 183

<211> 21

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 183

Leu Val Val Ser Thr Ser Ser Ser Leu Leu His Thr Ala Val Asp Leu

1 5 10 15

Val Asn Glu Thr Lys

20

<210> 184

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 184

Ser Phe Ser Leu Leu Ser Leu Leu Pro Lys

1 5 10

<210> 185

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 185

Ser Ser Pro Arg Val Thr Asn Glu Ala Val Gln Lys

1 5 10

<210> 186

<211> 26

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 186

Thr Leu Thr Ser Leu Asn Gly Val Thr Ala Tyr Gly Phe Asp Leu Val

1 5 10 15

Arg Gly Thr Asn Thr Leu Asp Leu Ile Lys

20 25

<210> 187

<211> 29

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 187

Tyr Gly Ala Gly Ile Gly Pro Gly Val Tyr Asp Ile His Ser Pro Arg

1 5 10 15

Ile Pro Pro Thr Glu Glu Ile Ala Asp Arg Ile Asn Lys

20 25

<210> 188

<211> 2196

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(2196)

<400> 188

atg gct tct tcc act tcc tct atc tct ctc tcc caa gcc ctc ctc cgc 48

Met Ala Ser Ser Thr Ser Ser Ile Ser Leu Ser Gln Ala Leu Leu Arg

1 5 10 15

ccc acc acc acc tct ctc ccc tcc tcc tcc tcc tcc ctc cgc ctc acc 96

Pro Thr Thr Thr Ser Leu Pro Ser Ser Ser Ser Ser Leu Arg Leu Thr

20 25 30

ccc act ctc cgc cct acc cca ccc gcc ctc tcc ctc cgc cgc cgc ctc 144

Pro Thr Leu Arg Pro Thr Pro Pro Ala Leu Ser Leu Arg Arg Arg Leu

35 40 45

acc acc tcc atc cgc gcc gcc gcc tcc gtc aaa acc gtc gag aag gca 192

Thr Thr Ser Ile Arg Ala Ala Ala Ser Val Lys Thr Val Glu Lys Ala

50 55 60

acc gcg gac gcc gcg ctg gtc gaa aaa tcc gtc aac acg atc cgc ttc 240

Thr Ala Asp Ala Ala Leu Val Glu Lys Ser Val Asn Thr Ile Arg Phe

65 70 75 80

ctc gcc atc gac gcc gtc gag aag gcg aat tcg ggt cac ccg ggg ctc 288

Leu Ala Ile Asp Ala Val Glu Lys Ala Asn Ser Gly His Pro Gly Leu

85 90 95

ccc atg gga tgc gct ccg atg ggt cac gtg cta tat gat gaa acc atg 336

Pro Met Gly Cys Ala Pro Met Gly His Val Leu Tyr Asp Glu Thr Met

100 105 110

aag tat aac cct aag aac cct ttc tgg ttc aac cgc gat cgc ttc gtt 384

Lys Tyr Asn Pro Lys Asn Pro Phe Trp Phe Asn Arg Asp Arg Phe Val

115 120 125

ctc tcc gct ggg cac ggg tgc atg ctt cag tac gcg ctt ctg cac ctc 432

Leu Ser Ala Gly His Gly Cys Met Leu Gln Tyr Ala Leu Leu His Leu

130 135 140

gct ggg ttc gat agc gtc aag gaa gag gat ttg agg gaa ttt cgc caa 480

Ala Gly Phe Asp Ser Val Lys Glu Glu Asp Leu Arg Glu Phe Arg Gln
145 150 155 160
tgg ggg agc aga act ccg gga cac cct gag aat ttt gag act ccg gga 528
Trp Gly Ser Arg Thr Pro Gly His Pro Glu Asn Phe Glu Thr Pro Gly
165 170 175
att gaa gtt aca aca ggt cct ctt ggt cag ggg att gcc aat gct gtt 576
Ile Glu Val Thr Thr Gly Pro Leu Gly Gln Gly Ile Ala Asn Ala Val
180 185 190
ggt ttg gcc ctt gca gag aag cac ttg gct gca aga tac aac aag cct 624
Gly Leu Ala Leu Ala Glu Lys His Leu Ala Ala Arg Tyr Asn Lys Pro
195 200 205
gac aat gag att gtt gac cat tac acg tat gct att ctg ggt gat ggt 672
Asp Asn Glu Ile Val Asp His Tyr Thr Tyr Ala Ile Leu Gly Asp Gly
210 215 220
tgt caa atg gag gga att gca aat gaa gca tgc tca ctt gct ggc cac 720
Cys Gln Met Glu Gly Ile Ala Asn Glu Ala Cys Ser Leu Ala Gly His
225 230 235 240
tgg gga ctg ggg aag ctg ata gca ttt tat gat gac aat cat att tct 768
Trp Gly Leu Gly Lys Leu Ile Ala Phe Tyr Asp Asp Asn His Ile Ser
245 250 255
att gat ggt aac aca gag att gcg ttc acc gag agt gtt gat agt cgt 816
Ile Asp Gly Asn Thr Glu Ile Ala Phe Thr Glu Ser Val Asp Ser Arg
260 265 270
ttt gag gga ctt ggg tgg cat gtt att tgg gta aag aat gga aat aat 864
Phe Glu Gly Leu Gly Trp His Val Ile Trp Val Lys Asn Gly Asn Asn
275 280 285
ggc tat gat gat att cgt gct gcc att aag gaa gca aaa gct gtc aaa 912
Gly Tyr Asp Asp Ile Arg Ala Ala Ile Lys Glu Ala Lys Ala Val Lys
290 295 300
gac aaa ccc aca tta atc aag gtc aca aca acc att ggt tat ggt tct 960
Asp Lys Pro Thr Leu Ile Lys Val Thr Thr Thr Ile Gly Tyr Gly Ser

305	310	315	320	
cct aac aag gct aac tcc tac agt gtg cat gga agt gca ctg ggt gcc				1008
Pro Asn Lys Ala Asn Ser Tyr Ser Val His Gly Ser Ala Leu Gly Ala				
	325	330	335	
aaa gaa gtt gat gcc acc agg cag aac ctt gga tgg tca cat gag cca				1056
Lys Glu Val Asp Ala Thr Arg Gln Asn Leu Gly Trp Ser His Glu Pro				
	340	345	350	
ttc cac gtg cct gag gat gtc aaa aag cat tgg agt cgc cac acc cct				1104
Phe His Val Pro Glu Asp Val Lys Lys His Trp Ser Arg His Thr Pro				
	355	360	365	
gag ggt gct gca ctt gaa gct gag tgg aat gct aag ttt gct gag tat				1152
Glu Gly Ala Ala Leu Glu Ala Glu Trp Asn Ala Lys Phe Ala Glu Tyr				
	370	375	380	
gaa aag aaa tac aag gag gag gct gca gaa ttg aaa tct att atc aat				1200
Glu Lys Lys Tyr Lys Glu Glu Ala Ala Glu Leu Lys Ser Ile Ile Asn				
	385	390	395	400
ggt gaa ttc cct gct ggt tgg gag aaa gca ctt ccg aca tac act cca				1248
Gly Glu Phe Pro Ala Gly Trp Glu Lys Ala Leu Pro Thr Tyr Thr Pro				
	405	410	415	
gag agc cca gcg gat gcc acc aga aac ctg tct caa aca aac ctt aat				1296
Glu Ser Pro Ala Asp Ala Thr Arg Asn Leu Ser Gln Thr Asn Leu Asn				
	420	425	430	
gcc ctt gca aag gtt ctt ccc ggt ctg ctt ggt ggc agt gca gat ctt				1344
Ala Leu Ala Lys Val Leu Pro Gly Leu Leu Gly Gly Ser Ala Asp Leu				
	435	440	445	
gct tct tcc aac atg acc ttg ctc aaa atg ttc ggg gac ttc caa aag				1392
Ala Ser Ser Asn Met Thr Leu Leu Lys Met Phe Gly Asp Phe Gln Lys				
	450	455	460	
gat act cca gca gag cgt aat gtt aga ttc ggt gtt aga gaa cac gga				1440
Asp Thr Pro Ala Glu Arg Asn Val Arg Phe Gly Val Arg Glu His Gly				

465	470	475	480	
atg gga gct atc tgc aac ggc att gct ctt cac agc cct gga ctg att				1488
Met Gly Ala Ile Cys Asn Gly Ile Ala Leu His Ser Pro Gly Leu Ile				
485	490	495		
cca tat tgt gca acc ttc ttt gta ttc act gac tac atg aga ggt gcc				1536
Pro Tyr Cys Ala Thr Phe Phe Val Phe Thr Asp Tyr Met Arg Gly Ala				
500	505	510		
ata agg ctt tct gcg ctg tct gag gct ggg gtt att tat gtc atg acc				1584
Ile Arg Leu Ser Ala Leu Ser Glu Ala Gly Val Ile Tyr Val Met Thr				
515	520	525		
cat gat tca ata gga ctt gga gaa gat ggg cca acc cac cag cca att				1632
His Asp Ser Ile Gly Leu Gly Glu Asp Gly Pro Thr His Gln Pro Ile				
530	535	540		
gag cac cta gca agc ttc cgg gca atg cca aac att ttg atg ctt cgt				1680
Glu His Leu Ala Ser Phe Arg Ala Met Pro Asn Ile Leu Met Leu Arg				
545	550	555	560	
ccc gcc gac ggt aac gaa aca gcc gga gca tac aaa gtg gcc gtg ctc				1728
Pro Ala Asp Gly Asn Glu Thr Ala Gly Ala Tyr Lys Val Ala Val Leu				
565	570	575		
aac agg aag aga ccc tcc att ctt gcc cta tcc agg caa aaa ctg ccc				1776
Asn Arg Lys Arg Pro Ser Ile Leu Ala Leu Ser Arg Gln Lys Leu Pro				
580	585	590		
cag ctt ccc gga act tcc att gaa gga gtt gaa aag ggt ggt tac acc				1824
Gln Leu Pro Gly Thr Ser Ile Glu Gly Val Glu Lys Gly Gly Tyr Thr				
595	600	605		
att tcg gac aac tcc act ggc aac aag cct gat gtc att ttg atc gga				1872
Ile Ser Asp Asn Ser Thr Gly Asn Lys Pro Asp Val Ile Leu Ile Gly				
610	615	620		
act ggt tcg gaa ttg gaa atc gct gcc aaa gct gct gat gac cta agg				1920

Thr Gly Ser Glu Leu Glu Ile Ala Ala Lys Ala Ala Asp Asp Leu Arg
625 630 635 640
aag gaa ggg aag gct gtt aga gtt gtt tcc ctt gtt tct tgg gaa ctt 1968
Lys Glu Gly Lys Ala Val Arg Val Val Ser Leu Val Ser Trp Glu Leu
645 650 655
ttt gat gag caa tca gaa gcc tac aag gag agt gtt ttc cct gct gct 2016
Phe Asp Glu Gln Ser Glu Ala Tyr Lys Glu Ser Val Phe Pro Ala Ala
660 665 670
gtt tca gcc aga gtt agc att gag gca gga tca aca ttt ggg tgg gag 2064
Val Ser Ala Arg Val Ser Ile Glu Ala Gly Ser Thr Phe Gly Trp Glu
675 680 685
aaa att gtt gga gca aag gga aaa gca ata ggc att gat cgt ttt gga 2112
Lys Ile Val Gly Ala Lys Gly Lys Ala Ile Gly Ile Asp Arg Phe Gly
690 695 700
gct agt gct cca gct gga aga ata tac aaa gaa ttt ggt atc act aag 2160
Ala Ser Ala Pro Ala Gly Arg Ile Tyr Lys Glu Phe Gly Ile Thr Lys
705 710 715 720
gaa gct gtt gtt gct gca gct aaa gag ctt atc tag 2196
Glu Ala Val Val Ala Ala Ala Lys Glu Leu Ile
725 730
<210> 189
<211> 731
<212> PRT
<213> Glycine max
<400> 189
Met Ala Ser Ser Thr Ser Ser Ile Ser Leu Ser Gln Ala Leu Leu Arg
1 5 10 15
Pro Thr Thr Thr Ser Leu Pro Ser Ser Ser Ser Ser Leu Arg Leu Thr
20 25 30
Pro Thr Leu Arg Pro Thr Pro Pro Ala Leu Ser Leu Arg Arg Arg Leu
35 40 45
Thr Thr Ser Ile Arg Ala Ala Ala Ser Val Lys Thr Val Glu Lys Ala

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

Asp Lys Pro Thr Leu Ile Lys Val Thr Thr Thr Ile Gly Tyr Gly Ser
305 310 315 320

Pro Asn Lys Ala Asn Ser Tyr Ser Val His Gly Ser Ala Leu Gly Ala
325 330 335

Lys Glu Val Asp Ala Thr Arg Gln Asn Leu Gly Trp Ser His Glu Pro
340 345 350

Phe His Val Pro Glu Asp Val Lys Lys His Trp Ser Arg His Thr Pro
355 360 365

Glu Gly Ala Ala Leu Glu Ala Glu Trp Asn Ala Lys Phe Ala Glu Tyr
370 375 380

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

Gly Glu Phe Pro Ala Gly Trp Glu Lys Ala Leu Pro Thr Tyr Thr Pro
405 410 415

Glu Ser Pro Ala Asp Ala Thr Arg Asn Leu Ser Gln Thr Asn Leu Asn
420 425 430

Ala Leu Ala Lys Val Leu Pro Gly Leu Leu Gly Gly Ser Ala Asp Leu
435 440 445

Ala Ser Ser Asn Met Thr Leu Leu Lys Met Phe Gly Asp Phe Gln Lys
450 455 460

Asp Thr Pro Ala Glu Arg Asn Val Arg Phe Gly Val Arg Glu His Gly
465 470 475 480

Met Gly Ala Ile Cys Asn Gly Ile Ala Leu His Ser Pro Gly Leu Ile
485 490 495

Pro Tyr Cys Ala Thr Phe Phe Val Phe Thr Asp Tyr Met Arg Gly Ala
500 505 510

Ile Arg Leu Ser Ala Leu Ser Glu Ala Gly Val Ile Tyr Val Met Thr
515 520 525

His Asp Ser Ile Gly Leu Gly Glu Asp Gly Pro Thr His Gln Pro Ile
530 535 540

Glu His Leu Ala Ser Phe Arg Ala Met Pro Asn Ile Leu Met Leu Arg

545 550 555 560

Pro Ala Asp Gly Asn Glu Thr Ala Gly Ala Tyr Lys Val Ala Val Leu

565 570 575

Asn Arg Lys Arg Pro Ser Ile Leu Ala Leu Ser Arg Gln Lys Leu Pro

580 585 590

Gln Leu Pro Gly Thr Ser Ile Glu Gly Val Glu Lys Gly Gly Tyr Thr

595 600 605

Ile Ser Asp Asn Ser Thr Gly Asn Lys Pro Asp Val Ile Leu Ile Gly

610 615 620

Thr Gly Ser Glu Leu Glu Ile Ala Ala Lys Ala Ala Asp Asp Leu Arg

625 630 635 640

Lys Glu Gly Lys Ala Val Arg Val Val Ser Leu Val Ser Trp Glu Leu

645 650 655

Phe Asp Glu Gln Ser Glu Ala Tyr Lys Glu Ser Val Phe Pro Ala Ala

660 665 670

Val Ser Ala Arg Val Ser Ile Glu Ala Gly Ser Thr Phe Gly Trp Glu

675 680 685

Lys Ile Val Gly Ala Lys Gly Lys Ala Ile Gly Ile Asp Arg Phe Gly

690 695 700

Ala Ser Ala Pro Ala Gly Arg Ile Tyr Lys Glu Phe Gly Ile Thr Lys

705 710 715 720

Glu Ala Val Val Ala Ala Ala Lys Glu Leu Ile

725 730

<210> 190

<211> 18

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 190

Ala Ile Gly Ile Asp Arg Phe Gly Ala Ser Ala Pro Ala Gly Arg Ile

1 5 10 15

Tyr Lys

<210> 191
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400>
 > 191

Ala Leu Pro Thr Tyr Thr Pro Glu Ser Pro Ala Asp Ala Thr Arg Asn
 1 5 10 15
 Leu Ser Gln Thr Asn Leu Asn Ala Leu Ala Lys
 20 25

<210> 192
 <211> 14
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 192

Ala Asn Ser Tyr Ser Val His Gly Ser Ala Leu Gly Ala Lys
 1 5 10
 <210> 193
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 193

Ala Thr Ala Asp Ala Ala Leu Val Glu Lys

1 5 10

<210> 194
 <211> 7
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 194

Asp Lys Pro Thr Leu Ile Lys

1 5

<210> 195
 <211> 30
 <212> PRT

<213> Glycine max

<400> 195

Gly Gly Tyr Thr Ile Ser Asp Asn Ser Thr Gly Asn Lys Pro Asp Val

1 5 10 15

Ile Leu Ile Gly Thr Gly Ser Glu Leu Glu Ile Ala Ala Lys

20 25 30

<210> 196

<211>

> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 196

Leu Pro Gln Leu Pro Gly Thr Ser Ile Glu Gly Val Glu Lys

1 5 10

<210> 197

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 197

Asn Gly Asn Asn Gly Tyr Asp Asp Ile Arg Ala Ala Ile Lys

1 5 10

<210> 198

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 198

Ser Val Asn Thr Ile Arg Phe Leu Ala Ile Asp Ala Val Glu Lys

1 5 10 15

<210> 199

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 199

Val Thr Thr Thr Ile Gly Tyr Gly Ser Pro Asn Lys

1 5 10

<210> 200

<211> 1797

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1797)

<400> 200

atg gaa gtt cct tcg gag gta cca tct act gac act ggc acc agc acc 48

Met Glu Val Pro Ser Glu Val Pro Ser Thr Asp Thr Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

ggc acc ggc gaa acc atg agc aag aat gcg ttg aag cgg gag ctg aag 96

Gly Thr Gly Glu Thr Met Ser Lys Asn Ala Leu Lys Arg Glu Leu Lys

 20 25 30

aac aaa cag aga gaa gaa gaa agg aag cgc aag gat gag gag aag gcc 144

Asn Lys Gln Arg Glu Glu Glu Arg Lys Arg Lys Asp Glu Glu Lys Ala

 35 40 45

aaa aag gca gct gaa gca caa cag gca aag gat aac aaa tct gca cca 192

Lys Lys Ala Ala Glu Ala Gln Gln Ala Lys Asp Asn Lys Ser Ala Pro

 50 55 60

gct gat gat gag gat atg gat cca act caa tac ctt gag aac agg cta 240

Ala Asp Asp Glu Asp Met Asp Pro Thr Gln Tyr Leu Glu Asn Arg Leu

65 70 75 80

aag tat ctt gca gtt caa aag aca gaa ggg aag aac ccg tat cct cat 288

Lys Tyr Leu Ala Val Gln Lys Thr Glu Gly Lys Asn Pro Tyr Pro His

 85 90 95

aaa ttc ttt gtc act atg tct att gat caa tac atc aag gaa tat gga 336

Lys Phe Phe Val Thr Met Ser Ile Asp Gln Tyr Ile Lys Glu Tyr Gly

 100 105 110

ggt tta agc aac ggg caa cac att gag gat gtc tct gtg tct ttg gct 384

Gly Leu Ser Asn Gly Gln His Ile Glu Asp Val Ser Val Ser Leu Ala

115	120	125	
ggc cgg atc atg cac aaa cgc acc tct ggt tct aag ctt gtc ttt tat			432
Gly Arg Ile Met His Lys Arg Thr Ser Gly Ser Lys Leu Val Phe Tyr			
130	135	140	
gac ctg cac ggt ggt ggt tgc aag gtc cag gtt atg gct gat gct agt			480
Asp Leu His Gly Gly Gly Cys Lys Val Gln Val Met Ala Asp Ala Ser			
145	150	155	160
aaa tca gac ttg gat gag gct gga ttt tcc aaa ttc cat tct aat gtg			528
Lys Ser Asp Leu Asp Glu Ala Gly Phe Ser Lys Phe His Ser Asn Val			
165	170	175	
aag cgc ggt gac ata gtt ggt gtc act ggg ttc cca ggc aaa agt aag			576
Lys Arg Gly Asp Ile Val Gly Val Thr Gly Phe Pro Gly Lys Ser Lys			
180	185	190	
aag ggc gaa ctt agt att ttt ccc aag aat ttt gtg tgc ctg tct cat			624
Lys Gly Glu Leu Ser Ile Phe Pro Lys Asn Phe Val Ser Leu Ser His			
195	200	205	
tgt ttg cac atg atg cca agg caa aag tct gct gct gct gct att gat			672
Cys Leu His Met Met Pro Arg Gln Lys Ser Ala Ala Ala Ala Ile Asp			
210	215	220	
aat aga aat cca tgg ata ccg gga agt act agg aat cct gaa aca tat			720
Asn Arg Asn Pro Trp Ile Pro Gly Ser Thr Arg Asn Pro Glu Thr Tyr			
225	230	235	240
att ttg aag gat cag gaa act aga tat cgg tta cgc cat ttg gat ttg			768
Ile Leu Lys Asp Gln Glu Thr Arg Tyr Arg Leu Arg His Leu Asp Leu			
245	250	255	
atg ctt aat cca gag gtt cga gac ata ttc aag acc agg tct aaa atc			816
Met Leu Asn Pro Glu Val Arg Asp Ile Phe Lys Thr Arg Ser Lys Ile			
260	265	270	
att tct tac att agg agg ttc ctt gat gac ctt gat ttc ttg gag gtt			864

Ile Ser Tyr Ile Arg Arg Phe Leu Asp Asp Leu Asp Phe Leu Glu Val	
275 280 285	
gaa aca cct atg atg aat atg att gct ggt gga gct gca gcc cgt cca	912
Glu Thr Pro Met Met Asn Met Ile Ala Gly Gly Ala Ala Ala Arg Pro	
290 295 300	
ttt gta aca cat cac aat gat ctt aac atg agg tta ttc atg agg att	960
Phe Val Thr His His Asn Asp Leu Asn Met Arg Leu Phe Met Arg Ile	
305 310 315 320	
gct cca gaa ctg tat ctt aag gag ttg gtt gtt ggt gga ctg gat cgt	1008
Ala Pro Glu Leu Tyr Leu Lys Glu Leu Val Val Gly Gly Leu Asp Arg	
325 330 335	
gtt tat gaa att ggt aaa caa ttt agg aat gag ggc ata gat ttg act	1056
Val Tyr Glu Ile Gly Lys Gln Phe Arg Asn Glu Gly Ile Asp Leu Thr	
340 345 350	
cat aat cct gag ttt act acc tgt gag ttc tat atg gct tat aag gac	1104
His Asn Pro Glu Phe Thr Thr Cys Glu Phe Tyr Met Ala Tyr Lys Asp	
355 360 365	
tac aat gac tta atg gat cta aca gag caa atg ttg agt ggt atg gtt	1152
Tyr Asn Asp Leu Met Asp Leu Thr Glu Gln Met Leu Ser Gly Met Val	
370 375 380	
aag gag ctt acg aaa ggc agc tat aaa atc aag tat cat gca gat ggg	1200
Lys Glu Leu Thr Lys Gly Ser Tyr Lys Ile Lys Tyr His Ala Asp Gly	
385 390 395 400	
att gat aag gaa cct att gaa att gac ttt act aca cct ttt aga agg	1248
Ile Asp Lys Glu Pro Ile Glu Ile Asp Phe Thr Thr Pro Phe Arg Arg	
405 410 415	
att gac atg att gaa gag tta gag aag atg gca ggt cta agt att ccc	1296
Ile Asp Met Ile Glu Glu Leu Glu Lys Met Ala Gly Leu Ser Ile Pro	
420 425 430	
aaa gac ttg tca agt gag gaa gcc aat caa tat ttg aag gat gca tgc	1344
Lys Asp Leu Ser Ser Glu Glu Ala Asn Gln Tyr Leu Lys Asp Ala Cys	

435	440	445	
gtg aag tat gag atc aaa tgt cct ccc cct gag aca act gct cgt ttg			1392
Val Lys Tyr Glu Ile Lys Cys Pro Pro Pro Glu Thr Thr Ala Arg Leu			
450	455	460	
ttg gat aaa ctt gtg ggt cac ttt ttg gaa gaa acg tgt gta aat cct			1440
Leu Asp Lys Leu Val Gly His Phe Leu Glu Glu Thr Cys Val Asn Pro			
465	470	475	480
aca ttc atc aaa aac cat cct gag atc atg agt cct cta gca aag tgg			1488
Thr Phe Ile Lys Asn His Pro Glu Ile Met Ser Pro Leu Ala Lys Trp			
485	490	495	
cac aga tca aaa cca ggc ctg act gaa cgt ttt gaa ttg ttt gtt aat			1536
His Arg Ser Lys Pro Gly Leu Thr Glu Arg Phe Glu Leu Phe Val Asn			
500	505	510	
aaa cgt gaa ctt tgc aat gca tat act gaa ttg aat gac cct gta gta			1584
Lys Arg Glu Leu Cys Asn Ala Tyr Thr Glu Leu Asn Asp Pro Val Val			
515	520	525	
caa cga cag aga ttt gct gaa caa ctc aag gat cgg caa tct ggc gat			1632
Gln Arg Gln Arg Phe Ala Glu Gln Leu Lys Asp Arg Gln Ser Gly Asp			
530	535	540	
gat gaa gca atg gcc tta gat gaa aca ttt tgt acg gct cta gaa tat			1680
Asp Glu Ala Met Ala Leu Asp Glu Thr Phe Cys Thr Ala Leu Glu Tyr			
545	550	555	560
ggg tta cca cct act ggt ggt tgg ggt ttg ggc att gat cgg ttg acc			1728
Gly Leu Pro Pro Thr Gly Gly Trp Gly Leu Gly Ile Asp Arg Leu Thr			
565	570	575	
atg tta ctg act gat tca cag aat att aag gag gtt ctt ctc ttc cct			1776
Met Leu Leu Thr Asp Ser Gln Asn Ile Lys Glu Val Leu Leu Phe Pro			
580	585	590	
gcc atg aaa cct caa gac tga			1797
Ala Met Lys Pro Gln Asp			
595			

<210> 201

<211> 598

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 201

Met Glu Val Pro Ser Glu Val Pro Ser Thr Asp Thr Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Gly Thr Gly Glu Thr Met Ser Lys Asn Ala Leu Lys Arg Glu Leu Lys

20 25 30

Asn Lys Gln Arg Glu Glu Glu Arg Lys Arg Lys Asp Glu Glu Lys Ala

35 40 45

Lys Lys Ala Ala Glu Ala Gln Gln Ala Lys Asp Asn Lys Ser Ala Pro

50 55 60

Ala Asp Asp Glu Asp Met Asp Pro Thr Gln Tyr Leu Glu Asn Arg Leu

65 70 75 80

Lys Tyr Leu Ala Val Gln Lys Thr Glu Gly Lys Asn Pro Tyr Pro His

85 90 95

Lys Phe Phe Val Thr Met Ser Ile Asp Gln Tyr Ile Lys Glu Tyr Gly

100 105 110

Gly Leu Ser Asn Gly Gln His Ile Glu Asp Val Ser Val Ser Leu Ala

115 120 125

Gly Arg Ile Met His Lys Arg Thr Ser Gly Ser Lys Leu Val Phe Tyr

130 135 140

Asp Leu His Gly Gly Gly Cys Lys Val Gln Val Met Ala Asp Ala Ser

145 150 155 160

Lys Ser Asp Leu Asp Glu Ala Gly Phe Ser Lys Phe His Ser Asn Val

165 170 175

Lys Arg Gly Asp Ile Val Gly Val Thr Gly Phe Pro Gly Lys Ser Lys

180 185 190

Lys Gly Glu Leu Ser Ile Phe Pro Lys Asn Phe Val Ser Leu Ser His

195 200 205

Cys Leu His Met Met Pro Arg Gln Lys Ser Ala Ala Ala Ala Ile Asp
 210 215 220
 Asn Arg Asn Pro Trp Ile Pro Gly Ser Thr Arg Asn Pro Glu Thr Tyr
 225 230 235 240
 Ile Leu Lys Asp Gln Glu Thr Arg Tyr Arg Leu Arg His Leu Asp Leu
 245 250 255

 Met Leu Asn Pro Glu Val Arg Asp Ile Phe Lys Thr Arg Ser Lys Ile
 260 265 270
 Ile Ser Tyr Ile Arg Arg Phe Leu Asp Asp Leu Asp Phe Leu Glu Val
 275 280 285
 Glu Thr Pro Met Met Asn Met Ile Ala Gly Gly Ala Ala Ala Arg Pro
 290 295 300
 Phe Val Thr His His Asn Asp Leu Asn Met Arg Leu Phe Met Arg Ile
 305 310 315 320

 Ala Pro Glu Leu Tyr Leu Lys Glu Leu Val Val Gly Gly Leu Asp Arg
 325 330 335
 Val Tyr Glu Ile Gly Lys Gln Phe Arg Asn Glu Gly Ile Asp Leu Thr
 340 345 350
 His Asn Pro Glu Phe Thr Thr Cys Glu Phe Tyr Met Ala Tyr Lys Asp
 355 360 365
 Tyr Asn Asp Leu Met Asp Leu Thr Glu Gln Met Leu Ser Gly Met Val
 370 375 380

 Lys Glu Leu Thr Lys Gly Ser Tyr Lys Ile Lys Tyr His Ala Asp Gly
 385 390 395 400
 Ile Asp Lys Glu Pro Ile Glu Ile Asp Phe Thr Thr Pro Phe Arg Arg
 405 410 415
 Ile Asp Met Ile Glu Glu Leu Glu Lys Met Ala Gly Leu Ser Ile Pro
 420 425 430
 Lys Asp Leu Ser Ser Glu Glu Ala Asn Gln Tyr Leu Lys Asp Ala Cys
 435 440 445

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

450 455 460
 Leu Asp Lys Leu Val Gly His Phe Leu Glu Glu Thr Cys Val Asn Pro
 465 470 475 480
 Thr Phe Ile Lys Asn His Pro Glu Ile Met Ser Pro Leu Ala Lys Trp
 485 490 495
 His Arg Ser Lys Pro Gly Leu Thr Glu Arg Phe Glu Leu Phe Val Asn
 500 505 510

Lys Arg Glu Leu Cys Asn Ala Tyr Thr Glu Leu Asn Asp Pro Val Val
 515 520 525
 Gln Arg Gln Arg Phe Ala Glu Gln Leu Lys Asp Arg Gln Ser Gly Asp
 530 535 540
 Asp Glu Ala Met Ala Leu Asp Glu Thr Phe Cys Thr Ala Leu Glu Tyr
 545 550 555 560
 Gly Leu Pro Pro Thr Gly Gly Trp Gly Leu Gly Ile Asp Arg Leu Thr
 565 570 575

Met Leu Leu Thr Asp Ser Gln Asn Ile Lys Glu Val Leu Leu Phe Pro
 580 585 590
 Ala Met Lys Pro Gln Asp
 595

<210> 202
 <211> 12
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 202

Asp Leu Ser Ser Glu Glu Ala Asn Gln Tyr Leu Lys
 1 5 10

<210> 203
 <211> 1728
 <212> DNA
 <213> Glycine max
 <220><221> CDS
 <222> (1)..(1728)
 <400> 203

atg tac cgc ttt gca acc tcc ctc gcc tcc aaa gct aga att gcc agg	48
Met Tyr Arg Phe Ala Thr Ser Leu Ala Ser Lys Ala Arg Ile Ala Arg	
1 5 10 15	
agc agc act caa cag att gga agt agg gtc act tgg aac agg aat tat	96
Ser Ser Thr Gln Gln Ile Gly Ser Arg Val Thr Trp Asn Arg Asn Tyr	
20 25 30	
gcg gcc aaa gac att aag ttt ggt gtg gag gct cgg gct ctg atg ctt	144
Ala Ala Lys Asp Ile Lys Phe Gly Val Glu Ala Arg Ala Leu Met Leu	
35 40 45	
aag ggt gtc gaa gag ctc gct gat gcc gtt aaa gta aca atg ggc cct	192
Lys Gly Val Glu Glu Leu Ala Asp Ala Val Lys Val Thr Met Gly Pro	
50 55 60	
aag ggg cgt aat gtg gtt att gag caa agt ttt gga gca cct aaa gtg	240
Lys Gly Arg Asn Val Val Ile Glu Gln Ser Phe Gly Ala Pro Lys Val	
65 70 75 80	
acg aaa gat gga gta acc gtt gct aag agc att gaa ttc aag gac aaa	288
Thr Lys Asp Gly Val Thr Val Ala Lys Ser Ile Glu Phe Lys Asp Lys	
85 90 95	
gtc aag aat atc ggt gcc agt ctt gta aag cag gtt gct aat gct act	336
Val Lys Asn Ile Gly Ala Ser Leu Val Lys Gln Val Ala Asn Ala Thr	
100 105 110	
aat gac gtg gct ggt gat gga acc act tgt gct aca att ctt act aaa	384
Asn Asp Val Ala Gly Asp Gly Thr Thr Cys Ala Thr Ile Leu Thr Lys	
115 120 125	
gca ata ttt acg gaa gga tgt aaa tca gtt gca gct gga atg aat gcg	432
Ala Ile Phe Thr Glu Gly Cys Lys Ser Val Ala Ala Gly Met Asn Ala	
130 135 140	
atg gac ctg aga cga ggt ata aat atg gct gtt gat gct gtg gtg aca	480
Met Asp Leu Arg Arg Gly Ile Asn Met Ala Val Asp Ala Val Val Thr	

145	150	155	160	
aat ctg aaa agc aga gca cgt atg att agc act tct gaa gaa att gcc				528
Asn Leu Lys Ser Arg Ala Arg Met Ile Ser Thr Ser Glu Glu Ile Ala				
	165	170	175	
cag gtt gga aca ata tct gcc aat ggg gag agg gaa att ggt gag tta				576
Gln Val Gly Thr Ile Ser Ala Asn Gly Glu Arg Glu Ile Gly Glu Leu				
	180	185	190	
att gca aaa gct atg gag aaa gtt ggc aaa gag ggt gtc atc aca atc				624
Ile Ala Lys Ala Met Glu Lys Val Gly Lys Glu Gly Val Ile Thr Ile				
	195	200	205	
tca gat ggc aag aca ttg tac aat gag ttg gaa gtc gtt gaa gga atg				672
Ser Asp Gly Lys Thr Leu Tyr Asn Glu Leu Glu Val Val Glu Gly Met				
	210	215	220	
aag ctc gac agg gga tac att tct cca tat ttc ata aca aac cag aag				720
Lys Leu Asp Arg Gly Tyr Ile Ser Pro Tyr Phe Ile Thr Asn Gln Lys				
	225	230	235	240
aac cag aaa tgt gaa ctt gag gat cct ctc att ata atc cat gaa aag				768
Asn Gln Lys Cys Glu Leu Glu Asp Pro Leu Ile Ile Ile His Glu Lys				
	245	250	255	
aaa atc tca agc ata aat gct atc gtt aaa gta tta gag tta gct ttg				816
Lys Ile Ser Ser Ile Asn Ala Ile Val Lys Val Leu Glu Leu Ala Leu				
	260	265	270	
aag aga caa aga tct tta ttg att gtc gcc gag gat gtg gaa agt gat				864
Lys Arg Gln Arg Ser Leu Leu Ile Val Ala Glu Asp Val Glu Ser Asp				
	275	280	285	
gcc ctt gca act ctt att cta aat aaa ctt cgt gct gga atc aag gta				912
Ala Leu Ala Thr Leu Ile Leu Asn Lys Leu Arg Ala Gly Ile Lys Val				
	290	295	300	
tgt gcc atc aaa gct cct ggt ttt ggt gaa aac cgt aaa tct ggt ctc				960
Cys Ala Ile Lys Ala Pro Gly Phe Gly Glu Asn Arg Lys Ser Gly Leu				
	305	310	315	320

cag gat ctt gct gtt ctt aca gga ggt caa ctt atc acc gaa gag ctt	1008
Gln Asp Leu Ala Val Leu Thr Gly Gly Gln Leu Ile Thr Glu Glu Leu	
325 330 335	
ggt ttg aat ctt gaa aaa gta gac ctg gac tta ttt ggc tct tgc aag	1056
Gly Leu Asn Leu Glu Lys Val Asp Leu Asp Leu Phe Gly Ser Cys Lys	
340 345 350	
aag ata aca att tct aaa gat gac act gtc atc ctt gat gga gct ggt	1104
Lys Ile Thr Ile Ser Lys Asp Asp Thr Val Ile Leu Asp Gly Ala Gly	
355 360 365	
gat aag aaa gca att gag gaa aga tgt gag cag att aga tca gca att	1152
Asp Lys Lys Ala Ile Glu Glu Arg Cys Glu Gln Ile Arg Ser Ala Ile	
370 375 380	
gaa aat agc act tca gat tat gac aag gaa aag tta cag gaa aga tta	1200
Glu Asn Ser Thr Ser Asp Tyr Asp Lys Glu Lys Leu Gln Glu Arg Leu	
385 390 395 400	
gcc aag ctt tct ggg ggt gtt gca gta ctg aag att gga gga gcc agt	1248
Ala Lys Leu Ser Gly Gly Val Ala Val Leu Lys Ile Gly Gly Ala Ser	
405 410 415	
gag gct gaa gtt ggt gag aag aag gat aga gtg aca gat gcc tta aat	1296
Glu Ala Glu Val Gly Glu Lys Lys Asp Arg Val Thr Asp Ala Leu Asn	
420 425 430	
gca acc aag gca gct gta gag gag ggc ata gta cct ggt ggt ggt gtt	1344
Ala Thr Lys Ala Ala Val Glu Glu Gly Ile Val Pro Gly Gly Gly Val	
435 440 445	
gct ctt ctt tat gca tcg agt gag ttg gat aag ctt caa act gcc aac	1392
Ala Leu Leu Tyr Ala Ser Ser Glu Leu Asp Lys Leu Gln Thr Ala Asn	
450 455 460	
ttt gat caa aag ata ggt gtc cag atc atc caa aat gct ttg aag act	1440
Phe Asp Gln Lys Ile Gly Val Gln Ile Ile Gln Asn Ala Leu Lys Thr	
465 470 475 480	
cct gtg cac aca att gct tca aat gca gga gtt gag ggt gct gtt gtt	1488

Pro Val His Thr Ile Ala Ser Asn Ala Gly Val Glu Gly Ala Val Val

485 490 495
gtt ggc aaa cta ttg gaa cag aat gat cct gat ctt gga tat gat gca 1536

Val Gly Lys Leu Leu Glu Gln Asn Asp Pro Asp Leu Gly Tyr Asp Ala

500 505 510
gcc aaa ggt gaa tat gtt gat atg gtt aaa act gga att att gat cca 1584

Ala Lys Gly Glu Tyr Val Asp Met Val Lys Thr Gly Ile Ile Asp Pro

515 520 525
ttg aag gtt att agg acc gcc ttg gtt gat gca gcc agt gtg tca tct 1632

Leu Lys Val Ile Arg Thr Ala Leu Val Asp Ala Ala Ser Val Ser Ser

530 535 540
ttg atg aca aca act gaa gct gtt gtg tct gaa ctc ccg aag gac gat 1680

Leu Met Thr Thr Thr Glu Ala Val Val Ser Glu Leu Pro Lys Asp Asp

545 550 555 560
aaa gat gtt cct gcc atg ggt ggt ggc atg ggt ggc atg gat tat taa 1728

Lys Asp Val Pro Ala Met Gly Gly Gly Met Gly Gly Met Asp Tyr

565 570 575
<210> 204
<211> 575
<212> PRT
<213> Glycine max
<400> 204

Met Tyr Arg Phe Ala Thr Ser Leu Ala Ser Lys Ala Arg Ile Ala Arg

1 5 10 15
Ser Ser Thr Gln Gln Ile Gly Ser Arg Val Thr Trp Asn Arg Asn Tyr

20 25 30
Ala Ala Lys Asp Ile Lys Phe Gly Val Glu Ala Arg Ala Leu Met Leu

35 40 45
Lys Gly Val Glu Glu Leu Ala Asp Ala Val Lys Val Thr Met Gly Pro

50 55 60
Lys Gly Arg Asn Val Val Ile Glu Gln Ser Phe Gly Ala Pro Lys Val

65 70 75 80
 Thr Lys Asp Gly Val Thr Val Ala Lys Ser Ile Glu Phe Lys Asp Lys
 85 90 95
 Val Lys Asn Ile Gly Ala Ser Leu Val Lys Gln Val Ala Asn Ala Thr

 100 105 110
 Asn Asp Val Ala Gly Asp Gly Thr Thr Cys Ala Thr Ile Leu Thr Lys
 115 120 125
 Ala Ile Phe Thr Glu Gly Cys Lys Ser Val Ala Ala Gly Met Asn Ala
 130 135 140
 Met Asp Leu Arg Arg Gly Ile Asn Met Ala Val Asp Ala Val Val Thr
 145 150 155 160
 Asn Leu Lys Ser Arg Ala Arg Met Ile Ser Thr Ser Glu Glu Ile Ala

 165 170 175
 Gln Val Gly Thr Ile Ser Ala Asn Gly Glu Arg Glu Ile Gly Glu Leu
 180 185 190
 Ile Ala Lys Ala Met Glu Lys Val Gly Lys Glu Gly Val Ile Thr Ile
 195 200 205
 Ser Asp Gly Lys Thr Leu Tyr Asn Glu Leu Glu Val Val Glu Gly Met
 210 215 220
 Lys Leu Asp Arg Gly Tyr Ile Ser Pro Tyr Phe Ile Thr Asn Gln Lys

 225 230 235 240
 Asn Gln Lys Cys Glu Leu Glu Asp Pro Leu Ile Ile Ile His Glu Lys
 245 250 255
 Lys Ile Ser Ser Ile Asn Ala Ile Val Lys Val Leu Glu Leu Ala Leu
 260 265 270
 Lys Arg Gln Arg Ser Leu Leu Ile Val Ala Glu Asp Val Glu Ser Asp
 275 280 285
 Ala Leu Ala Thr Leu Ile Leu Asn Lys Leu Arg Ala Gly Ile Lys Val

 290 295 300
 Cys Ala Ile Lys Ala Pro Gly Phe Gly Glu Asn Arg Lys Ser Gly Leu
 305 310 315 320

Gln Asp Leu Ala Val Leu Thr Gly Gly Gln Leu Ile Thr Glu Glu Leu
325 330 335
Gly Leu Asn Leu Glu Lys Val Asp Leu Asp Leu Phe Gly Ser Cys Lys
340 345 350
Lys Ile Thr Ile Ser Lys Asp Asp Thr Val Ile Leu Asp Gly Ala Gly
355 360 365
Asp Lys Lys Ala Ile Glu Glu Arg Cys Glu Gln Ile Arg Ser Ala Ile
370 375 380
Glu Asn Ser Thr Ser Asp Tyr Asp Lys Glu Lys Leu Gln Glu Arg Leu
385 390 395 400
Ala Lys Leu Ser Gly Gly Val Ala Val Leu Lys Ile Gly Gly Ala Ser
405 410 415
Glu Ala Glu Val Gly Glu Lys Lys Asp Arg Val Thr Asp Ala Leu Asn
420 425 430
Ala Thr Lys Ala Ala Val Glu Glu Gly Ile Val Pro Gly Gly Gly Val
435 440 445
Ala Leu Leu Tyr Ala Ser Ser Glu Leu Asp Lys Leu Gln Thr Ala Asn
450 455 460
Phe Asp Gln Lys Ile Gly Val Gln Ile Ile Gln Asn Ala Leu Lys Thr
465 470 475 480
Pro Val His Thr Ile Ala Ser Asn Ala Gly Val Glu Gly Ala Val Val
485 490 495
Val Gly Lys Leu Leu Glu Gln Asn Asp Pro Asp Leu Gly Tyr Asp Ala
500 505 510
Ala Lys Gly Glu Tyr Val Asp Met Val Lys Thr Gly Ile Ile Asp Pro
515 520 525
Leu Lys Val Ile Arg Thr Ala Leu Val Asp Ala Ala Ser Val Ser Ser
530 535 540
Leu Met Thr Thr Thr Glu Ala Val Val Ser Glu Leu Pro Lys Asp Asp
545 550 555 560
Lys Asp Val Pro Ala Met Gly Gly Gly Met Gly Gly Met Asp Tyr

	565	570	575
<210>	205		
<211>	24		
<212>	PRT		
<213>	Glycine max		
<400>	205		
	Ala Ala Val Glu Glu Gly Ile Val Pro Gly Gly Gly Val Ala Leu Leu		
	1 5 10 15		
	Tyr Ala Ser Ser Glu Leu Asp Lys		
	20		
<210>	206		
<211>	11		
<212>	PRT		
<213>	Glycine max		
<400>	206		
	Asp Arg Val Thr Asp Ala Leu Asn Ala Thr Lys		
	1 5 10		
<210>	207		
<211>	10		
<212>	PRT		
<213>	Glycine max		
<400>	207		
	Glu Gly Val Ile Thr Ile Ser Asp Gly Lys		
	1 5 10		
<210>	208		
<211>	14		
<212>	PRT		
<213>	Glycine max		
<400>	208		
	Gly Arg Asn Val Val Ile Glu Gln Ser Phe Gly Ala Pro Lys		
	1 5 10		
<210>	209		
<211>	10		
<212>	PRT		

<213> Glycine max

<400

> 209

Gly Val Glu Glu Leu Ala Asp Ala Val Lys

1 5 10

<210> 210

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 210

Ile Gly Gly Ala Ser Glu Ala Glu Val Gly Glu Lys

1 5 10

<210> 211

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 211

Ile Gly Val Gln Ile Ile Gln Asn Ala Leu Lys

1 5 10

<210> 212

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 212

Ile Ser Ser Ile Asn Ala Ile Val Lys

1 5

<210> 213

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 213

Leu Leu Glu Gln Asn Asp Pro Asp Leu Gly Tyr Asp Ala Ala Lys

1 5 10 15

<210> 214

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 214

Leu Gln Thr Ala Asn Phe Asp Gln Lys

1 5

<210> 215

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 215

Leu Ser Gly Gly Val Ala Val Leu Lys

1 5

<210> 216

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 216

Asn Ile Gly Ala Ser Leu Val Lys

1 5

<210> 217

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 217

Thr Gly Ile Ile Asp Pro Leu Lys

1 5

<210> 218

<211> 20

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 218

Thr Pro Val His Thr Ile Ala Ser Asn Ala Gly Val Glu Gly Ala Val

1 5 10 15

Val Val Gly Lys

20

<210> 219

<211> 1725

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1725)

<400> 219

atg tat cgc ttt gct tct aac ctc gct tcc aaa gca agg att gct agg 48

Met Tyr Arg Phe Ala Ser Asn Leu Ala Ser Lys Ala Arg Ile Ala Arg

1 5 10 15

agt agc agc cac cag att gga agt agg ctg agt tcg agc aga aac tat 96

Ser Ser Ser His Gln Ile Gly Ser Arg Leu Ser Ser Ser Arg Asn Tyr

20 25 30

gcg gct aaa gac att aga ttt ggt gtg gag gct cgg gca ctg atg ctt 144

Ala Ala Lys Asp Ile Arg Phe Gly Val Glu Ala Arg Ala Leu Met Leu

35 40 45

aag ggt gtt gaa gag cta gct gat gct gtc aaa gta acc atg ggt ccc 192

Lys Gly Val Glu Glu Leu Ala Asp Ala Val Lys Val Thr Met Gly Pro

50 55 60

aag ggg cgt aat gtt gtg att gag caa agt ttt ggt gcc cct aaa gta 240

Lys Gly Arg Asn Val Val Ile Glu Gln Ser Phe Gly Ala Pro Lys Val

65 70 75 80

acc aaa gat gga gta act gtt gca aag agc att gaa ttc aag gat aaa 288

Thr Lys Asp Gly Val Thr Val Ala Lys Ser Ile Glu Phe Lys Asp Lys

85 90 95

gtt aag aat gtt ggt gcc agt ctt gta aag cag gtt gca aat gct act 336

Val Lys Asn Val Gly Ala Ser Leu Val Lys Gln Val Ala Asn Ala Thr

100 105 110

aat gat gtg gct ggt gat gga acc acg tgc gct aca gtc ctt aca cga 384

Asn Asp Val Ala Gly Asp Gly Thr Thr Cys Ala Thr Val Leu Thr Arg
115 120 125
gca ata ttt act gaa ggc tgc aaa tca gtt gcg gct gga atg aat gca 432
Ala Ile Phe Thr Glu Gly Cys Lys Ser Val Ala Ala Gly Met Asn Ala
130 135 140
atg gac ctg agg cgt ggt ata agt atg gct gtc gat gct gtg gtg aca 480
Met Asp Leu Arg Arg Gly Ile Ser Met Ala Val Asp Ala Val Val Thr
145 150 155 160
aac ttg aaa agc aga gca agg atg att agc aca tct gaa gaa ata gca 528
Asn Leu Lys Ser Arg Ala Arg Met Ile Ser Thr Ser Glu Glu Ile Ala
165 170 175
cag gta ggg aca ata tct gct aac gga gag aga gaa att ggt gag ttg 576
Gln Val Gly Thr Ile Ser Ala Asn Gly Glu Arg Glu Ile Gly Glu Leu
180 185 190
att gca aaa gct atg gag aaa gtt ggc aaa gag gga gta atc aca att 624
Ile Ala Lys Ala Met Glu Lys Val Gly Lys Glu Gly Val Ile Thr Ile
195 200 205
tca gat ggc aaa acc tta tat aat gag ttg gaa gtt gtt gaa gga atg 672
Ser Asp Gly Lys Thr Leu Tyr Asn Glu Leu Glu Val Val Glu Gly Met
210 215 220
aag ctc gac agg ggc tac ata tct cct tat ttc att aca aat gat aag 720
Lys Leu Asp Arg Gly Tyr Ile Ser Pro Tyr Phe Ile Thr Asn Asp Lys
225 230 235 240
aac cag aaa tgt gaa ctt gaa gat ccc ctc att cta att cat gag aag 768
Asn Gln Lys Cys Glu Leu Glu Asp Pro Leu Ile Leu Ile His Glu Lys
245 250 255
aaa atc tcg agt ata aat gct ata gtt aaa gtc tta gag ttg gct ttg 816
Lys Ile Ser Ser Ile Asn Ala Ile Val Lys Val Leu Glu Leu Ala Leu
260 265 270
aag aga caa aga tct tta ttg att att gcc gag gat gtg gaa agt gat 864
Lys Arg Gln Arg Ser Leu Leu Ile Ile Ala Glu Asp Val Glu Ser Asp

275	280	285	
gca ctt gca act ctt att cta aat aag ctt cgg gct gga att aag gta			912
Ala Leu Ala Thr Leu Ile Leu Asn Lys Leu Arg Ala Gly Ile Lys Val			
290	295	300	
tgt gct att aaa gcc cct ggt ttt ggc gaa aat agg aaa gcc aat ctt			960
Cys Ala Ile Lys Ala Pro Gly Phe Gly Glu Asn Arg Lys Ala Asn Leu			
305	310	315	320
caa gat ctt gca gtt ctc aca gga gga gca ctt att act gaa gag ctt			1008
Gln Asp Leu Ala Val Leu Thr Gly Gly Ala Leu Ile Thr Glu Glu Leu			
325	330	335	
ggc ttg aag ctt gaa aaa gtg gat ttg gat atg ctt ggc acc tgt aaa			1056
Gly Leu Lys Leu Glu Lys Val Asp Leu Asp Met Leu Gly Thr Cys Lys			
340	345	350	
aaa ata aca gtt tct aag gat gac act gtc att ctt gac gga gca ggt			1104
Lys Ile Thr Val Ser Lys Asp Asp Thr Val Ile Leu Asp Gly Ala Gly			
355	360	365	
gac aag aaa gca ctt gag gaa aga tgc gag cag att agg tct gca att			
			1152
Asp Lys Lys Ala Leu Glu Glu Arg Cys Glu Gln Ile Arg Ser Ala Ile			
370	375	380	
gaa aac agc acc tca gat tat gac aag gaa aag tta cag gaa aga tta			1200
Glu Asn Ser Thr Ser Asp Tyr Asp Lys Glu Lys Leu Gln Glu Arg Leu			
385	390	395	400
gcc aag ctt tct ggt ggt gtt gcc gtg ctt aag att gga gga gcc agt			1248
Ala Lys Leu Ser Gly Gly Val Ala Val Leu Lys Ile Gly Gly Ala Ser			
405	410	415	
gaa gct gaa gtt ggt gag aag aag gat aga gtg aca gat gcc tta aat			1296
Glu Ala Glu Val Gly Glu Lys Lys Asp Arg Val Thr Asp Ala Leu Asn			
420	425	430	
gca act aag gct gct gta gag gaa ggc att gta tca ggt ggt ggt gtt			1344

Ala Thr Lys Ala Ala Val Glu Glu Gly Ile Val Ser Gly Gly Gly Val

435 440 445
gct ctt cta tat gcg tca aaa gag ttg gat aaa ctt caa act gct aac 1392

Ala Leu Leu Tyr Ala Ser Lys Glu Leu Asp Lys Leu Gln Thr Ala Asn

450 455 460
ttt gat cag aag att ggt gtc cag att atc caa aat gct tta aag aca 1440

Phe Asp Gln Lys Ile Gly Val Gln Ile Ile Gln Asn Ala Leu Lys Thr

465 470 475 480

cct gtg ctc aca att gca tca aat gcg ggt gtt gag ggt gca gtt gtt 1488

Pro Val Leu Thr Ile Ala Ser Asn Ala Gly Val Glu Gly Ala Val Val

485 490 495
gtt ggc aaa cta ttg gaa cag gag aat cat gat cta gga tat gat gca 1536

Val Gly Lys Leu Leu Glu Gln Glu Asn His Asp Leu Gly Tyr Asp Ala

500 505 510
gcc aaa ggt gaa tat gtt gat atg gtt aaa gct gga atc ata gac cct 1584

Ala Lys Gly Glu Tyr Val Asp Met Val Lys Ala Gly Ile Ile Asp Pro

515 520 525
ttg aag gtg att agg aca gcc ttg gtt gat gca gcc agt gta tca tct 1632

Leu Lys Val Ile Arg Thr Ala Leu Val Asp Ala Ala Ser Val Ser Ser

530 535 540
ttg atg aca aca act gaa gct gtt gtg tct gaa ctt cca aac gat gat 1680

Leu Met Thr Thr Thr Glu Ala Val Val Ser Glu Leu Pro Asn Asp Asp

545 550 555 560
aaa gat act cca gct atg gct ggt ggc atg ggt ggc atg ggt tat 1725

Lys Asp Thr Pro Ala Met Ala Gly Gly Met Gly Gly Met Gly Tyr

565 570 575

<210> 220

<211> 575

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 220

Met Tyr Arg Phe Ala Ser Asn Leu Ala Ser Lys Ala Arg Ile Ala Arg
1 5 10 15

Ser Ser Ser His Gln Ile Gly Ser Arg Leu Ser Ser Ser Arg Asn Tyr
20 25 30

Ala Ala Lys Asp Ile Arg Phe Gly Val Glu Ala Arg Ala Leu Met Leu
35 40 45

Lys Gly Val Glu Glu Leu Ala Asp Ala Val Lys Val Thr Met Gly Pro
50 55 60

Lys Gly Arg Asn Val Val Ile Glu Gln Ser Phe Gly Ala Pro Lys Val
65 70 75 80

Thr Lys Asp Gly Val Thr Val Ala Lys Ser Ile Glu Phe Lys Asp Lys
85 90 95

Val Lys Asn Val Gly Ala Ser Leu Val Lys Gln Val Ala Asn Ala Thr
100 105 110

Asn Asp Val Ala Gly Asp Gly Thr Thr Cys Ala Thr Val Leu Thr Arg
115 120 125

Ala Ile Phe Thr Glu Gly Cys Lys Ser Val Ala Ala Gly Met Asn Ala
130 135 140

Met Asp Leu Arg Arg Gly Ile Ser Met Ala Val Asp Ala Val Val Thr
145 150 155 160

Asn Leu Lys Ser Arg Ala Arg Met Ile Ser Thr Ser Glu Glu Ile Ala
165 170 175

Gln Val Gly Thr Ile Ser Ala Asn Gly Glu Arg Glu Ile Gly Glu Leu
180 185 190

Ile Ala Lys Ala Met Glu Lys Val Gly Lys Glu Gly Val Ile Thr Ile
195 200 205

Ser Asp Gly Lys Thr Leu Tyr Asn Glu Leu Glu Val Val Glu Gly Met
210 215 220

Lys Leu Asp Arg Gly Tyr Ile Ser Pro Tyr Phe Ile Thr Asn Asp Lys
225 230 235 240

Asn Gln Lys Cys Glu Leu Glu Asp Pro Leu Ile Leu Ile His Glu Lys

245 250 255
Lys Ile Ser Ser Ile Asn Ala Ile Val Lys Val Leu Glu Leu Ala Leu
260 265 270

Lys Arg Gln Arg Ser Leu Leu Ile Ile Ala Glu Asp Val Glu Ser Asp
275 280 285

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

Cys Ala Ile Lys Ala Pro Gly Phe Gly Glu Asn Arg Lys Ala Asn Leu
305 310 315 320

Gln Asp Leu Ala Val Leu Thr Gly Gly Ala Leu Ile Thr Glu Glu Leu
325 330 335

Gly Leu Lys Leu Glu Lys Val Asp Leu Asp Met Leu Gly Thr Cys Lys
340 345 350

Lys Ile Thr Val Ser Lys Asp Asp Thr Val Ile Leu Asp Gly Ala Gly
355 360 365

Asp Lys Lys Ala Leu Glu Glu Arg Cys Glu Gln Ile Arg Ser Ala Ile
370 375 380

Glu Asn Ser Thr Ser Asp Tyr Asp Lys Glu Lys Leu Gln Glu Arg Leu
385 390 395 400

Ala Lys Leu Ser Gly Gly Val Ala Val Leu Lys Ile Gly Gly Ala Ser
405 410 415

Glu Ala Glu Val Gly Glu Lys Lys Asp Arg Val Thr Asp Ala Leu Asn
420 425 430

Ala Thr Lys Ala Ala Val Glu Glu Gly Ile Val Ser Gly Gly Gly Val
435 440 445

Ala Leu Leu Tyr Ala Ser Lys Glu Leu Asp Lys Leu Gln Thr Ala Asn
450 455 460

Phe Asp Gln Lys Ile Gly Val Gln Ile Ile Gln Asn Ala Leu Lys Thr
465 470 475 480

Pro Val Leu Thr Ile Ala Ser Asn Ala Gly Val Glu Gly Ala Val Val
485 490 495

Val Gly Lys Leu Leu Glu Gln Glu Asn His Asp Leu Gly Tyr Asp Ala
 500 505 510
 Ala Lys Gly Glu Tyr Val Asp Met Val Lys Ala Gly Ile Ile Asp Pro
 515 520 525

Leu Lys Val Ile Arg Thr Ala Leu Val Asp Ala Ala Ser Val Ser Ser
 530 535 540
 Leu Met Thr Thr Thr Glu Ala Val Val Ser Glu Leu Pro Asn Asp Asp
 545 550 555 560
 Lys Asp Thr Pro Ala Met Ala Gly Gly Met Gly Gly Met Gly Tyr
 565 570 575

<210> 221
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 221

Ala Gly Ile Ile Asp Pro Leu Lys
 1 5

<210> 222
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 222

Asp Arg Val Thr Asp Ala Leu Asn Ala Thr Lys
 1 5 10

<210> 223
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 223

Glu Gly Val Ile Thr Ile Ser Asp Gly Lys
 1 5 10

<210> 224
 <211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 224

Gly Arg Asn Val Val Ile Glu Gln Ser Phe Gly Ala Pro Lys

1 5 10

<210

> 225

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 225

Gly Val Glu Glu Leu Ala Asp Ala Val Lys

1 5 10

<210> 226

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 226

Ile Gly Gly Ala Ser Glu Ala Glu Val Gly Glu Lys

1 5 10

<210> 227

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 227

Ile Gly Val Gln Ile Ile Gln Asn Ala Leu Lys

1 5 10

<210> 228

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 228

Ile Ser Ser Ile Asn Ala Ile Val Lys

1 5

<210> 229

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 229

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

1 5 10 15

<210> 230

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 230

Leu Gln Thr Ala Asn Phe Asp Gln Lys

1 5

<210> 231

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 231

Leu Ser Gly Gly Val Ala Val Leu Lys

1 5

<210> 232

<211> 1869

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1869)

<400> 232

atg gct caa gtt ctt gag aac ccc acc att gac gcg gcg gct tcc ggc 48

Met Ala Gln Val Leu Glu Asn Pro Thr Ile Asp Ala Ala Ala Ser Gly

1 5 10 15

gcg aac ccc tcg ctg acg acc atc tcg ttg tac gtc ggg gat ctt cac 96

Ala Asn Pro Ser Leu Thr Thr Ile Ser Leu Tyr Val Gly Asp Leu His

20	25	30	
cac gac gtc aac gat ccg cag ctg tat gat ctc ttc aac cag gtt gcc			144
His Asp Val Asn Asp Pro Gln Leu Tyr Asp Leu Phe Asn Gln Val Ala			
35	40	45	
caa gtc gtt tcc gtt cga att tgc agg gac gtg gcc acc caa caa tcc			192
Gln Val Val Ser Val Arg Ile Cys Arg Asp Val Ala Thr Gln Gln Ser			
50	55	60	
ctt ggt tac ggc tac gtc aat ttc agc aac gct cac gat gcc gca aaa			240
Leu Gly Tyr Gly Tyr Val Asn Phe Ser Asn Ala His Asp Ala Ala Lys			
65	70	75	80
gca att gat gtg ctg aat ttc act cca ctg aac ggc aaa atc att agg			288
Ala Ile Asp Val Leu Asn Phe Thr Pro Leu Asn Gly Lys Ile Ile Arg			
85	90	95	
ata atg tac tct att cgg gac cct agt gct cgg aag agt ggt gca gct			336
Ile Met Tyr Ser Ile Arg Asp Pro Ser Ala Arg Lys Ser Gly Ala Ala			
100	105	110	
aat gtt ttc ata aag aat ttg gac aag gcg att gat cac aag gct ttg			384
Asn Val Phe Ile Lys Asn Leu Asp Lys Ala Ile Asp His Lys Ala Leu			
115	120	125	
tac gat aca ttt tcg gct ttt ggg aat att cta tct tgc aag gtt gcg			432
Tyr Asp Thr Phe Ser Ala Phe Gly Asn Ile Leu Ser Cys Lys Val Ala			
130	135	140	
aca gat gct tct ggc cag tct aaa ggc cat ggt ttt gtg cag ttt gag			480
Thr Asp Ala Ser Gly Gln Ser Lys Gly His Gly Phe Val Gln Phe Glu			
145	150	155	160
agt gaa gaa tct gca caa aat gca att gac aag tta aac ggc atg ctg			528
Ser Glu Glu Ser Ala Gln Asn Ala Ile Asp Lys Leu Asn Gly Met Leu			
165	170	175	
atc aat gat aag cag gtc ttt gtg ggt cct ttc ctg cgg aag cag gat			576
Ile Asn Asp Lys Gln Val Phe Val Gly Pro Phe Leu Arg Lys Gln Asp			
180	185	190	

aga gag agt gct ctc agt ggc aca aag ttt aat aac gtt ttc gtg aaa	624
Arg Glu Ser Ala Leu Ser Gly Thr Lys Phe Asn Asn Val Phe Val Lys	
195 200 205	
aac ctg ttg gat tca atg act gag gct gac ttg gag aga att ttt gga	672
Asn Leu Leu Asp Ser Met Thr Glu Ala Asp Leu Glu Arg Ile Phe Gly	
210 215 220	
gaa tat gga gct att act agc gct gta gtg atg aga gat gta gat ggt	720
Glu Tyr Gly Ala Ile Thr Ser Ala Val Val Met Arg Asp Val Asp Gly	
225 230 235 240	
aaa tca aaa ggt ttt ggt ttt gtc aat ttt gca aat gta gac gat gct	768
Lys Ser Lys Gly Phe Gly Phe Val Asn Phe Ala Asn Val Asp Asp Ala	
245 250 255	
gct aaa gct gtg gag gct ctt aat gga aag aat ttt gat ggt aag gag	816
Ala Lys Ala Val Glu Ala Leu Asn Gly Lys Asn Phe Asp Gly Lys Glu	
260 265 270	
tgg tat gtt gga aaa gcc cag aaa aag tct gaa agg gag ctt gaa ctg	864
Trp Tyr Val Gly Lys Ala Gln Lys Lys Ser Glu Arg Glu Leu Glu Leu	
275 280 285	
aaa ggg caa cat gaa cag att aca aag gag act gtt gat aaa tat cat	912
Lys Gly Gln His Glu Gln Ile Thr Lys Glu Thr Val Asp Lys Tyr His	
290 295 300	
ggt aca aac ttg tat atc aag aac ttg gat gat agt gtt ggt gat gaa	960
Gly Thr Asn Leu Tyr Ile Lys Asn Leu Asp Asp Ser Val Gly Asp Glu	
305 310 315 320	
gaa ctc atg gaa ctg ttc tct gag ttt ggt acg ata acc tca tgc aag	1008
Glu Leu Met Glu Leu Phe Ser Glu Phe Gly Thr Ile Thr Ser Cys Lys	
325 330 335	
gtt atg cga gat cca aat gga att agt aga gga tct gga ttt gtt tca	1056
Val Met Arg Asp Pro Asn Gly Ile Ser Arg Gly Ser Gly Phe Val Ser	
340 345 350	
ttt tca att gct gag gga gca act cgg gct ctt ggt gag atg aat ggt	1104

Phe Ser Ile Ala Glu Gly Ala Thr Arg Ala Leu Gly Glu Met Asn Gly

355	360	365	
aaa atg gtt gct ggc aaa cct ctc tat gtt gcc ctt gca cag aga aaa			1152
Lys Met Val Ala Gly Lys Pro Leu Tyr Val Ala Leu Ala Gln Arg Lys			
370	375	380	
gaa gat aga aga gca agg tta cag gca caa ttt tca caa tcg agg cct			1200
Glu Asp Arg Arg Ala Arg Leu Gln Ala Gln Phe Ser Gln Ser Arg Pro			
385	390	395	400
gct gca ata acc cct aat gtt tca cct cga atg cct cta tac cct cta			1248
Ala Ala Ile Thr Pro Asn Val Ser Pro Arg Met Pro Leu Tyr Pro Leu			
405	410	415	
ggg gct cct gcg ata gga caa caa ttt ttg tat ggg caa gca gct cca			1296
Gly Ala Pro Ala Ile Gly Gln Gln Phe Leu Tyr Gly Gln Ala Ala Pro			
420	425	430	
gcc acg ata cct caa cat ttt gtt cct gga atg agg cca ggt ggt gct			1344
Ala Thr Ile Pro Gln His Phe Val Pro Gly Met Arg Pro Gly Gly Ala			
435	440	445	
cca aac ttc tat gtt cca ctg gtt cag cag ggt caa cag gga cag cgc			1392
Pro Asn Phe Tyr Val Pro Leu Val Gln Gln Gly Gln Gln Gly Gln Arg			
450	455	460	
cca gga gga cac cga gga tca ggt cct atg caa cag ctc cag cag cca			1440
Pro Gly Gly His Arg Gly Ser Gly Pro Met Gln Gln Leu Gln Gln Pro			
465	470	475	480
ttg cca ttg atg cac caa cag atg ctt cca agg gga cat gtc tat cga			1488
Leu Pro Leu Met His Gln Gln Met Leu Pro Arg Gly His Val Tyr Arg			
485	490	495	
tat cct tct ggc tcc aat atg caa aat att caa ctg gca gga gta cct			1536
Tyr Pro Ser Gly Ser Asn Met Gln Asn Ile Gln Leu Ala Gly Val Pro			
500	505	510	

gga gga atg gtc act tat ggc att ggt caa caa atg ccc acg cag gcc 1584
 Gly Gly Met Val Thr Tyr Gly Ile Gly Gln Gln Met Pro Thr Gln Ala
 515 520 525

ctg gcc tcg gcc ctt gcc aat gct act cct gaa cag cag agg act atg 1632
 Leu Ala Ser Ala Leu Ala Asn Ala Thr Pro Glu Gln Gln Arg Thr Met
 530 535 540

ctt ggt gaa gct tta tac ccg tta gta gat aag ctg gag cat gaa gca 1680

Leu Gly Glu Ala Leu Tyr Pro Leu Val Asp Lys Leu Glu His Glu Ala
 545 550 555 560

gca gca aag gtt act ggt atg ctc tta gag atg gat cag cct gag gta 1728
 Ala Ala Lys Val Thr Gly Met Leu Leu Glu Met Asp Gln Pro Glu Val
 565 570 575

tta cat ctg att gag tca ccg gat gct ctc aag gct aaa gtt gtt gag 1776
 Leu His Leu Ile Glu Ser Pro Asp Ala Leu Lys Ala Lys Val Val Glu

580 585 590

gcc atg gat gtg ttg aag aaa gtt aca cag cag caa tca aac agc cca 1824
 Ala Met Asp Val Leu Lys Lys Val Thr Gln Gln Gln Ser Asn Ser Pro
 595 600 605

gcc gat caa ctg gct tca ctc tct ctg aat gat aat gtc gag tct 1869
 Ala Asp Gln Leu Ala Ser Leu Ser Leu Asn Asp Asn Val Glu Ser
 610 615 620

<210> 233
 <211> 623
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 233

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

Ala Asn Pro Ser Leu Thr Thr Ile Ser Leu Tyr Val Gly Asp Leu His
 20 25 30

His Asp Val Asn Asp Pro Gln Leu Tyr Asp Leu Phe Asn Gln Val Ala
 35 40 45

Gln Val Val Ser Val Arg Ile Cys Arg Asp Val Ala Thr Gln Gln Ser

50

55

60

Leu Gly Tyr Gly Tyr Val Asn Phe Ser Asn Ala His Asp Ala Ala Lys

65

70

75

80

Ala Ile Asp Val Leu Asn Phe Thr Pro Leu Asn Gly Lys Ile Ile Arg

85

90

95

Ile Met Tyr Ser Ile Arg Asp Pro Ser Ala Arg Lys Ser Gly Ala Ala

100

105

110

Asn Val Phe Ile Lys Asn Leu Asp Lys Ala Ile Asp His Lys Ala Leu

115

120

125

Tyr Asp Thr Phe Ser Ala Phe Gly Asn Ile Leu Ser Cys Lys Val Ala

130

135

140

Thr Asp Ala Ser Gly Gln Ser Lys Gly His Gly Phe Val Gln Phe Glu

145

150

155

160

Ser Glu Glu Ser Ala Gln Asn Ala Ile Asp Lys Leu Asn Gly Met Leu

165

170

175

Ile Asn Asp Lys Gln Val Phe Val Gly Pro Phe Leu Arg Lys Gln Asp

180

185

190

Arg Glu Ser Ala Leu Ser Gly Thr Lys Phe Asn Asn Val Phe Val Lys

195

200

205

Asn Leu Leu Asp Ser Met Thr Glu Ala Asp Leu Glu Arg Ile Phe Gly

210

215

220

Glu Tyr Gly Ala Ile Thr Ser Ala Val Val Met Arg Asp Val Asp Gly

225

230

235

240

Lys Ser Lys Gly Phe Gly Phe Val Asn Phe Ala Asn Val Asp Asp Ala

245

250

255

Ala Lys Ala Val Glu Ala Leu Asn Gly Lys Asn Phe Asp Gly Lys Glu

260

265

270

Trp Tyr Val Gly Lys Ala Gln Lys Lys Ser Glu Arg Glu Leu Glu Leu

275

280

285

Lys Gly Gln His Glu Gln Ile Thr Lys Glu Thr Val Asp Lys Tyr His

290 295 300
 Gly Thr Asn Leu Tyr Ile Lys Asn Leu Asp Asp Ser Val Gly Asp Glu

 305 310 315 320
 Glu Leu Met Glu Leu Phe Ser Glu Phe Gly Thr Ile Thr Ser Cys Lys
 325 330 335
 Val Met Arg Asp Pro Asn Gly Ile Ser Arg Gly Ser Gly Phe Val Ser
 340 345 350
 Phe Ser Ile Ala Glu Gly Ala Thr Arg Ala Leu Gly Glu Met Asn Gly
 355 360 365
 Lys Met Val Ala Gly Lys Pro Leu Tyr Val Ala Leu Ala Gln Arg Lys

 370 375 380
 Glu Asp Arg Arg Ala Arg Leu Gln Ala Gln Phe Ser Gln Ser Arg Pro
 385 390 395 400
 Ala Ala Ile Thr Pro Asn Val Ser Pro Arg Met Pro Leu Tyr Pro Leu
 405 410 415
 Gly Ala Pro Ala Ile Gly Gln Gln Phe Leu Tyr Gly Gln Ala Ala Pro
 420 425 430
 Ala Thr Ile Pro Gln His Phe Val Pro Gly Met Arg Pro Gly Gly Ala

 435 440 445
 Pro Asn Phe Tyr Val Pro Leu Val Gln Gln Gly Gln Gln Gly Gln Arg
 450 455 460
 Pro Gly Gly His Arg Gly Ser Gly Pro Met Gln Gln Leu Gln Gln Pro
 465 470 475 480
 Leu Pro Leu Met His Gln Gln Met Leu Pro Arg Gly His Val Tyr Arg
 485 490 495
 Tyr Pro Ser Gly Ser Asn Met Gln Asn Ile Gln Leu Ala Gly Val Pro

 500 505 510
 Gly Gly Met Val Thr Tyr Gly Ile Gly Gln Gln Met Pro Thr Gln Ala
 515 520 525
 Leu Ala Ser Ala Leu Ala Asn Ala Thr Pro Glu Gln Gln Arg Thr Met
 530 535 540

Leu Gly Glu Ala Leu Tyr Pro Leu Val Asp Lys Leu Glu His Glu Ala
 545 550 555 560
 Ala Ala Lys Val Thr Gly Met Leu Leu Glu Met Asp Gln Pro Glu Val

565 570 575
 Leu His Leu Ile Glu Ser Pro Asp Ala Leu Lys Ala Lys Val Val Glu
 580 585 590
 Ala Met Asp Val Leu Lys Lys Val Thr Gln Gln Gln Ser Asn Ser Pro
 595 600 605
 Ala Asp Gln Leu Ala Ser Leu Ser Leu Asn Asp Asn Val Glu Ser
 610 615 620

<210> 234
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Glycine max

<400> 234
 Ala Ile Asp Val Leu Asn Phe Thr Pro Leu Asn Gly Lys
 1 5 10

<210> 235
 <211> 7
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 235

Phe Asn Asn Val Phe Val Lys
 1 5

<210> 236
 <211> 15
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 236

Gly Phe Gly Phe Val Asn Phe Ala Asn Val Asp Asp Ala Ala Lys
 1 5 10 15

<210> 237
 <211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400

> 237

Ser Gly Ala Ala Asn Val Phe Ile Lys

1 5

<210> 238

<211> 1851

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1851)

<400> 238

atg gat tct gat tat ggt att ccc agg gaa ctc tca gat ctt caa aag 48

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

1 5 10 15

att cgg tct ttg tac cag cca gag ctc cct cct tgt ctc cag gga acc 96

Ile Arg Ser Leu Tyr Gln Pro Glu Leu Pro Pro Cys Leu Gln Gly Thr

20 25 30

act gtg agg gtt gaa ttt ggt gac gca acc acc act gct gac ccc act 144

Thr Val Arg Val Glu Phe Gly Asp Ala Thr Thr Thr Ala Asp Pro Thr

35 40 45

gat gca ctc acc gtc tgc agg gct ttt cct aac act tat gga cac cct 192

Asp Ala Leu Thr Val Cys Arg Ala Phe Pro Asn Thr Tyr Gly His Pro

50 55 60

ttg gct cac ttt ctc agg gcc act gcc aaa gtc cct gat gct cag atc 240

Leu Ala His Phe Leu Arg Ala Thr Ala Lys Val Pro Asp Ala Gln Ile

65 70 75 80

ata act gag ttc cct cct att agg gtg ggg att gtc ttt tgt ggg aga 288

Ile Thr Glu Phe Pro Pro Ile Arg Val Gly Ile Val Phe Cys Gly Arg

85 90 95

caa tct cct gga ggg cat aat gtc att tgg ggt atc cac aat gct ctc 336

Gln Ser Pro Gly Gly His Asn Val Ile Trp Gly Ile His Asn Ala Leu	
100 105 110	
aaa att cac aat ccc aac agt gtt ttg ctt gga ttt ctt ggt ggt tca	384
Lys Ile His Asn Pro Asn Ser Val Leu Leu Gly Phe Leu Gly Gly Ser	
115 120 125	
gaa ggt cta ttt gcc cag aaa act ctg gag ata act gac gat att ctt	432
Glu Gly Leu Phe Ala Gln Lys Thr Leu Glu Ile Thr Asp Asp Ile Leu	
130 135 140	
tcg acg tac aaa aat caa ggt ggt tat gat ttg ctt ggg cgg acg aag	480
Ser Thr Tyr Lys Asn Gln Gly Gly Tyr Asp Leu Leu Gly Arg Thr Lys	
145 150 155 160	
gat caa att agg acc aca gaa caa gtt aat gct gca ctt gct gca tgc	528
Asp Gln Ile Arg Thr Thr Glu Gln Val Asn Ala Ala Leu Ala Ala Cys	
165 170 175	
aac aat ttg aaa ctt gat ggc ctt gtc ata atc gga ggg gtg aca tca	576
Asn Asn Leu Lys Leu Asp Gly Leu Val Ile Ile Gly Gly Val Thr Ser	
180 185 190	
aac aca gat gct gca cag ctt gct gaa aca ttt gtt gta gca aaa tgc	624
Asn Thr Asp Ala Ala Gln Leu Ala Glu Thr Phe Val Val Ala Lys Cys	
195 200 205	
ccc aca aag gtg gtt ggt gtt cct gtc act ctg aat gga gat ctt aaa	672
Pro Thr Lys Val Val Gly Val Pro Val Thr Leu Asn Gly Asp Leu Lys	
210 215 220	
aac cag ttt gta gaa act aat gtt ggt ttt gat aca att tgt aag gtt	720
Asn Gln Phe Val Glu Thr Asn Val Gly Phe Asp Thr Ile Cys Lys Val	
225 230 235 240	
aat tct cag ctc atc agc aat gtc tgc act gat gct ctc tct gca gag	768
Asn Ser Gln Leu Ile Ser Asn Val Cys Thr Asp Ala Leu Ser Ala Glu	
245 250 255	
aag tat tat tat ttc atc cgt ctt atg gga cgc aag gca tca cac gtt	816
Lys Tyr Tyr Tyr Phe Ile Arg Leu Met Gly Arg Lys Ala Ser His Val	

260	265	270	
gct ttg gaa tgc acc ctc cag tcc cat cca aat atg gta att ctt ggt			864
Ala Leu Glu Cys Thr Leu Gln Ser His Pro Asn Met Val Ile Leu Gly			
275	280	285	
gag gag gtt gct gca tca aag ctt acc ctt tct gaa att gca aaa cag			912
Glu Glu Val Ala Ala Ser Lys Leu Thr Leu Ser Glu Ile Ala Lys Gln			
290	295	300	
att act gat gca att cag gct aga gca gag caa gac aaa tac cat gga			960
Ile Thr Asp Ala Ile Gln Ala Arg Ala Glu Gln Asp Lys Tyr His Gly			
305	310	315	320
gtc att ctc ctt cca gaa ggg ctg ata gag agt att cct gaa gtg tat			1008
Val Ile Leu Leu Pro Glu Gly Leu Ile Glu Ser Ile Pro Glu Val Tyr			
325	330	335	
gcc ctc ttg aag gaa att cat ggt tta ctc aga caa ggt gtt gaa gtt			1056
Ala Leu Leu Lys Glu Ile His Gly Leu Leu Arg Gln Gly Val Glu Val			
340	345	350	
gac aag ata tct tct cag cta aca cca tgg gca tct gct tta ttt gaa			1104
Asp Lys Ile Ser Ser Gln Leu Thr Pro Trp Ala Ser Ala Leu Phe Glu			
355	360	365	
ttt ctg cca ccc ttt att agg aga cag ttg ctc ctt tac cct gaa tcc			1152
Phe Leu Pro Pro Phe Ile Arg Arg Gln Leu Leu Leu Tyr Pro Glu Ser			
370	375	380	
gac gac tca gca cag tta tca cag att gaa act gag aaa tta cta gca			1200
Asp Asp Ser Ala Gln Leu Ser Gln Ile Glu Thr Glu Lys Leu Leu Ala			
385	390	395	400
tat ctt gtg gaa gtc gag att aac aag cgt ctg aaa gaa ggc aca tac			1248
Tyr Leu Val Glu Val Glu Ile Asn Lys Arg Leu Lys Glu Gly Thr Tyr			
405	410	415	
aag ggg aag aaa ttc aat gcc att tgc cac ttt ttt ggt tat caa gct			1296
Lys Gly Lys Lys Phe Asn Ala Ile Cys His Phe Phe Gly Tyr Gln Ala			
420	425	430	

cgt gga tct ctg cca tca aaa ttt gac tgt gat tac gca tat gtc ctt 1344

 Arg Gly Ser Leu Pro Ser Lys Phe Asp Cys Asp Tyr Ala Tyr Val Leu
 435 440 445
 ggg cac atc tgc tac cat ata ctg gcc gct ggt cta aat gga tac atg 1392
 Gly His Ile Cys Tyr His Ile Leu Ala Ala Gly Leu Asn Gly Tyr Met
 450 455 460
 gca act tta act aac ctg aag aat cca gta aac aag tgg aaa tgt ggg 1440
 Ala Thr Leu Thr Asn Leu Lys Asn Pro Val Asn Lys Trp Lys Cys Gly

 465 470 475 480
 gct gct cca att gca tct atg atg act gta aag cgc tgg tct cca aat 1488
 Ala Ala Pro Ile Ala Ser Met Met Thr Val Lys Arg Trp Ser Pro Asn
 485 490 495
 cca gga gct aca tca att gga aaa cct gct att cat cca gct act gtg 1536
 Pro Gly Ala Thr Ser Ile Gly Lys Pro Ala Ile His Pro Ala Thr Val
 500 505 510

 gac ttg aga ggc aaa gca tat gag ctg ttg aga caa aag gca caa agc 1584
 Asp Leu Arg Gly Lys Ala Tyr Glu Leu Leu Arg Gln Lys Ala Gln Ser
 515 520 525
 ttt ctt atg gat gac atc tac aga aat cca ggt cca ctt cag ttt gat 1632
 Phe Leu Met Asp Asp Ile Tyr Arg Asn Pro Gly Pro Leu Gln Phe Asp
 530 535 540
 ggt ccc ggc gca gat gcc aag gtt ata act ctt tct gtt gaa gac cag 1680

 Gly Pro Gly Ala Asp Ala Lys Val Ile Thr Leu Ser Val Glu Asp Gln
 545 550 555 560
 gac tac atg ggc cgc att aag aaa ctt cag gag tac ctt gaa cag gtt 1728
 Asp Tyr Met Gly Arg Ile Lys Lys Leu Gln Glu Tyr Leu Glu Gln Val
 565 570 575
 cga acc att gtc aag cca gga tgc cct cag gag gtt ttg aaa gct gct 1776
 Arg Thr Ile Val Lys Pro Gly Cys Pro Gln Glu Val Leu Lys Ala Ala

580 585 590
cta agc gtc atg gcg tcg gtt acc gaa gtt cta gct gca atg tca aca 1824
Leu Ser Val Met Ala Ser Val Thr Glu Val Leu Ala Ala Met Ser Thr

595 600 605
tct tat acc aac acc ctg gca tcc ctg 1851
Ser Tyr Thr Asn Thr Leu Ala Ser Leu

610 615

<210> 239

<211> 617

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 239

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

1 5 10 15

Ile Arg Ser Leu Tyr Gln Pro Glu Leu Pro Pro Cys Leu Gln Gly Thr

20 25 30

Thr Val Arg Val Glu Phe Gly Asp Ala Thr Thr Thr Ala Asp Pro Thr

35 40 45

Asp Ala Leu Thr Val Cys Arg Ala Phe Pro Asn Thr Tyr Gly His Pro

50 55 60

Leu Ala His Phe Leu Arg Ala Thr Ala Lys Val Pro Asp Ala Gln Ile

65 70 75 80

Ile Thr Glu Phe Pro Pro Ile Arg Val Gly Ile Val Phe Cys Gly Arg

85 90 95

Gln Ser Pro Gly Gly His Asn Val Ile Trp Gly Ile His Asn Ala Leu

100 105 110

Lys Ile His Asn Pro Asn Ser Val Leu Leu Gly Phe Leu Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Gly Leu Phe Ala Gln Lys Thr Leu Glu Ile Thr Asp Asp Ile Leu

130 135 140

Ser Thr Tyr Lys Asn Gln Gly Gly Tyr Asp Leu Leu Gly Arg Thr Lys

145 150 155 160

Asp Gln Ile Arg Thr Thr Glu Gln Val Asn Ala Ala Leu Ala Ala Cys
 165 170 175
 Asn Asn Leu Lys Leu Asp Gly Leu Val Ile Ile Gly Gly Val Thr Ser
 180 185 190
 Asn Thr Asp Ala Ala Gln Leu Ala Glu Thr Phe Val Val Ala Lys Cys
 195 200 205
 Pro Thr Lys Val Val Gly Val Pro Val Thr Leu Asn Gly Asp Leu Lys
 210 215 220
 Asn Gln Phe Val Glu Thr Asn Val Gly Phe Asp Thr Ile Cys Lys Val
 225 230 235 240
 Asn Ser Gln Leu Ile Ser Asn Val Cys Thr Asp Ala Leu Ser Ala Glu
 245 250 255
 Lys Tyr Tyr Tyr Phe Ile Arg Leu Met Gly Arg Lys Ala Ser His Val
 260 265 270
 Ala Leu Glu Cys Thr Leu Gln Ser His Pro Asn Met Val Ile Leu Gly
 275 280 285
 Glu Glu Val Ala Ala Ser Lys Leu Thr Leu Ser Glu Ile Ala Lys Gln
 290 295 300
 Ile Thr Asp Ala Ile Gln Ala Arg Ala Glu Gln Asp Lys Tyr His Gly
 305 310 315 320
 Val Ile Leu Leu Pro Glu Gly Leu Ile Glu Ser Ile Pro Glu Val Tyr
 325 330 335
 Ala Leu Leu Lys Glu Ile His Gly Leu Leu Arg Gln Gly Val Glu Val
 340 345 350
 Asp Lys Ile Ser Ser Gln Leu Thr Pro Trp Ala Ser Ala Leu Phe Glu
 355 360 365
 Phe Leu Pro Pro Phe Ile Arg Arg Gln Leu Leu Leu Tyr Pro Glu Ser
 370 375 380
 Asp Asp Ser Ala Gln Leu Ser Gln Ile Glu Thr Glu Lys Leu Leu Ala
 385 390 395 400
 Tyr Leu Val Glu Val Glu Ile Asn Lys Arg Leu Lys Glu Gly Thr Tyr

405 410 415
Lys Gly Lys Lys Phe Asn Ala Ile Cys His Phe Phe Gly Tyr Gln Ala
420 425 430
Arg Gly Ser Leu Pro Ser Lys Phe Asp Cys Asp Tyr Ala Tyr Val Leu

435 440 445
Gly His Ile Cys Tyr His Ile Leu Ala Ala Gly Leu Asn Gly Tyr Met
450 455 460
Ala Thr Leu Thr Asn Leu Lys Asn Pro Val Asn Lys Trp Lys Cys Gly
465 470 475 480
Ala Ala Pro Ile Ala Ser Met Met Thr Val Lys Arg Trp Ser Pro Asn
485 490 495
Pro Gly Ala Thr Ser Ile Gly Lys Pro Ala Ile His Pro Ala Thr Val

500 505 510
Asp Leu Arg Gly Lys Ala Tyr Glu Leu Leu Arg Gln Lys Ala Gln Ser
515 520 525
Phe Leu Met Asp Asp Ile Tyr Arg Asn Pro Gly Pro Leu Gln Phe Asp
530 535 540
Gly Pro Gly Ala Asp Ala Lys Val Ile Thr Leu Ser Val Glu Asp Gln
545 550 555 560
Asp Tyr Met Gly Arg Ile Lys Lys Leu Gln Glu Tyr Leu Glu Gln Val

565 570 575
Arg Thr Ile Val Lys Pro Gly Cys Pro Gln Glu Val Leu Lys Ala Ala
580 585 590
Leu Ser Val Met Ala Ser Val Thr Glu Val Leu Ala Ala Met Ser Thr
595 600 605
Ser Tyr Thr Asn Thr Leu Ala Ser Leu
610 615

<210> 240

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 240

Val Val Gly Val Pro Val Thr Leu Asn Gly Asp Leu Lys

```

1           5           10
<210> 241
<211> 1575
<212> DNA
<213> Glycine max
<220><221> CDS
<222> (1)..(1575)
<400> 241

atg ccc aaa ttt ttt cat agc att ttc aga gga aca atg gcg ggt agg      48
Met Pro Lys Phe Phe His Ser Ile Phe Arg Gly Thr Met Ala Gly Arg
1           5           10           15
gtt tcg acg tgc ttc ttc ttc gtg ttt gct ctt tct ctc ctt ctt cct      96
Val Ser Thr Cys Phe Phe Phe Val Phe Ala Leu Ser Leu Leu Leu Pro

           20           25           30
ttt cag atc tcc gct gag gaa tca tcg gag aaa gag ttc gta ctc aca      144
Phe Gln Ile Ser Ala Glu Glu Ser Ser Glu Lys Glu Phe Val Leu Thr
           35           40           45
ttg gat cac tct aac ttt cac gac act gtc agc aag cac gat ttc atc      192
Leu Asp His Ser Asn Phe His Asp Thr Val Ser Lys His Asp Phe Ile
           50           55           60

gtc gtc gag ttc tac gct cca tgg tgt ggc cac tgt aag aag ctt gct      240
Val Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys Lys Lys Leu Ala
65           70           75           80
ccc gag tat gag aaa gct gct tct atc ttg agt agt cat gat cct ccg      288
Pro Glu Tyr Glu Lys Ala Ala Ser Ile Leu Ser Ser His Asp Pro Pro
           85           90           95
gtt gtt ttg gct aaa att gat gcc aat gag gag aag aac aaa gac ctt      336

Val Val Leu Ala Lys Ile Asp Ala Asn Glu Glu Lys Asn Lys Asp Leu
           100           105           110
gca tct caa tat gat gtt agg gga tac cca aca att aag att ctg aga      384

```

Ala Ser Gln Tyr Asp Val Arg Gly Tyr Pro Thr Ile Lys Ile Leu Arg	
115 120 125	
aat ggg gga aag aat gtt cag gaa tac aaa ggt ccc cgt gaa gca gat	432
Asn Gly Gly Lys Asn Val Gln Glu Tyr Lys Gly Pro Arg Glu Ala Asp	
130 135 140	
ggc atc gtt gac tat ttg aag aaa caa agt ggt cct gct tca act gaa	480
Gly Ile Val Asp Tyr Leu Lys Lys Gln Ser Gly Pro Ala Ser Thr Glu	
145 150 155 160	
att aaa tct gct gat gaa gct act gct ttc att ggt gaa aat aaa gtt	528
Ile Lys Ser Ala Asp Glu Ala Thr Ala Phe Ile Gly Glu Asn Lys Val	
165 170 175	
gct att gtt gga gtt ttc ccg aaa ttt tct gga gag gag ttt gac aac	576
Ala Ile Val Gly Val Phe Pro Lys Phe Ser Gly Glu Glu Phe Asp Asn	
180 185 190	
ttt tct gcc tta gca gag aag ttg cgt tct gac tat gac ttc ggt cac	624
Phe Ser Ala Leu Ala Glu Lys Leu Arg Ser Asp Tyr Asp Phe Gly His	
195 200 205	
act ctg aat gcc aaa cac ctt cca aga gga gag tca tca gtt tct ggt	672
Thr Leu Asn Ala Lys His Leu Pro Arg Gly Glu Ser Ser Val Ser Gly	
210 215 220	
ccc gta gtt agg ttg ttc aag cca ttc gat gaa ctt ttt gtt gac ttc	720
Pro Val Val Arg Leu Phe Lys Pro Phe Asp Glu Leu Phe Val Asp Phe	
225 230 235 240	
cag gat ttc aat gtg gaa gct cta gag aaa ttt gtt gag gaa tct agt	768
Gln Asp Phe Asn Val Glu Ala Leu Glu Lys Phe Val Glu Glu Ser Ser	
245 250 255	
acc cct gtt gtt act gtc ttt aac aat gat ccg agc aat cac cct ttc	816
Thr Pro Val Val Thr Val Phe Asn Asn Asp Pro Ser Asn His Pro Phe	
260 265 270	
gtt gcc aaa ttc ttc aac agt ccc aat gca aag gca atg ttg ttc atc	864
Val Ala Lys Phe Phe Asn Ser Pro Asn Ala Lys Ala Met Leu Phe Ile	

275	280	285	
aac ttc act gcc gaa ggt gct gaa tct ttc aaa tca aaa tac cgt gaa			912
Asn Phe Thr Ala Glu Gly Ala Glu Ser Phe Lys Ser Lys Tyr Arg Glu			
290	295	300	
gct gct gag caa cat aaa caa cag ggt gta agc ttt ttg gtg gga gat			960
Ala Ala Glu Gln His Lys Gln Gln Gly Val Ser Phe Leu Val Gly Asp			
305	310	315	320
gtt gag tct agt caa ggt gct ttc cag tat ttt gga ctg aaa gaa gaa			1008
Val Glu Ser Ser Gln Gly Ala Phe Gln Tyr Phe Gly Leu Lys Glu Glu			
325	330	335	
caa gta cct cta att atc att caa cac aat gac ggg aaa aag ttt ttt			1056
Gln Val Pro Leu Ile Ile Ile Gln His Asn Asp Gly Lys Lys Phe Phe			
340	345	350	
aaa ccc aat ttg gaa gct gat cac att cca act tgg ttg aag gcg tac			1104
Lys Pro Asn Leu Glu Ala Asp His Ile Pro Thr Trp Leu Lys Ala Tyr			
355	360	365	
aag gat ggt aat gtt gca cca ttt gtg aag tct gaa ccc att cct gaa			1152
Lys Asp Gly Asn Val Ala Pro Phe Val Lys Ser Glu Pro Ile Pro Glu			
370	375	380	
gct aac gat gaa cct gtt aaa gtg gta gtt ggg aac agt ctt gag gac			1200
Ala Asn Asp Glu Pro Val Lys Val Val Val Gly Asn Ser Leu Glu Asp			
385	390	395	400
att gtt ttc aaa tct ggg aag aat gtt ctg ctg gag ttt tat gct ccc			1248
Ile Val Phe Lys Ser Gly Lys Asn Val Leu Leu Glu Phe Tyr Ala Pro			
405	410	415	
tgg tgt ggt cat tgc aaa cag ttg gct cca ata ttg gac gaa gtt gct			1296
Trp Cys Gly His Cys Lys Gln Leu Ala Pro Ile Leu Asp Glu Val Ala			
420	425	430	
atc tca tat caa agt gat gct gat gtt gtt att gca aaa ctg gat gca			1344

Ile Ser Tyr Gln Ser Asp Ala Asp Val Val Ile Ala Lys Leu Asp Ala
435 440 445
act gcc aac gat atc cca agt gaa acc ttt gat gtc caa ggt tat cca 1392
Thr Ala Asn Asp Ile Pro Ser Glu Thr Phe Asp Val Gln Gly Tyr Pro
450 455 460
acc gtg tac ttc agg tca gca agt gga aag tta tca caa tac gaa ggg 1440
Thr Val Tyr Phe Arg Ser Ala Ser Gly Lys Leu Ser Gln Tyr Glu Gly
465 470 475 480
ggg agg acc aag gaa gac atc ata gaa ttc atc gaa aag aac cgg gac 1488
Gly Arg Thr Lys Glu Asp Ile Ile Glu Phe Ile Glu Lys Asn Arg Asp
485 490 495
aaa cct gct cag caa gaa caa gga caa gat aaa cct gct cag caa gaa 1536
Lys Pro Ala Gln Gln Glu Gln Gly Gln Asp Lys Pro Ala Gln Gln Glu
500 505 510
caa gga caa gat gag caa gaa aaa gga aaa gat gag ctt 1575
Gln Gly Gln Asp Glu Gln Glu Lys Gly Lys Asp Glu Leu
515 520 525
<210> 242
<211> 525
<212> PRT
<213> Glycine max
<400> 242
Met Pro Lys Phe Phe His Ser Ile Phe Arg Gly Thr Met Ala Gly Arg
1 5 10 15
Val Ser Thr Cys Phe Phe Phe Val Phe Ala Leu Ser Leu Leu Leu Pro
20 25 30
Phe Gln Ile Ser Ala Glu Glu Ser Ser Glu Lys Glu Phe Val Leu Thr
35 40 45
Leu Asp His Ser Asn Phe His Asp Thr Val Ser Lys His Asp Phe Ile
50 55 60
Val Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys Lys Lys Leu Ala
65 70 75 80

Pro Glu Tyr Glu Lys Ala Ala Ser Ile Leu Ser Ser His Asp Pro Pro
85 90 95

Val Val Leu Ala Lys Ile Asp Ala Asn Glu Glu Lys Asn Lys Asp Leu
100 105 110

Ala Ser Gln Tyr Asp Val Arg Gly Tyr Pro Thr Ile Lys Ile Leu Arg
115 120 125

Asn Gly Gly Lys Asn Val Gln Glu Tyr Lys Gly Pro Arg Glu Ala Asp
130 135 140

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

Ile Lys Ser Ala Asp Glu Ala Thr Ala Phe Ile Gly Glu Asn Lys Val
165 170 175

Ala Ile Val Gly Val Phe Pro Lys Phe Ser Gly Glu Glu Phe Asp Asn
180 185 190

Phe Ser Ala Leu Ala Glu Lys Leu Arg Ser Asp Tyr Asp Phe Gly His
195 200 205

Thr Leu Asn Ala Lys His Leu Pro Arg Gly Glu Ser Ser Val Ser Gly
210 215 220

Pro Val Val Arg Leu Phe Lys Pro Phe Asp Glu Leu Phe Val Asp Phe
225 230 235 240

Gln Asp Phe Asn Val Glu Ala Leu Glu Lys Phe Val Glu Glu Ser Ser
245 250 255

Thr Pro Val Val Thr Val Phe Asn Asn Asp Pro Ser Asn His Pro Phe
260 265 270

Val Ala Lys Phe Phe Asn Ser Pro Asn Ala Lys Ala Met Leu Phe Ile
275 280 285

Asn Phe Thr Ala Glu Gly Ala Glu Ser Phe Lys Ser Lys Tyr Arg Glu
290 295 300

Ala Ala Glu Gln His Lys Gln Gln Gly Val Ser Phe Leu Val Gly Asp
305 310 315 320

Val Glu Ser Ser Gln Gly Ala Phe Gln Tyr Phe Gly Leu Lys Glu Glu

325 330 335
Gln Val Pro Leu Ile Ile Ile Gln His Asn Asp Gly Lys Lys Phe Phe
340 345 350

Lys Pro Asn Leu Glu Ala Asp His Ile Pro Thr Trp Leu Lys Ala Tyr
355 360 365

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

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

Ile Val Phe Lys Ser Gly Lys Asn Val Leu Leu Glu Phe Tyr Ala Pro
405 410 415

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

Ile Ser Tyr Gln Ser Asp Ala Asp Val Val Ile Ala Lys Leu Asp Ala
435 440 445

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

Thr Val Tyr Phe Arg Ser Ala Ser Gly Lys Leu Ser Gln Tyr Glu Gly
465 470 475 480

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

Lys Pro Ala Gln Gln Glu Gln Gly Gln Asp Lys Pro Ala Gln Gln Glu
500 505 510

Gln Gly Gln Asp Glu Gln Glu Lys Gly Lys Asp Glu Leu
515 520 525

<210> 243

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 243

Ala Ala Ser Ile Leu Ser Ser His Asp Pro Pro Val Val Leu Ala Lys

1	5	10	15

<210> 244

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 244

Asp Gly Asn Val Ala Pro Phe Val Lys

1	5		

<210> 245

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 245

Asp Leu Ala Ser Gln Tyr Asp Val Arg Gly Tyr Pro Thr Ile Lys

1	5	10	15

<210> 246

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 246

Glu Asp Ile Ile Glu Phe Ile Glu Lys

1	5		

<210> 247

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 247

Glu Glu Gln Val Pro Leu Ile Ile Ile Gln His Asn Asp Gly Lys

1	5	10	15

<210> 248

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 248

Glu Phe Val Leu Thr Leu Asp His Ser Asn Phe His Asp Thr Val Ser

1 5 10 15

Lys

<210> 249

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 249

Phe Phe Lys Pro Asn Leu Glu Ala Asp His Ile Pro Thr Trp Leu Lys

1 5 10 15

<210> 250

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 250

Phe Phe Asn Ser Pro Asn Ala Lys

1 5

<210> 251

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 251

Phe Ser Gly Glu Glu Phe Asp Asn Phe Ser Ala Leu Ala Glu Lys

1 5 10 15

<210> 252

<211> 25

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 252

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

1 5 10 15

Pro Ser Asn His Pro Phe Val Ala Lys

20

25

<210> 253

<211> 1509

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1509)

<400> 253

atg gcg ggt acg gtt tgc act tgt ttc ttc ttc gtg ttt ctt ctt tct 48

Met Ala Gly Thr Val Ser Thr Cys Phe Phe Phe Val Phe Leu Leu Ser

1 5 10 15

ctc ctt ctt cct ttt cag atc tcc gct gag gaa tcc tcg gag aag gag 96

Leu Leu Leu Pro Phe Gln Ile Ser Ala Glu Glu Ser Ser Glu Lys Glu

20

25

30

ttc gta ctc aca ttg gat cac tct aac ttt cac gac act gtc agc aag 144

Phe Val Leu Thr Leu Asp His Ser Asn Phe His Asp Thr Val Ser Lys

35

40

45

cac gat ttc atc gtc gtc gag ttc tac gcc cca tgg tgt ggt cac tgt 192

His Asp Phe Ile Val Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys

50

55

60

aag aag ctt gct ccg gag tat gag aaa gct gct tct atc ttg agt agt 240

Lys Lys Leu Ala Pro Glu Tyr Glu Lys Ala Ala Ser Ile Leu Ser Ser

65 70 75 80

cat gat cct cct att gtt ttg gct aaa gta gat gcc aat gag gag aag 288

His Asp Pro Pro Ile Val Leu Ala Lys Val Asp Ala Asn Glu Glu Lys

85

90

95

aac aaa gac ctt gca tca caa tat gat gtt aag gga ttc cca aca att 336

Asn Lys Asp Leu Ala Ser Gln Tyr Asp Val Lys Gly Phe Pro Thr Ile

100

105

110

aat att ctg aga aat ggg gga aag aat gtt cag gaa tac aaa ggt ccc 384

Asn Ile Leu Arg Asn Gly Gly Lys Asn Val Gln Glu Tyr Lys Gly Pro

115	120	125	
cgt gaa gca gat ggc atc gtt gac tat ttg aag aaa caa agt ggt cct			432
Arg Glu Ala Asp Gly Ile Val Asp Tyr Leu Lys Lys Gln Ser Gly Pro			
130	135	140	
gct tca act gaa att aaa tct gct gat gaa gct act gct ttt att ggt			480
Ala Ser Thr Glu Ile Lys Ser Ala Asp Glu Ala Thr Ala Phe Ile Gly			
145	150	155	160
gaa aat aaa gtt gct att gtt gga gtt ttc ccg aaa ttt tct gga gag			528
Glu Asn Lys Val Ala Ile Val Gly Val Phe Pro Lys Phe Ser Gly Glu			
165	170	175	
gag ttt gac aac ttt tct gcc tta gca gag aag ttg cgt tct gat tat			576
Glu Phe Asp Asn Phe Ser Ala Leu Ala Glu Lys Leu Arg Ser Asp Tyr			
180	185	190	
gac ttt ggt cac act ctg aat gcc aaa ctc ctt cca aga gga gag tca			624
Asp Phe Gly His Thr Leu Asn Ala Lys Leu Leu Pro Arg Gly Glu Ser			
195	200	205	
tca gtt tct ggg ccc gta gtt agg ctg ttc aag cca ttc gat gaa ctt			672
Ser Val Ser Gly Pro Val Val Arg Leu Phe Lys Pro Phe Asp Glu Leu			
210	215	220	
ttt gtt gac ttc cag gat ttc aat gtg gaa gct cta gag aag ttt gtt			720
Phe Val Asp Phe Gln Asp Phe Asn Val Glu Ala Leu Glu Lys Phe Val			
225	230	235	240
gag gaa tct agt acc cct gtt gtt act gtc ttt aac aat gaa ccg agc			768
Glu Glu Ser Ser Thr Pro Val Val Thr Val Phe Asn Asn Glu Pro Ser			
245	250	255	
aat cac cct ttc gtt gtc aaa ttc ttc aac agt ccc aac gca aag gca			816
Asn His Pro Phe Val Val Lys Phe Phe Asn Ser Pro Asn Ala Lys Ala			
260	265	270	
atg ttg ttc atc aac ttc act gcc gaa ggt gct gaa gct atc aaa tca			864

Met Leu Phe Ile Asn Phe Thr Ala Glu Gly Ala Glu Ala Ile Lys Ser

275	280	285	
aaa tac cgt gaa gct gct gag caa tat aaa caa cag ggt gtc agc ttt			912
Lys Tyr Arg Glu Ala Ala Glu Gln Tyr Lys Gln Gln Gly Val Ser Phe			
290	295	300	
ttg gtg gga gat gtt gag tct agt caa ggt gct ttc cag tat ttt gga			960
Leu Val Gly Asp Val Glu Ser Ser Gln Gly Ala Phe Gln Tyr Phe Gly			
305	310	315	320
ctg aaa gaa gag caa gta cct cta att atc att caa cat aat gat ggg			1008
Leu Lys Glu Glu Gln Val Pro Leu Ile Ile Ile Gln His Asn Asp Gly			
325	330	335	
aaa aag tttttt aaa ccc aat ttg gaa gct gat cac att cca acc tgg			1056
Lys Lys Phe Phe Lys Pro Asn Leu Glu Ala Asp His Ile Pro Thr Trp			
340	345	350	
ttg aag gca tac aag gat ggt cat gtt gca cca ttt gtt aag tct gaa			1104
Leu Lys Ala Tyr Lys Asp Gly His Val Ala Pro Phe Val Lys Ser Glu			
355	360	365	
ccc att ccc gag act aac gat gaa cct gtt aaa gtg gta gtt ggg gcc			1152
Pro Ile Pro Glu Thr Asn Asp Glu Pro Val Lys Val Val Val Gly Ala			
370	375	380	
agt ctt gag gac att gtt ttc aaa tct ggg aag aat gtt ctg ctg gag			1200
Ser Leu Glu Asp Ile Val Phe Lys Ser Gly Lys Asn Val Leu Leu Glu			
385	390	395	400
ttt tat gct ccc tgg tgt ggt cat tgc aaa cag ttg gct cca ata ttg			1248
Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys Lys Gln Leu Ala Pro Ile Leu			
405	410	415	
gat gaa gtt gct atc tca tat caa aat gaa gct gat gtt gtt att gca			1296
Asp Glu Val Ala Ile Ser Tyr Gln Asn Glu Ala Asp Val Val Ile Ala			
420	425	430	

aaa ctg gat gca act gcc aac gat atc cca agt gaa acc ttt gat gtc 1344
 Lys Leu Asp Ala Thr Ala Asn Asp Ile Pro Ser Glu Thr Phe Asp Val
 435 440 445
 caa ggt tat cct acc gtg tac ttc agg tca gca agt gga aag tta tca 1392
 Gln Gly Tyr Pro Thr Val Tyr Phe Arg Ser Ala Ser Gly Lys Leu Ser
 450 455 460
 caa tac gac ggc ggt agg acc aag gaa gac atc ata gaa ttc atc gaa 1440
 Gln Tyr Asp Gly Gly Arg Thr Lys Glu Asp Ile Ile Glu Phe Ile Glu
 465 470 475 480
 aag aac cgg gat aaa cct gct cag caa gaa caa gga aaa gat gag caa 1488
 Lys Asn Arg Asp Lys Pro Ala Gln Gln Glu Gln Gly Lys Asp Glu Gln
 485 490 495
 gaa caa gga aaa gat gag ctt 1509
 Glu Gln Gly Lys Asp Glu Leu

500

<210> 254

<211> 503

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 254

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

Asn Lys Asp Leu Ala Ser Gln Tyr Asp Val Lys Gly Phe Pro Thr Ile
 100 105 110

Asn Ile Leu Arg Asn Gly Gly Lys Asn Val Gln Glu Tyr Lys Gly Pro
 115 120 125

Arg Glu Ala Asp Gly Ile Val Asp Tyr Leu Lys Lys Gln Ser Gly Pro
 130 135 140

Ala Ser Thr Glu Ile Lys Ser Ala Asp Glu Ala Thr Ala Phe Ile Gly
 145 150 155 160

Glu Asn Lys Val Ala Ile Val Gly Val Phe Pro Lys Phe Ser Gly Glu
 165 170 175

Glu Phe Asp Asn Phe Ser Ala Leu Ala Glu Lys Leu Arg Ser Asp Tyr
 180 185 190

Asp Phe Gly His Thr Leu Asn Ala Lys Leu Leu Pro Arg Gly Glu Ser
 195 200 205

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

Phe Val Asp Phe Gln Asp Phe Asn Val Glu Ala Leu Glu Lys Phe Val
 225 230 235 240

Glu Glu Ser Ser Thr Pro Val Val Thr Val Phe Asn Asn Glu Pro Ser
 245 250 255

Asn His Pro Phe Val Val Lys Phe Phe Asn Ser Pro Asn Ala Lys Ala
 260 265 270

Met Leu Phe Ile Asn Phe Thr Ala Glu Gly Ala Glu Ala Ile Lys Ser
 275 280 285

Lys Tyr Arg Glu Ala Ala Glu Gln Tyr Lys Gln Gln Gly Val Ser Phe
 290 295 300

Leu Val Gly Asp Val Glu Ser Ser Gln Gly Ala Phe Gln Tyr Phe Gly
 305 310 315 320

Leu Lys Glu Glu Gln Val Pro Leu Ile Ile Ile Gln His Asn Asp Gly
 325 330 335

Lys Lys Phe Phe Lys Pro Asn Leu Glu Ala Asp His Ile Pro Thr Trp

340 345 350
 Leu Lys Ala Tyr Lys Asp Gly His Val Ala Pro Phe Val Lys Ser Glu
 355 360 365

Pro Ile Pro Glu Thr Asn Asp Glu Pro Val Lys Val Val Val Gly Ala
 370 375 380
 Ser Leu Glu Asp Ile Val Phe Lys Ser Gly Lys Asn Val Leu Leu Glu
 385 390 395 400
 Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys Lys Gln Leu Ala Pro Ile Leu
 405 410 415
 Asp Glu Val Ala Ile Ser Tyr Gln Asn Glu Ala Asp Val Val Ile Ala
 420 425 430

Lys Leu Asp Ala Thr Ala Asn Asp Ile Pro Ser Glu Thr Phe Asp Val
 435 440 445
 Gln Gly Tyr Pro Thr Val Tyr Phe Arg Ser Ala Ser Gly Lys Leu Ser
 450 455 460
 Gln Tyr Asp Gly Gly Arg Thr Lys Glu Asp Ile Ile Glu Phe Ile Glu
 465 470 475 480
 Lys Asn Arg Asp Lys Pro Ala Gln Gln Glu Gln Gly Lys Asp Glu Gln
 485 490 495

Glu Gln Gly Lys Asp Glu Leu
 500

<210> 255

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 255

Ala Ala Ser Ile Leu Ser Ser His Asp Pro Pro Ile Val Leu Ala Lys
 1 5 10 15

<210> 256

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 256

Asp Gly His Val Ala Pro Phe Val Lys

1 5

<210> 257

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 257

Asp Leu Ala Ser Gln Tyr Asp Val Lys

1 5

<210> 258

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 258

Glu Asp Ile Ile Glu Phe Ile Glu Lys

1 5

<210> 259

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 259

Glu Glu Gln Val Pro Leu Ile Ile Ile Gln His Asn Asp Gly Lys

1 5 10 15

<210> 260

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 260

Glu Phe Val Leu Thr Leu Asp His Ser Asn Phe His Asp Thr Val Ser

1 5 10 15

Lys

<210> 261

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 261

Phe Phe Lys Pro Asn Leu Glu Ala Asp His Ile Pro Thr Trp Leu Lys

1 5 10 15

<210> 262

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 262

Phe Phe Asn Ser Pro Asn Ala Lys

1 5

<210> 263

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 263

Phe Ser Gly Glu Glu Phe Asp Asn Phe Ser Ala Leu Ala Glu Lys

1 5 10 15

<210> 264

<211> 25

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 264

Phe Val Glu Glu Ser Ser Thr Pro Val Val Thr Val Phe Asn Asn Glu

1 5 10 15

Pro Ser Asn His Pro Phe Val Val Lys

20 25

<210> 265

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 265

Gly Phe Pro Thr Ile Asn Ile Leu Arg Asn Gly Gly Lys

1 5 10

<210> 266

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 266

Gly Pro Arg Glu Ala Asp Gly Ile Val Asp Tyr Leu Lys

1 5 10

<210> 267

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 267

Leu Ala Pro Glu Tyr Glu Lys

1 5

<210> 268

<211> 29

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 268

Leu Asp Ala Thr Ala Asn Asp Ile Pro Ser Glu Thr Phe Asp Val Gln

1 5 10 15

Gly Tyr Pro Thr Val Tyr Phe Arg Ser Ala Ser Gly Lys

20 25

<210> 269

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 269

Leu Arg Ser Asp Tyr Asp Phe Gly His Thr Leu Asn Ala Lys

1 5 10

<210> 270

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 270

Leu Ser Gln Tyr Asp Gly Gly Arg Thr Lys

1 5 10

<210> 271

<211> 23

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 271

Gln Leu Ala Pro Ile Leu Asp Glu Val Ala Ile Ser Tyr Gln Asn Glu

1 5 10 15

Ala Asp Val Val Ile Ala Lys

20

<210> 272

<211> 24

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 272

Gln Gln Gly Val Ser Phe Leu Val Gly Asp Val Glu Ser Ser Gln Gly

1 5 10 15

Ala Phe Gln Tyr Phe Gly Leu Lys

20

<210> 273

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 273

Gln Ser Gly Pro Ala Ser Thr Glu Ile Lys

1 5 10

<210> 274

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 274

Ser Ala Asp Glu Ala Thr Ala Phe Ile Gly Glu Asn Lys

1 5 10

<210> 275

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 275

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

1 5 10

<210> 276

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 276

Val Ala Ile Val Gly Val Phe Pro Lys

1 5

<210> 277

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 277

Val Val Val Gly Ala Ser Leu Glu Asp Ile Val Phe Lys

1 5 10

<210> 278

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 278

Tyr Arg Glu Ala Ala Glu Gln Tyr Lys

1 5

<210> 279

<211> 1467

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1467)

<400> 279

atg ggt gtg gct caa aac att ccc gat gcg gag gag gga acc ttg gag 48

Met Gly Val Ala Gln Asn Ile Pro Asp Ala Glu Glu Gly Thr Leu Glu

1 5 10 15

att gga atg gaa tac aga act gtt tct gga gtt gct ggg cca ttg gtc 96

Ile Gly Met Glu Tyr Arg Thr Val Ser Gly Val Ala Gly Pro Leu Val

20 25 30

att ctt gat aaa gtt aag gga ccc aag ttt caa gag att gtt aac att 144

Ile Leu Asp Lys Val Lys Gly Pro Lys Phe Gln Glu Ile Val Asn Ile

35 40 45

cgc tta gga gat ggt act act cgg cgt gga caa gtg cta gaa gtt gat 192

Arg Leu Gly Asp Gly Thr Thr Arg Arg Gly Gln Val Leu Glu Val Asp

50 55 60

ggt gaa aag gct gtt gtt cag gtc ttt gag ggt aca tct ggg att gac 240

Gly Glu Lys Ala Val Val Gln Val Phe Glu Gly Thr Ser Gly Ile Asp

65 70 75 80

aat aaa ttt aca act gtg caa ttt act gga gag gtg tta aaa act cca 288

Asn Lys Phe Thr Thr Val Gln Phe Thr Gly Glu Val Leu Lys Thr Pro

85 90 95

gta tca ttg gac atg ctt ggc cgc ata ttc aat ggt tct gga aaa cca 336

Val Ser Leu Asp Met Leu Gly Arg Ile Phe Asn Gly Ser Gly Lys Pro

100 105 110

att gat aat ggt cca ccc att tta cct gag gct tac ttg gac ata tca 384

Ile Asp Asn Gly Pro Pro Ile Leu Pro Glu Ala Tyr Leu Asp Ile Ser

115 120 125

gga agt tcc atc aac cct agt gag aga acc tat cca gag gag atg ata	432
Gly Ser Ser Ile Asn Pro Ser Glu Arg Thr Tyr Pro Glu Glu Met Ile	
130 135 140	
cag aca gga ata tct acc att gat gtc atg aat tct att gct aga ggt	480
Gln Thr Gly Ile Ser Thr Ile Asp Val Met Asn Ser Ile Ala Arg Gly	
145 150 155 160	
caa aag atc cct cta ttc tca gct gct ggt ctc ccc cat aat gaa att	528
Gln Lys Ile Pro Leu Phe Ser Ala Ala Gly Leu Pro His Asn Glu Ile	
165 170 175	
gct gca cag ata tgc cgt cag gct ggc tta gtc aag cga cta gaa aag	576
Ala Ala Gln Ile Cys Arg Gln Ala Gly Leu Val Lys Arg Leu Glu Lys	
180 185 190	
tct gat aat ctt ctc gag ggt gga gga gaa gag gac aat ttt gcc att	624
Ser Asp Asn Leu Leu Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Asn Phe Ala Ile	
195 200 205	
gtg ttt gca gct atg gga gtt aac atg gag act gca cag ttt ttc aaa	672
Val Phe Ala Ala Met Gly Val Asn Met Glu Thr Ala Gln Phe Phe Lys	
210 215 220	
cgt gac ttt gag gaa aat ggc tgc atg gag aga gtg acc ctt ttc ctt	720
Arg Asp Phe Glu Glu Asn Gly Ser Met Glu Arg Val Thr Leu Phe Leu	
225 230 235 240	
aat ctg gca aat gat cct acg att gag cgt atc atc act cct cgt att	768
Asn Leu Ala Asn Asp Pro Thr Ile Glu Arg Ile Ile Thr Pro Arg Ile	
245 250 255	
gct ctt act act gct gaa tat ttg gca tat gaa tgt ggc aag cat gtt	816
Ala Leu Thr Thr Ala Glu Tyr Leu Ala Tyr Glu Cys Gly Lys His Val	
260 265 270	
ctt gtg ata cta act gat atg agt tct tat gct gat gct ctt cgt gag	864
Leu Val Ile Leu Thr Asp Met Ser Ser Tyr Ala Asp Ala Leu Arg Glu	
275 280 285	
gta tct gct gcc cga gaa gaa gta cct ggt aga cgt ggg tat ccc ggc	912

Val Ser Ala Ala Arg Glu Glu Val Pro Gly Arg Arg Gly Tyr Pro Gly

290 295 300

tac atg tat aca gat ctt gca aca ata tac gaa cgt gct gga aga att 960

Tyr Met Tyr Thr Asp Leu Ala Thr Ile Tyr Glu Arg Ala Gly Arg Ile

305 310 315 320

gag ggg cga aaa ggc tct att aca caa att cca att cta acc atg cct 1008

Glu Gly Arg Lys Gly Ser Ile Thr Gln Ile Pro Ile Leu Thr Met Pro

325 330 335

aat gat gat att acg cat cca act cct gat ctt aca gga tat att act 1056

Asn Asp Asp Ile Thr His Pro Thr Pro Asp Leu Thr Gly Tyr Ile Thr

340 345 350

gag gga cag ata tat atc gac aga cag ttg tat aac agg cag ata tat 1104

Glu Gly Gln Ile Tyr Ile Asp Arg Gln Leu Tyr Asn Arg Gln Ile Tyr

355 360 365

cct cca atc aat gtc ctt cca tca ttg tct cgt ttg atg aag agt gcc 1152

Pro Pro Ile Asn Val Leu Pro Ser Leu Ser Arg Leu Met Lys Ser Ala

370 375 380

att ggt gag gga atg aca cga aag gat cat tct gat gtg tcc aac cag 1200

Ile Gly Glu Gly Met Thr Arg Lys Asp His Ser Asp Val Ser Asn Gln

385 390 395 400

ctc tat gca aat tat gcc att gga aag gat gtc cag gca atg aaa gcc 1248

Leu Tyr Ala Asn Tyr Ala Ile Gly Lys Asp Val Gln Ala Met Lys Ala

405 410 415

gtg gtc gga gaa gaa gca ctt tca tct gag gac ctg ctg tat ttg gaa 1296

Val Val Gly Glu Glu Ala Leu Ser Ser Glu Asp Leu Leu Tyr Leu Glu

420 425 430

ttt ttg gag aag ttt gag agg aag ttt gtt gcc caa gga gca tac gat 1344

Phe Leu Glu Lys Phe Glu Arg Lys Phe Val Ala Gln Gly Ala Tyr Asp

435 440 445

aca cgc aat atc ttc cag tca cta gat ctt gca tgg act ttg ctt cgg 1392
 Thr Arg Asn Ile Phe Gln Ser Leu Asp Leu Ala Trp Thr Leu Leu Arg
 450 455 460
 att ttc cct cgc gag ctt ctc cac cgt att cct gca aag act ctt gat 1440
 Ile Phe Pro Arg Glu Leu Leu His Arg Ile Pro Ala Lys Thr Leu Asp
 465 470 475 480
 cag ttc tac agc cga gat gcc agt aac 1467

Gln Phe Tyr Ser Arg Asp Ala Ser Asn
 485

<210> 280

<211> 489

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 280

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

Gln Thr Gly Ile Ser Thr Ile Asp Val Met Asn Ser Ile Ala Arg Gly
145 150 155 160
Gln Lys Ile Pro Leu Phe Ser Ala Ala Gly Leu Pro His Asn Glu Ile

 165 170 175
Ala Ala Gln Ile Cys Arg Gln Ala Gly Leu Val Lys Arg Leu Glu Lys
 180 185 190
Ser Asp Asn Leu Leu Glu Gly Gly Gly Glu Glu Asp Asn Phe Ala Ile
 195 200 205
Val Phe Ala Ala Met Gly Val Asn Met Glu Thr Ala Gln Phe Phe Lys
 210 215 220
Arg Asp Phe Glu Glu Asn Gly Ser Met Glu Arg Val Thr Leu Phe Leu

225 230 235 240
Asn Leu Ala Asn Asp Pro Thr Ile Glu Arg Ile Ile Thr Pro Arg Ile
 245 250 255
Ala Leu Thr Thr Ala Glu Tyr Leu Ala Tyr Glu Cys Gly Lys His Val
 260 265 270
Leu Val Ile Leu Thr Asp Met Ser Ser Tyr Ala Asp Ala Leu Arg Glu
 275 280 285
Val Ser Ala Ala Arg Glu Glu Val Pro Gly Arg Arg Gly Tyr Pro Gly

290 295 300
Tyr Met Tyr Thr Asp Leu Ala Thr Ile Tyr Glu Arg Ala Gly Arg Ile
305 310 315 320
Glu Gly Arg Lys Gly Ser Ile Thr Gln Ile Pro Ile Leu Thr Met Pro
 325 330 335
Asn Asp Asp Ile Thr His Pro Thr Pro Asp Leu Thr Gly Tyr Ile Thr
 340 345 350
Glu Gly Gln Ile Tyr Ile Asp Arg Gln Leu Tyr Asn Arg Gln Ile Tyr

355 360 365
Pro Pro Ile Asn Val Leu Pro Ser Leu Ser Arg Leu Met Lys Ser Ala
370 375 380
Ile Gly Glu Gly Met Thr Arg Lys Asp His Ser Asp Val Ser Asn Gln

385 390 395 400
 Leu Tyr Ala Asn Tyr Ala Ile Gly Lys Asp Val Gln Ala Met Lys Ala
 405 410 415
 Val Val Gly Glu Glu Ala Leu Ser Ser Glu Asp Leu Leu Tyr Leu Glu

 420 425 430
 Phe Leu Glu Lys Phe Glu Arg Lys Phe Val Ala Gln Gly Ala Tyr Asp
 435 440 445
 Thr Arg Asn Ile Phe Gln Ser Leu Asp Leu Ala Trp Thr Leu Leu Arg
 450 455 460
 Ile Phe Pro Arg Glu Leu Leu His Arg Ile Pro Ala Lys Thr Leu Asp
 465 470 475 480
 Gln Phe Tyr Ser Arg Asp Ala Ser Asn
 485

<210> 281

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 281

Asp His Ser Asp Val Ser Asn Gln Leu Tyr Ala Asn Tyr Ala Ile Gly
 1 5 10 15
 Lys

<210> 282

<211> 26

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 282

Phe Gln Glu Ile Val Asn Ile Arg Leu Gly Asp Gly Thr Thr Arg Arg
 1 5 10 15
 Gly Gln Val Leu Glu Val Asp Gly Glu Lys
 20 25

<210>

283

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 283

Phe Thr Thr Val Gln Phe Thr Gly Glu Val Leu Lys

1 5 10

<210> 284

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 284

Thr Leu Asp Gln Phe Tyr Ser Arg Asp Ala Ser Asn

1 5 10

<210> 285

<211> 1464

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1464)

<400> 285

atg ggt gtg gct gag aac att ccc gat atg gag gag ggt acc ttg gag 48

Met Gly Val Ala Glu Asn Ile Pro Asp Met Glu Glu Gly Thr Leu Glu

1 5 10 15

att gga atg gaa tac aga act gta tct gga gtt gct gga cca ttg gtc 96

Ile Gly Met Glu Tyr Arg Thr Val Ser Gly Val Ala Gly Pro Leu Val

20 25 30

att ctt gac aaa gtt aag gga ccc aaa ttt caa gag att gtt aat att 144

Ile Leu Asp Lys Val Lys Gly Pro Lys Phe Gln Glu Ile Val Asn Ile

35 40 45

cgt tta gga gat gga act act cgg cgt gga caa gtt cta gag gtt gat 192

Arg Leu Gly Asp Gly Thr Thr Arg Arg Gly Gln Val Leu Glu Val Asp

50 55 60

ggc gaa aag gct gtt gtt cag gta ttt gaa ggc aca tct ggg atc gac 240

370	375	380	
ggt gag gga atg act aga agg gat cat tct gat gtg tcc aac cag ctc			1200
Gly Glu Gly Met Thr Arg Arg Asp His Ser Asp Val Ser Asn Gln Leu			
385	390	395	400
tat gca aat tat gct att gga aag gat gtc cag gca atg aaa gca gtg			1248
Tyr Ala Asn Tyr Ala Ile Gly Lys Asp Val Gln Ala Met Lys Ala Val			
405	410	415	
gtt gga gaa gaa gca ctt tca tct gag gac ctg ctg tat ctg gaa ttt			1296
Val Gly Glu Glu Ala Leu Ser Ser Glu Asp Leu Leu Tyr Leu Glu Phe			
420	425	430	
ttg gag aag ttt gag agg aag ttt gtt gcc cag gga gcc tat gac acc			1344
Leu Glu Lys Phe Glu Arg Lys Phe Val Ala Gln Gly Ala Tyr Asp Thr			
435	440	445	
cgc aat ata ttc cag tca ctt gat ctt gca tgg act tta ctc cgg att			1392
Arg Asn Ile Phe Gln Ser Leu Asp Leu Ala Trp Thr Leu Leu Arg Ile			
450	455	460	
ttc cct cgt gaa ctt ctt cat cgt ata cca gcc aag act ctt gac cag			1440
Phe Pro Arg Glu Leu Leu His Arg Ile Pro Ala Lys Thr Leu Asp Gln			
465	470	475	480
ttt tac agc aga gat gct ggt aat			1464
Phe Tyr Ser Arg Asp Ala Gly Asn			

485

<210> 286

<211> 488

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 286

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

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

Ser Ala Ala Arg Glu Glu Val Pro Gly Arg Arg Gly Tyr Pro Gly Tyr
290 295 300

Met Tyr Thr Asp Leu Ala Thr Ile Tyr Glu Arg Ala Gly Arg Ile Glu
305 310 315 320

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

Asp Asp Ile Thr His Pro Thr Pro Asp Leu Thr Gly Tyr Ile Thr Glu
340 345 350

Gly Gln Ile Tyr Ile Asp Arg Gln Leu Tyr Asn Arg Gln Ile Tyr Pro
355 360 365

Pro Ile Asn Val Leu Pro Ser Leu Ser Arg Leu Met Lys Ser Ala Ile
370 375 380

Gly Glu Gly Met Thr Arg Arg Asp His Ser Asp Val Ser Asn Gln Leu
385 390 395 400

Tyr Ala Asn Tyr Ala Ile Gly Lys Asp Val Gln Ala Met Lys Ala Val
405 410 415

Val Gly Glu Glu Ala Leu Ser Ser Glu Asp Leu Leu Tyr Leu Glu Phe
420 425 430

Leu Glu Lys Phe Glu Arg Lys Phe Val Ala Gln Gly Ala Tyr Asp Thr
435 440 445

Arg Asn Ile Phe Gln Ser Leu Asp Leu Ala Trp Thr Leu Leu Arg Ile
450 455 460

Phe Pro Arg Glu Leu Leu His Arg Ile Pro Ala Lys Thr Leu Asp Gln
465 470 475 480

Phe Tyr Ser Arg Asp Ala Gly Asn
485

<210> 287

<211> 26

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 287

Phe Gln Glu Ile Val Asn Ile Arg Leu Gly Asp Gly Thr Thr Arg Arg

1 5 10 15

Gly Gln Val Leu Glu Val Asp Gly Glu Lys

20 25

<210> 288

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 288

Phe Thr Thr Val Gln Phe Thr Gly Glu Val Leu Lys

1 5 10

<210> 289

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 289

Thr Leu Asp Gln Phe Tyr Ser Arg Asp Ala Gly Asn

1 5 10

<210> 290

<211> 1407

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1407)

<400> 290

atg gcc acc gct gcc gag aaa ctc tcc gct ctc aaa tcc gcc gtc gcc 48

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

1 5 10 15

gga ttg aac gaa atc agt gag aat gag aag aac gga ttc atc agc ctc 96

Gly Leu Asn Glu Ile Ser Glu Asn Glu Lys Asn Gly Phe Ile Ser Leu

20 25 30

gtc ggc cgc tat ctc agt ggc gaa gcg cag cat gtg gaa tgg agc aag 144

Val Gly Arg Tyr Leu Ser Gly Glu Ala Gln His Val Glu Trp Ser Lys

35	40	45	
atc cag acg cct acg gac gaa gtg gtt gtg cct tac gac act ttg gcg			192
Ile Gln Thr Pro Thr Asp Glu Val Val Val Pro Tyr Asp Thr Leu Ala			
50	55	60	
cca act cct gaa ggt tct tcg gag gtg aag aat cta ttg gac aag ctt			240
Pro Thr Pro Glu Gly Ser Ser Glu Val Lys Asn Leu Leu Asp Lys Leu			
65	70	75	80
gtg gtg ttg aag cta aat gga ggc ttg gga aca act atg ggt tgc act			288
Val Val Leu Lys Leu Asn Gly Gly Leu Gly Thr Thr Met Gly Cys Thr			
85	90	95	
ggt cct aaa tct gta att gaa gtt cgt gat ggg ttg aca ttt cta gat			336
Gly Pro Lys Ser Val Ile Glu Val Arg Asp Gly Leu Thr Phe Leu Asp			
100	105	110	
tta att gtc atc caa att gag aat ctc aat tcc aaa tat gga agc aat			384
Leu Ile Val Ile Gln Ile Glu Asn Leu Asn Ser Lys Tyr Gly Ser Asn			
115	120	125	
gtt cct ttg ctt ttg atg aat tca ttc aac act cat gat gac act caa			432
Val Pro Leu Leu Leu Met Asn Ser Phe Asn Thr His Asp Asp Thr Gln			
130	135	140	
aag att gtt gaa aaa tac caa aac tca aat att gag att cat act ttt			480
Lys Ile Val Glu Lys Tyr Gln Asn Ser Asn Ile Glu Ile His Thr Phe			
145	150	155	160
aac cag agc cag tat cct cga ttg gtt gtt gag gac ttt ttg cca ttg			528
Asn Gln Ser Gln Tyr Pro Arg Leu Val Val Glu Asp Phe Leu Pro Leu			
165	170	175	
cct tcc aaa ggg cat act gac aag gat gga tgg tac cct cct ggc cat			576
Pro Ser Lys Gly His Thr Asp Lys Asp Gly Trp Tyr Pro Pro Gly His			
180	185	190	
ggt gat gtc ttc cca tca tta ttg aac agt ggc aaa ctt gat gca cta			624
Gly Asp Val Phe Pro Ser Leu Leu Asn Ser Gly Lys Leu Asp Ala Leu			
195	200	205	

ttg tca cag ggt aaa gag tat gtg ttt gtt gcc aat tcg gat aac ttg	672
Leu Ser Gln Gly Lys Glu Tyr Val Phe Val Ala Asn Ser Asp Asn Leu	
210 215 220	
gga gct ata gtt gac ttg aaa atc ttg aat cat ttg atc cag aac aag	720
Gly Ala Ile Val Asp Leu Lys Ile Leu Asn His Leu Ile Gln Asn Lys	
225 230 235 240	
aat gaa tac tgt atg gag gtg act ccc aaa aca ttg gct gat gta aag	768
Asn Glu Tyr Cys Met Glu Val Thr Pro Lys Thr Leu Ala Asp Val Lys	
245 250 255	
ggt ggc act ttg att tct tac gaa gga agg gtt cag ctc ctg gaa att	816
Gly Gly Thr Leu Ile Ser Tyr Glu Gly Arg Val Gln Leu Leu Glu Ile	
260 265 270	
gca caa gtc ccc gat gaa cat gtc aat gag ttc aag tca ata gag aag	864
Ala Gln Val Pro Asp Glu His Val Asn Glu Phe Lys Ser Ile Glu Lys	
275 280 285	
ttc aaa att ttc aac aca aat aat ttg tgg gtg aac tta aac gca gtt	912
Phe Lys Ile Phe Asn Thr Asn Asn Leu Trp Val Asn Leu Asn Ala Val	
290 295 300	
aaa agg ctt gtt gaa gct gat gct ctt aag atg gaa att att ccc aat	960
Lys Arg Leu Val Glu Ala Asp Ala Leu Lys Met Glu Ile Ile Pro Asn	
305 310 315 320	
cca aag gaa gtt gac gga ata aaa gtt ctt cag ctg gaa act gca gct	1008
Pro Lys Glu Val Asp Gly Ile Lys Val Leu Gln Leu Glu Thr Ala Ala	
325 330 335	
ggt gct gca ata agg ttc ttt gac aag gct att ggg att aat gtt cct	1056
Gly Ala Ala Ile Arg Phe Phe Asp Lys Ala Ile Gly Ile Asn Val Pro	
340 345 350	
cga tca cga ttc ctt cct gtg aag gca act tca gat ttg ctt ctt gtc	1104
Arg Ser Arg Phe Leu Pro Val Lys Ala Thr Ser Asp Leu Leu Leu Val	

355	360	365	
cag tct gac ctc tac act ttg gaa gac gga ttt gtc att cgg aac aaa			1152
Gln Ser Asp Leu Tyr Thr Leu Glu Asp Gly Phe Val Ile Arg Asn Lys			
370	375	380	
gct agg gaa aat cct gaa aac cct tct att gaa ctg gga cca gaa ttt			1200
Ala Arg Glu Asn Pro Glu Asn Pro Ser Ile Glu Leu Gly Pro Glu Phe			
385	390	395	400
aag aag gtt agc aac ttc ttg ggc cgc ttc aag tca att cct agt atc			1248
Lys Lys Val Ser Asn Phe Leu Gly Arg Phe Lys Ser Ile Pro Ser Ile			
405	410	415	
gtt gag ctt gac agt cta aaa gtg gct ggt gat gta tgg ttt gga gct			1296
Val Glu Leu Asp Ser Leu Lys Val Ala Gly Asp Val Trp Phe Gly Ala			
420	425	430	
ggt gtt atc ctc aag ggg aaa gtc agc att gta tca aag ccc ggt gta			1344
Gly Val Ile Leu Lys Gly Lys Val Ser Ile Val Ser Lys Pro Gly Val			
435	440	445	
aag ctg gaa gtt ccc gac ggt gtt gcc att gta gac aag gaa att aat			1392
Lys Leu Glu Val Pro Asp Gly Val Ala Ile Val Asp Lys Glu Ile Asn			
450	455	460	
ggc cca gag gac ctg			1407
Gly Pro Glu Asp Leu			
465			
<210> 291			
<211> 469			
<212> PRT			
<213> Glycine max			
<400> 291			
Met Ala Thr Ala Ala Glu Lys Leu Ser Ala Leu Lys Ser Ala Val Ala			
1	5	10	15
Gly Leu Asn Glu Ile Ser Glu Asn Glu Lys Asn Gly Phe Ile Ser Leu			
20	25	30	
Val Gly Arg Tyr Leu Ser Gly Glu Ala Gln His Val Glu Trp Ser Lys			

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

Phe Lys Ile Phe Asn Thr Asn Asn Leu Trp Val Asn Leu Asn Ala Val
 290 295 300

Lys Arg Leu Val Glu Ala Asp Ala Leu Lys Met Glu Ile Ile Pro Asn
 305 310 315 320

Pro Lys Glu Val Asp Gly Ile Lys Val Leu Gln Leu Glu Thr Ala Ala
 325 330 335

Gly Ala Ala Ile Arg Phe Phe Asp Lys Ala Ile Gly Ile Asn Val Pro
 340 345 350

Arg Ser Arg Phe Leu Pro Val Lys Ala Thr Ser Asp Leu Leu Leu Val
 355 360 365

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

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

Lys Lys Val Ser Asn Phe Leu Gly Arg Phe Lys Ser Ile Pro Ser Ile
 405 410 415

Val Glu Leu Asp Ser Leu Lys Val Ala Gly Asp Val Trp Phe Gly Ala
 420 425 430

Gly Val Ile Leu Lys Gly Lys Val Ser Ile Val Ser Lys Pro Gly Val
 435 440 445

Lys Leu Glu Val Pro Asp Gly Val Ala Ile Val Asp Lys Glu Ile Asn
 450 455 460

Gly Pro Glu Asp Leu

465

<210> 292

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 292

Ala Ile Gly Ile Asn Val Pro Arg Ser Arg Phe Leu Pro Val Lys

1 5 10 15

<210>

293

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 293

Ala Arg Glu Asn Pro Glu Asn Pro Ser Ile Glu Leu Gly Pro Glu Phe

1 5 10 15

Lys

<210> 294

<211> 24

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 294

Ala Thr Ser Asp Leu Leu Leu Val Gln Ser Asp Leu Tyr Thr Leu Glu

1 5 10 15

Asp Gly Phe Val Ile Arg Asn Lys

20

<210> 295

<211> 8

<212>

> PRT

<213> Glycine max

<400> 295

Glu Ile Asn Gly Pro Glu Asp Leu

1 5

<210> 296

<211> 18

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 296

Glu Tyr Val Phe Val Ala Asn Ser Asp Asn Leu Gly Ala Ile Val Asp

1 5 10 15

Leu Lys

<210> 297

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 297

Ile Leu Asn His Leu Ile Gln Asn Lys

1 5

<210> 298

<211> 26

<212>

> PRT

<213> Glycine max

<400> 298

Ile Gln Thr Pro Thr Asp Glu Val Val Val Pro Tyr Asp Thr Leu Ala

1 5 10 15

Pro Thr Pro Glu Gly Ser Ser Glu Val Lys

20 25

<210> 299

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 299

Leu Asp Ala Leu Leu Ser Gln Gly Lys

1 5

<210> 300

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 300

Arg Leu Val Glu Ala Asp Ala Leu Lys

1 5

<210> 301

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max
 <400> 301
 Ser Ala Val Ala Gly Leu Asn Glu Ile Ser Glu Asn Glu Lys
 1 5 10
 <210> 302
 <211> 12
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 302
 Ser Ile Pro Ser Ile Val Glu Leu Asp Ser Leu Lys
 1 5 10
 <210> 303
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 303
 Val Leu Gln Leu Glu Thr Ala Ala Gly Ala Ala Ile Arg Phe Phe Asp
 1 5 10 15
 Lys
 <210> 304
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 304
 Val Ser Asn Phe Leu Gly Arg Phe Lys
 1 5
 <210> 305
 <211> 1353
 <212> DNA
 <213> Glycine max
 <220><221> CDS
 <222> (1)..(1353)
 <400> 305

atg acc acc gcc acc gag aag ctc tcc gct ctc aaa tcc gcc gtc gcc	48
Met Thr Thr Ala Thr Glu Lys Leu Ser Ala Leu Lys Ser Ala Val Ala	
1 5 10 15	
 gga ttg aac gaa atc agt gag agt gag aag aac gga ttc atc agc ctc	96
Gly Leu Asn Glu Ile Ser Glu Ser Glu Lys Asn Gly Phe Ile Ser Leu	
20 25 30	
gtc agc cgc tat ctc agt ggc gaa gcg cag cat gtg gaa tgg agc aag	144
Val Ser Arg Tyr Leu Ser Gly Glu Ala Gln His Val Glu Trp Ser Lys	
35 40 45	
atc cag acg cct acg gac gaa gtg gtt gtg cct tac gac act ttg gcg	192
 Ile Gln Thr Pro Thr Asp Glu Val Val Val Pro Tyr Asp Thr Leu Ala	
50 55 60	
cca act cct gat ggt tct tcg gac gtg aag aat cta ttg gac aag ctt	240
Pro Thr Pro Asp Gly Ser Ser Asp Val Lys Asn Leu Leu Asp Lys Leu	
65 70 75 80	
gtg gtg ttg aag cta aat gga ggc ttg ggc aca act atg ggt tgc act	288
Val Val Leu Lys Leu Asn Gly Gly Leu Gly Thr Thr Met Gly Cys Thr	
85 90 95	
ggt cct aaa tct gta att gaa gtt cgt gat ggg ttg aca ttt cta gat	336
Gly Pro Lys Ser Val Ile Glu Val Arg Asp Gly Leu Thr Phe Leu Asp	
100 105 110	
tta att gtg atc cag att gag aat ctc aat tcc aaa tat gga agc aat	384
Leu Ile Val Ile Gln Ile Glu Asn Leu Asn Ser Lys Tyr Gly Ser Asn	
115 120 125	
 gtt cct ttg ctt ttg atg aat tca ttc aac act cat gat gac act caa	432
Val Pro Leu Leu Leu Met Asn Ser Phe Asn Thr His Asp Asp Thr Gln	
130 135 140	
aag att gtt gaa aaa tac caa aac tcc aat att gag att cat act ttt	480
Lys Ile Val Glu Lys Tyr Gln Asn Ser Asn Ile Glu Ile His Thr Phe	
145 150 155 160	

aac cag ggc ata ctg aca agg atg gat ggt acc ctc ctg gcc cat gga	528
Asn Gln Gly Ile Leu Thr Arg Met Asp Gly Thr Leu Leu Ala His Gly	
165 170 175	
gat gtc ttt cca tca tta ttg aac agt ggc aaa ctt gat gca cta ttg	576
Asp Val Phe Pro Ser Leu Leu Asn Ser Gly Lys Leu Asp Ala Leu Leu	
180 185 190	
tca cag ggt aaa gag tat gta ttt gtt gcc aat tca gat aac ttg gga	624
Ser Gln Gly Lys Glu Tyr Val Phe Val Ala Asn Ser Asp Asn Leu Gly	
195 200 205	
gct ata gtt gac ttg aaa atc tta aat cat ttg atc cag aac aag aat	672
Ala Ile Val Asp Leu Lys Ile Leu Asn His Leu Ile Gln Asn Lys Asn	
210 215 220	
gaa tac tgt atg gag gtg act ccc aaa aca ttg gct gat gta aag ggt	720
Glu Tyr Cys Met Glu Val Thr Pro Lys Thr Leu Ala Asp Val Lys Gly	
225 230 235 240	
ggc act ttg att tct tac gaa gga agg ctt ttg gaa att gca caa gtc	768
Gly Thr Leu Ile Ser Tyr Glu Gly Arg Leu Leu Glu Ile Ala Gln Val	
245 250 255	
cca gat gaa cat gtc aat gag ttc aag tca ata gag aag ttc aaa att	816
Pro Asp Glu His Val Asn Glu Phe Lys Ser Ile Glu Lys Phe Lys Ile	
260 265 270	
ttc aac aca aat aat ttg tgg gtg aac tta aat gca gtt aaa agg ctt	864
Phe Asn Thr Asn Asn Leu Trp Val Asn Leu Asn Ala Val Lys Arg Leu	
275 280 285	
gtt gaa gct gat gct ctt aag atg gaa att att ccc aat cca aag gaa	912
Val Glu Ala Asp Ala Leu Lys Met Glu Ile Ile Pro Asn Pro Lys Glu	
290 295 300	
gtt gat gga ata aaa gtt ctt cag ctg gaa act gca gct ggt gct gca	960
Val Asp Gly Ile Lys Val Leu Gln Leu Glu Thr Ala Ala Gly Ala Ala	

305	310	315	320	
ata agg ttc ttt gac aag gct att ggg att aat gtt cct cga tca cga				1008
Ile Arg Phe Phe Asp Lys Ala Ile Gly Ile Asn Val Pro Arg Ser Arg				
	325	330	335	
ttc ctt cct gtg aag gca act tca gat ttg ctt ctt gtc cag tct gac				1056
Phe Leu Pro Val Lys Ala Thr Ser Asp Leu Leu Leu Val Gln Ser Asp				
	340	345	350	
ctc tac act ttg gaa gat gga ttt gtc att cgg aac aaa gct agg gca				1104
Leu Tyr Thr Leu Glu Asp Gly Phe Val Ile Arg Asn Lys Ala Arg Ala				
	355	360	365	
aat cct gaa aac cct tct att gaa ctt ggg cca gaa ttt aag aag gtt				1152
Asn Pro Glu Asn Pro Ser Ile Glu Leu Gly Pro Glu Phe Lys Lys Val				
	370	375	380	
agc aac ttc ttg ggc cgc ttc aag tca att ccc agt att gtt gag ctt				1200
Ser Asn Phe Leu Gly Arg Phe Lys Ser Ile Pro Ser Ile Val Glu Leu				
385	390	395	400	
gac agt cta aaa gtg gct ggc aat gta tgg ttt gga gct ggt gtt atc				1248
Asp Ser Leu Lys Val Ala Gly Asn Val Trp Phe Gly Ala Gly Val Ile				
	405	410	415	
ctc aag gga aaa atc agt atc gtg gcc aat cct ggt gtt aag ctg gaa				1296
Leu Lys Gly Lys Ile Ser Ile Val Ala Asn Pro Gly Val Lys Leu Glu				
	420	425	430	
gtt ccc gat ggt gct gtc att tcg gat aag gaa att aat ggc cca gag				1344
Val Pro Asp Gly Ala Val Ile Ser Asp Lys Glu Ile Asn Gly Pro Glu				
	435	440	445	
gac ctc ctg				1353
Asp Leu Leu				
	450			
<210> 306				
<211> 451				
<212> PRT				

<213> Glycine max

<400> 306

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

1 5 10 15

Gly Leu Asn Glu Ile Ser Glu Ser Glu Lys Asn Gly Phe Ile Ser Leu

20 25 30

Val Ser Arg Tyr Leu Ser Gly Glu Ala Gln His Val Glu Trp Ser Lys

35 40 45

Ile Gln Thr Pro Thr Asp Glu Val Val Val Pro Tyr Asp Thr Leu Ala

50 55 60

Pro Thr Pro Asp Gly Ser Ser Asp Val Lys Asn Leu Leu Asp Lys Leu

65 70 75 80

Val Val Leu Lys Leu Asn Gly Gly Leu Gly Thr Thr Met Gly Cys Thr

85 90 95

Gly Pro Lys Ser Val Ile Glu Val Arg Asp Gly Leu Thr Phe Leu Asp

100 105 110

Leu Ile Val Ile Gln Ile Glu Asn Leu Asn Ser Lys Tyr Gly Ser Asn

115 120 125

Val Pro Leu Leu Leu Met Asn Ser Phe Asn Thr His Asp Asp Thr Gln

130 135 140

Lys Ile Val Glu Lys Tyr Gln Asn Ser Asn Ile Glu Ile His Thr Phe

145 150 155 160

Asn Gln Gly Ile Leu Thr Arg Met Asp Gly Thr Leu Leu Ala His Gly

165 170 175

Asp Val Phe Pro Ser Leu Leu Asn Ser Gly Lys Leu Asp Ala Leu Leu

180 185 190

Ser Gln Gly Lys Glu Tyr Val Phe Val Ala Asn Ser Asp Asn Leu Gly

195 200 205

Ala Ile Val Asp Leu Lys Ile Leu Asn His Leu Ile Gln Asn Lys Asn

210 215 220

Glu Tyr Cys Met Glu Val Thr Pro Lys Thr Leu Ala Asp Val Lys Gly

225 230 235 240

Gly Thr Leu Ile Ser Tyr Glu Gly Arg Leu Leu Glu Ile Ala Gln Val

245 250 255

Pro Asp Glu His Val Asn Glu Phe Lys Ser Ile Glu Lys Phe Lys Ile

260 265 270

Phe Asn Thr Asn Asn Leu Trp Val Asn Leu Asn Ala Val Lys Arg Leu

275 280 285

Val Glu Ala Asp Ala Leu Lys Met Glu Ile Ile Pro Asn Pro Lys Glu

290 295 300

Val Asp Gly Ile Lys Val Leu Gln Leu Glu Thr Ala Ala Gly Ala Ala

305 310 315 320

Ile Arg Phe Phe Asp Lys Ala Ile Gly Ile Asn Val Pro Arg Ser Arg

325 330 335

Phe Leu Pro Val Lys Ala Thr Ser Asp Leu Leu Leu Val Gln Ser Asp

340 345 350

Leu Tyr Thr Leu Glu Asp Gly Phe Val Ile Arg Asn Lys Ala Arg Ala

355 360 365

Asn Pro Glu Asn Pro Ser Ile Glu Leu Gly Pro Glu Phe Lys Lys Val

370 375 380

Ser Asn Phe Leu Gly Arg Phe Lys Ser Ile Pro Ser Ile Val Glu Leu

385 390 395 400

Asp Ser Leu Lys Val Ala Gly Asn Val Trp Phe Gly Ala Gly Val Ile

405 410 415

Leu Lys Gly Lys Ile Ser Ile Val Ala Asn Pro Gly Val Lys Leu Glu

420 425 430

Val Pro Asp Gly Ala Val Ile Ser Asp Lys Glu Ile Asn Gly Pro Glu

435 440 445

Asp Leu Leu

450

<210> 307

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 307

Ala Ile Gly Ile Asn Val Pro Arg Ser Arg Phe Leu Pro Val Lys

1 5 10 15

<210> 308

<211> 24

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 308

Ala Thr Ser Asp Leu Leu Leu Val Gln Ser Asp Leu Tyr Thr Leu Glu

1 5 10 15

Asp Gly Phe Val Ile Arg Asn Lys

20

<210> 309

<211> 18

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 309

Glu Tyr Val Phe Val Ala Asn Ser Asp Asn Leu Gly Ala Ile Val Asp

1 5 10 15

Leu Lys

<210> 310

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 310

Ile Leu Asn His Leu Ile Gln Asn Lys

1 5

<210> 311

<211> 26

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 311

Ile Gln Thr Pro Thr Asp Glu Val Val Val Pro Tyr Asp Thr Leu Ala

1 5 10 15

Pro Thr Pro Asp Gly Ser Ser Asp Val Lys

20 25

<210> 312

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 312

Leu Asp Ala Leu Leu Ser Gln Gly Lys

1 5

<210> 313

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 313

Leu Glu Val Pro Asp Gly Ala Val Ile Ser Asp Lys

1 5 10

<210> 314

<211> 9

<212> PRT

<213>

> Glycine max

<400> 314

Arg Leu Val Glu Ala Asp Ala Leu Lys

1 5

<210> 315

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 315

Ser Ala Val Ala Gly Leu Asn Glu Ile Ser Glu Ser Glu Lys

1 5 10

<210> 316

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 316

Ser Ile Pro Ser Ile Val Glu Leu Asp Ser Leu Lys

1 5 10

<210> 317

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 317

Val Leu Gln Leu Glu Thr Ala Ala Gly Ala Ala Ile Arg Phe Phe Asp

1 5 10 15

Lys

<210> 318

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 318

Val Ser Asn Phe Leu Gly Arg Phe Lys

1 5

<210> 319

<211> 1332

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1332)

<400> 319

atg gat gag gag tac gat gtg atc gtg ttg ggc acg ggt ctc aag gag 48

Met Asp Glu Glu Tyr Asp Val Ile Val Leu Gly Thr Gly Leu Lys Glu

1 5 10 15

tgc att ctc agc ggt ctt ctc tcc gtc gat ggc ctc aag gtt ctg cac 96

Cys Ile Leu Ser Gly Leu Leu Ser Val Asp Gly Leu Lys Val Leu His	
20 25 30	
atg gac agg aat gac tat tac gga gga gaa tcc act tcg ctc aat ctt	144
Met Asp Arg Asn Asp Tyr Tyr Gly Gly Glu Ser Thr Ser Leu Asn Leu	
35 40 45	
att cag ctt tgg aag aga ttc agg gga gat gac aag cct cct cca cat	192
Ile Gln Leu Trp Lys Arg Phe Arg Gly Asp Asp Lys Pro Pro Pro His	
50 55 60	
ttg gga gct agc agg gac tat aac atc gat atg aac cct aag ttt att	240
Leu Gly Ala Ser Arg Asp Tyr Asn Ile Asp Met Asn Pro Lys Phe Ile	
65 70 75 80	
atg gct aat ggc aat ttg gtg cgg gtt ctc ata cat act gat gtt act	288
Met Ala Asn Gly Asn Leu Val Arg Val Leu Ile His Thr Asp Val Thr	
85 90 95	
aag tat ctc tct ttc aaa gct gtg gat ggg agc ttt gtg ttt aat aaa	336
Lys Tyr Leu Ser Phe Lys Ala Val Asp Gly Ser Phe Val Phe Asn Lys	
100 105 110	
gga aag gtt cat aag gtg ccc gca aat gac atg gag gcc ttg aag tct	384
Gly Lys Val His Lys Val Pro Ala Asn Asp Met Glu Ala Leu Lys Ser	
115 120 125	
cca ctt atg ggg cta ttt gaa aaa cgc cga gca cgc aag ttt ttc att	432
Pro Leu Met Gly Leu Phe Glu Lys Arg Arg Ala Arg Lys Phe Phe Ile	
130 135 140	
tat gtg caa aat tac aat gag agt gat ccc aag acc cat gaa ggg atg	480
Tyr Val Gln Asn Tyr Asn Glu Ser Asp Pro Lys Thr His Glu Gly Met	
145 150 155 160	
gac ttg aca aga gtg act act aaa gag ttg ata gca aaa tac ggt ctt	528
Asp Leu Thr Arg Val Thr Thr Lys Glu Leu Ile Ala Lys Tyr Gly Leu	
165 170 175	
gat gat aac act ata gac ttc att ggt cat gct ttg gcg ctt cat agt	576
Asp Asp Asn Thr Ile Asp Phe Ile Gly His Ala Leu Ala Leu His Ser	

180	185	190	
gat gat cgc tac ttg gct gag cca gca ctg gac act gtg aag aga atg			624
Asp Asp Arg Tyr Leu Ala Glu Pro Ala Leu Asp Thr Val Lys Arg Met			
195	200	205	
aag tta tat gca gag tct ctt gca cgc ttt caa gga ggg tca cct tac			672
Lys Leu Tyr Ala Glu Ser Leu Ala Arg Phe Gln Gly Gly Ser Pro Tyr			
210	215	220	
ata tat cct ttg tat ggt tta gga gag ctt ccc cag gca ttt gca cgg			720
Ile Tyr Pro Leu Tyr Gly Leu Gly Glu Leu Pro Gln Ala Phe Ala Arg			
225	230	235	240
ctt agt gct gtt tat ggt ggg aca tat atg ttg aat aag cct gag tgc			768
Leu Ser Ala Val Tyr Gly Gly Thr Tyr Met Leu Asn Lys Pro Glu Cys			
245	250	255	
aag gta gaa ttt gat gag gaa gga aag gtt gtt ggt gtc aca tct gaa			816
Lys Val Glu Phe Asp Glu Glu Gly Lys Val Val Gly Val Thr Ser Glu			
260	265	270	
ggg gaa act gca aag tgc aaa aaa gtt gtt tgt gat cca tca tat ttg			
Gly Glu Thr Ala Lys Cys Lys Lys Val Val Cys Asp Pro Ser Tyr Leu			864
275	280	285	
ccc ggc aag gtg agg aag gtt ggt agg gtt gca aga gca ata gcc ata			912
Pro Gly Lys Val Arg Lys Val Gly Arg Val Ala Arg Ala Ile Ala Ile			
290	295	300	
atg agt cac cca atc ccc agc act gat gat tcc cat tcg gtg caa att			960
Met Ser His Pro Ile Pro Ser Thr Asp Asp Ser His Ser Val Gln Ile			
305	310	315	320
att tta cca cag aaa cag ttg ggt cgg aag tca gac atg tac cta ttt			1008
Ile Leu Pro Gln Lys Gln Leu Gly Arg Lys Ser Asp Met Tyr Leu Phe			
325	330	335	
tgt tgt tca tat act cac aat gtt gct cca aag gga aaa ttt att gca			1056

Cys Cys Ser Tyr Thr His Asn Val Ala Pro Lys Gly Lys Phe Ile Ala

340 345 350
 ttt gta tca acc gag gca gag aca gat cag cca gca att gaa cta aaa 1104

Phe Val Ser Thr Glu Ala Glu Thr Asp Gln Pro Ala Ile Glu Leu Lys

355 360 365
 cct gga att gac ctt cta gga cct gtt gat gag ata ttt ttt gat atc 1152

Pro Gly Ile Asp Leu Leu Gly Pro Val Asp Glu Ile Phe Phe Asp Ile

370 375 380
 tat gac aga tat gaa ccg gtc aat gaa ccc act ttg gac aac tgc ttt 1200

Tyr Asp Arg Tyr Glu Pro Val Asn Glu Pro Thr Leu Asp Asn Cys Phe

385 390 395 400
 gta tca aca agt tat gat gct act act cac ttt gag tcg acc gtg gat 1248

Val Ser Thr Ser Tyr Asp Ala Thr Thr His Phe Glu Ser Thr Val Asp

405 410 415
 gat gtt ctc aac atg tat aca ttg ata act gga aag gtt att gac ctg 1296

Asp Val Leu Asn Met Tyr Thr Leu Ile Thr Gly Lys Val Ile Asp Leu

420 425 430
 agt gtg gat ctt agt gct gct agt gct gca gaa gag 1332

Ser Val Asp Leu Ser Ala Ala Ser Ala Ala Glu Glu

435 440
 <210> 320
 <211> 444
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 320

Met Asp Glu Glu Tyr Asp Val Ile Val Leu Gly Thr Gly Leu Lys Glu

1 5 10 15
 Cys Ile Leu Ser Gly Leu Leu Ser Val Asp Gly Leu Lys Val Leu His

20 25 30
 Met Asp Arg Asn Asp Tyr Tyr Gly Gly Glu Ser Thr Ser Leu Asn Leu

35 40 45

Ile Gln Leu Trp Lys Arg Phe Arg Gly Asp Asp Lys Pro Pro Pro His
 50 55 60
 Leu Gly Ala Ser Arg Asp Tyr Asn Ile Asp Met Asn Pro Lys Phe Ile

 65 70 75 80
 Met Ala Asn Gly Asn Leu Val Arg Val Leu Ile His Thr Asp Val Thr
 85 90 95
 Lys Tyr Leu Ser Phe Lys Ala Val Asp Gly Ser Phe Val Phe Asn Lys
 100 105 110
 Gly Lys Val His Lys Val Pro Ala Asn Asp Met Glu Ala Leu Lys Ser
 115 120 125
 Pro Leu Met Gly Leu Phe Glu Lys Arg Arg Ala Arg Lys Phe Phe Ile

 130 135 140
 Tyr Val Gln Asn Tyr Asn Glu Ser Asp Pro Lys Thr His Glu Gly Met
 145 150 155 160
 Asp Leu Thr Arg Val Thr Thr Lys Glu Leu Ile Ala Lys Tyr Gly Leu
 165 170 175
 Asp Asp Asn Thr Ile Asp Phe Ile Gly His Ala Leu Ala Leu His Ser
 180 185 190
 Asp Asp Arg Tyr Leu Ala Glu Pro Ala Leu Asp Thr Val Lys Arg Met

 195 200 205
 Lys Leu Tyr Ala Glu Ser Leu Ala Arg Phe Gln Gly Gly Ser Pro Tyr
 210 215 220
 Ile Tyr Pro Leu Tyr Gly Leu Gly Glu Leu Pro Gln Ala Phe Ala Arg
 225 230 235 240
 Leu Ser Ala Val Tyr Gly Gly Thr Tyr Met Leu Asn Lys Pro Glu Cys
 245 250 255
 Lys Val Glu Phe Asp Glu Glu Gly Lys Val Val Gly Val Thr Ser Glu

 260 265 270
 Gly Glu Thr Ala Lys Cys Lys Lys Val Val Cys Asp Pro Ser Tyr Leu
 275 280 285
 Pro Gly Lys Val Arg Lys Val Gly Arg Val Ala Arg Ala Ile Ala Ile

290 295 300
Met Ser His Pro Ile Pro Ser Thr Asp Asp Ser His Ser Val Gln Ile
305 310 315 320
Ile Leu Pro Gln Lys Gln Leu Gly Arg Lys Ser Asp Met Tyr Leu Phe

325 330 335
Cys Cys Ser Tyr Thr His Asn Val Ala Pro Lys Gly Lys Phe Ile Ala
340 345 350
Phe Val Ser Thr Glu Ala Glu Thr Asp Gln Pro Ala Ile Glu Leu Lys
355 360 365
Pro Gly Ile Asp Leu Leu Gly Pro Val Asp Glu Ile Phe Phe Asp Ile
370 375 380
Tyr Asp Arg Tyr Glu Pro Val Asn Glu Pro Thr Leu Asp Asn Cys Phe

385 390 395 400
Val Ser Thr Ser Tyr Asp Ala Thr Thr His Phe Glu Ser Thr Val Asp
405 410 415
Asp Val Leu Asn Met Tyr Thr Leu Ile Thr Gly Lys Val Ile Asp Leu
420 425 430
Ser Val Asp Leu Ser Ala Ala Ser Ala Ala Glu Glu
435 440

<210> 321

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 321

Ala Val Asp Gly Ser Phe Val Phe Asn Lys

1 5 10

<210> 322

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 322

Phe Phe Ile Tyr Val Gln Asn Tyr Asn Glu Ser Asp Pro Lys

1 5 10

<210> 323

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 323

Val Glu Phe Asp Glu Glu Gly Lys

1 5

<210> 324

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 324

Val Ile Asp Leu Ser Val Asp Leu Ser Ala Ala Ser Ala Ala Glu Glu

1 5 10 15

<210> 325

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 325

Val Val Gly Val Thr Ser Glu Gly Glu Thr Ala Lys

1 5 10

<210> 326

<211> 1332

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1332)

<400> 326

atg gat gag gag tac gat gtg atc gtg ttg ggc acg ggt ctc aag gag 48

Met Asp Glu Glu Tyr Asp Val Ile Val Leu Gly Thr Gly Leu Lys Glu

1 5 10 15

tgc att ctc agc ggt ctt ctc tcc gtc gat ggc ctc aag gtt ctg cat 96

Cys Ile Leu Ser Gly Leu Leu Ser Val Asp Gly Leu Lys Val Leu His	
20 25 30	
atg gat agg aac gac tat tac gga gga gaa tcc act tcg ctc aat ctt	144
Met Asp Arg Asn Asp Tyr Tyr Gly Gly Glu Ser Thr Ser Leu Asn Leu	
35 40 45	
att cag ctt tgg aag aga ttc agg gga gat gac aag cct cct cca cat	192
Ile Gln Leu Trp Lys Arg Phe Arg Gly Asp Asp Lys Pro Pro Pro His	
50 55 60	
ttg ggc gct agc agg gac tac aac atc gat atg aac ccc aag ttt att	240
Leu Gly Ala Ser Arg Asp Tyr Asn Ile Asp Met Asn Pro Lys Phe Ile	
65 70 75 80	
atg gct aat ggc aat ttg gtg cgg gtt ctc ata cat acc gat gtt aca	288
Met Ala Asn Gly Asn Leu Val Arg Val Leu Ile His Thr Asp Val Thr	
85 90 95	
aag tat ctc tat ttc aaa gct gtg gat ggg agc tat gtg ttt aat aaa	336
Lys Tyr Leu Tyr Phe Lys Ala Val Asp Gly Ser Tyr Val Phe Asn Lys	
100 105 110	
gga aag gtt cat aag gtg cct gca aac gac atg gag gcc ttg aag tcc	384
Gly Lys Val His Lys Val Pro Ala Asn Asp Met Glu Ala Leu Lys Ser	
115 120 125	
cca ctt atg ggg cta ttt gaa aaa cgc cgg gca cgc aag ttt ttc att	432
Pro Leu Met Gly Leu Phe Glu Lys Arg Arg Ala Arg Lys Phe Phe Ile	
130 135 140	
tat gtg caa aac tac aac gag agc gat ccc aag acc cac gag ggg atg	480
Tyr Val Gln Asn Tyr Asn Glu Ser Asp Pro Lys Thr His Glu Gly Met	
145 150 155 160	
gac ttg aca aga gtg act act aaa gag ttg ata gca aaa tac ggc ctt	528
Asp Leu Thr Arg Val Thr Thr Lys Glu Leu Ile Ala Lys Tyr Gly Leu	
165 170 175	
gat gac aac act ata gac ttc att ggt cat gct ttg gcg ctt cat agc	576
Asp Asp Asn Thr Ile Asp Phe Ile Gly His Ala Leu Ala Leu His Ser	

180	185	190	
gat gat cgc tac ttg gct gag cca gca ctg gac acc gtg aag aga atg			624
Asp Asp Arg Tyr Leu Ala Glu Pro Ala Leu Asp Thr Val Lys Arg Met			
195	200	205	
aag tta tat gca gag tct ctt gca cgc ttt caa gga ggg tca cct tac			672
Lys Leu Tyr Ala Glu Ser Leu Ala Arg Phe Gln Gly Gly Ser Pro Tyr			
210	215	220	
ata tat cct ttg tat ggt tta gga gag ctt ccc cag gca ttt gca cgg			720
Ile Tyr Pro Leu Tyr Gly Leu Gly Glu Leu Pro Gln Ala Phe Ala Arg			
225	230	235	240
ctt agt gct gtt tat ggt gga aca tat atg ttg aat aag cct gag tgc			768
Leu Ser Ala Val Tyr Gly Gly Thr Tyr Met Leu Asn Lys Pro Glu Cys			
245	250	255	
aag gta gaa ttt gat gag gaa gga aag gtt gtt ggt gtt aca tct gaa			816
Lys Val Glu Phe Asp Glu Glu Gly Lys Val Val Gly Val Thr Ser Glu			
260	265	270	
ggg gaa act gca aag tgt aaa aaa gtt gtt tgt gat cca tca tat ttg			864
Gly Glu Thr Ala Lys Cys Lys Lys Val Val Cys Asp Pro Ser Tyr Leu			
275	280	285	
cct ggc aag gtg agg aag gtt ggt agg gtt gca agg gcg ata gcc atc			912
Pro Gly Lys Val Arg Lys Val Gly Arg Val Ala Arg Ala Ile Ala Ile			
290	295	300	
atg agc cac cca atc ccc agc act gat gat tcc cat tca gtg caa att			960
Met Ser His Pro Ile Pro Ser Thr Asp Asp Ser His Ser Val Gln Ile			
305	310	315	320
att tta cca cag aaa cag ttg ggt cgg aag tca gac atg tac cta ttt			1008
Ile Leu Pro Gln Lys Gln Leu Gly Arg Lys Ser Asp Met Tyr Leu Phe			
325	330	335	
tgt tgt tcg tat act cac aat gtt gct cca aag gga aaa ttt att gca			1056
Cys Cys Ser Tyr Thr His Asn Val Ala Pro Lys Gly Lys Phe Ile Ala			

340	345	350	
ttt gta tca act gag gca gag aca gat cag ccg gca att gga ctg aaa Phe Val Ser Thr Glu Ala Glu Thr Asp Gln Pro Ala Ile Gly Leu Lys			1104
355	360	365	
cct gga att gac ctt cta gga cct gtt gat gag ata ttt ttt gat atc Pro Gly Ile Asp Leu Leu Gly Pro Val Asp Glu Ile Phe Phe Asp Ile			1152
370	375	380	
tat gac aga tat gaa cca gtc aac gaa ccc act ttg gac aac tgc ttt			1200
Tyr Asp Arg Tyr Glu Pro Val Asn Glu Pro Thr Leu Asp Asn Cys Phe 385 390 395 400			
ata tca aca agt tat gat gct act act cac ttt gag tcg act gtg gat Ile Ser Thr Ser Tyr Asp Ala Thr Thr His Phe Glu Ser Thr Val Asp			1248
405	410	415	
gac gtt ctc aac atg tat aca ttg ata act gga aag gtt att gac ctc Asp Val Leu Asn Met Tyr Thr Leu Ile Thr Gly Lys Val Ile Asp Leu			1296
420	425	430	
agt gtg gat ctt agt gct gct agt gct gca gaa gag Ser Val Asp Leu Ser Ala Ala Ser Ala Ala Glu Glu			1332
435	440		
<210> 327 <211> 444 <212> PRT <213> Glycine max <400> 327			
Met Asp Glu Glu Tyr Asp Val Ile Val Leu Gly Thr Gly Leu Lys Glu 1 5 10 15			
Cys Ile Leu Ser Gly Leu Leu Ser Val Asp Gly Leu Lys Val Leu His 20 25 30			
Met Asp Arg Asn Asp Tyr Tyr Gly Gly Glu Ser Thr Ser Leu Asn Leu 35 40 45			
Ile Gln Leu Trp Lys Arg Phe Arg Gly Asp Asp Lys Pro Pro Pro His			

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

Met Ser His Pro Ile Pro Ser Thr Asp Asp Ser His Ser Val Gln Ile
 305 310 315 320
 Ile Leu Pro Gln Lys Gln Leu Gly Arg Lys Ser Asp Met Tyr Leu Phe
 325 330 335

Cys Cys Ser Tyr Thr His Asn Val Ala Pro Lys Gly Lys Phe Ile Ala
 340 345 350
 Phe Val Ser Thr Glu Ala Glu Thr Asp Gln Pro Ala Ile Gly Leu Lys
 355 360 365
 Pro Gly Ile Asp Leu Leu Gly Pro Val Asp Glu Ile Phe Phe Asp Ile
 370 375 380
 Tyr Asp Arg Tyr Glu Pro Val Asn Glu Pro Thr Leu Asp Asn Cys Phe
 385 390 395 400

Ile Ser Thr Ser Tyr Asp Ala Thr Thr His Phe Glu Ser Thr Val Asp
 405 410 415
 Asp Val Leu Asn Met Tyr Thr Leu Ile Thr Gly Lys Val Ile Asp Leu
 420 425 430
 Ser Val Asp Leu Ser Ala Ala Ser Ala Ala Glu Glu
 435 440

<210> 328
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 328

Ala Val Asp Gly Ser Tyr Val Phe Asn Lys
 1 5 10

<210> 329
 <211> 14
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 329

Phe Phe Ile Tyr Val Gln Asn Tyr Asn Glu Ser Asp Pro Lys
 1 5 10

<210> 330

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 330

Val Glu Phe Asp Glu Glu Gly Lys

1 5

<210> 331

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 331

Val Ile Asp Leu Ser Val Asp Leu Ser Ala Ala Ser Ala Ala Glu Glu

1 5 10 15

<210> 332

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 332

Val Val Gly Val Thr Ser Glu Gly Glu Thr Ala Lys

1 5 10

<210> 333

<211> 1512

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1512)

<400> 333

atg gcg atg aga acc aaa ctt tct tta gct atc ttt ttc ttt ttt ctt 48

Met Ala Met Arg Thr Lys Leu Ser Leu Ala Ile Phe Phe Phe Phe Leu

1 5 10 15

tta gcc tta ttt tca aac cta gcc ttt ggc aaa tgt aaa gaa acc gag 96

Leu Ala Leu Phe Ser Asn Leu Ala Phe Gly Lys Cys Lys Glu Thr Glu

20	25	30	
gta gaa gaa gaa gac cct gag ctc gta aca tgc aaa cac caa tgc caa			144
Val Glu Glu Glu Asp Pro Glu Leu Val Thr Cys Lys His Gln Cys Gln			
35	40	45	
cag cca cag caa tac act gag ggt gac aag cgg gta tgc ttg caa aga			192
Gln Pro Gln Gln Tyr Thr Glu Gly Asp Lys Arg Val Cys Leu Gln Arg			
50	55	60	
tgt gac agg tat cat cgt atg aag caa gag cga gag aaa caa atc caa			240
Cys Asp Arg Tyr His Arg Met Lys Gln Glu Arg Glu Lys Gln Ile Gln			
65	70	75	80
gag gaa act cgt gag aag aaa gag gag gaa agc cgt gaa agg gaa gaa			288
Glu Glu Thr Arg Glu Lys Lys Glu Glu Glu Ser Arg Glu Arg Glu Glu			
85	90	95	
gaa caa caa gag cag cat gag gaa caa gat gaa aat ccc tac att ttt			336
Glu Gln Gln Glu Gln His Glu Glu Gln Asp Glu Asn Pro Tyr Ile Phe			
100	105	110	
gag gaa gat aag gat ttt gag acc aga gtc gaa act gaa ggt ggc aga			384
Glu Glu Asp Lys Asp Phe Glu Thr Arg Val Glu Thr Glu Gly Gly Arg			
115	120	125	
att cgg gtt ctc aag aag ttc act gaa aaa tcc aag ctt ctt cag ggc			432
Ile Arg Val Leu Lys Lys Phe Thr Glu Lys Ser Lys Leu Leu Gln Gly			
130	135	140	
att gag aac ttc cgt ttg gcc att ttg gaa gct aga gca cac acg ttc			480
Ile Glu Asn Phe Arg Leu Ala Ile Leu Glu Ala Arg Ala His Thr Phe			
145	150	155	160
gtg tct cct cgc cac ttt gat tcc gag gtt gtt ttt ttc aac atc aag			528
Val Ser Pro Arg His Phe Asp Ser Glu Val Val Phe Phe Asn Ile Lys			
165	170	175	
ggg cga gcc gta ctt ggg ttg gtg agt gaa agt gaa aca gaa aaa atc			576
Gly Arg Ala Val Leu Gly Leu Val Ser Glu Ser Glu Thr Glu Lys Ile			
180	185	190	

acc ctt gaa cct ggg gac atg ata cac ata cca gct ggc acc cca ctg	624
Thr Leu Glu Pro Gly Asp Met Ile His Ile Pro Ala Gly Thr Pro Leu	
195 200 205	
tac atc gtt aac aga gat gag aat gat aag ctc ttc ctt gcc atg ctc	672
Tyr Ile Val Asn Arg Asp Glu Asn Asp Lys Leu Phe Leu Ala Met Leu	
210 215 220	
cat ata cct gtc tct gtc tct act cct gga aaa ttt gag gaa ttt ttc	720
His Ile Pro Val Ser Val Ser Thr Pro Gly Lys Phe Glu Glu Phe Phe	
225 230 235 240	
ggg cct gga gga cga gac cca gaa tcg gtc ctc tca gca ttc agc tgg	768
Gly Pro Gly Gly Arg Asp Pro Glu Ser Val Leu Ser Ala Phe Ser Trp	
245 250 255	
aat gtg ctg caa gct gcg ctc caa acc cca aaa gga aag tta gaa aag	816
Asn Val Leu Gln Ala Ala Leu Gln Thr Pro Lys Gly Lys Leu Glu Lys	
260 265 270	
ctt ttt gat caa cag aac gag gga agt att ttc gca ata agc aga gaa	864
Leu Phe Asp Gln Gln Asn Glu Gly Ser Ile Phe Ala Ile Ser Arg Glu	
275 280 285	
cag gtg cgt gcg ttg gcc cct acc aag aaa agc tct tgg tgg cca ttc	912
Gln Val Arg Ala Leu Ala Pro Thr Lys Lys Ser Ser Trp Trp Pro Phe	
290 295 300	
ggt ggc gaa tcc aag cct caa ttc aat att ttc agc aag cgt ccc act	960
Gly Gly Glu Ser Lys Pro Gln Phe Asn Ile Phe Ser Lys Arg Pro Thr	
305 310 315 320	
atc tcc aac gga tat ggt cgt tta act gaa gtt ggt cct gac gat gat	1008
Ile Ser Asn Gly Tyr Gly Arg Leu Thr Glu Val Gly Pro Asp Asp Asp	
325 330 335	
gaa aag agt tgg ctt caa aga ctc aat ctc atg ctt acc ttt acc aac	1056
Glu Lys Ser Trp Leu Gln Arg Leu Asn Leu Met Leu Thr Phe Thr Asn	

340	345	350	
atc acc cag aga tct atg agt act att cac tac aac tca cat gca acg			1104
Ile Thr Gln Arg Ser Met Ser Thr Ile His Tyr Asn Ser His Ala Thr			
355	360	365	
aag ata gca ctg gtg atc gat ggc aga ggg cat ctt caa ata tca tgt			1152
Lys Ile Ala Leu Val Ile Asp Gly Arg Gly His Leu Gln Ile Ser Cys			
370	375	380	
cca cac atg tca tca agg tcg tca cac tcg aag cat gat aag agt agc			1200
Pro His Met Ser Ser Arg Ser Ser His Ser Lys His Asp Lys Ser Ser			
385	390	395	400
cct tca tac cat aga atc agt tcc gat ttg aag cct gga atg gtg ttt			1248
Pro Ser Tyr His Arg Ile Ser Ser Asp Leu Lys Pro Gly Met Val Phe			
405	410	415	
gtt gtc cct ccc ggt cat ccc ttc gtc acc ata gct tcc aat aaa gag			1296
Val Val Pro Pro Gly His Pro Phe Val Thr Ile Ala Ser Asn Lys Glu			
420	425	430	
aat ctc ctc atg att tgc ttc gag gtt aac gct cga gac aac aag aag			1344
Asn Leu Leu Met Ile Cys Phe Glu Val Asn Ala Arg Asp Asn Lys Lys			
435	440	445	
ttt aca ttt gca ggg aag gac aac att gtg agt tct ctg gac aac gtt			1392
Phe Thr Phe Ala Gly Lys Asp Asn Ile Val Ser Ser Leu Asp Asn Val			
450	455	460	
gct aag gag ctt gcc ttt aac tat cct tct gag atg gtg aac gga gta			1440
Ala Lys Glu Leu Ala Phe Asn Tyr Pro Ser Glu Met Val Asn Gly Val			
465	470	475	480
ttc gac cga aag gag agt ttc ttt ttc cct ttt gag ttg ccg aga gag			1488
Phe Asp Arg Lys Glu Ser Phe Phe Phe Pro Phe Glu Leu Pro Arg Glu			
485	490	495	
gag cgt ggt cgt cgc gct gat gcg			1512

Glu Arg Gly Arg Arg Ala Asp Ala

500

<210> 334

<211> 504

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 334

Met Ala Met Arg Thr Lys Leu Ser Leu Ala Ile Phe Phe Phe Phe Leu

1 5 10 15

Leu Ala Leu Phe Ser Asn Leu Ala Phe Gly Lys Cys Lys Glu Thr Glu

20 25 30

Val Glu Glu Glu Asp Pro Glu Leu Val Thr Cys Lys His Gln Cys Gln

35 40 45

Gln Pro Gln Gln Tyr Thr Glu Gly Asp Lys Arg Val Cys Leu Gln Arg

50 55 60

Cys Asp Arg Tyr His Arg Met Lys Gln Glu Arg Glu Lys Gln Ile Gln

65 70 75 80

Glu Glu Thr Arg Glu Lys Lys Glu Glu Glu Ser Arg Glu Arg Glu Glu

85 90 95

Glu Gln Gln Glu Gln His Glu Glu Gln Asp Glu Asn Pro Tyr Ile Phe

100 105 110

Glu Glu Asp Lys Asp Phe Glu Thr Arg Val Glu Thr Glu Gly Gly Arg

115 120 125

Ile Arg Val Leu Lys Lys Phe Thr Glu Lys Ser Lys Leu Leu Gln Gly

130 135 140

Ile Glu Asn Phe Arg Leu Ala Ile Leu Glu Ala Arg Ala His Thr Phe

145 150 155 160

Val Ser Pro Arg His Phe Asp Ser Glu Val Val Phe Phe Asn Ile Lys

165 170 175

Gly Arg Ala Val Leu Gly Leu Val Ser Glu Ser Glu Thr Glu Lys Ile

180 185 190

Thr Leu Glu Pro Gly Asp Met Ile His Ile Pro Ala Gly Thr Pro Leu

195 200 205
 Tyr Ile Val Asn Arg Asp Glu Asn Asp Lys Leu Phe Leu Ala Met Leu
 210 215 220
 His Ile Pro Val Ser Val Ser Thr Pro Gly Lys Phe Glu Glu Phe Phe

 225 230 235 240
 Gly Pro Gly Gly Arg Asp Pro Glu Ser Val Leu Ser Ala Phe Ser Trp
 245 250 255
 Asn Val Leu Gln Ala Ala Leu Gln Thr Pro Lys Gly Lys Leu Glu Lys
 260 265 270
 Leu Phe Asp Gln Gln Asn Glu Gly Ser Ile Phe Ala Ile Ser Arg Glu
 275 280 285
 Gln Val Arg Ala Leu Ala Pro Thr Lys Lys Ser Ser Trp Trp Pro Phe

 290 295 300
 Gly Gly Glu Ser Lys Pro Gln Phe Asn Ile Phe Ser Lys Arg Pro Thr
 305 310 315 320
 Ile Ser Asn Gly Tyr Gly Arg Leu Thr Glu Val Gly Pro Asp Asp Asp
 325 330 335
 Glu Lys Ser Trp Leu Gln Arg Leu Asn Leu Met Leu Thr Phe Thr Asn
 340 345 350
 Ile Thr Gln Arg Ser Met Ser Thr Ile His Tyr Asn Ser His Ala Thr

 355 360 365
 Lys Ile Ala Leu Val Ile Asp Gly Arg Gly His Leu Gln Ile Ser Cys
 370 375 380
 Pro His Met Ser Ser Arg Ser Ser His Ser Lys His Asp Lys Ser Ser
 385 390 395 400
 Pro Ser Tyr His Arg Ile Ser Ser Asp Leu Lys Pro Gly Met Val Phe
 405 410 415
 Val Val Pro Pro Gly His Pro Phe Val Thr Ile Ala Ser Asn Lys Glu

 420 425 430
 Asn Leu Leu Met Ile Cys Phe Glu Val Asn Ala Arg Asp Asn Lys Lys
 435 440 445

Phe Thr Phe Ala Gly Lys Asp Asn Ile Val Ser Ser Leu Asp Asn Val
450 455 460

Ala Lys Glu Leu Ala Phe Asn Tyr Pro Ser Glu Met Val Asn Gly Val
465 470 475 480

Phe Asp Arg Lys Glu Ser Phe Phe Phe Pro Phe Glu Leu Pro Arg Glu

485 490 495

Glu Arg Gly Arg Arg Ala Asp Ala

500

<210> 335

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 335

Asp Phe Glu Thr Arg Val Glu Thr Glu Gly Gly Arg Ile Arg Val Leu

1 5 10 15

Lys

<210> 336

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 336

Asp Asn Ile Val Ser Ser Leu Asp Asn Val Ala Lys

1 5 10

<210> 337

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 337

Gly Arg Ala Val Leu Gly Leu Val Ser Glu Ser Glu Thr Glu Lys

1 5 10 15

<210> 338

<211> 25

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 338

Leu Phe Asp Gln Gln Asn Glu Gly Ser Ile Phe Ala Ile Ser Arg Glu

1 5 10 15

Gln Val Arg Ala Leu Ala Pro Thr Lys

20 25

<210> 339

<211> 21

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 339

Arg Pro Thr Ile Ser Asn Gly Tyr Gly Arg Leu Thr Glu Val Gly Pro

1 5 10 15

Asp Asp Asp Glu Lys

20

<210> 340

<211> 1467

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1467)

<400> 340

atg gcg acc aga gcc aag ctt tct tta gct atc ttc ctt ttc ttt ctt 48

Met Ala Thr Arg Ala Lys Leu Ser Leu Ala Ile Phe Leu Phe Phe Leu

1 5 10 15

tta gcc ttg att tca aac cta gcc ttg ggc aaa ctt aaa gaa acc gag 96

Leu Ala Leu Ile Ser Asn Leu Ala Leu Gly Lys Leu Lys Glu Thr Glu

20 25 30

gtc gaa gaa gat ccc gag ctc gta aca tgc aaa cac cag tgc caa cag 144

Val Glu Glu Asp Pro Glu Leu Val Thr Cys Lys His Gln Cys Gln Gln

35 40 45

caa cgg caa tac act gag agt gac aag cga aca tgc ttg caa caa tgt	192
Gln Arg Gln Tyr Thr Glu Ser Asp Lys Arg Thr Cys Leu Gln Gln Cys	
50 55 60	
gac agt atg aag caa gag cga gag aaa caa gtc gaa gag gaa act cgc	240
Asp Ser Met Lys Gln Glu Arg Glu Lys Gln Val Glu Glu Glu Thr Arg	
65 70 75 80	
gag aag gaa gaa gaa cat caa gag cag cat gag gag gag caa gac caa	288
Glu Lys Glu Glu Glu His Gln Glu Gln His Glu Glu Glu Gln Asp Gln	
85 90 95	
aat ccc tac gtt ttt gaa gaa gat aag gat ttt tcg acc aga gtc gaa	336
Asn Pro Tyr Val Phe Glu Glu Asp Lys Asp Phe Ser Thr Arg Val Glu	
100 105 110	
aca gaa ggt ggc agc att cgg gtt ctc aag aag ttc act gag aaa tcc	384
Thr Glu Gly Gly Ser Ile Arg Val Leu Lys Lys Phe Thr Glu Lys Ser	
115 120 125	
aag ctt ctt caa ggc aat gag aat ttc cgt ttg gcc atc tta gaa gct	432
Lys Leu Leu Gln Gly Asn Glu Asn Phe Arg Leu Ala Ile Leu Glu Ala	
130 135 140	
aga gca cac acg ttc gtg tcc cca cgc cac ttt gat tcc gag gtt gtc	480
Arg Ala His Thr Phe Val Ser Pro Arg His Phe Asp Ser Glu Val Val	
145 150 155 160	
ttg ttc aac att aag ggg aga gcc gta ctt ggg ttg gtg agg gaa agt	528
Leu Phe Asn Ile Lys Gly Arg Ala Val Leu Gly Leu Val Arg Glu Ser	
165 170 175	
gaa aca gaa aaa atc acc cta gaa cct gga gac atg ata cac ata cca	576
Glu Thr Glu Lys Ile Thr Leu Glu Pro Gly Asp Met Ile His Ile Pro	
180 185 190	
gca ggc aca cca ctg tac atc gtt aac aga gat gag aat gag aag ctc	624
Ala Gly Thr Pro Leu Tyr Ile Val Asn Arg Asp Glu Asn Glu Lys Leu	

195	200	205	
ctc ctt gcc atg ctc cat ata cct gtc tct act cct gga aaa ttt gag			672
Leu Leu Ala Met Leu His Ile Pro Val Ser Thr Pro Gly Lys Phe Glu			
210	215	220	
gaa ttt ttc ggg cct gga gga cga gac cca gaa tcg gtc ctc tca gca			720
Glu Phe Phe Gly Pro Gly Gly Arg Asp Pro Glu Ser Val Leu Ser Ala			
225	230	235	240
ttc agc tgg aat gtg ctg caa gct gcg ctc caa acc cca aaa gga aag			768
Phe Ser Trp Asn Val Leu Gln Ala Ala Leu Gln Thr Pro Lys Gly Lys			
245	250	255	
tta gaa agg ctt ttt aat caa cag aac gag gga agt att ttc aaa ata			816
Leu Glu Arg Leu Phe Asn Gln Gln Asn Glu Gly Ser Ile Phe Lys Ile			
260	265	270	
agc aga gaa cgg gtg cgt gcg ttg gcc ccc acc aag aaa agc tct tgg			864
Ser Arg Glu Arg Val Arg Ala Leu Ala Pro Thr Lys Lys Ser Ser Trp			
275	280	285	
tgg cca ttc ggc ggc gaa tcc aag gct caa ttc aat att ttc agc aag			912
Trp Pro Phe Gly Gly Glu Ser Lys Ala Gln Phe Asn Ile Phe Ser Lys			
290	295	300	
cgt ccc act ttc tcc aac gga tat ggc cgt tta act gaa gtt ggt cct			960
Arg Pro Thr Phe Ser Asn Gly Tyr Gly Arg Leu Thr Glu Val Gly Pro			
305	310	315	320
gat gat gaa aag agt tgg ctt caa aga ctc aac ctc atg ctt acc ttt			1008
Asp Asp Glu Lys Ser Trp Leu Gln Arg Leu Asn Leu Met Leu Thr Phe			
325	330	335	
acc aac atc acc cag aga tct atg agt act att cac tac aac tca cat			1056
Thr Asn Ile Thr Gln Arg Ser Met Ser Thr Ile His Tyr Asn Ser His			
340	345	350	
gca acg aag ata gca ctg gtg atg gat ggt aga ggg cat ctt caa ata			1104
Ala Thr Lys Ile Ala Leu Val Met Asp Gly Arg Gly His Leu Gln Ile			
355	360	365	

tca tgt cca cac atg tca tca agg tca gac tca aag cat gat aag agt 1152
 Ser Cys Pro His Met Ser Ser Arg Ser Asp Ser Lys His Asp Lys Ser
 370 375 380

agc ccc tca tac cat aga atc agt gcg gac ttg aag cct gga atg gtg 1200

Ser Pro Ser Tyr His Arg Ile Ser Ala Asp Leu Lys Pro Gly Met Val
 385 390 395 400

ttt gtt gtc cct cct ggt cat ccc ttc gtc act ata gct tcc aat aaa 1248
 Phe Val Val Pro Pro Gly His Pro Phe Val Thr Ile Ala Ser Asn Lys
 405 410 415

gag aat ctc ctc ata att tgc ttc gag gtt aac gtt cga gac aac aag 1296
 Glu Asn Leu Leu Ile Ile Cys Phe Glu Val Asn Val Arg Asp Asn Lys
 420 425 430

aag ttt acg ttt gca ggg aag gac aac att gtg agc tct ctg gac aac 1344
 Lys Phe Thr Phe Ala Gly Lys Asp Asn Ile Val Ser Ser Leu Asp Asn
 435 440 445

gta gct aag gag ctg gcc ttt aac tat cct tct gag atg gtg aac gga 1392
 Val Ala Lys Glu Leu Ala Phe Asn Tyr Pro Ser Glu Met Val Asn Gly
 450 455 460

gtc ttc gaa aga aag gag agt ctc ttt ttc ccc ttc gag ttg ccg agc 1440
 Val Phe Glu Arg Lys Glu Ser Leu Phe Phe Pro Phe Glu Leu Pro Ser
 465 470 475 480

gag gag cgt ggt cgt cgc gct gtt gcg 1467
 Glu Glu Arg Gly Arg Arg Ala Val Ala
 485

<210> 341
 <211> 489
 <212> PRT
 <213> Glycine max

<400> 341
 Met Ala Thr Arg Ala Lys Leu Ser Leu Ala Ile Phe Leu Phe Phe Leu
 1 5 10 15

Leu Ala Leu Ile Ser Asn Leu Ala Leu Gly Lys Leu Lys Glu Thr Glu
 20 25 30
 Val Glu Glu Asp Pro Glu Leu Val Thr Cys Lys His Gln Cys Gln Gln
 35 40 45
 Gln Arg Gln Tyr Thr Glu Ser Asp Lys Arg Thr Cys Leu Gln Gln Cys
 50 55 60

 Asp Ser Met Lys Gln Glu Arg Glu Lys Gln Val Glu Glu Glu Thr Arg
 65 70 75 80
 Glu Lys Glu Glu Glu His Gln Glu Gln His Glu Glu Glu Gln Asp Gln
 85 90 95
 Asn Pro Tyr Val Phe Glu Glu Asp Lys Asp Phe Ser Thr Arg Val Glu
 100 105 110
 Thr Glu Gly Gly Ser Ile Arg Val Leu Lys Lys Phe Thr Glu Lys Ser
 115 120 125

 Lys Leu Leu Gln Gly Asn Glu Asn Phe Arg Leu Ala Ile Leu Glu Ala
 130 135 140
 Arg Ala His Thr Phe Val Ser Pro Arg His Phe Asp Ser Glu Val Val
 145 150 155 160
 Leu Phe Asn Ile Lys Gly Arg Ala Val Leu Gly Leu Val Arg Glu Ser
 165 170 175
 Glu Thr Glu Lys Ile Thr Leu Glu Pro Gly Asp Met Ile His Ile Pro
 180 185 190

 Ala Gly Thr Pro Leu Tyr Ile Val Asn Arg Asp Glu Asn Glu Lys Leu
 195 200 205
 Leu Leu Ala Met Leu His Ile Pro Val Ser Thr Pro Gly Lys Phe Glu
 210 215 220
 Glu Phe Phe Gly Pro Gly Gly Arg Asp Pro Glu Ser Val Leu Ser Ala
 225 230 235 240
 Phe Ser Trp Asn Val Leu Gln Ala Ala Leu Gln Thr Pro Lys Gly Lys
 245 250 255

 Leu Glu Arg Leu Phe Asn Gln Gln Asn Glu Gly Ser Ile Phe Lys Ile

260 265 270
 Ser Arg Glu Arg Val Arg Ala Leu Ala Pro Thr Lys Lys Ser Ser Trp
 275 280 285
 Trp Pro Phe Gly Gly Glu Ser Lys Ala Gln Phe Asn Ile Phe Ser Lys
 290 295 300
 Arg Pro Thr Phe Ser Asn Gly Tyr Gly Arg Leu Thr Glu Val Gly Pro
 305 310 315 320

Asp Asp Glu Lys Ser Trp Leu Gln Arg Leu Asn Leu Met Leu Thr Phe
 325 330 335
 Thr Asn Ile Thr Gln Arg Ser Met Ser Thr Ile His Tyr Asn Ser His
 340 345 350
 Ala Thr Lys Ile Ala Leu Val Met Asp Gly Arg Gly His Leu Gln Ile
 355 360 365
 Ser Cys Pro His Met Ser Ser Arg Ser Asp Ser Lys His Asp Lys Ser
 370 375 380

Ser Pro Ser Tyr His Arg Ile Ser Ala Asp Leu Lys Pro Gly Met Val
 385 390 395 400
 Phe Val Val Pro Pro Gly His Pro Phe Val Thr Ile Ala Ser Asn Lys
 405 410 415
 Glu Asn Leu Leu Ile Ile Cys Phe Glu Val Asn Val Arg Asp Asn Lys
 420 425 430
 Lys Phe Thr Phe Ala Gly Lys Asp Asn Ile Val Ser Ser Leu Asp Asn
 435 440 445

Val Ala Lys Glu Leu Ala Phe Asn Tyr Pro Ser Glu Met Val Asn Gly
 450 455 460
 Val Phe Glu Arg Lys Glu Ser Leu Phe Phe Pro Phe Glu Leu Pro Ser
 465 470 475 480
 Glu Glu Arg Gly Arg Arg Ala Val Ala
 485

<210> 342

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 342

Ala Gln Phe Asn Ile Phe Ser Lys

1 5

<210> 343

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 343

Asp Phe Ser Thr Arg Val Glu Thr Glu Gly Gly Ser Ile Arg Val Leu

1 5 10 15

Lys

<210> 344

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 344

Asp Asn Ile Val Ser Ser Leu Asp Asn Val Ala Lys

1 5 10

<210> 345

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 345

Gly Arg Ala Val Leu Gly Leu Val Arg Glu Ser Glu Thr Glu Lys

1 5 10 15

<210> 346

<211> 20

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 346

Arg Pro Thr Phe Ser Asn Gly Tyr Gly Arg Leu Thr Glu Val Gly Pro

1	5	10	15	
Asp Asp Glu Lys				
	20			
<210> 347				
<211> 1266				
<212> DNA				
<213> Glycine max				
<220><221> CDS				
<222> (1)..(1266)				
<400> 347				
atg gtg aga gga ttg ctc aac aag ctc gtc tct cgc tcc ctc tcg gtc				48
Met Val Arg Gly Leu Leu Asn Lys Leu Val Ser Arg Ser Leu Ser Val				
1	5	10	15	
gcc gga aaa tgg cag cac aat caa ctc cgc cgc ctc aac atc cac gag				96
Ala Gly Lys Trp Gln His Asn Gln Leu Arg Arg Leu Asn Ile His Glu				
	20	25	30	
tac cag ggt gct gaa ttg atg agc aaa cac gga gtc aac gtt ccg aga				144
Tyr Gln Gly Ala Glu Leu Met Ser Lys His Gly Val Asn Val Pro Arg				
	35	40	45	
ggc gtg gct gtt tcc tct gtt gaa gag gcc aga aag gtc atc aag gac				192
Gly Val Ala Val Ser Ser Val Glu Glu Ala Arg Lys Val Ile Lys Asp				
50	55	60		
ctt ttc cct aat gaa aat gag ttg gtg gtt aag agt caa att tta gcc				240
Leu Phe Pro Asn Glu Asn Glu Leu Val Val Lys Ser Gln Ile Leu Ala				
65	70	75	80	
ggc gga cga ggt ttg gga act ttc aaa agc ggc ctt aag gga gga gtg				288
Gly Gly Arg Gly Leu Gly Thr Phe Lys Ser Gly Leu Lys Gly Gly Val				
	85	90	95	
cac att gtt aag act gac cag gtt gaa gac ata gct ggg aag atg ctt				336
His Ile Val Lys Thr Asp Gln Val Glu Asp Ile Ala Gly Lys Met Leu				
	100	105	110	
gga cag ata cta gtt acc aaa cag act ggt cct cag gga aaa ata gtt				384

Gly Gln Ile Leu Val Thr Lys Gln Thr Gly Pro Gln Gly Lys Ile Val	
115 120 125	
agc aag gtt tac ttg tgt gaa aag ctg tca ctt gta aat gag atg tac	432
Ser Lys Val Tyr Leu Cys Glu Lys Leu Ser Leu Val Asn Glu Met Tyr	
130 135 140	
ttt gct ata aca ctg gat cgt acg agt gct ggt cca att ata att gct	480
Phe Ala Ile Thr Leu Asp Arg Thr Ser Ala Gly Pro Ile Ile Ile Ala	
145 150 155 160	
tgt agt aag gga gga acc agc att gaa gac ctt gca gag aaa ttt ccg	528
Cys Ser Lys Gly Gly Thr Ser Ile Glu Asp Leu Ala Glu Lys Phe Pro	
165 170 175	
gac atg att ata aag gta cct gtt gat gtt ttt gaa ggt att act gat	576
Asp Met Ile Ile Lys Val Pro Val Asp Val Phe Glu Gly Ile Thr Asp	
180 185 190	
gaa ggt gct gca aag gtt gtt gat ggt ttg gct ctc aaa gtg gct gat	624
Glu Gly Ala Ala Lys Val Val Asp Gly Leu Ala Leu Lys Val Ala Asp	
195 200 205	
aga aat aag tcg att gaa caa gtg aag aat ttg tat aaa ctt ttt gtt	672
Arg Asn Lys Ser Ile Glu Gln Val Lys Asn Leu Tyr Lys Leu Phe Val	
210 215 220	
gat tgt gac tgc act ctt ttg gaa atc aat ccc ata gcg gag aca gct	720
Asp Cys Asp Cys Thr Leu Leu Glu Ile Asn Pro Ile Ala Glu Thr Ala	
225 230 235 240	
gat aac caa ttg gtg gct gct gat gct aag ttg aat ttt gat gat aat	768
Asp Asn Gln Leu Val Ala Ala Asp Ala Lys Leu Asn Phe Asp Asp Asn	
245 250 255	
gct gca tat cgc cag aaa gag ata ttt tct ctc cgt gat aca aca caa	816
Ala Ala Tyr Arg Gln Lys Glu Ile Phe Ser Leu Arg Asp Thr Thr Gln	
260 265 270	

gag gac cct cga gag gtg act gct gca aag gca gat tta aat tat att	864
Glu Asp Pro Arg Glu Val Thr Ala Ala Lys Ala Asp Leu Asn Tyr Ile	
275 280 285	
ggg tta gat gga gaa att ggc tgc atg gtg aat gga gca ggg tta gca	912
Gly Leu Asp Gly Glu Ile Gly Cys Met Val Asn Gly Ala Gly Leu Ala	
290 295 300	
atg gcc aca atg gat ata att aaa ttg cat ggg ggt act cct gcc aat	960
Met Ala Thr Met Asp Ile Ile Lys Leu His Gly Gly Thr Pro Ala Asn	
305 310 315 320	
ttt ctg gat gta ggt ggc aat gcc tct gaa aac cag gtt gtt gag gca	1008
Phe Leu Asp Val Gly Gly Asn Ala Ser Glu Asn Gln Val Val Glu Ala	
325 330 335	
ttt aaa ata ttg act gct gat gac aaa gtg aag gca att ttg gtt aac	1056
Phe Lys Ile Leu Thr Ala Asp Asp Lys Val Lys Ala Ile Leu Val Asn	
340 345 350	
att ttt ggt ggt ata atg aag tgt gat gtt ata gca agt gga ata gtg	1104
Ile Phe Gly Gly Ile Met Lys Cys Asp Val Ile Ala Ser Gly Ile Val	
355 360 365	
aat gct gca aaa gag gtt gca ctg aaa gta cca gtt gta gtt cgt ctg	1152
Asn Ala Ala Lys Glu Val Ala Leu Lys Val Pro Val Val Val Arg Leu	
370 375 380	
gaa ggc acc aat gtt gat caa gga aaa aga ata ttg aag gaa agt ggt	1200
Glu Gly Thr Asn Val Asp Gln Gly Lys Arg Ile Leu Lys Glu Ser Gly	
385 390 395 400	
atg gca tta ata acg gct gaa gat tta gat gat gca gct cag aaa gca	1248
Met Ala Leu Ile Thr Ala Glu Asp Leu Asp Asp Ala Ala Gln Lys Ala	
405 410 415	
gtg aaa gct gct tac aaa	1266
Val Lys Ala Ala Tyr Lys	

420

<210> 348

<211> 422

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 348

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

1 5 10 15

Ala Gly Lys Trp Gln His Asn Gln Leu Arg Arg Leu Asn Ile His Glu

20 25 30

Tyr Gln Gly Ala Glu Leu Met Ser Lys His Gly Val Asn Val Pro Arg

35 40 45

Gly Val Ala Val Ser Ser Val Glu Glu Ala Arg Lys Val Ile Lys Asp

50 55 60

Leu Phe Pro Asn Glu Asn Glu Leu Val Val Lys Ser Gln Ile Leu Ala

65 70 75 80

Gly Gly Arg Gly Leu Gly Thr Phe Lys Ser Gly Leu Lys Gly Gly Val

85 90 95

His Ile Val Lys Thr Asp Gln Val Glu Asp Ile Ala Gly Lys Met Leu

100 105 110

Gly Gln Ile Leu Val Thr Lys Gln Thr Gly Pro Gln Gly Lys Ile Val

115 120 125

Ser Lys Val Tyr Leu Cys Glu Lys Leu Ser Leu Val Asn Glu Met Tyr

130 135 140

Phe Ala Ile Thr Leu Asp Arg Thr Ser Ala Gly Pro Ile Ile Ile Ala

145 150 155 160

Cys Ser Lys Gly Gly Thr Ser Ile Glu Asp Leu Ala Glu Lys Phe Pro

165 170 175

Asp Met Ile Ile Lys Val Pro Val Asp Val Phe Glu Gly Ile Thr Asp

180 185 190

Glu Gly Ala Ala Lys Val Val Asp Gly Leu Ala Leu Lys Val Ala Asp

195 200 205

Arg Asn Lys Ser Ile Glu Gln Val Lys Asn Leu Tyr Lys Leu Phe Val

210 215 220

Asp Cys Asp Cys Thr Leu Leu Glu Ile Asn Pro Ile Ala Glu Thr Ala

225 230 235 240

Asp Asn Gln Leu Val Ala Ala Asp Ala Lys Leu Asn Phe Asp Asp Asn

245 250 255

Ala Ala Tyr Arg Gln Lys Glu Ile Phe Ser Leu Arg Asp Thr Thr Gln

260 265 270

Glu Asp Pro Arg Glu Val Thr Ala Ala Lys Ala Asp Leu Asn Tyr Ile

275 280 285

Gly Leu Asp Gly Glu Ile Gly Cys Met Val Asn Gly Ala Gly Leu Ala

290 295 300

Met Ala Thr Met Asp Ile Ile Lys Leu His Gly Gly Thr Pro Ala Asn

305 310 315 320

Phe Leu Asp Val Gly Gly Asn Ala Ser Glu Asn Gln Val Val Glu Ala

325 330 335

Phe Lys Ile Leu Thr Ala Asp Asp Lys Val Lys Ala Ile Leu Val Asn

340 345 350

Ile Phe Gly Gly Ile Met Lys Cys Asp Val Ile Ala Ser Gly Ile Val

355 360 365

Asn Ala Ala Lys Glu Val Ala Leu Lys Val Pro Val Val Val Arg Leu

370 375 380

Glu Gly Thr Asn Val Asp Gln Gly Lys Arg Ile Leu Lys Glu Ser Gly

385 390 395 400

Met Ala Leu Ile Thr Ala Glu Asp Leu Asp Asp Ala Ala Gln Lys Ala

405 410 415

Val Lys Ala Ala Tyr Lys

420

<210> 349

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400

> 349

Asp Leu Phe Pro Asn Glu Asn Glu Leu Val Val Lys

1 5 10

<210> 350

<211> 20

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 350

Glu Ile Phe Ser Leu Arg Asp Thr Thr Gln Glu Asp Pro Arg Glu Val

1 5 10 15

Thr Ala Ala Lys

20

<210> 351

<211> 26

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 351

Leu His Gly Gly Thr Pro Ala Asn Phe Leu Asp Val Gly Gly Asn Ala

1 5 10 15

Ser Glu Asn Gln Val Val Glu Ala Phe Lys

20

25

<210> 352

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 352

Leu Asn Phe Asp Asp Asn Ala Ala Tyr Arg Gln Lys

1 5 10

<210> 353

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 353

Ser Gln Ile Leu Ala Gly Gly Arg Gly Leu Gly Thr Phe Lys

1 5 10

<210> 354

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 354

Thr Asp Gln Val Glu Asp Ile Ala Gly Lys

1 5 10

<210> 355

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 355

Val Pro Val Val Val Arg Leu Glu Gly Thr Asn Val Asp Gln Gly Lys

1 5 10 15

<210> 356

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 356

Val Val Asp Gly Leu Ala Leu Lys

1 5

<210> 357

<211> 1266

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222

> (1)..(1266)

<400> 357

atg gtg agg gga ttg ctc aac aag ctc gtc tct cgc tcc ctc tcc gtc 48

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

1 5 10 15

gcc gga aaa tgg cag cac aac caa ctc cgc cgc ctc aac atc cac gag	96
Ala Gly Lys Trp Gln His Asn Gln Leu Arg Arg Leu Asn Ile His Glu	
20 25 30	
tac cag ggc gct gaa ttg atg agc aaa cac gga gtt aat gtt ccg aga	144
Tyr Gln Gly Ala Glu Leu Met Ser Lys His Gly Val Asn Val Pro Arg	
35 40 45	
ggc gtg gct gtt tcc tct gtt gaa gag gtc aga aag gcc atc aag gac	192
Gly Val Ala Val Ser Ser Val Glu Glu Val Arg Lys Ala Ile Lys Asp	
50 55 60	
ctt ttc cct aat gaa aat gag ttg gtg gtt aag agt caa att tta gcc	240
Leu Phe Pro Asn Glu Asn Glu Leu Val Val Lys Ser Gln Ile Leu Ala	
65 70 75 80	
ggt gga aga ggt ttg gga act ttc aaa agc ggc ctt aag gga gga gtg	288
Gly Gly Arg Gly Leu Gly Thr Phe Lys Ser Gly Leu Lys Gly Gly Val	
85 90 95	
cac att gtt aag act gac cag gtt gaa gac ata gct ggg aag atg ctt	336
His Ile Val Lys Thr Asp Gln Val Glu Asp Ile Ala Gly Lys Met Leu	
100 105 110	
ggg cag ata cta gtt acc aaa cag act ggt cct cag gga aaa ata gtt	384
Gly Gln Ile Leu Val Thr Lys Gln Thr Gly Pro Gln Gly Lys Ile Val	
115 120 125	
agc aag gtt tac ttg tgt gaa aag ctg tca cta gta aat gag atg tac	432
Ser Lys Val Tyr Leu Cys Glu Lys Leu Ser Leu Val Asn Glu Met Tyr	
130 135 140	
ttt gct ata aca ctg gat cgt acg agt gct ggt cca att ata att gct	480
Phe Ala Ile Thr Leu Asp Arg Thr Ser Ala Gly Pro Ile Ile Ile Ala	
145 150 155 160	
tgt agt aag gga gga acc agc att gaa gac cta gca gag aaa ttt ccg	528
Cys Ser Lys Gly Gly Thr Ser Ile Glu Asp Leu Ala Glu Lys Phe Pro	
165 170 175	
gac atg att ata aag gta cct gtt gat gtt ttt gaa gga att act gat	576

Asp Met Ile Ile Lys Val Pro Val Asp Val Phe Glu Gly Ile Thr Asp

180 185 190

gaa gat gct gca aag gtt gtt gat ggt ttg gct ctc aaa gtg gct gat 624

Glu Asp Ala Ala Lys Val Val Asp Gly Leu Ala Leu Lys Val Ala Asp

195 200 205

aga aat aag tcg att gaa caa gtg aag aat ttg tat aaa ctt ttt gtt 672

Arg Asn Lys Ser Ile Glu Gln Val Lys Asn Leu Tyr Lys Leu Phe Val

210 215 220

gat tgt gac tgc acc ctt ttg gaa atc aat ccc att gcg gag aca gct 720

Asp Cys Asp Cys Thr Leu Leu Glu Ile Asn Pro Ile Ala Glu Thr Ala

225 230 235 240

gat aac caa ttg gtg gct gct gat gct aag ttg aat ttt gac gat aat 768

Asp Asn Gln Leu Val Ala Ala Asp Ala Lys Leu Asn Phe Asp Asp Asn

245 250 255

gct gca tat cgc cag aaa gag ata ttt gct ctc cgt gat aca aca caa 816

Ala Ala Tyr Arg Gln Lys Glu Ile Phe Ala Leu Arg Asp Thr Thr Gln

260 265 270

gag gac cct cga gag gtg act gct gca aag gca gac tta aat tat att 864

Glu Asp Pro Arg Glu Val Thr Ala Ala Lys Ala Asp Leu Asn Tyr Ile

275 280 285

ggg tta gat gga gaa ata ggc tgc atg gtg aat gga gca ggg tta gca 912

Gly Leu Asp Gly Glu Ile Gly Cys Met Val Asn Gly Ala Gly Leu Ala

290 295 300

atg gcc aca atg gat ata att aaa ttg cat ggg ggt act cct gcc aat 960

Met Ala Thr Met Asp Ile Ile Lys Leu His Gly Gly Thr Pro Ala Asn

305 310 315 320

ttt ttg gat gta ggt ggc aat gcc tct gaa ggc cag gtg gtt gag gca 1008

Phe Leu Asp Val Gly Gly Asn Ala Ser Glu Gly Gln Val Val Glu Ala

325 330 335

ttt aaa ata ttg act gct gat gac aaa gtg aag gca att ttg gtt aac 1056
 Phe Lys Ile Leu Thr Ala Asp Asp Lys Val Lys Ala Ile Leu Val Asn
 340 345 350
 att ttt ggg ggt ata atg aag tgt gat gtt ata gca agt gga ata gtg 1104
 Ile Phe Gly Gly Ile Met Lys Cys Asp Val Ile Ala Ser Gly Ile Val
 355 360 365
 aat gct gca aaa gag gtt gca ctg aaa gta ccc gta gta gtt cgt ctg 1152

 Asn Ala Ala Lys Glu Val Ala Leu Lys Val Pro Val Val Val Arg Leu
 370 375 380
 gaa ggc acc aat gtt gat cat gga aaa aga att ttg aag gaa agt ggt 1200
 Glu Gly Thr Asn Val Asp His Gly Lys Arg Ile Leu Lys Glu Ser Gly
 385 390 395 400
 atg gcg ttg ata acg gct gaa gat tta gat gat gct gct cag aaa gca 1248
 Met Ala Leu Ile Thr Ala Glu Asp Leu Asp Asp Ala Ala Gln Lys Ala

 405 410 415
 gtg aaa gct gct tac aaa 1266
 Val Lys Ala Ala Tyr Lys
 420
 <210> 358
 <211> 422
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 358
 Met Val Arg Gly Leu Leu Asn Lys Leu Val Ser Arg Ser Leu Ser Val
 1 5 10 15

 Ala Gly Lys Trp Gln His Asn Gln Leu Arg Arg Leu Asn Ile His Glu
 20 25 30
 Tyr Gln Gly Ala Glu Leu Met Ser Lys His Gly Val Asn Val Pro Arg
 35 40 45
 Gly Val Ala Val Ser Ser Val Glu Glu Val Arg Lys Ala Ile Lys Asp
 50 55 60
 Leu Phe Pro Asn Glu Asn Glu Leu Val Val Lys Ser Gln Ile Leu Ala

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

Phe Leu Asp Val Gly Gly Asn Ala Ser Glu Gly Gln Val Val Glu Ala
325 330 335

Phe Lys Ile Leu Thr Ala Asp Asp Lys Val Lys Ala Ile Leu Val Asn
340 345 350

Ile Phe Gly Gly Ile Met Lys Cys Asp Val Ile Ala Ser Gly Ile Val
355 360 365

Asn Ala Ala Lys Glu Val Ala Leu Lys Val Pro Val Val Val Arg Leu
370 375 380

Glu Gly Thr Asn Val Asp His Gly Lys Arg Ile Leu Lys Glu Ser Gly
385 390 395 400

Met Ala Leu Ile Thr Ala Glu Asp Leu Asp Asp Ala Ala Gln Lys Ala
405 410 415

Val Lys Ala Ala Tyr Lys
420

<210> 359

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 359

Asp Leu Phe Pro Asn Glu Asn Glu Leu Val Val Lys

1 5 10

<210> 360

<211> 20

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 360

Glu Ile Phe Ala Leu Arg Asp Thr Thr Gln Glu Asp Pro Arg Glu Val

1 5 10 15

Thr Ala Ala Lys

20

<210> 361

<211> 26

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 361

Leu His Gly Gly Thr Pro Ala Asn Phe Leu Asp Val Gly Gly Asn Ala

1 5 10 15

Ser Glu Gly Gln Val Val Glu Ala Phe Lys

20 25

<210> 362

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 362

Leu Asn Phe Asp Asp Asn Ala Ala Tyr Arg Gln Lys

1 5 10

<210> 363

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 363

Ser Gln Ile Leu Ala Gly Gly Arg Gly Leu Gly Thr Phe Lys

1 5 10

<210> 364

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 364

Thr Asp Gln Val Glu Asp Ile Ala Gly Lys

1 5 10

<210> 365

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 365

Val Val Asp Gly Leu Ala Leu Lys

1 5

<210> 366

<211> 1203

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1203)

<400> 366

atg gcg act aag agg agc gtg gga acg ttg aag gag ggt gat ttg aag 48

Met Ala Thr Lys Arg Ser Val Gly Thr Leu Lys Glu Gly Asp Leu Lys

1 5 10 15

ggg aag agg gta ttc gtg agg gtc gat ctg aac gtg cct ttg gat gac 96

Gly Lys Arg Val Phe Val Arg Val Asp Leu Asn Val Pro Leu Asp Asp

20 25 30

aac ctt aac atc acc gat gac act aga gtc cgt gct gct gtt ccc acc 144

Asn Leu Asn Ile Thr Asp Asp Thr Arg Val Arg Ala Ala Val Pro Thr

35 40 45

atc aag tac ttg act ggt tat ggt gct aaa gtg atc ctt tct agc cat 192

Ile Lys Tyr Leu Thr Gly Tyr Gly Ala Lys Val Ile Leu Ser Ser His

50 55 60

ttg gga cgt cca aaa ggt gta aca cct aaa tac agt ttg aag cct ctt 240

Leu Gly Arg Pro Lys Gly Val Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Lys Pro Leu

65 70 75 80

gtg cca agg ctg tct caa ctt ctt gga att gag gtt acg atg gcc aat 288

Val Pro Arg Leu Ser Gln Leu Leu Gly Ile Glu Val Thr Met Ala Asn

85 90 95

gac tct att ggg gag gaa gtt gaa aag ttg gtt aca caa ctt cca gaa 336

Asp Ser Ile Gly Glu Glu Val Glu Lys Leu Val Thr Gln Leu Pro Glu

100 105 110

ggt ggt gtt ttg ctt cta gag aat gtg agg ttc tac aag gag gaa gag 384

Gly Gly Val Leu Leu Leu Glu Asn Val Arg Phe Tyr Lys Glu Glu Glu

115	120	125	
aag aat gat cct gaa ttt gca aag aag ttg gct tct cta gct gat ctc			432
Lys Asn Asp Pro Glu Phe Ala Lys Lys Leu Ala Ser Leu Ala Asp Leu			
130	135	140	
tat gtg aat gat gca ttt ggc act gcc cac aga gct cat gct tct aca			480
Tyr Val Asn Asp Ala Phe Gly Thr Ala His Arg Ala His Ala Ser Thr			
145	150	155	160
gaa gga gtt gcc aaa tac ttg aag ccc tct gtt gca gga ttc cta atg			528
Glu Gly Val Ala Lys Tyr Leu Lys Pro Ser Val Ala Gly Phe Leu Met			
165	170	175	
cag aag gag ctt gat tat cta gtt ggg gct gtg tca aac ccc aag aga			576
Gln Lys Glu Leu Asp Tyr Leu Val Gly Ala Val Ser Asn Pro Lys Arg			
180	185	190	
cca ttt gct gct att gtc ggt gga tcg aag gtg tct tcc aag att gga			624
Pro Phe Ala Ala Ile Val Gly Gly Ser Lys Val Ser Ser Lys Ile Gly			
195	200	205	
gtt att gaa tcc ttg ttg gag aaa gtt aat gtt ctc ttg ctt ggt gga			672
Val Ile Glu Ser Leu Leu Glu Lys Val Asn Val Leu Leu Leu Gly Gly			
210	215	220	
gga atg atc ttt acc ttt tac aag gct cag ggt tat tca gtt ggg tca			720
Gly Met Ile Phe Thr Phe Tyr Lys Ala Gln Gly Tyr Ser Val Gly Ser			
225	230	235	240
tct ctt gtg gag gaa gac aag ctt agc ctt gca act aca ctt ctt gaa			768
Ser Leu Val Glu Glu Asp Lys Leu Ser Leu Ala Thr Thr Leu Leu Glu			
245	250	255	
aag gcc aag gct aaa ggg gtt tct ttg ttg ctt cca act gat gtt gtc			816
Lys Ala Lys Ala Lys Gly Val Ser Leu Leu Leu Pro Thr Asp Val Val			
260	265	270	
ata gca gac aag ttt gct gct gat gct aac agc aag act gtg ccg gca			864
Ile Ala Asp Lys Phe Ala Ala Asp Ala Asn Ser Lys Thr Val Pro Ala			
275	280	285	

tca agc atc cca gat ggg tgg atg ggg ttg gat att ggt cct gat tcc 912

Ser Ser Ile Pro Asp Gly Trp Met Gly Leu Asp Ile Gly Pro Asp Ser

290 295 300

atc aag aca ttt ggt gaa gca ttg gat acg act cag acc att att tgg 960

Ile Lys Thr Phe Gly Glu Ala Leu Asp Thr Thr Gln Thr Ile Ile Trp

305 310 315 320

aat gga cca atg ggt gtt ttt gag ttt gat aag ttt gcc aca gga aca 1008

Asn Gly Pro Met Gly Val Phe Glu Phe Asp Lys Phe Ala Thr Gly Thr

325 330 335

gag gct ata gcc aag aaa ctg gca gag ctg agt ggg aag gga gtg aca 1056

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

340 345 350

acc atc att gga gga ggt gac tcc gtt gcc gct gtg gag aag gtt gga 1104

Thr Ile Ile Gly Gly Gly Asp Ser Val Ala Ala Val Glu Lys Val Gly

355 360 365

ctt gca gac aag atg agc cac atc tcc act ggt ggt ggt gcc agc tta 1152

Leu Ala Asp Lys Met Ser His Ile Ser Thr Gly Gly Gly Ala Ser Leu

370 375 380

gag ctt ctt gag gga aag caa ctc cct ggt gtc ctt gct ctt gat gat 1200

Glu Leu Leu Glu Gly Lys Gln Leu Pro Gly Val Leu Ala Leu Asp Asp

385 390 395 400

gct 1203

Ala

<210> 367

<211> 401

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 367

Met Ala Thr Lys Arg Ser Val Gly Thr Leu Lys Glu Gly Asp Leu Lys

1 5 10 15

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

260 265 270
 Ile Ala Asp Lys Phe Ala Ala Asp Ala Asn Ser Lys Thr Val Pro Ala
 275 280 285
 Ser Ser Ile Pro Asp Gly Trp Met Gly Leu Asp Ile Gly Pro Asp Ser

290 295 300
 Ile Lys Thr Phe Gly Glu Ala Leu Asp Thr Thr Gln Thr Ile Ile Trp
 305 310 315 320
 Asn Gly Pro Met Gly Val Phe Glu Phe Asp Lys Phe Ala Thr Gly Thr
 325 330 335
 Glu Ala Ile Ala Lys Lys Leu Ala Glu Leu Ser Gly Lys Gly Val Thr
 340 345 350
 Thr Ile Ile Gly Gly Gly Asp Ser Val Ala Ala Val Glu Lys Val Gly

355 360 365
 Leu Ala Asp Lys Met Ser His Ile Ser Thr Gly Gly Gly Ala Ser Leu
 370 375 380
 Glu Leu Leu Glu Gly Lys Gln Leu Pro Gly Val Leu Ala Leu Asp Asp
 385 390 395 400
 Ala

<210> 368

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 368

Ala Gln Gly Tyr Ser Val Gly Ser Ser Leu Val Glu Glu Asp Lys
 1 5 10 15

<210> 369

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 369

Glu Leu Asp Tyr Leu Val Gly Ala Val Ser Asn Pro Lys

1 5 10

<210> 370

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 370

Phe Ala Ala Asp Ala Asn Ser Lys

1 5

<210> 371

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 371

Phe Ala Thr Gly Thr Glu Ala Ile Ala Lys

1 5 10

<210> 372

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 372

Gly Val Ser Leu Leu Leu Pro Thr Asp Val Val Ile Ala Asp Lys

1 5 10 15

<210> 373

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 373

Gly Val Thr Thr Ile Ile Gly Gly Gly Asp Ser Val Ala Ala Val Glu

1 5 10 15

Lys

<210> 374

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 374

Ile Gly Val Ile Glu Ser Leu Leu Glu Lys

1 5 10

<210> 375

<211> 28

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 375

Leu Ala Ser Leu Ala Asp Leu Tyr Val Asn Asp Ala Phe Gly Thr Ala

1 5 10 15

His Arg Ala His Ala Ser Thr Glu Gly Val Ala Lys

20 25

<210> 376

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 376

Leu Ser Leu Ala Thr Thr Leu Leu Glu Lys

1 5 10

<210> 377

<211> 20

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 377

Leu Val Thr Gln Leu Pro Glu Gly Gly Val Leu Leu Leu Glu Asn Val

1 5 10 15

Arg Phe Tyr Lys

20

<210> 378

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 378

Asn Asp Pro Glu Phe Ala Lys

1 5

<210> 379

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 379

Gln Leu Pro Gly Val Leu Ala Leu Asp Asp Ala

1 5 10

<210> 380

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 380

Arg Pro Phe Ala Ala Ile Val Gly Gly Ser Lys

1 5 10

<210> 381

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 381

Val Ile Leu Ser Ser His Leu Gly Arg Pro Lys

1 5 10

<210> 382

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 382

Tyr Leu Thr Gly Tyr Gly Ala Lys

1 5

<210> 383

<211> 1455

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222

> (1)..(1455)

<400> 383

atg gcc tca gcc gca tcc ccc acc act ttc tct ctc ctc cac tcc gcc 48

Met Ala Ser Ala Ala Ser Pro Thr Thr Phe Ser Leu Leu His Ser Ala

1 5 10 15

acc cct tcc tcc tcc tcc acc gcc acc tcc gcc tcc ccc tcc ccc tcg 96

Thr Pro Ser Ser Ser Ser Thr Ala Thr Ser Ala Ser Pro Ser Pro Ser

20 25 30

cgc gtg cag ctc acc tcc tcc ctc cgc gcc cgc ccg ctg cgc cgc ctg 144

Arg Val Gln Leu Thr Ser Ser Leu Arg Ala Arg Pro Leu Arg Arg Leu

35 40 45

ggc ttc gcc gcg gcg gac ccg ctg ctc gcg gcg agt gta gcg gcg cgc 192

Gly Phe Ala Ala Ala Asp Pro Leu Leu Ala Ala Ser Val Ala Ala Arg

50 55 60

gtg gcg gcg gtg aga gga gga gga aag gcc gcg agg ggg gtg gtg tcg 240

Val Ala Ala Val Arg Gly Gly Gly Lys Gly Ala Arg Gly Val Val Ser

65 70 75 80

atg gcg aag aag agc gtg ggg gac ctg agc gcg gcg gac ctg aag ggg 288

Met Ala Lys Lys Ser Val Gly Asp Leu Ser Ala Ala Asp Leu Lys Gly

85 90 95

aag aag gtc ttc gtc agg gcc gac ctc aac gtc ccg ctc gac gac aac 336

Lys Lys Val Phe Val Arg Ala Asp Leu Asn Val Pro Leu Asp Asp Asn

100 105 110

cag aac atc acc gac gac acc aga atc cgc gcc gcc att ccc acc atc 384

Gln Asn Ile Thr Asp Asp Thr Arg Ile Arg Ala Ala Ile Pro Thr Ile

115 120 125

aaa cat ctc atc caa aac gcc gcc aaa gtc att ctc tcc agc cac ttg 432

Lys His Leu Ile Gln Asn Gly Ala Lys Val Ile Leu Ser Ser His Leu

130 135 140

ggg cgg ccg aag ggt gtc act ccc aaa tac agc ttg gcg cct ctt gta 480

 Gly Arg Pro Lys Gly Val Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Ala Pro Leu Val
 145 150 155 160
 ccc cgg ctt tct gag ctc att ggt atc cag att gtc aag gcc gag gac 528
 Pro Arg Leu Ser Glu Leu Ile Gly Ile Gln Ile Val Lys Ala Glu Asp
 165 170 175
 agt att ggt cca gaa gta gaa aag ttg gtg gct tct ctt cca gat gga 576
 Ser Ile Gly Pro Glu Val Glu Lys Leu Val Ala Ser Leu Pro Asp Gly

 180 185 190
 ggt gtt ctc ctt cta gaa aat gtg agg ttt tac aag gag gaa gaa aag 624
 Gly Val Leu Leu Leu Glu Asn Val Arg Phe Tyr Lys Glu Glu Glu Lys
 195 200 205
 aat gac ccc gag cat gca aaa aag ctt gcc tct ctg gca gat ctg tat 672
 Asn Asp Pro Glu His Ala Lys Lys Leu Ala Ser Leu Ala Asp Leu Tyr
 210 215 220

 gtg aat gat gca ttt ggt act gct cac agg gca cat gca tca aca gag 720
 Val Asn Asp Ala Phe Gly Thr Ala His Arg Ala His Ala Ser Thr Glu
 225 230 235 240
 ggt gtt act aaa tac ctg aag cca tct gtt gct ggt ttt ctt ttg caa 768
 Gly Val Thr Lys Tyr Leu Lys Pro Ser Val Ala Gly Phe Leu Leu Gln
 245 250 255
 aag gaa ctt gat tac ctt gtt ggg gca gta tca aac ccc aaa agg cca 816

 Lys Glu Leu Asp Tyr Leu Val Gly Ala Val Ser Asn Pro Lys Arg Pro
 260 265 270
 ttt gct gcc att gtt ggt ggt tcc aaa gtc tca tct aaa att gga gtg 864
 Phe Ala Ala Ile Val Gly Gly Ser Lys Val Ser Ser Lys Ile Gly Val
 275 280 285
 att gag tca ctt tta gaa aaa gtt gac atc ctt ctt ctt ggt gga gga 912
 Ile Glu Ser Leu Leu Glu Lys Val Asp Ile Leu Leu Leu Gly Gly Gly

290	295	300	
atg atc ttc aca ttt tac aag gca caa ggt ctt tca gtg ggt tca tcc			960
Met Ile Phe Thr Phe Tyr Lys Ala Gln Gly Leu Ser Val Gly Ser Ser			
305	310	315	320
ctt gta gaa gaa gat aag ttg gat ctt gct aca tca cta ctt gca aaa			1008
Leu Val Glu Glu Asp Lys Leu Asp Leu Ala Thr Ser Leu Leu Ala Lys			
325	330	335	
gcc aag gaa aag ggg gtg tct ctc ttg tta cca agt gat gtg gtg att			1056
Ala Lys Glu Lys Gly Val Ser Leu Leu Leu Pro Ser Asp Val Val Ile			
340	345	350	
gca gac aaa ttt gct cct gat gct aat agc aag gtc gtg cca gca tct			1104
Ala Asp Lys Phe Ala Pro Asp Ala Asn Ser Lys Val Val Pro Ala Ser			
355	360	365	
gcc atc cct gat ggc tgg atg gga ttg gat att ggt cca gat tct gtt			1152
Ala Ile Pro Asp Gly Trp Met Gly Leu Asp Ile Gly Pro Asp Ser Val			
370	375	380	
aaa tca ttc agt gaa gca ttg gat act acc caa acc atc ata tgg aat			1200
Lys Ser Phe Ser Glu Ala Leu Asp Thr Thr Gln Thr Ile Ile Trp Asn			
385	390	395	400
gga cca atg gga gtg ttt gag ttt gac aag ttt gct gtt ggt aca gag			1248
Gly Pro Met Gly Val Phe Glu Phe Asp Lys Phe Ala Val Gly Thr Glu			
405	410	415	
gct att gca aag aag ctg gct gac ctc agt gga aag ggg gtg acc aca			1296
Ala Ile Ala Lys Lys Leu Ala Asp Leu Ser Gly Lys Gly Val Thr Thr			
420	425	430	
att att gga gga gga gat tct gtt gca gct gtg gag aaa gta gga gtt			1344
Ile Ile Gly Gly Gly Asp Ser Val Ala Ala Val Glu Lys Val Gly Val			
435	440	445	
gct agt gtc atg agc cac ata tct act ggt ggt ggt gcc agt ttg gag			1392
Ala Ser Val Met Ser His Ile Ser Thr Gly Gly Gly Ala Ser Leu Glu			
450	455	460	

tta ttg gaa ggc aaa gag ctt cca gga gtc ctt gct ctt gat gaa gcc 1440
 Leu Leu Glu Gly Lys Glu Leu Pro Gly Val Leu Ala Leu Asp Glu Ala
 465 470 475 480
 gtc cca gtc gct gtg 1455

 Val Pro Val Ala Val
 485
 <210> 384
 <211> 485
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 384
 Met Ala Ser Ala Ala Ser Pro Thr Thr Phe Ser Leu Leu His Ser Ala
 1 5 10 15
 Thr Pro Ser Ser Ser Ser Thr Ala Thr Ser Ala Ser Pro Ser Pro Ser
 20 25 30
 Arg Val Gln Leu Thr Ser Ser Leu Arg Ala Arg Pro Leu Arg Arg Leu
 35 40 45
 Gly Phe Ala Ala Ala Asp Pro Leu Leu Ala Ala Ser Val Ala Ala Arg
 50 55 60
 Val Ala Ala Val Arg Gly Gly Gly Lys Gly Ala Arg Gly Val Val Ser
 65 70 75 80
 Met Ala Lys Lys Ser Val Gly Asp Leu Ser Ala Ala Asp Leu Lys Gly
 85 90 95
 Lys Lys Val Phe Val Arg Ala Asp Leu Asn Val Pro Leu Asp Asp Asn
 100 105 110
 Gln Asn Ile Thr Asp Asp Thr Arg Ile Arg Ala Ala Ile Pro Thr Ile
 115 120 125
 Lys His Leu Ile Gln Asn Gly Ala Lys Val Ile Leu Ser Ser His Leu
 130 135 140
 Gly Arg Pro Lys Gly Val Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Ala Pro Leu Val
 145 150 155 160

Pro Arg Leu Ser Glu Leu Ile Gly Ile Gln Ile Val Lys Ala Glu Asp

165 170 175

Ser Ile Gly Pro Glu Val Glu Lys Leu Val Ala Ser Leu Pro Asp Gly

180 185 190

Gly Val Leu Leu Leu Glu Asn Val Arg Phe Tyr Lys Glu Glu Glu Lys

195 200 205

Asn Asp Pro Glu His Ala Lys Lys Leu Ala Ser Leu Ala Asp Leu Tyr

210 215 220

Val Asn Asp Ala Phe Gly Thr Ala His Arg Ala His Ala Ser Thr Glu

225 230 235 240

Gly Val Thr Lys Tyr Leu Lys Pro Ser Val Ala Gly Phe Leu Leu Gln

245 250 255

Lys Glu Leu Asp Tyr Leu Val Gly Ala Val Ser Asn Pro Lys Arg Pro

260 265 270

Phe Ala Ala Ile Val Gly Gly Ser Lys Val Ser Ser Lys Ile Gly Val

275 280 285

Ile Glu Ser Leu Leu Glu Lys Val Asp Ile Leu Leu Leu Gly Gly Gly

290 295 300

Met Ile Phe Thr Phe Tyr Lys Ala Gln Gly Leu Ser Val Gly Ser Ser

305 310 315 320

Leu Val Glu Glu Asp Lys Leu Asp Leu Ala Thr Ser Leu Leu Ala Lys

325 330 335

Ala Lys Glu Lys Gly Val Ser Leu Leu Leu Pro Ser Asp Val Val Ile

340 345 350

Ala Asp Lys Phe Ala Pro Asp Ala Asn Ser Lys Val Val Pro Ala Ser

355 360 365

Ala Ile Pro Asp Gly Trp Met Gly Leu Asp Ile Gly Pro Asp Ser Val

370 375 380

Lys Ser Phe Ser Glu Ala Leu Asp Thr Thr Gln Thr Ile Ile Trp Asn

385 390 395 400

Gly Pro Met Gly Val Phe Glu Phe Asp Lys Phe Ala Val Gly Thr Glu

405 410 415
Ala Ile Ala Lys Lys Leu Ala Asp Leu Ser Gly Lys Gly Val Thr Thr

420 425 430
Ile Ile Gly Gly Gly Asp Ser Val Ala Ala Val Glu Lys Val Gly Val

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

450 455 460
Leu Leu Glu Gly Lys Glu Leu Pro Gly Val Leu Ala Leu Asp Glu Ala

465 470 475 480
Val Pro Val Ala Val

485

<210

> 385

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 385

Glu Leu Asp Tyr Leu Val Gly Ala Val Ser Asn Pro Lys

1 5 10

<210> 386

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 386

Glu Leu Pro Gly Val Leu Ala Leu Asp Glu Ala Val Pro Val Ala Val

1 5 10 15

<210> 387

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 387

Phe Ala Val Gly Thr Glu Ala Ile Ala Lys

1 5 10

<210> 388

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 388

Gly Val Ser Leu Leu Leu Pro Ser Asp Val Val Ile Ala Asp Lys

1 5 10 15

<210> 389

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 389

Gly Val Thr Thr Ile Ile Gly Gly Gly Asp Ser Val Ala Ala Val Glu

1 5 10 15

Lys

<210> 390

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 390

Ile Gly Val Ile Glu Ser Leu Leu Glu Lys

1 5 10

<210> 391

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 391

Arg Pro Phe Ala Ala Ile Val Gly Gly Ser Lys

1 5 10

<210> 392

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 392

Val Ile Leu Ser Ser His Leu Gly Arg Pro Lys

1 5 10

<210> 393

<211> 1203

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1203)

<400> 393

atg gcg act aag agg agc gtg gga acg ttg aag gag ggt gat ttg aaa 48

Met Ala Thr Lys Arg Ser Val Gly Thr Leu Lys Glu Gly Asp Leu Lys

1 5 10 15

ggg aag agg gtg ttc gtg agg gtc gat ctg aac gtg cct ttg gat gac 96

Gly Lys Arg Val Phe Val Arg Val Asp Leu Asn Val Pro Leu Asp Asp

20 25 30

aac ctt aac atc acc gat gac act aga gtc cgt gct gct gtt ccc acc 144

Asn Leu Asn Ile Thr Asp Asp Thr Arg Val Arg Ala Ala Val Pro Thr

35 40 45

atc aag tac tta act ggt cat gga gcc aaa gtg atc ctt tct agc cac 192

Ile Lys Tyr Leu Thr Gly His Gly Ala Lys Val Ile Leu Ser Ser His

50 55 60

ttg gga cgt cct aaa ggt gta aca cct aaa tac agt ttg aag cct ctt 240

Leu Gly Arg Pro Lys Gly Val Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Lys Pro Leu

65 70 75 80

gtg cca agg ctg tct caa ctt ctc gga att gag gtt acg atg gca aat 288

Val Pro Arg Leu Ser Gln Leu Leu Gly Ile Glu Val Thr Met Ala Asn

85 90 95

gac tct att ggg gag gaa gtt gag aag ttg gtt gca caa ctt cca gaa 336

Asp Ser Ile Gly Glu Glu Val Glu Lys Leu Val Ala Gln Leu Pro Glu

100 105 110

ggt ggt gtt ttg ctt cta gag aat gtg agg ttc tat aag gag gaa gag 384

 Gly Gly Val Leu Leu Leu Glu Asn Val Arg Phe Tyr Lys Glu Glu Glu
 115 120 125
 aag aat gac cct gag ttt gca aag aag ttg gct tct ctt gct gat ctc 432
 Lys Asn Asp Pro Glu Phe Ala Lys Lys Leu Ala Ser Leu Ala Asp Leu
 130 135 140
 tac gtg aat gat gct ttc ggc act gcc cac aga gct cat gct tct aca 480
 Tyr Val Asn Asp Ala Phe Gly Thr Ala His Arg Ala His Ala Ser Thr

 145 150 155 160
 gaa gga gtg gcc aaa tac ttg aag ccc tct gtt gca gga ttc ctt atg 528
 Glu Gly Val Ala Lys Tyr Leu Lys Pro Ser Val Ala Gly Phe Leu Met
 165 170 175
 cag aag gaa ctt gac tat cta gtt gga gct gtg tca aac ccc aag aga 576
 Gln Lys Glu Leu Asp Tyr Leu Val Gly Ala Val Ser Asn Pro Lys Arg
 180 185 190

 cca ttt gct gct atc gtt ggt ggg tca aag gtg tct tcc aag att gga 624
 Pro Phe Ala Ala Ile Val Gly Gly Ser Lys Val Ser Ser Lys Ile Gly
 195 200 205
 gtt att gag tcc ttg ttg gag aaa gtt aac gtt ctc ttg ctt ggt gga 672
 Val Ile Glu Ser Leu Leu Glu Lys Val Asn Val Leu Leu Leu Gly Gly
 210 215 220
 gga atg atc ttt acc ttt tac aag gct cag ggt tat tca gtt ggt tca 720

 Gly Met Ile Phe Thr Phe Tyr Lys Ala Gln Gly Tyr Ser Val Gly Ser
 225 230 235 240
 tct ctt gtg gag gaa gac aag ctt agc ctt gca act aca ctt ctc gaa 768
 Ser Leu Val Glu Glu Asp Lys Leu Ser Leu Ala Thr Thr Leu Leu Glu
 245 250 255
 aag gcc aag gct aaa ggg gtt tct ttg ttg ctt cca act gat gtg gtc 816
 Lys Ala Lys Ala Lys Gly Val Ser Leu Leu Leu Pro Thr Asp Val Val

260	265	270	
ata gca gac aag ttt gct gct gat gct aac agc aag act gtg cca gca			864
Ile Ala Asp Lys Phe Ala Ala Asp Ala Asn Ser Lys Thr Val Pro Ala			
275	280	285	
tca agc atc cca gac ggg tgg atg gga tta gat att ggt ccc gat tcc			912
Ser Ser Ile Pro Asp Gly Trp Met Gly Leu Asp Ile Gly Pro Asp Ser			
290	295	300	
atc aag aca ttt ggt gaa gca ttg gat aag acc cag acc gtc att tgg			960
Ile Lys Thr Phe Gly Glu Ala Leu Asp Lys Thr Gln Thr Val Ile Trp			
305	310	315	320
aat gga cca atg ggt gtt ttt gag ttt gat aag ttt gcc aca gga aca			1008
Asn Gly Pro Met Gly Val Phe Glu Phe Asp Lys Phe Ala Thr Gly Thr			
325	330	335	
gag gcc ata gcc aag aaa ctg gca gag ctg agt ggg aag gga gta acg			1056
Glu Ala Ile Ala Lys Lys Leu Ala Glu Leu Ser Gly Lys Gly Val Thr			
340	345	350	
acc atc att gga gga ggt gac tct gtt gcc gct gtg gag aag gtt ggt			1104
Thr Ile Ile Gly Gly Gly Asp Ser Val Ala Ala Val Glu Lys Val Gly			
355	360	365	
ctt gca gac aag atg agc cac atc tcc act ggt ggt ggt gcc agc tta			1152
Leu Ala Asp Lys Met Ser His Ile Ser Thr Gly Gly Gly Ala Ser Leu			
370	375	380	
gag ctt ctt gag ggg aag caa ctc cct ggt gtc ctt gcc ctt gat gat			1200
Glu Leu Leu Glu Gly Lys Gln Leu Pro Gly Val Leu Ala Leu Asp Asp			
385	390	395	400
gct			1203
Ala			

<210> 394

<211> 401

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 394

Met Ala Thr Lys Arg Ser Val Gly Thr Leu Lys Glu Gly Asp Leu Lys

1 5 10 15

Gly Lys Arg Val Phe Val Arg Val Asp Leu Asn Val Pro Leu Asp Asp

20 25 30

Asn Leu Asn Ile Thr Asp Asp Thr Arg Val Arg Ala Ala Val Pro Thr

35 40 45

Ile Lys Tyr Leu Thr Gly His Gly Ala Lys Val Ile Leu Ser Ser His

50 55 60

Leu Gly Arg Pro Lys Gly Val Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Lys Pro Leu

65 70 75 80

Val Pro Arg Leu Ser Gln Leu Leu Gly Ile Glu Val Thr Met Ala Asn

85 90 95

Asp Ser Ile Gly Glu Glu Val Glu Lys Leu Val Ala Gln Leu Pro Glu

100 105 110

Gly Gly Val Leu Leu Leu Glu Asn Val Arg Phe Tyr Lys Glu Glu Glu

115 120 125

Lys Asn Asp Pro Glu Phe Ala Lys Lys Leu Ala Ser Leu Ala Asp Leu

130 135 140

Tyr Val Asn Asp Ala Phe Gly Thr Ala His Arg Ala His Ala Ser Thr

145 150 155 160

Glu Gly Val Ala Lys Tyr Leu Lys Pro Ser Val Ala Gly Phe Leu Met

165 170 175

Gln Lys Glu Leu Asp Tyr Leu Val Gly Ala Val Ser Asn Pro Lys Arg

180 185 190

Pro Phe Ala Ala Ile Val Gly Gly Ser Lys Val Ser Ser Lys Ile Gly

195 200 205

Val Ile Glu Ser Leu Leu Glu Lys Val Asn Val Leu Leu Leu Gly Gly

210 215 220

Gly Met Ile Phe Thr Phe Tyr Lys Ala Gln Gly Tyr Ser Val Gly Ser

225 230 235 240

Ser Leu Val Glu Glu Asp Lys Leu Ser Leu Ala Thr Thr Leu Leu Glu

245 250 255

Lys Ala Lys Ala Lys Gly Val Ser Leu Leu Leu Pro Thr Asp Val Val

260 265 270

Ile Ala Asp Lys Phe Ala Ala Asp Ala Asn Ser Lys Thr Val Pro Ala

275 280 285

Ser Ser Ile Pro Asp Gly Trp Met Gly Leu Asp Ile Gly Pro Asp Ser

290 295 300

Ile Lys Thr Phe Gly Glu Ala Leu Asp Lys Thr Gln Thr Val Ile Trp

305 310 315 320

Asn Gly Pro Met Gly Val Phe Glu Phe Asp Lys Phe Ala Thr Gly Thr

325 330 335

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

340 345 350

Thr Ile Ile Gly Gly Gly Asp Ser Val Ala Ala Val Glu Lys Val Gly

355 360 365

Leu Ala Asp Lys Met Ser His Ile Ser Thr Gly Gly Gly Ala Ser Leu

370 375 380

Glu Leu Leu Glu Gly Lys Gln Leu Pro Gly Val Leu Ala Leu Asp Asp

385 390 395 400

Ala

<210> 395

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 395

Ala Gln Gly Tyr Ser Val Gly Ser Ser Leu Val Glu Glu Asp Lys

1 5 10 15

<210> 396

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 396

Glu Leu Asp Tyr Leu Val Gly Ala Val Ser Asn Pro Lys

1 5 10

<210> 397

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 397

Phe Ala Ala Asp Ala Asn Ser Lys

1 5

<210> 398

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 398

Phe Ala Thr Gly Thr Glu Ala Ile Ala Lys

1 5 10

<210> 399

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 399

Gly Val Ser Leu Leu Leu Pro Thr Asp Val Val Ile Ala Asp Lys

1 5 10 15

<210> 400

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 400

Gly Val Thr Thr Ile Ile Gly Gly Gly Asp Ser Val Ala Ala Val Glu

1 5 10 15

Lys

<210> 401

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 401

Ile Gly Val Ile Glu Ser Leu Leu Glu Lys

1 5 10

<210> 402

<211> 28

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 402

Leu Ala Ser Leu Ala Asp Leu Tyr Val Asn Asp Ala Phe Gly Thr Ala

1 5 10 15

His Arg Ala His Ala Ser Thr Glu Gly Val Ala Lys

20 25

<210> 403

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 403

Leu Ser Leu Ala Thr Thr Leu Leu Glu Lys

1 5 10

<210> 404

<211> 20

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 404

Leu Val Ala Gln Leu Pro Glu Gly Gly Val Leu Leu Leu Glu Asn Val

1 5 10 15

Arg Phe Tyr Lys

20

<210> 405

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 405

Asn Asp Pro Glu Phe Ala Lys

1 5

<210> 406

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 406

Gln Leu Pro Gly Val Leu Ala Leu Asp Asp Ala

1 5 10

<210> 407

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 407

Arg Pro Phe Ala Ala Ile Val Gly Gly Ser Lys

1 5 10

<210> 408

<

211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 408

Thr Phe Gly Glu Ala Leu Asp Lys

1 5

<210> 409

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 409

Val Ile Leu Ser Ser His Leu Gly Arg Pro Lys

1 5 10

<210> 410

<211> 1143

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1143)

<400> 410

atg tcg tcg agc aca gtt ggt caa gtc atc aaa tgc aaa gct gcg gtt 48

Met Ser Ser Ser Thr Val Gly Gln Val Ile Lys Cys Lys Ala Ala Val

1 5 10 15

tca tgg gag gca ggg aag cca ctt gtg att gaa gaa gta gag gtg gca 96

Ser Trp Glu Ala Gly Lys Pro Leu Val Ile Glu Glu Val Glu Val Ala

20 25 30

cca cca caa gct ggt gaa gtg cgt ttg aag atc ctc tac acc tct ctt 144

Pro Pro Gln Ala Gly Glu Val Arg Leu Lys Ile Leu Tyr Thr Ser Leu

35 40 45

tgc cac act gat gtt tac ttc tgg gaa gcc aag ggc caa act cca ttg 192

Cys His Thr Asp Val Tyr Phe Trp Glu Ala Lys Gly Gln Thr Pro Leu

50 55 60

ttt cct cgt ata ttt ggt cat gaa gct gga ggg att gtg gag agc gta 240

Phe Pro Arg Ile Phe Gly His Glu Ala Gly Gly Ile Val Glu Ser Val

65 70 75 80

ggt gag ggt gtg act cat ctc aaa cca ggg gac cat gcc ctc cca gtg 288

Gly Glu Gly Val Thr His Leu Lys Pro Gly Asp His Ala Leu Pro Val

85 90 95

ttt acc ggg gag tgt gga gaa tgc cct cat tgc aag tca gag gag agc 336

Phe Thr Gly Glu Cys Gly Glu Cys Pro His Cys Lys Ser Glu Glu Ser

100 105 110

aac atg tgt gat ctt ctc agg atc aac act gat agg ggt gtc atg atc 384

Asn Met Cys Asp Leu Leu Arg Ile Asn Thr Asp Arg Gly Val Met Ile

115	120	125	
cat gac agc caa aca aga ttt tct att aag gga caa cct att tac cat			432
His Asp Ser Gln Thr Arg Phe Ser Ile Lys Gly Gln Pro Ile Tyr His			
130	135	140	
ttt gtt ggt acc tcc aca ttc agt gaa tac act gtt gtt cat gcc gga			480
Phe Val Gly Thr Ser Thr Phe Ser Glu Tyr Thr Val Val His Ala Gly			
145	150	155	160
tgt gtt gcc aaa gtc aac cct gct gcc cca ctt gac aaa att tgt gtt			528
Cys Val Ala Lys Val Asn Pro Ala Ala Pro Leu Asp Lys Ile Cys Val			
165	170	175	
ctc agt tgt gga att tgc aca ggt ctt ggg gct act atc aat gtt gca			576
Leu Ser Cys Gly Ile Cys Thr Gly Leu Gly Ala Thr Ile Asn Val Ala			
180	185	190	
aaa cca aaa cct ggt tct tct gtt gcc att ttt gga ctt gga gct gtt			624
Lys Pro Lys Pro Gly Ser Ser Val Ala Ile Phe Gly Leu Gly Ala Val			
195	200	205	
ggc ctt gct gct gct gaa ggg gca agg att tct ggt gca tca aga att			672
Gly Leu Ala Ala Ala Glu Gly Ala Arg Ile Ser Gly Ala Ser Arg Ile			
210	215	220	
att ggg gtt gat tta gtt tct agc aga ttt gaa gaa gct aag aag ttt			720
Ile Gly Val Asp Leu Val Ser Ser Arg Phe Glu Glu Ala Lys Lys Phe			
225	230	235	240
ggg gtc aat gaa ttt gtg aac cca aaa gac cat gac aag cct gta caa			768
Gly Val Asn Glu Phe Val Asn Pro Lys Asp His Asp Lys Pro Val Gln			
245	250	255	
gag gtg att gct gca atg acg aat ggg ggt gtg gat cgt gct gtt gaa			816
Glu Val Ile Ala Ala Met Thr Asn Gly Gly Val Asp Arg Ala Val Glu			
260	265	270	
tgt act ggc agc atc caa gcc atg atc tcg gca ttc gaa tgc gtc cac			864
Cys Thr Gly Ser Ile Gln Ala Met Ile Ser Ala Phe Glu Cys Val His			
275	280	285	

gat ggt tgg ggt gtt gct gta ctt gtt gga gtg cca aac aaa gat gat 912

Asp Gly Trp Gly Val Ala Val Leu Val Gly Val Pro Asn Lys Asp Asp

290 295 300

gca ttc aaa act cat cca gtg aat ttc ttg aac gag aga act cta aag 960

Ala Phe Lys Thr His Pro Val Asn Phe Leu Asn Glu Arg Thr Leu Lys

305 310 315 320

ggt acc ttc tac gga aac tac aaa ccc cgc act gat ctt cct tct gtt 1008

Gly Thr Phe Tyr Gly Asn Tyr Lys Pro Arg Thr Asp Leu Pro Ser Val

325 330 335

gtg gag aag tac atg aat ggg gaa ttg gaa ctg gag aaa ttc atc act 1056

Val Glu Lys Tyr Met Asn Gly Glu Leu Glu Leu Glu Lys Phe Ile Thr

340 345 350

cac aca gtt cca ttc tca gag att aac aag gct ttt gat tac atg ctg 1104

His Thr Val Pro Phe Ser Glu Ile Asn Lys Ala Phe Asp Tyr Met Leu

355 360 365

aaa ggg gag tcc atc aga tgc atc att cga atg ggg gag 1143

Lys Gly Glu Ser Ile Arg Cys Ile Ile Arg Met Gly Glu

370 375 380

<210> 411

<211> 381

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 411

Met Ser Ser Ser Thr Val Gly Gln Val Ile Lys Cys Lys Ala Ala Val

1 5 10 15

Ser Trp Glu Ala Gly Lys Pro Leu Val Ile Glu Glu Val Glu Val Ala

20 25 30

Pro Pro Gln Ala Gly Glu Val Arg Leu Lys Ile Leu Tyr Thr Ser Leu

35 40 45

Cys His Thr Asp Val Tyr Phe Trp Glu Ala Lys Gly Gln Thr Pro Leu

50 55 60

Phe Pro Arg Ile Phe Gly His Glu Ala Gly Gly Ile Val Glu Ser Val
 65 70 75 80
 Gly Glu Gly Val Thr His Leu Lys Pro Gly Asp His Ala Leu Pro Val
 85 90 95
 Phe Thr Gly Glu Cys Gly Glu Cys Pro His Cys Lys Ser Glu Glu Ser
 100 105 110
 Asn Met Cys Asp Leu Leu Arg Ile Asn Thr Asp Arg Gly Val Met Ile

 115 120 125
 His Asp Ser Gln Thr Arg Phe Ser Ile Lys Gly Gln Pro Ile Tyr His
 130 135 140
 Phe Val Gly Thr Ser Thr Phe Ser Glu Tyr Thr Val Val His Ala Gly
 145 150 155 160
 Cys Val Ala Lys Val Asn Pro Ala Ala Pro Leu Asp Lys Ile Cys Val
 165 170 175
 Leu Ser Cys Gly Ile Cys Thr Gly Leu Gly Ala Thr Ile Asn Val Ala

 180 185 190
 Lys Pro Lys Pro Gly Ser Ser Val Ala Ile Phe Gly Leu Gly Ala Val
 195 200 205
 Gly Leu Ala Ala Ala Glu Gly Ala Arg Ile Ser Gly Ala Ser Arg Ile
 210 215 220
 Ile Gly Val Asp Leu Val Ser Ser Arg Phe Glu Glu Ala Lys Lys Phe
 225 230 235 240
 Gly Val Asn Glu Phe Val Asn Pro Lys Asp His Asp Lys Pro Val Gln

 245 250 255
 Glu Val Ile Ala Ala Met Thr Asn Gly Gly Val Asp Arg Ala Val Glu
 260 265 270
 Cys Thr Gly Ser Ile Gln Ala Met Ile Ser Ala Phe Glu Cys Val His
 275 280 285
 Asp Gly Trp Gly Val Ala Val Leu Val Gly Val Pro Asn Lys Asp Asp
 290 295 300
 Ala Phe Lys Thr His Pro Val Asn Phe Leu Asn Glu Arg Thr Leu Lys

305 310 315 320
 Gly Thr Phe Tyr Gly Asn Tyr Lys Pro Arg Thr Asp Leu Pro Ser Val
 325 330 335
 Val Glu Lys Tyr Met Asn Gly Glu Leu Glu Leu Glu Lys Phe Ile Thr
 340 345 350
 His Thr Val Pro Phe Ser Glu Ile Asn Lys Ala Phe Asp Tyr Met Leu
 355 360 365
 Lys Gly Glu Ser Ile Arg Cys Ile Ile Arg Met Gly Glu

370 375 380
 <210> 412
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 412

Phe Gly Val Asn Glu Phe Val Asn Pro Lys

1 5 10

<210> 413
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 413

Phe Ile Thr His Thr Val Pro Phe Ser Glu Ile Asn Lys

1 5 10

<210> 414
 <211> 19
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 414

Gly Thr Phe Tyr Gly Asn Tyr Lys Pro Arg Thr Asp Leu Pro Ser Val

1 5 10 15

Val Glu Lys

<210> 415

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 415

Thr His Pro Val Asn Phe Leu Asn Glu Arg Thr Leu Lys

1 5 10

<210> 416

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 416

Val Asn Pro Ala Ala Pro Leu Asp Lys

1 5

<210> 417

<211> 1113

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1113)

<400> 417

atg cgt gca gct gcg gtg gca tgg gaa gca ggg aag cca ctg tca ata 48

Met Arg Ala Ala Ala Val Ala Trp Glu Ala Gly Lys Pro Leu Ser Ile

1 5 10 15

gaa acc ata gaa gtg gca cca ccc cag aaa ggt gaa gtg cgt ttg agg 96

Glu Thr Ile Glu Val Ala Pro Pro Gln Lys Gly Glu Val Arg Leu Arg

20 25 30

atc ctc ttc aac tcc ctt tgc cgt agt gat gtt tat tgg tgg gat gct 144

Ile Leu Phe Asn Ser Leu Cys Arg Ser Asp Val Tyr Trp Trp Asp Ala

35 40 45

aag gac cag act cct ctg ttt cct cgt atc tta ggc cac gaa gct tca 192

Lys Asp Gln Thr Pro Leu Phe Pro Arg Ile Leu Gly His Glu Ala Ser

50 55 60

ggg att gtg gag agc gtg ggc gag ggt gtg aca cat ctg aaa cca ggt 240

Gly	Ile	Val	Glu	Ser	Val	Gly	Glu	Gly	Val	Thr	His	Leu	Lys	Pro	Gly	
65				70				75				80				
gac	cat	gca	ctc	cca	ata	ttc	act	ggg	gag	tgt	ggt	gaa	tgc	act	tat	288
Asp	His	Ala	Leu	Pro	Ile	Phe	Thr	Gly	Glu	Cys	Gly	Glu	Cys	Thr	Tyr	
85				90				95								
tgt	aag	tct	gaa	gag	agc	aac	ctg	tgt	gag	cta	ctc	agg	atc	aac	act	336
Cys	Lys	Ser	Glu	Glu	Ser	Asn	Leu	Cys	Glu	Leu	Leu	Arg	Ile	Asn	Thr	
100				105				110								
gac	agg	ggt	gtt	atg	ctg	agt	gat	gga	aaa	aca	agg	ttc	tcc	aaa	aat	384
Asp	Arg	Gly	Val	Met	Leu	Ser	Asp	Gly	Lys	Thr	Arg	Phe	Ser	Lys	Asn	
115				120				125								
ggc	caa	ccc	att	tac	cac	ttc	gtt	gga	acc	tcc	act	ttc	agt	gaa	tac	432
Gly	Gln	Pro	Ile	Tyr	His	Phe	Val	Gly	Thr	Ser	Thr	Phe	Ser	Glu	Tyr	
130				135				140								
act	gtt	ctc	cat	gaa	gga	tgt	gta	gcc	aag	att	aac	cct	aat	gcc	cca	480
Thr	Val	Leu	His	Glu	Gly	Cys	Val	Ala	Lys	Ile	Asn	Pro	Asn	Ala	Pro	
145				150				155				160				
ctt	gac	aaa	gtt	gct	att	gtc	agc	tgt	gga	ttc	tgc	aca	ggt	ttt	ggg	528
Leu	Asp	Lys	Val	Ala	Ile	Val	Ser	Cys	Gly	Phe	Cys	Thr	Gly	Phe	Gly	
165				170				175								
gct	act	gtg	aat	gtt	gca	aaa	cca	aag	cct	aat	aat	act	gtt	gct	gtc	576
Ala	Thr	Val	Asn	Val	Ala	Lys	Pro	Lys	Pro	Asn	Asn	Thr	Val	Ala	Val	
180				185				190								
ttt	ggc	tta	gga	gct	gtt	ggg	ctt	gct	gcc	tgt	gaa	ggg	gca	agg	gtt	624
Phe	Gly	Leu	Gly	Ala	Val	Gly	Leu	Ala	Ala	Cys	Glu	Gly	Ala	Arg	Val	
195				200				205								
tct	ggt	gca	tct	aga	atc	atc	ggg	gtt	gat	tta	ctt	ccc	aat	cga	ttt	672
Ser	Gly	Ala	Ser	Arg	Ile	Ile	Gly	Val	Asp	Leu	Leu	Pro	Asn	Arg	Phe	
210				215				220								

gaa caa gcc aaa aaa ttt ggg gtc act gat ttt gta aac ccg aaa gat	720
Glu Gln Ala Lys Lys Phe Gly Val Thr Asp Phe Val Asn Pro Lys Asp	
225 230 235 240	
cac aac aaa cca gtc caa gag gtc att gct gaa atg act aat gga gga	768
His Asn Lys Pro Val Gln Glu Val Ile Ala Glu Met Thr Asn Gly Gly	
245 250 255	
gta gat cgt gct att gaa tgc act gga agc atc caa gct tca atc tca	816
Val Asp Arg Ala Ile Glu Cys Thr Gly Ser Ile Gln Ala Ser Ile Ser	
260 265 270	
gca ttt gaa tgc act cat gat ggt tgg ggt act gct gtc ctt gtt ggt	864
Ala Phe Glu Cys Thr His Asp Gly Trp Gly Thr Ala Val Leu Val Gly	
275 280 285	
gtg cca aag aag gat gtt gaa ttc aaa act aat cct atg aag ttc atg	912
Val Pro Lys Lys Asp Val Glu Phe Lys Thr Asn Pro Met Lys Phe Met	
290 295 300	
gaa ggg aga act ctt aag ggt acc ttc tat ggt cac tac aga ccc cgc	960
Glu Gly Arg Thr Leu Lys Gly Thr Phe Tyr Gly His Tyr Arg Pro Arg	
305 310 315 320	
act gac att cct ggt gtt gtg gag aag tac ctc aac aag gag ttg gaa	1008
Thr Asp Ile Pro Gly Val Val Glu Lys Tyr Leu Asn Lys Glu Leu Glu	
325 330 335	
cta gac aaa ttt atc act cac tct gtg cca ttc tca aag atc aac act	1056
Leu Asp Lys Phe Ile Thr His Ser Val Pro Phe Ser Lys Ile Asn Thr	
340 345 350	
gca ttt gat ctt atg ctg aaa ggg gag ggc ata agg tgc ctc atc tgc	1104
Ala Phe Asp Leu Met Leu Lys Gly Glu Gly Ile Arg Cys Leu Ile Cys	
355 360 365	
atg gaa gag	1113
Met Glu Glu	
370	
<210> 418	

<211> 371

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 418

Met Arg Ala Ala Ala Val Ala Trp Glu Ala Gly Lys Pro Leu Ser Ile

1 5 10 15

Glu Thr Ile Glu Val Ala Pro Pro Gln Lys Gly Glu Val Arg Leu Arg

20 25 30

Ile Leu Phe Asn Ser Leu Cys Arg Ser Asp Val Tyr Trp Trp Asp Ala

35 40 45

Lys Asp Gln Thr Pro Leu Phe Pro Arg Ile Leu Gly His Glu Ala Ser

50 55 60

Gly Ile Val Glu Ser Val Gly Glu Gly Val Thr His Leu Lys Pro Gly

65 70 75 80

Asp His Ala Leu Pro Ile Phe Thr Gly Glu Cys Gly Glu Cys Thr Tyr

85 90 95

Cys Lys Ser Glu Glu Ser Asn Leu Cys Glu Leu Leu Arg Ile Asn Thr

100 105 110

Asp Arg Gly Val Met Leu Ser Asp Gly Lys Thr Arg Phe Ser Lys Asn

115 120 125

Gly Gln Pro Ile Tyr His Phe Val Gly Thr Ser Thr Phe Ser Glu Tyr

130 135 140

Thr Val Leu His Glu Gly Cys Val Ala Lys Ile Asn Pro Asn Ala Pro

145 150 155 160

Leu Asp Lys Val Ala Ile Val Ser Cys Gly Phe Cys Thr Gly Phe Gly

165 170 175

Ala Thr Val Asn Val Ala Lys Pro Lys Pro Asn Asn Thr Val Ala Val

180 185 190

Phe Gly Leu Gly Ala Val Gly Leu Ala Ala Cys Glu Gly Ala Arg Val

195 200 205

Ser Gly Ala Ser Arg Ile Ile Gly Val Asp Leu Leu Pro Asn Arg Phe

210 215 220

Glu Gln Ala Lys Lys Phe Gly Val Thr Asp Phe Val Asn Pro Lys Asp

225 230 235 240

His Asn Lys Pro Val Gln Glu Val Ile Ala Glu Met Thr Asn Gly Gly

245 250 255

Val Asp Arg Ala Ile Glu Cys Thr Gly Ser Ile Gln Ala Ser Ile Ser

260 265 270

Ala Phe Glu Cys Thr His Asp Gly Trp Gly Thr Ala Val Leu Val Gly

275 280 285

Val Pro Lys Lys Asp Val Glu Phe Lys Thr Asn Pro Met Lys Phe Met

290 295 300

Glu Gly Arg Thr Leu Lys Gly Thr Phe Tyr Gly His Tyr Arg Pro Arg

305 310 315 320

Thr Asp Ile Pro Gly Val Val Glu Lys Tyr Leu Asn Lys Glu Leu Glu

325 330 335

Leu Asp Lys Phe Ile Thr His Ser Val Pro Phe Ser Lys Ile Asn Thr

340 345 350

Ala Phe Asp Leu Met Leu Lys Gly Glu Gly Ile Arg Cys Leu Ile Cys

355 360 365

Met Glu Glu

370

<210> 419

<211> 19

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 419

Gly Thr Phe Tyr Gly His Tyr Arg Pro Arg Thr Asp Ile Pro Gly Val

1 5 10 15

Val Glu Lys

<210> 420

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 420

Ile Asn Pro Asn Ala Pro Leu Asp Lys

1 5

<210> 421

<211> 1140

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1140)

<400> 421

atg tct agc acc gtt ggc cag acc atc aag tgc aaa gct gcg att gca 48

Met Ser Ser Thr Val Gly Gln Thr Ile Lys Cys Lys Ala Ala Ile Ala

1 5 10 15

tgg gag gct ggg aag ccg ctg gtg att gaa gaa gtg gag gtt gcg cca 96

Trp Glu Ala Gly Lys Pro Leu Val Ile Glu Glu Val Glu Val Ala Pro

20 25 30

ccg caa gcc ggt gaa gtc cgt ttg aag atc ctc tac acc tct ctt tgc 144

Pro Gln Ala Gly Glu Val Arg Leu Lys Ile Leu Tyr Thr Ser Leu Cys

35 40 45

cac act gat gtt tac ttc tgg gat gcg aag ggc cag act cca ttg ttt 192

His Thr Asp Val Tyr Phe Trp Asp Ala Lys Gly Gln Thr Pro Leu Phe

50 55 60

cct cgc att ttt ggc cat gaa gct tcg ggg att gtg gag agc gta ggc 240

Pro Arg Ile Phe Gly His Glu Ala Ser Gly Ile Val Glu Ser Val Gly

65 70 75 80

gag ggt gtg act cat ctg aaa cca ggt gac cat gcc ctc cct gtg ttc 288

Glu Gly Val Thr His Leu Lys Pro Gly Asp His Ala Leu Pro Val Phe

85 90 95

aca gga gag tgt gga gat tgc gcc cat tgc aag tca gag gag agc aac 336

Thr Gly Glu Cys Gly Asp Cys Ala His Cys Lys Ser Glu Glu Ser Asn

100	105	110	
atg tgt gag cta ctc agg atc aac acc gat agg ggt gtc atg atc cat			384
Met Cys Glu Leu Leu Arg Ile Asn Thr Asp Arg Gly Val Met Ile His			
115	120	125	
gat ggc caa tca agg ttc tct aag aat gga caa ccc ata cac cat ttc			432
Asp Gly Gln Ser Arg Phe Ser Lys Asn Gly Gln Pro Ile His His Phe			
130	135	140	
ttg gga acc tct aca ttc agt gaa tac act gtt gtc cat gct gga tgt			480
Leu Gly Thr Ser Thr Phe Ser Glu Tyr Thr Val Val His Ala Gly Cys			
145	150	155	160
gtt gca aag atc aac cct gct gct cca ctt gac aaa gtt tgt gtt ctc			528
Val Ala Lys Ile Asn Pro Ala Ala Pro Leu Asp Lys Val Cys Val Leu			
165	170	175	
agt tgt gga att tgc aca ggt ttt ggt gct act gta aat gta gca aaa			576
Ser Cys Gly Ile Cys Thr Gly Phe Gly Ala Thr Val Asn Val Ala Lys			
180	185	190	
cca aaa cct ggt tcc tct gtt gcc ata ttt gga ctt gga gct gtt ggc			624
Pro Lys Pro Gly Ser Ser Val Ala Ile Phe Gly Leu Gly Ala Val Gly			
195	200	205	
ctt gcg gct gct gaa ggt gca aga gtt tca ggt gct tca aga atc att			672
Leu Ala Ala Ala Glu Gly Ala Arg Val Ser Gly Ala Ser Arg Ile Ile			
210	215	220	
gga gtt gat tta gtt tct gcc cga ttt gaa gaa gct aag aag ttt ggg			720
Gly Val Asp Leu Val Ser Ala Arg Phe Glu Glu Ala Lys Lys Phe Gly			
225	230	235	240
gtt aat gag ttt gtg aac cca aag gat cat gat aaa cct gtg caa cag			768
Val Asn Glu Phe Val Asn Pro Lys Asp His Asp Lys Pro Val Gln Gln			
245	250	255	
gta att gct gaa atg acc aat gga ggt gtg gat cgg gct gtt gaa tgt			816
Val Ile Ala Glu Met Thr Asn Gly Gly Val Asp Arg Ala Val Glu Cys			
260	265	270	

act ggc agc atc caa gcc atg gtc tca gca ttc gaa tgc gtc cac gat 864
 Thr Gly Ser Ile Gln Ala Met Val Ser Ala Phe Glu Cys Val His Asp
 275 280 285

ggg tgg ggt ctt gct gta ctt gtt ggt gtg cct agt aaa gat gat gca 912

Gly Trp Gly Leu Ala Val Leu Val Gly Val Pro Ser Lys Asp Asp Ala
 290 295 300

ttc aaa act gct cct att aat ttc ctg aac gag agg act ctt aag ggc 960
 Phe Lys Thr Ala Pro Ile Asn Phe Leu Asn Glu Arg Thr Leu Lys Gly
 305 310 315 320

acc ttt tat ggc aac tac aaa cca cgc acc gat ctt cca tct gtt gtc 1008
 Thr Phe Tyr Gly Asn Tyr Lys Pro Arg Thr Asp Leu Pro Ser Val Val
 325 330 335

gag aag tac atg agt ggg gag cta gaa gtg gac aaa ttc atc act cac 1056
 Glu Lys Tyr Met Ser Gly Glu Leu Glu Val Asp Lys Phe Ile Thr His
 340 345 350

aca gtt cca ttc tca gag atc aac aaa gct ttt gat tta atg ctg aag 1104
 Thr Val Pro Phe Ser Glu Ile Asn Lys Ala Phe Asp Leu Met Leu Lys
 355 360 365

gga cag tcc att agg tgt atc atc cgc atg caa gag 1140
 Gly Gln Ser Ile Arg Cys Ile Ile Arg Met Gln Glu
 370 375 380

<210> 422
 <211> 380
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 422

Met Ser Ser Thr Val Gly Gln Thr Ile Lys Cys Lys Ala Ala Ile Ala
 1 5 10 15

Trp Glu Ala Gly Lys Pro Leu Val Ile Glu Glu Val Glu Val Ala Pro
 20 25 30

Pro Gln Ala Gly Glu Val Arg Leu Lys Ile Leu Tyr Thr Ser Leu Cys

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

Gly Trp Gly Leu Ala Val Leu Val Gly Val Pro Ser Lys Asp Asp Ala
 290 295 300
 Phe Lys Thr Ala Pro Ile Asn Phe Leu Asn Glu Arg Thr Leu Lys Gly
 305 310 315 320
 Thr Phe Tyr Gly Asn Tyr Lys Pro Arg Thr Asp Leu Pro Ser Val Val
 325 330 335
 Glu Lys Tyr Met Ser Gly Glu Leu Glu Val Asp Lys Phe Ile Thr His
 340 345 350

Thr Val Pro Phe Ser Glu Ile Asn Lys Ala Phe Asp Leu Met Leu Lys
 355 360 365
 Gly Gln Ser Ile Arg Cys Ile Ile Arg Met Gln Glu
 370 375 380

<210> 423
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 423

Phe Gly Val Asn Glu Phe Val Asn Pro Lys
 1 5 10
 <210> 424
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 424

Phe Ile Thr His Thr Val Pro Phe Ser Glu Ile Asn Lys
 1 5 10
 <210> 425
 <211> 19
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 425

Gly Thr Phe Tyr Gly Asn Tyr Lys Pro Arg Thr Asp Leu Pro Ser Val
 1 5 10 15

Val Glu Lys

<210> 426

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 426

Ile Asn Pro Ala Ala Pro Leu Asp Lys

1 5

<210> 427

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 427

Thr Ala Pro Ile Asn Phe Leu Asn Glu Arg Thr Leu Lys

1 5 10

<210> 428

<211> 927

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(927)

<400> 428

atg gcg tca aga cag caa ttc aag gaa gac aga gcc gag gca gct gca 48

Met Ala Ser Arg Gln Gln Phe Lys Glu Asp Arg Ala Glu Ala Ala Ala

1 5 10 15

aaa ctc gca gcg aaa gac atc ggc gac atc aac aga aca aac gag cgc 96

Lys Leu Ala Ala Lys Asp Ile Gly Asp Ile Asn Arg Thr Asn Glu Arg

20 25 30

gac gag ggg tac gac ttg cac gac gaa gcc aac ttc aag caa gca cga 144

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

35 40 45

gct gaa gca gct gca aag ctg gcg gcc aag gat ctg gag gac gct aac 192

aag ctt ggg gag cta aag gaa tct gct gct gat gct gct aaa agg gct 672

Lys Leu Gly Glu Leu Lys Glu Ser Ala Ala Asp Ala Ala Lys Arg Ala

210 215 220

atg ggt ttc ttc acc ggt ggc aac aaa gac caa act aga gag gag gag 720

Met Gly Phe Phe Thr Gly Gly Asn Lys Asp Gln Thr Arg Glu Glu Glu

225 230 235 240

gag gaa acg agg cgg agt atg cag gag gtg agg gtg caa gat aag gag 768

Glu Glu Thr Arg Arg Ser Met Gln Glu Val Arg Val Gln Asp Lys Glu

245 250 255

tat gga acg gga cgt ggt act gga gag aag ttg gtg ata aaa atg gaa 816

Tyr Gly Thr Gly Arg Gly Thr Gly Glu Lys Leu Val Ile Lys Met Glu

260 265 270

gag tcg cgg cca gga gcg gtg gcg gat gcg ctc aaa gca gcg aat agg 864

Glu Ser Arg Pro Gly Ala Val Ala Asp Ala Leu Lys Ala Ala Asn Arg

275 280 285

gcc atg gac ggc gat atg gag gag gaa ggc gtg ctt cat gtg gag cgt 912

Ala Met Asp Gly Asp Met Glu Glu Glu Gly Val Leu His Val Glu Arg

290 295 300

cgt agg gag aaa atg 927

Arg Arg Glu Lys Met

305

<210> 429

<211> 309

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 429

Met Ala Ser Arg Gln Gln Phe Lys Glu Asp Arg Ala Glu Ala Ala Ala

1 5 10 15

Lys Leu Ala Ala Lys Asp Ile Gly Asp Ile Asn Arg Thr Asn Glu Arg

20 25 30

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

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

Ala Met Asp Gly Asp Met Glu Glu Glu Gly Val Leu His Val Glu Arg

290

295

300

Arg Arg Glu Lys Met

305

<210> 430

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 430

Ala Gly Glu Tyr Thr Asp Tyr Ala Ala Gln Lys

1

5

10

<210> 431

<211> 24

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 431

Asp Ile Gly Asp Ile Asn Arg Thr Asn Glu Arg Asp Glu Gly Tyr Asp

1

5

10

15

Leu His Asp Glu Ala Asn Phe Lys

20

<210> 432

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 432

Asp Leu Glu Asp Ala Asn Arg Leu Arg Asp Asn Thr Phe Asn Thr Trp

1

5

10

15

Lys

<210> 433

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 433

Glu Ala Val Val Gly Lys Pro His His Glu Glu Val Tyr Ala Lys

1 5 10 15

<210> 434

<211> 1104

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1104)

<400> 434

atg ggc aag gtc aag atc gga atc aac gga ttt gga aga att ggc cgt 48

Met Gly Lys Val Lys Ile Gly Ile Asn Gly Phe Gly Arg Ile Gly Arg

1 5 10 15

ttg gta gcc aga gtg gct ctg cag aga gac gat gtt gaa ctc gtt gcc 96

Leu Val Ala Arg Val Ala Leu Gln Arg Asp Asp Val Glu Leu Val Ala

20 25 30

gtt aac gac cct ttc atc acc acc gat tac atg aca tac atg ttt aaa 144

Val Asn Asp Pro Phe Ile Thr Thr Asp Tyr Met Thr Tyr Met Phe Lys

35 40 45

tac gac agt gtt cat gga cac tgg aag cat cac gat gtc acc gtt aag 192

Tyr Asp Ser Val His Gly His Trp Lys His His Asp Val Thr Val Lys

50 55 60

gac gag aag acc ctt ctc ttc ggt gac aag cca gtc act att ttt gga 240

Asp Glu Lys Thr Leu Leu Phe Gly Asp Lys Pro Val Thr Ile Phe Gly

65 70 75 80

cac agg ttt tta ttt ttc act tta att ttt ctt act gtt tat gat tgt 288

His Arg Phe Leu Phe Phe Thr Leu Ile Phe Leu Thr Val Tyr Asp Cys

85 90 95

tgt gtc ctg cat gta aac gtt gag tgt tgt ttt ctc tgt gaa ctc aga 336

Cys Val Leu His Val Asn Val Glu Cys Cys Phe Leu Cys Glu Leu Arg

100 105 110

aac cct gaa gag atc cca tgg ggg tca act gga gct gac atc att gtt 384

Asn Pro Glu Glu Ile Pro Trp Gly Ser Thr Gly Ala Asp Ile Ile Val	
115	120
125	
gag tcc acc gga gtt ttc acc gat aag gac aag gcc gcc gca cat ttg	432
Glu Ser Thr Gly Val Phe Thr Asp Lys Asp Lys Ala Ala Ala His Leu	
130	135
140	
aag ggt ggt gca aag aag gtt att att tct gcc ccc agt aag gat gcc	480
Lys Gly Gly Ala Lys Lys Val Ile Ile Ser Ala Pro Ser Lys Asp Ala	
145	150
155	160
ccc atg ttt gtt gtt ggt gtc aac gag cac gag tac aag cca gag ctt	528
Pro Met Phe Val Val Gly Val Asn Glu His Glu Tyr Lys Pro Glu Leu	
165	170
175	
gat att atttcc aat gct agc tgc aca acc aac tgc ctt gcc cca ctt	576
Asp Ile Ile Ser Asn Ala Ser Cys Thr Thr Asn Cys Leu Ala Pro Leu	
180	185
190	
gcc aag gtt atc aat gac agg ttt ggc att gtt gag ggt ttg atg acc	624
Ala Lys Val Ile Asn Asp Arg Phe Gly Ile Val Glu Gly Leu Met Thr	
195	200
205	
act gtt cat tcc atc acc gct acc cag aag act gtt gat gga cca tca	672
Thr Val His Ser Ile Thr Ala Thr Gln Lys Thr Val Asp Gly Pro Ser	
210	215
220	
gcc aag gac tgg aga ggt gga aga gct gct tca ttt aac atc att cct	720
Ala Lys Asp Trp Arg Gly Gly Arg Ala Ala Ser Phe Asn Ile Ile Pro	
225	230
235	240
agc agc act gga gct gcc aag gct gtt ggg aaa gtc ctc cct gct ttg	768
Ser Ser Thr Gly Ala Ala Lys Ala Val Gly Lys Val Leu Pro Ala Leu	
245	250
255	
aat gga aaa ttg act ggt atg gca ttc cgt gtt ccc acc gtg gat gtc	816
Asn Gly Lys Leu Thr Gly Met Ala Phe Arg Val Pro Thr Val Asp Val	
260	265
270	

tct gtt gtt gac ctc aca gtg agg ctg gag aaa gaa gct tcc tac gat 864

Ser Val Val Asp Leu Thr Val Arg Leu Glu Lys Glu Ala Ser Tyr Asp

275 280 285

gaa att aaa aat gct atc aag gag gaa tca gag ggc aag ttg aag gga 912

Glu Ile Lys Asn Ala Ile Lys Glu Glu Ser Glu Gly Lys Leu Lys Gly

290 295 300

att ctt ggt tac act gaa gat gat gtg gtc tcc act gac ttt atc ggc 960

Ile Leu Gly Tyr Thr Glu Asp Asp Val Val Ser Thr Asp Phe Ile Gly

305 310 315 320

gat agc aga tca agt att ttt gat gca aag gct gga att gca ttg aat 1008

Asp Ser Arg Ser Ser Ile Phe Asp Ala Lys Ala Gly Ile Ala Leu Asn

325 330 335

aag aac ttt gtg aag ctt gtt tct tgg tac gac aac gag tgg gga tac 1056

Lys Asn Phe Val Lys Leu Val Ser Trp Tyr Asp Asn Glu Trp Gly Tyr

340 345 350

agc tca cgt gtc att gat ctt ctt gta ttc gtt gcc aag aag tct ctt 1104

Ser Ser Arg Val Ile Asp Leu Leu Val Phe Val Ala Lys Lys Ser Leu

355 360 365

<210> 435

<211> 368

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 435

Met Gly Lys Val Lys Ile Gly Ile Asn Gly Phe Gly Arg Ile Gly Arg

1 5 10 15

Leu Val Ala Arg Val Ala Leu Gln Arg Asp Asp Val Glu Leu Val Ala

20 25 30

Val Asn Asp Pro Phe Ile Thr Thr Asp Tyr Met Thr Tyr Met Phe Lys

35 40 45

Tyr Asp Ser Val His Gly His Trp Lys His His Asp Val Thr Val Lys

50 55 60

Asp Glu Lys Thr Leu Leu Phe Gly Asp Lys Pro Val Thr Ile Phe Gly
 65 70 75 80
 His Arg Phe Leu Phe Phe Thr Leu Ile Phe Leu Thr Val Tyr Asp Cys
 85 90 95

 Cys Val Leu His Val Asn Val Glu Cys Cys Phe Leu Cys Glu Leu Arg
 100 105 110
 Asn Pro Glu Glu Ile Pro Trp Gly Ser Thr Gly Ala Asp Ile Ile Val
 115 120 125
 Glu Ser Thr Gly Val Phe Thr Asp Lys Asp Lys Ala Ala Ala His Leu
 130 135 140
 Lys Gly Gly Ala Lys Lys Val Ile Ile Ser Ala Pro Ser Lys Asp Ala
 145 150 155 160

 Pro Met Phe Val Val Gly Val Asn Glu His Glu Tyr Lys Pro Glu Leu
 165 170 175
 Asp Ile Ile Ser Asn Ala Ser Cys Thr Thr Asn Cys Leu Ala Pro Leu
 180 185 190
 Ala Lys Val Ile Asn Asp Arg Phe Gly Ile Val Glu Gly Leu Met Thr
 195 200 205
 Thr Val His Ser Ile Thr Ala Thr Gln Lys Thr Val Asp Gly Pro Ser
 210 215 220

 Ala Lys Asp Trp Arg Gly Gly Arg Ala Ala Ser Phe Asn Ile Ile Pro
 225 230 235 240
 Ser Ser Thr Gly Ala Ala Lys Ala Val Gly Lys Val Leu Pro Ala Leu
 245 250 255
 Asn Gly Lys Leu Thr Gly Met Ala Phe Arg Val Pro Thr Val Asp Val
 260 265 270
 Ser Val Val Asp Leu Thr Val Arg Leu Glu Lys Glu Ala Ser Tyr Asp
 275 280 285

 Glu Ile Lys Asn Ala Ile Lys Glu Glu Ser Glu Gly Lys Leu Lys Gly
 290 295 300
 Ile Leu Gly Tyr Thr Glu Asp Asp Val Val Ser Thr Asp Phe Ile Gly

305 310 315 320
 Asp Ser Arg Ser Ser Ile Phe Asp Ala Lys Ala Gly Ile Ala Leu Asn
 325 330 335
 Lys Asn Phe Val Lys Leu Val Ser Trp Tyr Asp Asn Glu Trp Gly Tyr
 340 345 350

Ser Ser Arg Val Ile Asp Leu Leu Val Phe Val Ala Lys Lys Ser Leu
 355 360 365

<210> 436
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 436

Glu Ala Ser Tyr Asp Glu Ile Lys
 1 5

<210> 437
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 437

Gly Ile Leu Gly Tyr Thr Glu Asp Asp Val Val Ser Thr Asp Phe Ile
 1 5 10 15

Gly Asp Ser Arg Ser Ser Ile Phe Asp Ala Lys
 20 25

<210> 438
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 438

Val Ile Ile Ser Ala Pro Ser Lys
 1 5

<210> 439
 <211> 8
 <212> PRT

<213> Glycine max

<400> 439

Val Leu Pro Ala Leu Asn Gly Lys

1 5

<210> 440

<211> 1014

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1014)

<400> 440

atg ggc aag gtc aag atc gga atc aac gga ttt gga aga att ggc cgt 48

Met Gly Lys Val Lys Ile Gly Ile Asn Gly Phe Gly Arg Ile Gly Arg

1 5 10 15

ttg gtt gcc aga gtc gct ctg caa aga gac gat gtg gag ctc gtt gcc 96

Leu Val Ala Arg Val Ala Leu Gln Arg Asp Asp Val Glu Leu Val Ala

20 25 30

gtt aac gac cct ttc att acc acc gat tac atg aca tac atg ttt aaa 144

Val Asn Asp Pro Phe Ile Thr Thr Asp Tyr Met Thr Tyr Met Phe Lys

35 40 45

tac gac agt gtt cac gga cac tgg aag cat cac gat gtc acc gtt aag 192

Tyr Asp Ser Val His Gly His Trp Lys His His Asp Val Thr Val Lys

50 55 60

gac gag aag acc ctt ctc ttc ggt gac aag cca gtc act gtt ttt gga 240

Asp Glu Lys Thr Leu Leu Phe Gly Asp Lys Pro Val Thr Val Phe Gly

65 70 75 80

cac agg aac cct gaa gag atc cca tgg ggg tca act gga gct gat atc 288

His Arg Asn Pro Glu Glu Ile Pro Trp Gly Ser Thr Gly Ala Asp Ile

85 90 95

att gtt gag tcc acc gga gtt ttc acc gat aag gac aag gcc gcc gca 336

Ile Val Glu Ser Thr Gly Val Phe Thr Asp Lys Asp Lys Ala Ala Ala

100 105 110

cat ttg aag ggt ggt gcg aag aag gtt att att tct gcc ccc agt aag	384
His Leu Lys Gly Gly Ala Lys Lys Val Ile Ile Ser Ala Pro Ser Lys	
115 120 125	
gat gcc ccc atg ttt gtt gtt ggt gtt aac gag cac gag tac aag cca	432
Asp Ala Pro Met Phe Val Val Gly Val Asn Glu His Glu Tyr Lys Pro	
130 135 140	
gag ctt gat att att tcc aat gct agc tgc aca acc aac tgc ctt gct	480
Glu Leu Asp Ile Ile Ser Asn Ala Ser Cys Thr Thr Asn Cys Leu Ala	
145 150 155 160	
cca ctt gct aag gtt att aat gac agg ttt ggc att gtt gag ggt ttg	528
Pro Leu Ala Lys Val Ile Asn Asp Arg Phe Gly Ile Val Glu Gly Leu	
165 170 175	
atg acc act gtt cat tcc atc act gcc acc cag aag act gtt gat ggg	576
Met Thr Thr Val His Ser Ile Thr Ala Thr Gln Lys Thr Val Asp Gly	
180 185 190	
cca tca gcc aaa gac tgg aga ggt gga aga gct gct tca ttt aac atc	624
Pro Ser Ala Lys Asp Trp Arg Gly Gly Arg Ala Ala Ser Phe Asn Ile	
195 200 205	
att cct agc agc act gga gct gcc aag gct gtt gga aaa gtc ctt cct	672
Ile Pro Ser Ser Thr Gly Ala Ala Lys Ala Val Gly Lys Val Leu Pro	
210 215 220	
gct ttg aac gga aaa ttg act ggt atg gca ttc cgt gtt ccc acc gtg	720
Ala Leu Asn Gly Lys Leu Thr Gly Met Ala Phe Arg Val Pro Thr Val	
225 230 235 240	
gat gtc tct gtt gtt gac ctc aca gtg agg ctg gag aag gaa gcc tcc	768
Asp Val Ser Val Val Asp Leu Thr Val Arg Leu Glu Lys Glu Ala Ser	
245 250 255	
tac gat gaa att aaa aat gct atc aag gag gaa tca gag ggc aag ttg	816
Tyr Asp Glu Ile Lys Asn Ala Ile Lys Glu Glu Ser Glu Gly Lys Leu	

260	265	270	
aag gga att ctt ggt tac act gaa gat gat gtg gtc tcc acc gac ttt			864
Lys Gly Ile Leu Gly Tyr Thr Glu Asp Asp Val Val Ser Thr Asp Phe			
275	280	285	
gtg ggc gat agc aga tca agt att ttt gat gca aag gct gga att gca			912
Val Gly Asp Ser Arg Ser Ser Ile Phe Asp Ala Lys Ala Gly Ile Ala			
290	295	300	
ttg aat aag aac ttt gtg aag ctt gtc tct tgg tat gac aac gag tgg			960
Leu Asn Lys Asn Phe Val Lys Leu Val Ser Trp Tyr Asp Asn Glu Trp			
305	310	315	320
gga tac agc tca cgt gtc att gac ctg ctt gta ttc gtt gcc aag aag			1008
Gly Tyr Ser Ser Arg Val Ile Asp Leu Leu Val Phe Val Ala Lys Lys			
325	330	335	
tct ttt			1014

Ser Phe

<210> 441

<211> 338

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 441

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

85 90 95
 Ile Val Glu Ser Thr Gly Val Phe Thr Asp Lys Asp Lys Ala Ala Ala
 100 105 110
 His Leu Lys Gly Gly Ala Lys Lys Val Ile Ile Ser Ala Pro Ser Lys
 115 120 125
 Asp Ala Pro Met Phe Val Val Gly Val Asn Glu His Glu Tyr Lys Pro
 130 135 140
 Glu Leu Asp Ile Ile Ser Asn Ala Ser Cys Thr Thr Asn Cys Leu Ala
 145 150 155 160
 Pro Leu Ala Lys Val Ile Asn Asp Arg Phe Gly Ile Val Glu Gly Leu
 165 170 175
 Met Thr Thr Val His Ser Ile Thr Ala Thr Gln Lys Thr Val Asp Gly
 180 185 190
 Pro Ser Ala Lys Asp Trp Arg Gly Gly Arg Ala Ala Ser Phe Asn Ile
 195 200 205
 Ile Pro Ser Ser Thr Gly Ala Ala Lys Ala Val Gly Lys Val Leu Pro
 210 215 220
 Ala Leu Asn Gly Lys Leu Thr Gly Met Ala Phe Arg Val Pro Thr Val
 225 230 235 240
 Asp Val Ser Val Val Asp Leu Thr Val Arg Leu Glu Lys Glu Ala Ser
 245 250 255
 Tyr Asp Glu Ile Lys Asn Ala Ile Lys Glu Glu Ser Glu Gly Lys Leu
 260 265 270
 Lys Gly Ile Leu Gly Tyr Thr Glu Asp Asp Val Val Ser Thr Asp Phe
 275 280 285
 Val Gly Asp Ser Arg Ser Ser Ile Phe Asp Ala Lys Ala Gly Ile Ala
 290 295 300
 Leu Asn Lys Asn Phe Val Lys Leu Val Ser Trp Tyr Asp Asn Glu Trp
 305 310 315 320
 Gly Tyr Ser Ser Arg Val Ile Asp Leu Leu Val Phe Val Ala Lys Lys
 325 330 335

Ser Phe

<210> 442

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 442

Glu Ala Ser Tyr Asp Glu Ile Lys

1 5

<210> 443

<211> 27

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 443

Gly Ile Leu Gly Tyr Thr Glu Asp Asp Val Val Ser Thr Asp Phe Val

1 5 10 15

Gly Asp Ser Arg Ser Ser Ile Phe Asp Ala Lys

20 25

<210> 444

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 444

Val Ile Ile Ser Ala Pro Ser Lys

1 5

<210> 445

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 445

Val Leu Pro Ala Leu Asn Gly Lys

1 5

<210> 446

<211> 1020

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1020)

<400> 446

atg gca tca gat aag aag att agg atc ggc atc aac gga ttt gga agg 48

Met Ala Ser Asp Lys Lys Ile Arg Ile Gly Ile Asn Gly Phe Gly Arg

1 5 10 15

att ggc cgt ttg gtg gcc agg gtt gcc ctt caa agg aat gat gtt gaa 96

Ile Gly Arg Leu Val Ala Arg Val Ala Leu Gln Arg Asn Asp Val Glu

20 25 30

ctt gtt gct gtc aac gat cct ttc atc acc act gat tac atg aca tac 144

Leu Val Ala Val Asn Asp Pro Phe Ile Thr Thr Asp Tyr Met Thr Tyr

35 40 45

atg ttc aag tac gac acc gtt cat ggc cag tgg aag cat ttt gat gtg 192

Met Phe Lys Tyr Asp Thr Val His Gly Gln Trp Lys His Phe Asp Val

50 55 60

aag gtg aag gac tct aag acc ctt ctc ttt ggt gag aag ccc gtc acc 240

Lys Val Lys Asp Ser Lys Thr Leu Leu Phe Gly Glu Lys Pro Val Thr

65 70 75 80

gtt ttt gga atc agg aac cct gag gaa att cca tgg ggt gag gtt ggt 288

Val Phe Gly Ile Arg Asn Pro Glu Glu Ile Pro Trp Gly Glu Val Gly

85 90 95

gct gat tat gtt gtt gag tca act ggt gta ttc act gac aag gac aag 336

Ala Asp Tyr Val Val Glu Ser Thr Gly Val Phe Thr Asp Lys Asp Lys

100 105 110

gct gct gct cac ttg aag ggt ggt gcc aag aag gtt gtc atc tct gcc 384

Ala Ala Ala His Leu Lys Gly Gly Ala Lys Lys Val Val Ile Ser Ala

115 120 125

cca agc aaa gat gca ccc atg ttt gtt gtt ggt gtt aac gag aag gag 432

Pro Ser Lys Asp Ala Pro Met Phe Val Val Gly Val Asn Glu Lys Glu

130 135 140

tac aag cca gag ctt gac att gtt tcc aat gct agc tgc act acc aat 480

Tyr Lys Pro Glu Leu Asp Ile Val Ser Asn Ala Ser Cys Thr Thr Asn

145 150 155 160

tgt ctt gct ccc ctc gcc aag gtt atc aac gac cga ttt gga att gtg 528

Cys Leu Ala Pro Leu Ala Lys Val Ile Asn Asp Arg Phe Gly Ile Val

165 170 175

gag ggt ctt atg acc act gtt cat gcc atc aca gct act cag aag act 576

Glu Gly Leu Met Thr Thr Val His Ala Ile Thr Ala Thr Gln Lys Thr

180 185 190

gtt gat ggtcca tca aac aag gac tgg agg ggt gga aga gct gct tcc 624

Val Asp Gly Pro Ser Asn Lys Asp Trp Arg Gly Gly Arg Ala Ala Ser

195 200 205

ttc aat ata att ccc agc agc act gga gct gct aag gct gta gga aaa 672

Phe Asn Ile Ile Pro Ser Ser Thr Gly Ala Ala Lys Ala Val Gly Lys

210 215 220

gtt ctt cca gca ctg aat ggt aaa ttg act ggc atg tcc ttc cga gtc 720

Val Leu Pro Ala Leu Asn Gly Lys Leu Thr Gly Met Ser Phe Arg Val

225 230 235 240

ccc act gta gat gtt tca gtt gtt gac ctc act gtc agg cta gag aag 768

Pro Thr Val Asp Val Ser Val Val Asp Leu Thr Val Arg Leu Glu Lys

245 250 255

cca gca acc tat gag caa atc aaa tct gct atc aag gag gaa tca gag 816

Pro Ala Thr Tyr Glu Gln Ile Lys Ser Ala Ile Lys Glu Glu Ser Glu

260 265 270

ggc aaa ttg aag ggt att ttg ggt tac acc gaa gat gat gtt gtg tct 864

Gly Lys Leu Lys Gly Ile Leu Gly Tyr Thr Glu Asp Asp Val Val Ser

275 280 285

act gat ttt gtt ggt gat aac agg tct agc ata ttt gac gcc aag gcc 912
 Thr Asp Phe Val Gly Asp Asn Arg Ser Ser Ile Phe Asp Ala Lys Ala
 290 295 300
 gga att tct ttg aac gac aac ttt gta aaa ctt gtt tcc tgg tat gac 960
 Gly Ile Ser Leu Asn Asp Asn Phe Val Lys Leu Val Ser Trp Tyr Asp
 305 310 315 320
 aac gaa tgg ggt tac agt tcc cgt gtg att gat ttg att gtc cac att 1008

Asn Glu Trp Gly Tyr Ser Ser Arg Val Ile Asp Leu Ile Val His Ile
 325 330 335
 gca tcc gtg gct 1020
 Ala Ser Val Ala
 340

<210> 447
 <211> 340
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 447

Met Ala Ser Asp Lys Lys Ile Arg Ile Gly Ile Asn Gly Phe Gly Arg

1 5 10 15
 Ile Gly Arg Leu Val Ala Arg Val Ala Leu Gln Arg Asn Asp Val Glu
 20 25 30
 Leu Val Ala Val Asn Asp Pro Phe Ile Thr Thr Asp Tyr Met Thr Tyr
 35 40 45
 Met Phe Lys Tyr Asp Thr Val His Gly Gln Trp Lys His Phe Asp Val
 50 55 60
 Lys Val Lys Asp Ser Lys Thr Leu Leu Phe Gly Glu Lys Pro Val Thr

65 70 75 80
 Val Phe Gly Ile Arg Asn Pro Glu Glu Ile Pro Trp Gly Glu Val Gly
 85 90 95
 Ala Asp Tyr Val Val Glu Ser Thr Gly Val Phe Thr Asp Lys Asp Lys
 100 105 110
 Ala Ala Ala His Leu Lys Gly Gly Ala Lys Lys Val Val Ile Ser Ala

115 120 125
Pro Ser Lys Asp Ala Pro Met Phe Val Val Gly Val Asn Glu Lys Glu

130 135 140
Tyr Lys Pro Glu Leu Asp Ile Val Ser Asn Ala Ser Cys Thr Thr Asn
145 150 155 160
Cys Leu Ala Pro Leu Ala Lys Val Ile Asn Asp Arg Phe Gly Ile Val
165 170 175
Glu Gly Leu Met Thr Thr Val His Ala Ile Thr Ala Thr Gln Lys Thr
180 185 190
Val Asp Gly Pro Ser Asn Lys Asp Trp Arg Gly Gly Arg Ala Ala Ser

195 200 205
Phe Asn Ile Ile Pro Ser Ser Thr Gly Ala Ala Lys Ala Val Gly Lys
210 215 220
Val Leu Pro Ala Leu Asn Gly Lys Leu Thr Gly Met Ser Phe Arg Val
225 230 235 240
Pro Thr Val Asp Val Ser Val Val Asp Leu Thr Val Arg Leu Glu Lys
245 250 255
Pro Ala Thr Tyr Glu Gln Ile Lys Ser Ala Ile Lys Glu Glu Ser Glu

260 265 270
Gly Lys Leu Lys Gly Ile Leu Gly Tyr Thr Glu Asp Asp Val Val Ser
275 280 285
Thr Asp Phe Val Gly Asp Asn Arg Ser Ser Ile Phe Asp Ala Lys Ala
290 295 300
Gly Ile Ser Leu Asn Asp Asn Phe Val Lys Leu Val Ser Trp Tyr Asp
305 310 315 320
Asn Glu Trp Gly Tyr Ser Ser Arg Val Ile Asp Leu Ile Val His Ile

325 330 335
Ala Ser Val Ala

340
<210> 448
<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 448

Ala Gly Ile Ser Leu Asn Asp Asn Phe Val Lys

1 5 10

<210> 449

<211> 27

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 449

Gly Ile Leu Gly Tyr Thr Glu Asp Asp Val Val Ser Thr Asp Phe Val

1 5 10 15

Gly Asp Asn Arg Ser Ser Ile Phe Asp Ala Lys

20 25

<210> 450

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 450

Val Leu Pro Ala Leu Asn Gly Lys

1 5

<210> 451

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 451

Val Val Ile Ser Ala Pro Ser Lys

1 5

<210> 452

<211> 1050

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1050)

<400> 452

atg gtg acc tcg tcg caa aag att ctg gtt acc ggc ggt gcc ggt ttc 48

Met Val Thr Ser Ser Gln Lys Ile Leu Val Thr Gly Gly Ala Gly Phe

1 5 10 15

ata ggc acc cac acc gtg gtc cag ctt ctc aaa gga ggc ttc agt gtt 96

Ile Gly Thr His Thr Val Val Gln Leu Leu Lys Gly Gly Phe Ser Val

20 25 30

tca ata atc gac aat ttc gat aac tcc gtc gtg gaa gca gtg gac cgc 144

Ser Ile Ile Asp Asn Phe Asp Asn Ser Val Val Glu Ala Val Asp Arg

35 40 45

gtc cgc caa gtg gtg ggc cct cag ctt tct cag aac ctg gaa ttc acc 192

Val Arg Gln Val Val Gly Pro Gln Leu Ser Gln Asn Leu Glu Phe Thr

50 55 60

cag ggc gat ctc agg aat agg gat gac ttg gag aaa ctc ttc tcc aga 240

Gln Gly Asp Leu Arg Asn Arg Asp Asp Leu Glu Lys Leu Phe Ser Arg

65 70 75 80

aca act ttt gat gcc gtg atc cac ttt gct ggc ctg aaa gcg gtt gct 288

Thr Thr Phe Asp Ala Val Ile His Phe Ala Gly Leu Lys Ala Val Ala

85 90 95

gaa agc gtt tcc aag ccc cgt cgc tat ttt gat ttt aat ttg gtc ggc 336

Glu Ser Val Ser Lys Pro Arg Arg Tyr Phe Asp Phe Asn Leu Val Gly

100 105 110

acc atc aac ctc tac caa gtt atg gca aag tat aat tgc aga aag atg 384

Thr Ile Asn Leu Tyr Gln Val Met Ala Lys Tyr Asn Cys Arg Lys Met

115 120 125

gtt ttc tca tca tct gca acc gtt tat ggc caa cct gaa aag ata ccg 432

Val Phe Ser Ser Ser Ala Thr Val Tyr Gly Gln Pro Glu Lys Ile Pro

130 135 140

tgt gag gag gat ttc agg tta caa gct atg aat ccc tat gga cgg acc 480

Cys Glu Glu Asp Phe Arg Leu Gln Ala Met Asn Pro Tyr Gly Arg Thr

145 150 155 160
aag ctt ttc ctg gaa gaa att gcc cga gat att cag aaa gct gaa cca 528

Lys Leu Phe Leu Glu Glu Ile Ala Arg Asp Ile Gln Lys Ala Glu Pro

 165 170 175
gaa tgg aag atc ata tta ctg agg tac ttc aat ccg gtt ggg gct cat 576

Glu Trp Lys Ile Ile Leu Leu Arg Tyr Phe Asn Pro Val Gly Ala His

 180 185 190

gaa agt ggt aaa ctc ggt gaa gat ccc aag ggc atc cca aat aac ctc 624

Glu Ser Gly Lys Leu Gly Glu Asp Pro Lys Gly Ile Pro Asn Asn Leu

 195 200 205

atg cct tac att cag caa gta gcc gtt gga aga ttg ccg gaa ctc aat 672

Met Pro Tyr Ile Gln Gln Val Ala Val Gly Arg Leu Pro Glu Leu Asn

 210 215 220

gta tat ggg cat gat tat ccc aca agg gat ggc tct gcg atc cgg gac 720

Val Tyr Gly His Asp Tyr Pro Thr Arg Asp Gly Ser Ala Ile Arg Asp

225 230 235 240

tat atc cat gtg atg gac tta gca gat ggt cat att gct gcc ttg cga 768

Tyr Ile His Val Met Asp Leu Ala Asp Gly His Ile Ala Ala Leu Arg

 245 250 255

aag ctc ttc aca aca gag aac ata ggt tgt act gct tac aac ctg gga 816

Lys Leu Phe Thr Thr Glu Asn Ile Gly Cys Thr Ala Tyr Asn Leu Gly

 260 265 270

act ggt cgt gga aca tcc gtg ctt gaa atg gtt aca gca ttt gaa aag 864

Thr Gly Arg Gly Thr Ser Val Leu Glu Met Val Thr Ala Phe Glu Lys

 275 280 285

gcg tct ggc aag aaa att cca gta aaa tta tgt cca aga aga ccg gga 912

Ala Ser Gly Lys Lys Ile Pro Val Lys Leu Cys Pro Arg Arg Pro Gly

 290 295 300

gat gct act gag gtt tat gca tct aca gag aga gct gag aaa gaa ctt 960
 Asp Ala Thr Glu Val Tyr Ala Ser Thr Glu Arg Ala Glu Lys Glu Leu
 305 310 315 320
 gga tgg aaa gca aaa tat ggt gtg gat gag atg tgc agg gac caa tgg 1008
 Gly Trp Lys Ala Lys Tyr Gly Val Asp Glu Met Cys Arg Asp Gln Trp
 325 330 335
 aat tgg gca aag aac aat ccc cag ggt tac acg ggg aag cct 1050

Asn Trp Ala Lys Asn Asn Pro Gln Gly Tyr Thr Gly Lys Pro
 340 345 350

<210> 453
 <211> 350
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 453

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

35 40 45
 Val Arg Gln Val Val Gly Pro Gln Leu Ser Gln Asn Leu Glu Phe Thr
 50 55 60
 Gln Gly Asp Leu Arg Asn Arg Asp Asp Leu Glu Lys Leu Phe Ser Arg
 65 70 75 80
 Thr Thr Phe Asp Ala Val Ile His Phe Ala Gly Leu Lys Ala Val Ala
 85 90 95
 Glu Ser Val Ser Lys Pro Arg Arg Tyr Phe Asp Phe Asn Leu Val Gly

100 105 110
 Thr Ile Asn Leu Tyr Gln Val Met Ala Lys Tyr Asn Cys Arg Lys Met
 115 120 125
 Val Phe Ser Ser Ser Ala Thr Val Tyr Gly Gln Pro Glu Lys Ile Pro
 130 135 140

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

 165 170 175
 Glu Trp Lys Ile Ile Leu Leu Arg Tyr Phe Asn Pro Val Gly Ala His
 180 185 190
 Glu Ser Gly Lys Leu Gly Glu Asp Pro Lys Gly Ile Pro Asn Asn Leu
 195 200 205
 Met Pro Tyr Ile Gln Gln Val Ala Val Gly Arg Leu Pro Glu Leu Asn
 210 215 220
 Val Tyr Gly His Asp Tyr Pro Thr Arg Asp Gly Ser Ala Ile Arg Asp

 225 230 235 240
 Tyr Ile His Val Met Asp Leu Ala Asp Gly His Ile Ala Ala Leu Arg
 245 250 255
 Lys Leu Phe Thr Thr Glu Asn Ile Gly Cys Thr Ala Tyr Asn Leu Gly
 260 265 270
 Thr Gly Arg Gly Thr Ser Val Leu Glu Met Val Thr Ala Phe Glu Lys
 275 280 285
 Ala Ser Gly Lys Lys Ile Pro Val Lys Leu Cys Pro Arg Arg Pro Gly

 290 295 300
 Asp Ala Thr Glu Val Tyr Ala Ser Thr Glu Arg Ala Glu Lys Glu Leu
 305 310 315 320
 Gly Trp Lys Ala Lys Tyr Gly Val Asp Glu Met Cys Arg Asp Gln Trp
 325 330 335
 Asn Trp Ala Lys Asn Asn Pro Gln Gly Tyr Thr Gly Lys Pro
 340 345 350
 <210> 454
 <211> 12
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 454

Leu Phe Leu Glu Glu Ile Ala Arg Asp Ile Gln Lys

1 5 10

<210> 455

<211> 1050

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1050)

<400> 455

atg gtg tct tcc tcc caa cac att ctg gtc acc ggt ggt gcc ggt ttc 48

Met Val Ser Ser Ser Gln His Ile Leu Val Thr Gly Gly Ala Gly Phe

1 5 10 15

att ggc acc cac acc gtc gtt cag ctt ctc aaa gct ggc ttc agc gtt 96

Ile Gly Thr His Thr Val Val Gln Leu Leu Lys Ala Gly Phe Ser Val

20 25 30

tca ata atc gac aat ttc gat aac tcc gtc atg gaa gca gtg gac cgc 144

Ser Ile Ile Asp Asn Phe Asp Asn Ser Val Met Glu Ala Val Asp Arg

35 40 45

gtc cgc caa gtg gtt ggc cct ctg ctt tct cag aac ctc caa ttc acc 192

Val Arg Gln Val Val Gly Pro Leu Leu Ser Gln Asn Leu Gln Phe Thr

50 55 60

cag ggc gat ctc cgg aat agg gat gac ttg gag aaa ctc ttc tcc aaa 240

Gln Gly Asp Leu Arg Asn Arg Asp Asp Leu Glu Lys Leu Phe Ser Lys

65 70 75 80

aca aca ttt gat gcc gtg atc cac ttt gct ggc ttg aaa gcg gtt gct 288

Thr Thr Phe Asp Ala Val Ile His Phe Ala Gly Leu Lys Ala Val Ala

85 90 95

gaa agc gtt gcg aag ccc cgt cgc tat ttt gat ttt aat ttg gtt ggc 336

Glu Ser Val Ala Lys Pro Arg Arg Tyr Phe Asp Phe Asn Leu Val Gly

100 105 110

acc atc aac ctc tac gaa ttt atg gca aag tat aat tgc aaa aag atg 384

Thr Ile Asn Leu Tyr Glu Phe Met Ala Lys Tyr Asn Cys Lys Lys Met

115	120	125	
gtt ttc tca tca tct gca acc gtt tat ggc caa cct gaa aag ata ccg			432
Val Phe Ser Ser Ser Ala Thr Val Tyr Gly Gln Pro Glu Lys Ile Pro			
130	135	140	
tgt gag gag gat ttc aag tta caa gct atg aat ccc tat gga cgg acc			480
Cys Glu Glu Asp Phe Lys Leu Gln Ala Met Asn Pro Tyr Gly Arg Thr			
145	150	155	160
aag ctt ttc ctg gaa gaa att gcc cga gat att cag aaa gct gaa cca			528
Lys Leu Phe Leu Glu Glu Ile Ala Arg Asp Ile Gln Lys Ala Glu Pro			
165	170	175	
gaa tgg aag atc ata tta ctg aga tac ttc aat cca gtt ggg gct cat			576
Glu Trp Lys Ile Ile Leu Leu Arg Tyr Phe Asn Pro Val Gly Ala His			
180	185	190	
gaa agt ggc aaa ctc ggt gaa gat ccc aag ggc atc cca aat aac ctc			624
Glu Ser Gly Lys Leu Gly Glu Asp Pro Lys Gly Ile Pro Asn Asn Leu			
195	200	205	
atg cct tac att cag caa gta gct gtt gga aga ttg act gaa ctc aat			672
Met Pro Tyr Ile Gln Gln Val Ala Val Gly Arg Leu Thr Glu Leu Asn			
210	215	220	
gta tac ggt cat gat tat cca acg agg gat ggc tct gcg atc cgg gac			720
Val Tyr Gly His Asp Tyr Pro Thr Arg Asp Gly Ser Ala Ile Arg Asp			
225	230	235	240
tat atc cat gtg atg gac ttg gca gat ggc cat att gct gcc ctg cga			768
Tyr Ile His Val Met Asp Leu Ala Asp Gly His Ile Ala Ala Leu Arg			
245	250	255	
aag ctc ttc aca acg gag aac ata ggt tgt act gct tac aac ctg gga			816
Lys Leu Phe Thr Thr Glu Asn Ile Gly Cys Thr Ala Tyr Asn Leu Gly			
260	265	270	
act ggt cgt gga aca tct gtg ctt gaa atg gtt gca gca ttt gaa aag			864

Thr Gly Arg Gly Thr Ser Val Leu Glu Met Val Ala Ala Phe Glu Lys

275 280 285
gct tct ggc aag aaa att cca gta aaa tta tgt cca aga aga ccg gga 912

Ala Ser Gly Lys Lys Ile Pro Val Lys Leu Cys Pro Arg Arg Pro Gly

290 295 300
gat gcg act gag gtt tat gca tct aca gag aga gct gag aaa gaa ctt 960

Asp Ala Thr Glu Val Tyr Ala Ser Thr Glu Arg Ala Glu Lys Glu Leu

305 310 315 320

ggt tgg aag gca aac tat ggt gtg gag gag atg tgc agg gac caa tgg 1008

Gly Trp Lys Ala Asn Tyr Gly Val Glu Glu Met Cys Arg Asp Gln Trp

325 330 335
aat tgg gca aag aac aat ccc tgg ggt tac gcg ggg aag cct 1050

Asn Trp Ala Lys Asn Asn Pro Trp Gly Tyr Ala Gly Lys Pro

340 345 350

<210> 456

<211> 350

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 456

Met Val Ser Ser Ser Gln His Ile Leu Val Thr Gly Gly Ala Gly Phe

1 5 10 15

Ile Gly Thr His Thr Val Val Gln Leu Leu Lys Ala Gly Phe Ser Val

20 25 30

Ser Ile Ile Asp Asn Phe Asp Asn Ser Val Met Glu Ala Val Asp Arg

35 40 45

Val Arg Gln Val Val Gly Pro Leu Leu Ser Gln Asn Leu Gln Phe Thr

50 55 60

Gln Gly Asp Leu Arg Asn Arg Asp Asp Leu Glu Lys Leu Phe Ser Lys

65 70 75 80

Thr Thr Phe Asp Ala Val Ile His Phe Ala Gly Leu Lys Ala Val Ala

85 90 95

Glu Ser Val Ala Lys Pro Arg Arg Tyr Phe Asp Phe Asn Leu Val Gly
 100 105 110
 Thr Ile Asn Leu Tyr Glu Phe Met Ala Lys Tyr Asn Cys Lys Lys Met
 115 120 125

 Val Phe Ser Ser Ser Ala Thr Val Tyr Gly Gln Pro Glu Lys Ile Pro
 130 135 140
 Cys Glu Glu Asp Phe Lys Leu Gln Ala Met Asn Pro Tyr Gly Arg Thr
 145 150 155 160
 Lys Leu Phe Leu Glu Glu Ile Ala Arg Asp Ile Gln Lys Ala Glu Pro
 165 170 175
 Glu Trp Lys Ile Ile Leu Leu Arg Tyr Phe Asn Pro Val Gly Ala His
 180 185 190

 Glu Ser Gly Lys Leu Gly Glu Asp Pro Lys Gly Ile Pro Asn Asn Leu
 195 200 205
 Met Pro Tyr Ile Gln Gln Val Ala Val Gly Arg Leu Thr Glu Leu Asn
 210 215 220
 Val Tyr Gly His Asp Tyr Pro Thr Arg Asp Gly Ser Ala Ile Arg Asp
 225 230 235 240
 Tyr Ile His Val Met Asp Leu Ala Asp Gly His Ile Ala Ala Leu Arg
 245 250 255

 Lys Leu Phe Thr Thr Glu Asn Ile Gly Cys Thr Ala Tyr Asn Leu Gly
 260 265 270
 Thr Gly Arg Gly Thr Ser Val Leu Glu Met Val Ala Ala Phe Glu Lys
 275 280 285
 Ala Ser Gly Lys Lys Ile Pro Val Lys Leu Cys Pro Arg Arg Pro Gly
 290 295 300
 Asp Ala Thr Glu Val Tyr Ala Ser Thr Glu Arg Ala Glu Lys Glu Leu
 305 310 315 320

 Gly Trp Lys Ala Asn Tyr Gly Val Glu Glu Met Cys Arg Asp Gln Trp
 325 330 335
 Asn Trp Ala Lys Asn Asn Pro Trp Gly Tyr Ala Gly Lys Pro

340 345 350

<210> 457

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 457

Leu Phe Leu Glu Glu Ile Ala Arg Asp Ile Gln Lys

1 5 10

<210> 458

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 458

Thr Thr Phe Asp Ala Val Ile His Phe Ala Gly Leu Lys

1 5 10

<210> 459

<211> 1341

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1341)

<400> 459

atg ggt aag gaa aag act cac atc aac att gtc gtc att gga cat gtc 48

Met Gly Lys Glu Lys Thr His Ile Asn Ile Val Val Ile Gly His Val

1 5 10 15

gac tct ggg aag tca act acc act ggt cat ttg atc tac aag ctt gga 96

Asp Ser Gly Lys Ser Thr Thr Thr Gly His Leu Ile Tyr Lys Leu Gly

20 25 30

ggt att gac aag cgt gtg att gag agg ttc gag aag gag gct gct gag 144

Gly Ile Asp Lys Arg Val Ile Glu Arg Phe Glu Lys Glu Ala Ala Glu

35 40 45

atg aac aag agg tca ttc aag tat gcc tgg gtg ctt gac aag ctc aag 192

Met Asn Lys Arg Ser Phe Lys Tyr Ala Trp Val Leu Asp Lys Leu Lys

50	55	60	
gct gag cgc gaa aga gga att acc att gat att gct ttg tgg aag ttt			240
Ala Glu Arg Glu Arg Gly Ile Thr Ile Asp Ile Ala Leu Trp Lys Phe			
65	70	75	80
gaa acc acc aag tac tac tgc aca gtc atc gat gcc ccc gga cat cgt			288
Glu Thr Thr Lys Tyr Tyr Cys Thr Val Ile Asp Ala Pro Gly His Arg			
	85	90	95
gac ttt atc aag aac atg att act ggt acc tcc cag gct gat tgt gct			336
Asp Phe Ile Lys Asn Met Ile Thr Gly Thr Ser Gln Ala Asp Cys Ala			
	100	105	110
gtc ctt atc att gac tcc acc act ggt ggt ttt gaa gct ggt att tct			384
Val Leu Ile Ile Asp Ser Thr Thr Gly Gly Phe Glu Ala Gly Ile Ser			
	115	120	125
aag gat gga cag act cgt gag cat gct ctt ctt gct ttc acc ctt ggt			432
Lys Asp Gly Gln Thr Arg Glu His Ala Leu Leu Ala Phe Thr Leu Gly			
130	135	140	
gtg aag cag atg atc tgc tgc tgt aac aag atg gat gcc act acc ccg			480
Val Lys Gln Met Ile Cys Cys Cys Asn Lys Met Asp Ala Thr Thr Pro			
145	150	155	160
aag tac tct aag gct agg tat gat gaa att gtg aag gaa gtc tct tcc			528
Lys Tyr Ser Lys Ala Arg Tyr Asp Glu Ile Val Lys Glu Val Ser Ser			
	165	170	175
tac ttg aag aag gtt ggt tac aac cca gac aag att cca ttt gtg ccc			576
Tyr Leu Lys Lys Val Gly Tyr Asn Pro Asp Lys Ile Pro Phe Val Pro			
	180	185	190
atc tct ggt ttc gag ggt gac aac atg att gag agg tcc acc aac ctt			624
Ile Ser Gly Phe Glu Gly Asp Asn Met Ile Glu Arg Ser Thr Asn Leu			
	195	200	205
gac tgg tac aag gga cca act ctc ctt gag gct ctt gac caa atc aat			672

Asp Trp Tyr Lys Gly Pro Thr Leu Leu Glu Ala Leu Asp Gln Ile Asn
 210 215 220
 gag ccc aag agg ccc tca gac aag cca ctc agg ctt cca ttg cag gat 720
 Glu Pro Lys Arg Pro Ser Asp Lys Pro Leu Arg Leu Pro Leu Gln Asp
 225 230 235 240
 gtc tac aaa att ggt ggt att ggt acc gtg cca gtg gga cgt gtt gag 768
 Val Tyr Lys Ile Gly Gly Ile Gly Thr Val Pro Val Gly Arg Val Glu
 245 250 255
 act ggt gtc gtg aag ccc ggt atg gtg gtg act ttt ggt ccc act ggg 816
 Thr Gly Val Val Lys Pro Gly Met Val Val Thr Phe Gly Pro Thr Gly
 260 265 270
 ctg aca act gag gtt aag tct gtt gag atg cac cat gag gct ctc aca 864
 Leu Thr Thr Glu Val Lys Ser Val Glu Met His His Glu Ala Leu Thr
 275 280 285
 gag gct ctt cca ggt gac aat gtt ggc ttt aat gtg aag aat gtt gca 912
 Glu Ala Leu Pro Gly Asp Asn Val Gly Phe Asn Val Lys Asn Val Ala
 290 295 300
 gtc aag gat ctc aag cgt ggt ttt gtt gca tcc aac tcc aag gat gac 960
 Val Lys Asp Leu Lys Arg Gly Phe Val Ala Ser Asn Ser Lys Asp Asp
 305 310 315 320
 cct gcc aag gaa gct gcc aac ttc aca tct caa gtc att atc atg aac 1008
 Pro Ala Lys Glu Ala Ala Asn Phe Thr Ser Gln Val Ile Ile Met Asn
 325 330 335
 cac cct ggc cag att gga aat gga tac gca ccg gtg ctt gat tgc cac 1056
 His Pro Gly Gln Ile Gly Asn Gly Tyr Ala Pro Val Leu Asp Cys His
 340 345 350
 act tct cac att gct gtc aag ttt tct gaa atc ttg acc aag att gac 1104
 Thr Ser His Ile Ala Val Lys Phe Ser Glu Ile Leu Thr Lys Ile Asp
 355 360 365
 agg cga tct ggt aag gag ctt gag aag gag ccc aaa ttt ttg aag aat 1152
 Arg Arg Ser Gly Lys Glu Leu Glu Lys Glu Pro Lys Phe Leu Lys Asn

370 375 380
 ggt gat gca ggt atg gtt aag atg att cca acc aag ccc atg gtg gtt 1200
 Gly Asp Ala Gly Met Val Lys Met Ile Pro Thr Lys Pro Met Val Val
 385 390 395 400

gaa act ttc tct gag tat cct ccc ctt ggt cgt ttt gct gtg agg gac 1248
 Glu Thr Phe Ser Glu Tyr Pro Pro Leu Gly Arg Phe Ala Val Arg Asp

405 410 415
 atg cgt caa act gtg gct gtc gga gtc atc aag agt gtt gag aag aaa 1296
 Met Arg Gln Thr Val Ala Val Gly Val Ile Lys Ser Val Glu Lys Lys

420 425 430
 gac ccc acc gga gcc aag gtc acc aag gcc gct gcc aag aag aag 1341

Asp Pro Thr Gly Ala Lys Val Thr Lys Ala Ala Ala Lys Lys Lys

435 440 445

<210> 460

<211> 447

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 460

Met Gly Lys Glu Lys Thr His Ile Asn Ile Val Val Ile Gly His Val

1 5 10 15

Asp Ser Gly Lys Ser Thr Thr Thr Gly His Leu Ile Tyr Lys Leu Gly

20 25 30

Gly Ile Asp Lys Arg Val Ile Glu Arg Phe Glu Lys Glu Ala Ala Glu

35 40 45

Met Asn Lys Arg Ser Phe Lys Tyr Ala Trp Val Leu Asp Lys Leu Lys

50 55 60

Ala Glu Arg Glu Arg Gly Ile Thr Ile Asp Ile Ala Leu Trp Lys Phe

65 70 75 80

Glu Thr Thr Lys Tyr Tyr Cys Thr Val Ile Asp Ala Pro Gly His Arg

85 90 95

Asp Phe Ile Lys Asn Met Ile Thr Gly Thr Ser Gln Ala Asp Cys Ala

100	105	110	
Val Leu Ile Ile Asp Ser Thr Thr Gly Gly Phe Glu Ala Gly Ile Ser			
115	120	125	
Lys Asp Gly Gln Thr Arg Glu His Ala Leu Leu Ala Phe Thr Leu Gly			
130	135	140	
Val Lys Gln Met Ile Cys Cys Cys Asn Lys Met Asp Ala Thr Thr Pro			
145	150	155	160
Lys Tyr Ser Lys Ala Arg Tyr Asp Glu Ile Val Lys Glu Val Ser Ser			
165	170	175	
Tyr Leu Lys Lys Val Gly Tyr Asn Pro Asp Lys Ile Pro Phe Val Pro			
180	185	190	
Ile Ser Gly Phe Glu Gly Asp Asn Met Ile Glu Arg Ser Thr Asn Leu			
195	200	205	
Asp Trp Tyr Lys Gly Pro Thr Leu Leu Glu Ala Leu Asp Gln Ile Asn			
210	215	220	
Glu Pro Lys Arg Pro Ser Asp Lys Pro Leu Arg Leu Pro Leu Gln Asp			
225	230	235	240
Val Tyr Lys Ile Gly Gly Ile Gly Thr Val Pro Val Gly Arg Val Glu			
245	250	255	
Thr Gly Val Val Lys Pro Gly Met Val Val Thr Phe Gly Pro Thr Gly			
260	265	270	
Leu Thr Thr Glu Val Lys Ser Val Glu Met His His Glu Ala Leu Thr			
275	280	285	
Glu Ala Leu Pro Gly Asp Asn Val Gly Phe Asn Val Lys Asn Val Ala			
290	295	300	
Val Lys Asp Leu Lys Arg Gly Phe Val Ala Ser Asn Ser Lys Asp Asp			
305	310	315	320
Pro Ala Lys Glu Ala Ala Asn Phe Thr Ser Gln Val Ile Ile Met Asn			
325	330	335	
His Pro Gly Gln Ile Gly Asn Gly Tyr Ala Pro Val Leu Asp Cys His			
340	345	350	

Thr Ser His Ile Ala Val Lys Phe Ser Glu Ile Leu Thr Lys Ile Asp

355 360 365
Arg Arg Ser Gly Lys Glu Leu Glu Lys Glu Pro Lys Phe Leu Lys Asn

370 375 380
Gly Asp Ala Gly Met Val Lys Met Ile Pro Thr Lys Pro Met Val Val

385 390 395 400
Glu Thr Phe Ser Glu Tyr Pro Pro Leu Gly Arg Phe Ala Val Arg Asp

405 410 415
Met Arg Gln Thr Val Ala Val Gly Val Ile Lys Ser Val Glu Lys Lys

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

435 440 445

<210> 461

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 461

Ala Arg Tyr Asp Glu Ile Val Lys

1 5

<210> 462

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 462

Asp Gly Gln Thr Arg Glu His Ala Leu Leu Ala Phe Thr Leu Gly Val

1 5 10 15

Lys

<210> 463

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 463

Glu Val Ser Ser Tyr Leu Lys

1 5

<210> 464

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 464

Phe Ser Glu Ile Leu Thr Lys

1 5

<210> 465

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 465

Ser Thr Thr Thr Gly His Leu Ile Tyr Lys

1 5 10

<210> 466

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 466

Thr His Ile Asn Ile Val Val Ile Gly His Val Asp Ser Gly Lys

1 5 10 15

<210> 467

<211> 1341

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1341)

<400> 467

atg ggt aaa gag aag gtt cac att aac att gtg gtc att ggc cat gtt 48

Met Gly Lys Glu Lys Val His Ile Asn Ile Val Val Ile Gly His Val

1 5 10 15

gac tct ggg aag tca acc acc act ggc cac ttg att tac aag ctt gga	96
Asp Ser Gly Lys Ser Thr Thr Thr Gly His Leu Ile Tyr Lys Leu Gly	
20 25 30	
ggt att gac aag cgt gtt att gag agg ttt gag aaa gaa gct gct gag	144
Gly Ile Asp Lys Arg Val Ile Glu Arg Phe Glu Lys Glu Ala Ala Glu	
35 40 45	
atg aac aag agg tca ttc aaa tac gcc tgg gtg ctt gac aag ctt aag	192
Met Asn Lys Arg Ser Phe Lys Tyr Ala Trp Val Leu Asp Lys Leu Lys	
50 55 60	
gct gag cgt gag aga gga att acc att gat att gca tta tgg aag ttt	240
Ala Glu Arg Glu Arg Gly Ile Thr Ile Asp Ile Ala Leu Trp Lys Phe	
65 70 75 80	
gag acc acc aaa tac tac tgc act gtt att gat gct cca gga cat cgt	288
Glu Thr Thr Lys Tyr Tyr Cys Thr Val Ile Asp Ala Pro Gly His Arg	
85 90 95	
gat ttc atc aag aac atg att act gga act tcc cag gct gat tgt gct	336
Asp Phe Ile Lys Asn Met Ile Thr Gly Thr Ser Gln Ala Asp Cys Ala	
100 105 110	
gtc ctt atc att gat tcc aca act ggt ggt ttt gaa gct ggt att tcc	384
Val Leu Ile Ile Asp Ser Thr Thr Gly Gly Phe Glu Ala Gly Ile Ser	
115 120 125	
aaa gat gga cag act cgc gag cat gct cta ctt gcc ttc acc ctt ggt	432
Lys Asp Gly Gln Thr Arg Glu His Ala Leu Leu Ala Phe Thr Leu Gly	
130 135 140	
gtc aag caa atg atc tgt tgc tgt aac aag atg gat gcc act acc cca	480
Val Lys Gln Met Ile Cys Cys Cys Asn Lys Met Asp Ala Thr Thr Pro	
145 150 155 160	
aag tac tct aag gcc agg tat gaa gaa att gtg aag gaa gtt tct tcc	528
Lys Tyr Ser Lys Ala Arg Tyr Glu Glu Ile Val Lys Glu Val Ser Ser	

165	170	175	
tac ttg aag aag gta ggt tac aac cca gac aag att cca ttt gtt ccc			576
Tyr Leu Lys Lys Val Gly Tyr Asn Pro Asp Lys Ile Pro Phe Val Pro			
180	185	190	
atc tca ggt ttt gag ggt gac aac atg att gag agg tcc acc aat ctt			624
Ile Ser Gly Phe Glu Gly Asp Asn Met Ile Glu Arg Ser Thr Asn Leu			
195	200	205	
gat tgg tac aag gga cca acc ctt ctc gag gct ctt gac cag atc aat			672
Asp Trp Tyr Lys Gly Pro Thr Leu Leu Glu Ala Leu Asp Gln Ile Asn			
210	215	220	
gag ccc aag aga ccc tca gac aag cct ttg agg ctt ccc ttg cag gat			720
Glu Pro Lys Arg Pro Ser Asp Lys Pro Leu Arg Leu Pro Leu Gln Asp			
225	230	235	240
gtc tac aag att ggt ggt att gga aca gtg cca gtg gga cga gtt gaa			768
Val Tyr Lys Ile Gly Gly Ile Gly Thr Val Pro Val Gly Arg Val Glu			
245	250	255	
act ggt gtc ttg aag ccc ggt atg gtg gtg act ttt gct ccc act ggc			816
Thr Gly Val Leu Lys Pro Gly Met Val Val Thr Phe Ala Pro Thr Gly			
260	265	270	
ctg aca act gaa gtt aag tct gtg gag atg cac cat gaa gct ctc cag			864
Leu Thr Thr Glu Val Lys Ser Val Glu Met His His Glu Ala Leu Gln			
275	280	285	
gag gcc ctt cca ggt gac aac gta gga ttt aat gtg aag aat gtt gca			912
Glu Ala Leu Pro Gly Asp Asn Val Gly Phe Asn Val Lys Asn Val Ala			
290	295	300	
gtc aag gat ctc aag cgt ggt ttt gtt gcc tca aac tct aag gat gat			960
Val Lys Asp Leu Lys Arg Gly Phe Val Ala Ser Asn Ser Lys Asp Asp			
305	310	315	320
cct gcc aag gag gct gcc aac ttc aca tcc caa gtc att ata atg aac			1008

Pro Ala Lys Glu Ala Ala Asn Phe Thr Ser Gln Val Ile Ile Met Asn
325 330 335
cat cct ggc caa att gga aat ggt tat gct cct gtg ctt gac tgc cac 1056
His Pro Gly Gln Ile Gly Asn Gly Tyr Ala Pro Val Leu Asp Cys His
340 345 350
act tct cac att gcc gtc aag ttt gcc gaa ctt gtg acc aag att gac 1104
Thr Ser His Ile Ala Val Lys Phe Ala Glu Leu Val Thr Lys Ile Asp
355 360 365
agg cga tct ggt aag gag att gag aag gag ccc aaa ttc ttg aaa aat 1152
Arg Arg Ser Gly Lys Glu Ile Glu Lys Glu Pro Lys Phe Leu Lys Asn
370 375 380
gga gat gca ggt tat gtt aag atg att ccc acc aag cct atg gtg gtc 1200
Gly Asp Ala Gly Tyr Val Lys Met Ile Pro Thr Lys Pro Met Val Val
385 390 395 400
gaa act ttc tcc gag tat cct cct ctt ggt cgt ttt gcc gtg agg gac 1248
Glu Thr Phe Ser Glu Tyr Pro Pro Leu Gly Arg Phe Ala Val Arg Asp
405 410 415
atg cga caa act gtg gct gtt gga gtc atc aag agt gtg gag aag aag 1296
Met Arg Gln Thr Val Ala Val Gly Val Ile Lys Ser Val Glu Lys Lys
420 425 430
gac cca act gga gcc aag gtc acc aag gct gca cag aag aag aag 1341
Asp Pro Thr Gly Ala Lys Val Thr Lys Ala Ala Gln Lys Lys Lys
435 440 445
<210> 468
<211> 447
<212> PRT
<213> Glycine max
<400> 468
Met Gly Lys Glu Lys Val His Ile Asn Ile Val Val Ile Gly His Val
1 5 10 15
Asp Ser Gly Lys Ser Thr Thr Thr Gly His Leu Ile Tyr Lys Leu Gly
20 25 30

Gly Ile Asp Lys Arg Val Ile Glu Arg Phe Glu Lys Glu Ala Ala Glu

35 40 45

Met Asn Lys Arg Ser Phe Lys Tyr Ala Trp Val Leu Asp Lys Leu Lys

50 55 60

Ala Glu Arg Glu Arg Gly Ile Thr Ile Asp Ile Ala Leu Trp Lys Phe

65 70 75 80

Glu Thr Thr Lys Tyr Tyr Cys Thr Val Ile Asp Ala Pro Gly His Arg

85 90 95

Asp Phe Ile Lys Asn Met Ile Thr Gly Thr Ser Gln Ala Asp Cys Ala

100 105 110

Val Leu Ile Ile Asp Ser Thr Thr Gly Gly Phe Glu Ala Gly Ile Ser

115 120 125

Lys Asp Gly Gln Thr Arg Glu His Ala Leu Leu Ala Phe Thr Leu Gly

130 135 140

Val Lys Gln Met Ile Cys Cys Cys Asn Lys Met Asp Ala Thr Thr Pro

145 150 155 160

Lys Tyr Ser Lys Ala Arg Tyr Glu Glu Ile Val Lys Glu Val Ser Ser

165 170 175

Tyr Leu Lys Lys Val Gly Tyr Asn Pro Asp Lys Ile Pro Phe Val Pro

180 185 190

Ile Ser Gly Phe Glu Gly Asp Asn Met Ile Glu Arg Ser Thr Asn Leu

195 200 205

Asp Trp Tyr Lys Gly Pro Thr Leu Leu Glu Ala Leu Asp Gln Ile Asn

210 215 220

Glu Pro Lys Arg Pro Ser Asp Lys Pro Leu Arg Leu Pro Leu Gln Asp

225 230 235 240

Val Tyr Lys Ile Gly Gly Ile Gly Thr Val Pro Val Gly Arg Val Glu

245 250 255

Thr Gly Val Leu Lys Pro Gly Met Val Val Thr Phe Ala Pro Thr Gly

260 265 270

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

275 280 285
Glu Ala Leu Pro Gly Asp Asn Val Gly Phe Asn Val Lys Asn Val Ala

290 295 300
Val Lys Asp Leu Lys Arg Gly Phe Val Ala Ser Asn Ser Lys Asp Asp
305 310 315 320
Pro Ala Lys Glu Ala Ala Asn Phe Thr Ser Gln Val Ile Ile Met Asn
325 330 335
His Pro Gly Gln Ile Gly Asn Gly Tyr Ala Pro Val Leu Asp Cys His
340 345 350
Thr Ser His Ile Ala Val Lys Phe Ala Glu Leu Val Thr Lys Ile Asp

355 360 365
Arg Arg Ser Gly Lys Glu Ile Glu Lys Glu Pro Lys Phe Leu Lys Asn
370 375 380
Gly Asp Ala Gly Tyr Val Lys Met Ile Pro Thr Lys Pro Met Val Val
385 390 395 400
Glu Thr Phe Ser Glu Tyr Pro Pro Leu Gly Arg Phe Ala Val Arg Asp
405 410 415
Met Arg Gln Thr Val Ala Val Gly Val Ile Lys Ser Val Glu Lys Lys

420 425 430
Asp Pro Thr Gly Ala Lys Val Thr Lys Ala Ala Gln Lys Lys Lys
435 440 445

<210> 469

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 469

Asp Gly Gln Thr Arg Glu His Ala Leu Leu Ala Phe Thr Leu Gly Val
1 5 10 15
Lys

<210> 470

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 470

Glu Val Ser Ser Tyr Leu Lys

1 5

<210> 471

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 471

Ser Thr Thr Thr Gly His Leu Ile Tyr Lys

1 5 10

<210> 472

<211> 1344

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1344)

<400> 472

atg ggt aag gaa aag gtt cac atc agt att gtg gtc att ggc cat gtc 48

Met Gly Lys Glu Lys Val His Ile Ser Ile Val Val Ile Gly His Val

1 5 10 15

gac tct ggg aaa tcc act acc act ggt cac ctg att tac aag ctt gga 96

Asp Ser Gly Lys Ser Thr Thr Thr Gly His Leu Ile Tyr Lys Leu Gly

20 25 30

ggc att gac aag cgt gtt att gag agg ttt gag aag gaa gct gct gag 144

Gly Ile Asp Lys Arg Val Ile Glu Arg Phe Glu Lys Glu Ala Ala Glu

35 40 45

atg aac aag agg tct ttc aag tat gcc tgg gtg ctg gac aaa ctt aag 192

Met Asn Lys Arg Ser Phe Lys Tyr Ala Trp Val Leu Asp Lys Leu Lys

50 55 60

gct gag cgt gaa aga gga atc acc att gat att gct ttg tgg aag ttt 240

Ala	Glu	Arg	Glu	Arg	Gly	Ile	Thr	Ile	Asp	Ile	Ala	Leu	Trp	Lys	Phe	
65			70			75			80							
gaa	aca	aca	aag	tat	tat	tgc	aca	gtt	att	gat	gcg	cct	gga	cat	agg	288
Glu	Thr	Thr	Lys	Tyr	Tyr	Cys	Thr	Val	Ile	Asp	Ala	Pro	Gly	His	Arg	
85			90			95										
gat	ttc	att	aag	aat	atg	att	act	ggg	aca	tcc	caa	gct	gac	tgt	gct	336
Asp	Phe	Ile	Lys	Asn	Met	Ile	Thr	Gly	Thr	Ser	Gln	Ala	Asp	Cys	Ala	
100			105			110										
gtt	ctt	atc	att	gat	tcg	acc	act	ggg	ggg	ttt	gaa	gct	ggg	att	tcc	384
Val	Leu	Ile	Ile	Asp	Ser	Thr	Thr	Gly	Gly	Phe	Glu	Ala	Gly	Ile	Ser	
115			120			125										
aag	gat	gga	cag	act	cgt	gaa	cat	gct	ctg	ctt	tca	ttc	acc	ctt	ggg	432
Lys	Asp	Gly	Gln	Thr	Arg	Glu	His	Ala	Leu	Leu	Ser	Phe	Thr	Leu	Gly	
130			135			140										
gtg	aaa	cag	atg	att	tgc	tgc	tgt	aac	aaa	atg	gat	gct	act	aca	ccc	480
Val	Lys	Gln	Met	Ile	Cys	Cys	Cys	Asn	Lys	Met	Asp	Ala	Thr	Thr	Pro	
145			150			155			160							
aag	tat	tcc	aag	gcc	agg	tat	gat	gaa	att	gtg	aag	gaa	gtc	tct	tcc	528
Lys	Tyr	Ser	Lys	Ala	Arg	Tyr	Asp	Glu	Ile	Val	Lys	Glu	Val	Ser	Ser	
165			170			175										
tac	ttg	aag	aaa	gta	gga	tac	aac	cct	gac	aag	att	cct	ttt	gtt	cct	576
Tyr	Leu	Lys	Lys	Val	Gly	Tyr	Asn	Pro	Asp	Lys	Ile	Pro	Phe	Val	Pro	
180			185			190										
atc	tct	ggg	ttt	gag	gga	gac	aac	atg	att	gag	agg	tcc	aca	aac	ctt	624
Ile	Ser	Gly	Phe	Glu	Gly	Asp	Asn	Met	Ile	Glu	Arg	Ser	Thr	Asn	Leu	
195			200			205										
gac	tgg	tac	aag	ggg	cca	act	ctg	ctt	gat	gca	ctt	gac	cag	att	agt	672
Asp	Trp	Tyr	Lys	Gly	Pro	Thr	Leu	Leu	Asp	Ala	Leu	Asp	Gln	Ile	Ser	
210			215			220										
gag	ccc	aag	agg	ccc	tct	gac	aag	ccc	ctc	agg	ctt	ccc	ctt	cag	gat	720
Glu	Pro	Lys	Arg	Pro	Ser	Asp	Lys	Pro	Leu	Arg	Leu	Pro	Leu	Gln	Asp	

225	230	235	240	
gtg tac aag att gga ggt att gga act gtg cca gtg gga cgt gtt gag				768
Val Tyr Lys Ile Gly Gly Ile Gly Thr Val Pro Val Gly Arg Val Glu				
245	250	255		
acc ggt gtc ttg aag cct gga atg gtg gtg act ttt gca cca act gga				816
Thr Gly Val Leu Lys Pro Gly Met Val Val Thr Phe Ala Pro Thr Gly				
260	265	270		
ctg aca act gaa gtc aag tct gtg gag atg cac cat gaa tct ctt aca				864
Leu Thr Thr Glu Val Lys Ser Val Glu Met His His Glu Ser Leu Thr				
275	280	285		
gag gca cat cct ggt gac aat gtg gga ttc aat gtt aag aat gtt gct				912
Glu Ala His Pro Gly Asp Asn Val Gly Phe Asn Val Lys Asn Val Ala				
290	295	300		
gtt aag gat ttg aag cgt ggt tat gtt gcc tca aac tca aag gat gac				960
Val Lys Asp Leu Lys Arg Gly Tyr Val Ala Ser Asn Ser Lys Asp Asp				
305	310	315	320	
cct gca aag gag gct gct aac ttc aca gcc caa gtc atc atc atg aac				1008
Pro Ala Lys Glu Ala Ala Asn Phe Thr Ala Gln Val Ile Ile Met Asn				
325	330	335		
cac cct ggt cag att gga aat ggc tat gcc cct gtc ctc gac tgc cac				1056
His Pro Gly Gln Ile Gly Asn Gly Tyr Ala Pro Val Leu Asp Cys His				
340	345	350		
act tct cac att gct gtc aag ttt gct gaa ctc atg acc aag att gac				1104
Thr Ser His Ile Ala Val Lys Phe Ala Glu Leu Met Thr Lys Ile Asp				
355	360	365		
agg cga tcc ggc aaa gag ctt gag aag gag ccc aag ttt ttg aag aac				1152
Arg Arg Ser Gly Lys Glu Leu Glu Lys Glu Pro Lys Phe Leu Lys Asn				
370	375	380		
ggt gat gct ggt ttt gtt aag atg att cca acc aaa ccc atg gtt gtt				1200

Gly Asp Ala Gly Phe Val Lys Met Ile Pro Thr Lys Pro Met Val Val

385 390 395 400
gaa act ttc tcc gag tat cct cca ctt ggt agg ttt gct gtt agg gac 1248

Glu Thr Phe Ser Glu Tyr Pro Pro Leu Gly Arg Phe Ala Val Arg Asp

405 410 415
atg cgt caa act gtt gct gtg gga gtc atc aag aac gtt gag aag aag 1296

Met Arg Gln Thr Val Ala Val Gly Val Ile Lys Asn Val Glu Lys Lys

420 425 430

gat cct acc gga gcc aag gtc acc aag gct gcc cag aag aag aag tga 1344

Asp Pro Thr Gly Ala Lys Val Thr Lys Ala Ala Gln Lys Lys Lys

435 440 445

<210> 473

<211> 447

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 473

Met Gly Lys Glu Lys Val His Ile Ser Ile Val Val Ile Gly His Val

1 5 10 15

Asp Ser Gly Lys Ser Thr Thr Thr Gly His Leu Ile Tyr Lys Leu Gly

20 25 30

Gly Ile Asp Lys Arg Val Ile Glu Arg Phe Glu Lys Glu Ala Ala Glu

35 40 45

Met Asn Lys Arg Ser Phe Lys Tyr Ala Trp Val Leu Asp Lys Leu Lys

50 55 60

Ala Glu Arg Glu Arg Gly Ile Thr Ile Asp Ile Ala Leu Trp Lys Phe

65 70 75 80

Glu Thr Thr Lys Tyr Tyr Cys Thr Val Ile Asp Ala Pro Gly His Arg

85 90 95

Asp Phe Ile Lys Asn Met Ile Thr Gly Thr Ser Gln Ala Asp Cys Ala

100 105 110

Val Leu Ile Ile Asp Ser Thr Thr Gly Gly Phe Glu Ala Gly Ile Ser

115	120	125	
Lys Asp Gly Gln Thr Arg Glu His Ala Leu Leu Ser Phe Thr Leu Gly			
130	135	140	
Val Lys Gln Met Ile Cys Cys Cys Asn Lys Met Asp Ala Thr Thr Pro			
145	150	155	160
Lys Tyr Ser Lys Ala Arg Tyr Asp Glu Ile Val Lys Glu Val Ser Ser			
165	170	175	
Tyr Leu Lys Lys Val Gly Tyr Asn Pro Asp Lys Ile Pro Phe Val Pro			
180	185	190	
Ile Ser Gly Phe Glu Gly Asp Asn Met Ile Glu Arg Ser Thr Asn Leu			
195	200	205	
Asp Trp Tyr Lys Gly Pro Thr Leu Leu Asp Ala Leu Asp Gln Ile Ser			
210	215	220	
Glu Pro Lys Arg Pro Ser Asp Lys Pro Leu Arg Leu Pro Leu Gln Asp			
225	230	235	240
Val Tyr Lys Ile Gly Gly Ile Gly Thr Val Pro Val Gly Arg Val Glu			
245	250	255	
Thr Gly Val Leu Lys Pro Gly Met Val Val Thr Phe Ala Pro Thr Gly			
260	265	270	
Leu Thr Thr Glu Val Lys Ser Val Glu Met His His Glu Ser Leu Thr			
275	280	285	
Glu Ala His Pro Gly Asp Asn Val Gly Phe Asn Val Lys Asn Val Ala			
290	295	300	
Val Lys Asp Leu Lys Arg Gly Tyr Val Ala Ser Asn Ser Lys Asp Asp			
305	310	315	320
Pro Ala Lys Glu Ala Ala Asn Phe Thr Ala Gln Val Ile Ile Met Asn			
325	330	335	
His Pro Gly Gln Ile Gly Asn Gly Tyr Ala Pro Val Leu Asp Cys His			
340	345	350	
Thr Ser His Ile Ala Val Lys Phe Ala Glu Leu Met Thr Lys Ile Asp			
355	360	365	

Arg Arg Ser Gly Lys Glu Leu Glu Lys Glu Pro Lys Phe Leu Lys Asn
 370 375 380
 Gly Asp Ala Gly Phe Val Lys Met Ile Pro Thr Lys Pro Met Val Val
 385 390 395 400
 Glu Thr Phe Ser Glu Tyr Pro Pro Leu Gly Arg Phe Ala Val Arg Asp
 405 410 415

Met Arg Gln Thr Val Ala Val Gly Val Ile Lys Asn Val Glu Lys Lys
 420 425 430
 Asp Pro Thr Gly Ala Lys Val Thr Lys Ala Ala Gln Lys Lys Lys
 435 440 445

<210> 474
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 474

Ala Arg Tyr Asp Glu Ile Val Lys
 1 5
 <210> 475
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 475

Asp Gly Gln Thr Arg Glu His Ala Leu Leu Ser Phe Thr Leu Gly Val

1 5 10 15
 Lys

<210> 476
 <211> 7
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 476

Glu Val Ser Ser Tyr Leu Lys
 1 5

<210> 477

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 477

Ser Thr Thr Thr Gly His Leu Ile Tyr Lys

1 5 10

<210> 478

<211> 882

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(882)

<400> 478

atg gct tcc ggt gaa cag aaa ttc cct cct caa caa caa caa aca cag 48

Met Ala Ser Gly Glu Gln Lys Phe Pro Pro Gln Gln Gln Gln Thr Gln

1 5 10 15

cct ggg aag gag cat gct atg act cca gta ccc caa ttc act agc cct 96

Pro Gly Lys Glu His Ala Met Thr Pro Val Pro Gln Phe Thr Ser Pro

20 25 30

gac tac aag cct tca aat aaa ctt caa ggg aag att gca tta gtc act 144

Asp Tyr Lys Pro Ser Asn Lys Leu Gln Gly Lys Ile Ala Leu Val Thr

35 40 45

ggg ggt gat tct ggg att gga cga gcg gtg tgt aac ttg ttt gcc tta 192

Gly Gly Asp Ser Gly Ile Gly Arg Ala Val Cys Asn Leu Phe Ala Leu

50 55 60

gaa ggt gct acc gtg gcc ttc acg tat gtg aag ggg cat gag gac aag 240

Glu Gly Ala Thr Val Ala Phe Thr Tyr Val Lys Gly His Glu Asp Lys

65 70 75 80

gac gcg agg gac aca ttg gaa atg atc aag aga gca aag act tcg gat 288

Asp Ala Arg Asp Thr Leu Glu Met Ile Lys Arg Ala Lys Thr Ser Asp

85 90 95

gcc aag gat cca atg gca ata gca tct gat ttg ggt tac gat gag aac	336
Ala Lys Asp Pro Met Ala Ile Ala Ser Asp Leu Gly Tyr Asp Glu Asn	
100 105 110	
tgc aag agg gtg gtt gat gag gtc gtg agt gct tat ggt tgt att gac	384
Cys Lys Arg Val Val Asp Glu Val Val Ser Ala Tyr Gly Cys Ile Asp	
115 120 125	
att ctg gtc aac aat gca gct gag cag tac gag tgt gga acc gtg gag	432
Ile Leu Val Asn Asn Ala Ala Glu Gln Tyr Glu Cys Gly Thr Val Glu	
130 135 140	
gac ata gac gag cct agg ctt gag agg gtc ttt cgt aca aat atc ttc	480
Asp Ile Asp Glu Pro Arg Leu Glu Arg Val Phe Arg Thr Asn Ile Phe	
145 150 155 160	
tcc tat ttc ttc atg gcg agg cat gcc ttg aag cac atg aag gaa gga	528
Ser Tyr Phe Phe Met Ala Arg His Ala Leu Lys His Met Lys Glu Gly	
165 170 175	
agc agc att atc aac acg aca tca gtg aat gca tac aag gga cat gcg	576
Ser Ser Ile Ile Asn Thr Thr Ser Val Asn Ala Tyr Lys Gly His Ala	
180 185 190	
aaa cta ttg gac tac acg tcc acc aag ggg gca att gtg gcc tat aca	624
Lys Leu Leu Asp Tyr Thr Ser Thr Lys Gly Ala Ile Val Ala Tyr Thr	
195 200 205	
agg ggt ctt gcc ctt cag ctg gtg agt aag gga att cgg gtt aat ggg	672
Arg Gly Leu Ala Leu Gln Leu Val Ser Lys Gly Ile Arg Val Asn Gly	
210 215 220	
gtg gct cca ggg ccc att tgg acc cct ttg ata cca gcc tct ttc aag	720
Val Ala Pro Gly Pro Ile Trp Thr Pro Leu Ile Pro Ala Ser Phe Lys	
225 230 235 240	
gag gaa gaa acg gcc caa ttt gga gcg cag gtc cca atg aag aga gct	768
Glu Glu Glu Thr Ala Gln Phe Gly Ala Gln Val Pro Met Lys Arg Ala	
245 250 255	
ggt caa cct att gag gtt gct cct tcc tat gtt ttt ctt gct tcc aac	816

Gly Gln Pro Ile Glu Val Ala Pro Ser Tyr Val Phe Leu Ala Ser Asn

260	265	270	
caa tgc tcc tct tac ata act gga caa gtc ctt cac ccc aat ggt gga			864
Gln Cys Ser Ser Tyr Ile Thr Gly Gln Val Leu His Pro Asn Gly Gly			
275	280	285	
acc gtt gtg aat ggt taa			882
Thr Val Val Asn Gly			
290			

<210> 479

<211> 293

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 479

Met Ala Ser Gly Glu Gln Lys Phe Pro Pro Gln Gln Gln Gln Thr Gln

1	5	10	15

Pro Gly Lys Glu His Ala Met Thr Pro Val Pro Gln Phe Thr Ser Pro

20	25	30

Asp Tyr Lys Pro Ser Asn Lys Leu Gln Gly Lys Ile Ala Leu Val Thr

35	40	45

Gly Gly Asp Ser Gly Ile Gly Arg Ala Val Cys Asn Leu Phe Ala Leu

50	55	60

Glu Gly Ala Thr Val Ala Phe Thr Tyr Val Lys Gly His Glu Asp Lys

65	70	75	80

Asp Ala Arg Asp Thr Leu Glu Met Ile Lys Arg Ala Lys Thr Ser Asp

85	90	95

Ala Lys Asp Pro Met Ala Ile Ala Ser Asp Leu Gly Tyr Asp Glu Asn

100	105	110

Cys Lys Arg Val Val Asp Glu Val Val Ser Ala Tyr Gly Cys Ile Asp

115	120	125

Ile Leu Val Asn Asn Ala Ala Glu Gln Tyr Glu Cys Gly Thr Val Glu

130	135	140

Asp Ile Asp Glu Pro Arg Leu Glu Arg Val Phe Arg Thr Asn Ile Phe
145 150 155 160

Ser Tyr Phe Phe Met Ala Arg His Ala Leu Lys His Met Lys Glu Gly
165 170 175

Ser Ser Ile Ile Asn Thr Thr Ser Val Asn Ala Tyr Lys Gly His Ala

180 185 190
Lys Leu Leu Asp Tyr Thr Ser Thr Lys Gly Ala Ile Val Ala Tyr Thr
195 200 205

Arg Gly Leu Ala Leu Gln Leu Val Ser Lys Gly Ile Arg Val Asn Gly
210 215 220

Val Ala Pro Gly Pro Ile Trp Thr Pro Leu Ile Pro Ala Ser Phe Lys
225 230 235 240

Glu Glu Glu Thr Ala Gln Phe Gly Ala Gln Val Pro Met Lys Arg Ala

245 250 255
Gly Gln Pro Ile Glu Val Ala Pro Ser Tyr Val Phe Leu Ala Ser Asn
260 265 270

Gln Cys Ser Ser Tyr Ile Thr Gly Gln Val Leu His Pro Asn Gly Gly
275 280 285

Thr Val Val Asn Gly

290

<210> 480

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 480

Glu Gly Ser Ser Ile Ile Asn Thr Thr Ser Val Asn Ala Tyr Lys

1 5 10 15

<210> 481

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 481

Phe Pro Pro Gln Gln Gln Gln Thr Gln Pro Gly Lys

1 5 10

<210> 482

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 482

Gly Ala Ile Val Ala Tyr Thr Arg Gly Leu Ala Leu Gln Leu Val Ser

1 5 10 15

Lys

<210> 483

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 483

Leu Leu Asp Tyr Thr Ser Thr Lys

1 5

<210> 484

<211> 882

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(882)

<400> 484

atg gca agc aat aag gag tct aag ttc cca gca cag agc cag aaa act 48

Met Ala Ser Asn Lys Glu Ser Lys Phe Pro Ala Gln Ser Gln Lys Thr

1 5 10 15

cag cca gga aaa gaa cat gta atg aat cca ctc cca caa gcc aca aat 96

Gln Pro Gly Lys Glu His Val Met Asn Pro Leu Pro Gln Ala Thr Asn

20 25 30

cct gat cac aag gcc gcc aat aaa ctc cag gga aag gtg gcg ttg gtg 144

Pro Asp His Lys Ala Ala Asn Lys Leu Gln Gly Lys Val Ala Leu Val

35	40	45	
aca gga ggt gac tca gga att ggc aga gcg gtt tgc ctg tgt ttc gca			192
Thr Gly Gly Asp Ser Gly Ile Gly Arg Ala Val Cys Leu Cys Phe Ala			
50	55	60	
aaa gag ggt gca acc gtg gcc ttt aca tac gta aag ggc cat gag gac			240
Lys Glu Gly Ala Thr Val Ala Phe Thr Tyr Val Lys Gly His Glu Asp			
65	70	75	80
agg gat aaa gat gat act ctg aag atg ctg ctt gaa gct aag aca agt			288
Arg Asp Lys Asp Asp Thr Leu Lys Met Leu Leu Glu Ala Lys Thr Ser			
85	90	95	
ggt gca gac aat cca ttg gca ata gca gcg gat att ggc ttt gat gag			336
Gly Ala Asp Asn Pro Leu Ala Ile Ala Ala Asp Ile Gly Phe Asp Glu			
100	105	110	
aac tgc aaa cag gtc att gac ctt gtt gtc aaa gaa tat ggc cgc ctt			384
Asn Cys Lys Gln Val Ile Asp Leu Val Val Lys Glu Tyr Gly Arg Leu			
115	120	125	
gat gtt ctg gtc aac aat gca gct gag cag cat ttg aca aac tct gtt			432
Asp Val Leu Val Asn Asn Ala Ala Glu Gln His Leu Thr Asn Ser Val			
130	135	140	
gag gaa atc aca caa cag cag ctt gag aga gtc ttc gga acc aac atc			480
Glu Glu Ile Thr Gln Gln Gln Leu Glu Arg Val Phe Gly Thr Asn Ile			
145	150	155	160
ttt tct cag ttc ttt ttg gtc aag cat gct ctg aag cac atg aaa gaa			528
Phe Ser Gln Phe Phe Leu Val Lys His Ala Leu Lys His Met Lys Glu			
165	170	175	
ggg agc tgc atc ata aac tct act tca gtt aat gca tac aat ggg aat			576
Gly Ser Cys Ile Ile Asn Ser Thr Ser Val Asn Ala Tyr Asn Gly Asn			
180	185	190	
cca gaa gcg ttg gac tac act gct acc aag gga gca att gtg gcc ttc			624
Pro Glu Ala Leu Asp Tyr Thr Ala Thr Lys Gly Ala Ile Val Ala Phe			
195	200	205	

acc aga ggt ctt tct cag cag cta gcg agt agg gga att agg gtg aat 672

Thr Arg Gly Leu Ser Gln Gln Leu Ala Ser Arg Gly Ile Arg Val Asn

210

215

220

ggt gtg gca cct ggc cca gtt tgg acg cca ata caa cca gct tca aag 720

Gly Val Ala Pro Gly Pro Val Trp Thr Pro Ile Gln Pro Ala Ser Lys

225

230

235

240

cct gct gag atg att cag aac ttg ggg tgt gag gtg cca atg aac cgc 768

Pro Ala Glu Met Ile Gln Asn Leu Gly Cys Glu Val Pro Met Asn Arg

245

250

255

gtg gct cag cct tgt gag att gca cca tgt tat ttg ttc ttg gca act 816

Val Ala Gln Pro Cys Glu Ile Ala Pro Cys Tyr Leu Phe Leu Ala Thr

260

265

270

tgt cag gac tct tcc tac ttt act ggc caa gtc ctc cat cca aat ggt 864

Cys Gln Asp Ser Ser Tyr Phe Thr Gly Gln Val Leu His Pro Asn Gly

275

280

285

ggg atg gtc gtc aac gct 882

Gly Met Val Val Asn Ala

290

<210> 485

<211> 294

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 485

Met Ala Ser Asn Lys Glu Ser Lys Phe Pro Ala Gln Ser Gln Lys Thr

1

5

10

15

Gln Pro Gly Lys Glu His Val Met Asn Pro Leu Pro Gln Ala Thr Asn

20

25

30

Pro Asp His Lys Ala Ala Asn Lys Leu Gln Gly Lys Val Ala Leu Val

35

40

45

Thr Gly Gly Asp Ser Gly Ile Gly Arg Ala Val Cys Leu Cys Phe Ala

50

55

60

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

<210> 486

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 486

Glu Gly Ala Thr Val Ala Phe Thr Tyr Val Lys

1 5 10

<210> 487

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 487

Gln Val Ile Asp Leu Val Val Lys

1 5

<210> 488

<211> 879

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(879)

<400> 488

atg gct tcg ggt gaa aag aaa ttc cca cct caa caa caa caa aca cag 48

Met Ala Ser Gly Glu Lys Lys Phe Pro Pro Gln Gln Gln Gln Thr Gln

1 5 10 15

cct ggg aag gag cat gct atg aat cca gta ccc caa ttc act agc cct 96

Pro Gly Lys Glu His Ala Met Asn Pro Val Pro Gln Phe Thr Ser Pro

20 25 30

gac tac aag cct tca aat aaa ctt caa gga aag ata gca tta gtg act 144

Asp Tyr Lys Pro Ser Asn Lys Leu Gln Gly Lys Ile Ala Leu Val Thr

35 40 45

ggg ggt gac tct ggg att gga cga gcg gtg tgt aac ttg ttt gcc tta 192

Gly Gly Asp Ser Gly Ile Gly Arg Ala Val Cys Asn Leu Phe Ala Leu

50 55 60

gaa ggt gct acc gtg ggc ttc aca tat gtg aag ggg cat gag gac aag 240

Val Ala Pro Gly Pro Ile Trp Thr Pro Leu Ile Pro Ser Ser Phe Lys

225 230 235 240
gag gaa gaa acg gct caa ttt ggt gcc cag gtg cca atg aag aga gct 768

Glu Glu Glu Thr Ala Gln Phe Gly Ala Gln Val Pro Met Lys Arg Ala
245 250 255

ggc cag cct att gag gtt gct ccg tct tat gtt ttt ctt gct tgc aac 816
Gly Gln Pro Ile Glu Val Ala Pro Ser Tyr Val Phe Leu Ala Cys Asn
260 265 270

caa tgc tcc tct tac ata act gga caa gtc ctt cac ccc aat ggt gga 864
Gln Cys Ser Ser Tyr Ile Thr Gly Gln Val Leu His Pro Asn Gly Gly
275 280 285

acc gtt gtc aat ggt 879
Thr Val Val Asn Gly
290

<210> 489

<211> 293

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 489

Met Ala Ser Gly Glu Lys Lys Phe Pro Pro Gln Gln Gln Gln Thr Gln

1 5 10 15

Pro Gly Lys Glu His Ala Met Asn Pro Val Pro Gln Phe Thr Ser Pro

20 25 30

Asp Tyr Lys Pro Ser Asn Lys Leu Gln Gly Lys Ile Ala Leu Val Thr

35 40 45

Gly Gly Asp Ser Gly Ile Gly Arg Ala Val Cys Asn Leu Phe Ala Leu

50 55 60

Glu Gly Ala Thr Val Gly Phe Thr Tyr Val Lys Gly His Glu Asp Lys

65 70 75 80

Asp Ala Arg Asp Thr Leu Glu Met Ile Lys Arg Ala Lys Thr Ser Asp

85 90 95

Ala Lys Asp Pro Met Ala Val Pro Ala Asp Leu Gly Tyr Asp Glu Asn
100 105 110

Cys Lys Arg Val Val Asp Glu Val Val Asn Ala Tyr Gly Cys Ile Asp
115 120 125

Ile Leu Val Asn Asn Ala Ala Glu Gln Tyr Glu Cys Gly Thr Val Glu
130 135 140

Asp Ile Asp Glu Pro Arg Leu Glu Arg Val Phe Arg Thr Asn Ile Phe
145 150 155 160

Ser Tyr Phe Phe Met Thr Arg His Ala Leu Lys His Met Lys Glu Gly
165 170 175

Ser Ser Ile Ile Asn Thr Thr Ser Val Asn Ala Tyr Lys Gly Asn Ala
180 185 190

Lys Leu Leu Asp Tyr Thr Ser Thr Lys Gly Ala Ile Val Ala Tyr Thr
195 200 205

Arg Gly Leu Ala Leu Gln Leu Val Ser Lys Gly Ile Arg Val Asn Gly
210 215 220

Val Ala Pro Gly Pro Ile Trp Thr Pro Leu Ile Pro Ser Ser Phe Lys
225 230 235 240

Glu Glu Glu Thr Ala Gln Phe Gly Ala Gln Val Pro Met Lys Arg Ala
245 250 255

Gly Gln Pro Ile Glu Val Ala Pro Ser Tyr Val Phe Leu Ala Cys Asn
260 265 270

Gln Cys Ser Ser Tyr Ile Thr Gly Gln Val Leu His Pro Asn Gly Gly
275 280 285

Thr Val Val Asn Gly
290

<210> 490

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 490

Glu Gly Ser Ser Ile Ile Asn Thr Thr Ser Val Asn Ala Tyr Lys

1 5 10 15

<210>

491

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 491

Phe Pro Pro Gln Gln Gln Gln Thr Gln Pro Gly Lys

1 5 10

<210> 492

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 492

Gly Ala Ile Val Ala Tyr Thr Arg Gly Leu Ala Leu Gln Leu Val Ser

1 5 10 15

Lys

<210> 493

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 493

Leu Leu Asp Tyr Thr Ser Thr Lys

1 5

<210> 494

<211> 3207

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(3207)

<400> 494

atg gct tct gag caa atg cct cgc aga gag aac aac agc aat agg gtg 48

Met Ala Ser Glu Gln Met Pro Arg Arg Glu Asn Asn Ser Asn Arg Val

1	5	10	15	
ata gag aga gag gtt cac gtt gag aca cac aga aaa gag tcc ctc cct				96
Ile Glu Arg Glu Val His Val Glu Thr His Arg Lys Glu Ser Leu Pro				
	20	25	30	
gat aag gga agg gtt gtg ata gag agt gag aag aag gag aaa gag aga				144
Asp Lys Gly Arg Val Val Ile Glu Ser Glu Lys Lys Glu Lys Glu Arg				
	35	40	45	
gag ttg gct tct gat aga gcc agg tct gga aat ata gtt aag gag gac				192
Glu Leu Ala Ser Asp Arg Ala Arg Ser Gly Asn Ile Val Lys Glu Asp				
	50	55	60	
aaa gag gtt gaa gaa gga aga aga gga aaa gaa agt ggt ggt ggt ggt				240
Lys Glu Val Glu Glu Gly Arg Arg Gly Lys Glu Ser Gly Gly Gly Gly				
65	70	75	80	
ggt gtt cag cat gag agg aag ttt gaa acg aaa gtt gaa gag aag aag				288
Gly Val Gln His Glu Arg Lys Phe Glu Thr Lys Val Glu Glu Lys Lys				
	85	90	95	
ggt ttt ggg gaa aag gct gaa ctc gag gga ata aca aga gtg gtg gtg				336
Gly Phe Gly Glu Lys Ala Glu Leu Glu Gly Ile Thr Arg Val Val Val				
	100	105	110	
gga aga gag tgc agc aaa gag gag aaa caa gga aga aca aga gag aaa				384
Gly Arg Glu Cys Ser Lys Glu Glu Lys Gln Gly Arg Thr Arg Glu Lys				
	115	120	125	
gta gag gca gag aaa gca aga tca atg gag aaa act aga gat gaa gct				432
Val Glu Ala Glu Lys Ala Arg Ser Met Glu Lys Thr Arg Asp Glu Ala				
	130	135	140	
aaa gga aga gaa caa gct gaa acc aaa ggt caa acc aag aag ggt ggt				480
Lys Gly Arg Glu Gln Ala Glu Thr Lys Gly Gln Thr Lys Lys Gly Gly				
145	150	155	160	
ggt gag gaa cag gga aga aga aga gaa gaa ata gga gaa gaa aat aaa				528
Gly Glu Glu Gln Gly Arg Arg Arg Glu Glu Ile Gly Glu Glu Asn Lys				
	165	170	175	

caa tcc agc ctc gaa gag att tct aaa tgc aga gct gaa gct gaa gag 576

Gln Ser Ser Leu Glu Glu Ile Ser Lys Cys Arg Ala Glu Ala Glu Glu
180 185 190

aaa gtt aag gag aga aag gag aga tca aaa caa gca gca agt aat gaa 624
Lys Val Lys Glu Arg Lys Glu Arg Ser Lys Gln Ala Ala Ser Asn Glu
195 200 205

gct gcc aaa gag aga aac aag cag gca aat aag gag gca aca aag gca 672
Ala Ala Lys Glu Arg Asn Lys Gln Ala Asn Lys Glu Ala Thr Lys Ala

210 215 220

aaa gat gtc aca aga gag aag ggt caa caa ggc aat ctt aaa aca gga 720
Lys Asp Val Thr Arg Glu Lys Gly Gln Gln Gly Asn Leu Lys Thr Gly
225 230 235 240

aat gag aca caa gac att ggc caa aag ggt tat ggt gga gca aag gat 768
Asn Glu Thr Gln Asp Ile Gly Gln Lys Gly Tyr Gly Gly Ala Lys Asp
245 250 255

acc att ggt aga gtg gac aac att act aca cca ctt gct aaa aag gct 816
Thr Ile Gly Arg Val Asp Asn Ile Thr Thr Pro Leu Ala Lys Lys Ala
260 265 270

caa gtt gct ggt agc acc act gtt cag tat gct gga gag aaa tca gca 864
Gln Val Ala Gly Ser Thr Thr Val Gln Tyr Ala Gly Glu Lys Ser Ala
275 280 285

caa gcc aaa gat gct acg gta gga tca atg gag aaa act aca aag gat 912

Gln Ala Lys Asp Ala Thr Val Gly Ser Met Glu Lys Thr Thr Lys Asp
290 295 300

gct aaa gga aga gaa aaa gca gga acc aaa ggt caa aca aag aag ggt 960
Ala Lys Gly Arg Glu Lys Ala Gly Thr Lys Gly Gln Thr Lys Lys Gly
305 310 315 320

ggt ggt gag gaa caa gga aaa aga aga gaa gaa aca gga gaa gaa aaa 1008
Gly Gly Glu Glu Gln Gly Lys Arg Arg Glu Glu Thr Gly Glu Glu Lys

325	330	335	
caa tcc agc ctg gag gag att tct aag cac aga gct gaa gct caa caa			1056
Gln Ser Ser Leu Glu Glu Ile Ser Lys His Arg Ala Glu Ala Gln Gln			
340	345	350	
aaa gca atg agt tca att gaa ggt gct aag gag aga tac gag aga gca			1104
Lys Ala Met Ser Ser Ile Glu Gly Ala Lys Glu Arg Tyr Glu Arg Ala			
355	360	365	
aaa caa gaa gca agt aaa gct tcc aaa gag aga aac att caa gca aat			1152
Lys Gln Glu Ala Ser Lys Ala Ser Lys Glu Arg Asn Ile Gln Ala Asn			
370	375	380	
aag agg gct gaa gaa gaa aga aga aaa gca gaa agt ggt agg ggt gtt			1200
Lys Arg Ala Glu Glu Glu Arg Arg Lys Ala Glu Ser Gly Arg Gly Val			
385	390	395	400
cat gtg gat aag ttt gaa gag aag aag gat tca gtg ctg aaa gca gaa			1248
His Val Asp Lys Phe Glu Glu Lys Lys Asp Ser Val Leu Lys Ala Glu			
405	410	415	
ctc gag aga aga aca aga gag gta gag gga aga gag tgg aac aaa gag			1296
Leu Glu Arg Arg Thr Arg Glu Val Glu Gly Arg Glu Trp Asn Lys Glu			
420	425	430	
gag aaa caa aga agt tgt cca aga ggg aaa gta gag gca gag aaa gca			1344
Glu Lys Gln Arg Ser Cys Pro Arg Gly Lys Val Glu Ala Glu Lys Ala			
435	440	445	
aga cca atg gaa gaa aca aaa ctg gaa gct aaa gga aga gaa aaa gct			1392
Arg Pro Met Glu Glu Thr Lys Leu Glu Ala Lys Gly Arg Glu Lys Ala			
450	455	460	
gaa acc aaa gag ggt ggt ggt gag gaa aaa gga atg aga aga gaa gaa			1440
Glu Thr Lys Glu Gly Gly Gly Glu Glu Lys Gly Met Arg Arg Glu Glu			
465	470	475	480
ata gga gaa gaa aat aaa caa tcc agc ctg gaa gag att ttt aag tac			1488
Ile Gly Glu Glu Asn Lys Gln Ser Ser Leu Glu Glu Ile Phe Lys Tyr			
485	490	495	

aga gct gaa gct caa cag aaa gtt aag gag aga aac gag aga gca aaa	1536
Arg Ala Glu Ala Gln Gln Lys Val Lys Glu Arg Asn Glu Arg Ala Lys	
500 505 510	
caa gca gca gaa gct gcc aaa gag aga aac aag cag gca aat aaa ggg	1584
Gln Ala Ala Glu Ala Ala Lys Glu Arg Asn Lys Gln Ala Asn Lys Gly	
515 520 525	
aat gaa gaa ggc aga aga gaa aga gaa agt ggt ggg ggt gtt cat cat	1632
Asn Glu Glu Gly Arg Arg Glu Arg Glu Ser Gly Gly Gly Val His His	
530 535 540	
gag gct aag ttt gaa act aaa ggt gaa aaa aag aag gat tta gtg gga	1680
Glu Ala Lys Phe Glu Thr Lys Gly Glu Lys Lys Lys Asp Leu Val Gly	
545 550 555 560	
aga gag cgg aac aaa gag gag aaa caa aga agc agt cca aga gga aaa	1728
Arg Glu Arg Asn Lys Glu Glu Lys Gln Arg Ser Ser Pro Arg Gly Lys	
565 570 575	
gta gag gca gag aaa gca aga cca atg gaa gaa aca aag gtg gaa gct	1776
Val Glu Ala Glu Lys Ala Arg Pro Met Glu Glu Thr Lys Val Glu Ala	
580 585 590	
aaa gga aga gaa aaa gat gta acc aaa gag ggt ggt gtt gag gaa caa	1824
Lys Gly Arg Glu Lys Asp Val Thr Lys Glu Gly Gly Val Glu Glu Gln	
595 600 605	
gga aga gga aga aaa gaa aat gaa caa tct agc ttg aaa gac att tcc	1872
Gly Arg Gly Arg Lys Glu Asn Glu Gln Ser Ser Leu Lys Asp Ile Ser	
610 615 620	
aag tac aga gct gaa gct caa caa aat tca ttc aat gct act gaa gct	1920
Lys Tyr Arg Ala Glu Ala Gln Gln Asn Ser Phe Asn Ala Thr Glu Ala	
625 630 635 640	
gct aag gaa aga tac gag agg gca aac caa gcg aca agt gaa gct gcc	1968
Ala Lys Glu Arg Tyr Glu Arg Ala Asn Gln Ala Thr Ser Glu Ala Ala	
645 650 655	
aaa gag aga aac aag cag gca aat aag gag gca aca aag gca aaa gat	2016

Lys Glu Arg Asn Lys Gln Ala Asn Lys Glu Ala Thr Lys Ala Lys Asp

660 665 670
gtc aca aga gaa atg gat caa caa ggc aat ctt aaa aca gaa aat gag 2064
Val Thr Arg Glu Met Asp Gln Gln Gly Asn Leu Lys Thr Glu Asn Glu

675 680 685
aca cag gac aat gac cag aag ggt tat ggt gga gca aag tac acc att 2112
Thr Gln Asp Asn Asp Gln Lys Gly Tyr Gly Gly Ala Lys Tyr Thr Ile
690 695 700

ggg agt gtg gac cac att act aca cca ttt att gta gag gcc aat ctt 2160
Gly Ser Val Asp His Ile Thr Thr Pro Phe Ile Val Glu Ala Asn Leu
705 710 715 720

aaa tca gaa aat cag ata caa gac aat ggc caa aag ggt tat ggt gga 2208
Lys Ser Glu Asn Gln Ile Gln Asp Asn Gly Gln Lys Gly Tyr Gly Gly
725 730 735

gca aag gac aca att ggt agt gta gac cac att act aca cca ctt gct 2256

Ala Lys Asp Thr Ile Gly Ser Val Asp His Ile Thr Thr Pro Leu Ala
740 745 750

gaa aag gcc aaa gct gct ggt agc acc act gct cag tat gtt ggg gag 2304
Glu Lys Ala Lys Ala Ala Gly Ser Thr Thr Ala Gln Tyr Val Gly Glu
755 760 765

aaa gca gca caa gcc aaa gat gct act gtg caa act ggc aag agt gct 2352
Lys Ala Ala Gln Ala Lys Asp Ala Thr Val Gln Thr Gly Lys Ser Ala

770 775 780

gca aaa gtt gcc tca gat ttg agg gac aag gct ttg gcc aca ggg tgg 2400
Ala Lys Val Ala Ser Asp Leu Arg Asp Lys Ala Leu Ala Thr Gly Trp
785 790 795 800

agt gct gca cat tat tct act gag ata act gtg gag gga acc aag gct 2448
Ser Ala Ala His Tyr Ser Thr Glu Ile Thr Val Glu Gly Thr Lys Ala
805 810 815

gca aca aat gtt gtt aag gga gtt gct gag tat gca gga cag aag gct	2496
Ala Thr Asn Val Val Lys Gly Val Ala Glu Tyr Ala Gly Gln Lys Ala	
820 825 830	
tct gag ctt gca gct atg tca gtg gat act gcg aaa ggt tta gct gct	2544
Ser Glu Leu Ala Ala Met Ser Val Asp Thr Ala Lys Gly Leu Ala Ala	
835 840 845	
gct gca gct ggg gag aat gcc aag gag tac act gca agg aag aag gtg	2592
Ala Ala Ala Gly Glu Asn Ala Lys Glu Tyr Thr Ala Arg Lys Lys Val	
850 855 860	
gaa gct gag atg gat ttg gag gcc aaa agg gaa gct caa aat cag gaa	2640
Glu Ala Glu Met Asp Leu Glu Ala Lys Arg Glu Ala Gln Asn Gln Glu	
865 870 875 880	
tcg aag gag tgg cca tca gca aaa tcc acc act gag agc att caa aga	2688
Ser Lys Glu Trp Pro Ser Ala Lys Ser Thr Thr Glu Ser Ile Gln Arg	
885 890 895	
gga caa gga caa caa gaa cag cat gag caa gga gaa aaa tgg gaa cat	2736
Gly Gln Gly Gln Gln Glu Gln His Glu Gln Gly Glu Lys Trp Glu His	
900 905 910	
ggt gca caa agg act aat aag cca cat gaa agc aac att gtg gaa acc	2784
Gly Ala Gln Arg Thr Asn Lys Pro His Glu Ser Asn Ile Val Glu Thr	
915 920 925	
ttt gag gaa aac cta ggt ggg att ggg gaa aaa agg gaa caa aaa cca	2832
Phe Glu Glu Asn Leu Gly Gly Ile Gly Glu Lys Arg Glu Gln Lys Pro	
930 935 940	
ctt gga agc atc att gga gag agc ttt caa gga gtt caa gaa aaa ggg	2880
Leu Gly Ser Ile Ile Gly Glu Ser Phe Gln Gly Val Gln Glu Lys Gly	
945 950 955 960	
agt gaa gtg atg gca agc att ggt gaa aaa ctg gga agt gct gca cat	2928
Ser Glu Val Met Ala Ser Ile Gly Glu Lys Leu Gly Ser Ala Ala His	
965 970 975	
aca tta gtg aag aag cca ttg gat aag gcc act gag gga ggg aga gag	2976

Thr Leu Val Lys Lys Pro Leu Asp Lys Ala Thr Glu Gly Gly Arg Glu
980 985 990
gtg ttg gga gct gta ggt gaa act gtg gtt gag att ggt gaa aac atg 3024
Val Leu Gly Ala Val Gly Glu Thr Val Val Glu Ile Gly Glu Asn Met
995 1000 1005
gtg aaa aaa cca gca cag aaa gtg cag cag cat caa ggt gaa ggt 3069
Val Lys Lys Pro Ala Gln Lys Val Gln Gln His Gln Gly Glu Gly
1010 1015 1020
gga gga ggg gtg ctg aat gcc att ggt gaa acc ata gca gag ata 3114
Gly Gly Gly Val Leu Asn Ala Ile Gly Glu Thr Ile Ala Glu Ile
1025 1030 1035
gca gag aca act aag gtg att gtt gct gga gag gga gaa aag gag 3159
Ala Glu Thr Thr Lys Val Ile Val Ala Gly Glu Gly Glu Lys Glu
1040 1045 1050
ata ata gta aaa aca cat gaa ttt gaa tat gga gac ttg aaa ctt 3204
Ile Ile Val Lys Thr His Glu Phe Glu Tyr Gly Asp Leu Lys Leu
1055 1060 1065
gat 3207

Asp

<210> 495

<211> 1069

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 495

Met Ala Ser Glu Gln Met Pro Arg Arg Glu Asn Asn Ser Asn Arg Val

1 5 10 15

Ile Glu Arg Glu Val His Val Glu Thr His Arg Lys Glu Ser Leu Pro

20 25 30

Asp Lys Gly Arg Val Val Ile Glu Ser Glu Lys Lys Glu Lys Glu Arg

35

40

45

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

290	295	300	
Ala Lys Gly Arg Glu Lys Ala Gly Thr Lys Gly Gln Thr Lys Lys Gly			
305	310	315	320
Gly Gly Glu Glu Gln Gly Lys Arg Arg Glu Glu Thr Gly Glu Glu Lys			
325	330	335	
Gln Ser Ser Leu Glu Glu Ile Ser Lys His Arg Ala Glu Ala Gln Gln			
340	345	350	
Lys Ala Met Ser Ser Ile Glu Gly Ala Lys Glu Arg Tyr Glu Arg Ala			
355	360	365	
Lys Gln Glu Ala Ser Lys Ala Ser Lys Glu Arg Asn Ile Gln Ala Asn			
370	375	380	
Lys Arg Ala Glu Glu Glu Arg Arg Lys Ala Glu Ser Gly Arg Gly Val			
385	390	395	400
His Val Asp Lys Phe Glu Glu Lys Lys Asp Ser Val Leu Lys Ala Glu			
405	410	415	
Leu Glu Arg Arg Thr Arg Glu Val Glu Gly Arg Glu Trp Asn Lys Glu			
420	425	430	
Glu Lys Gln Arg Ser Cys Pro Arg Gly Lys Val Glu Ala Glu Lys Ala			
435	440	445	
Arg Pro Met Glu Glu Thr Lys Leu Glu Ala Lys Gly Arg Glu Lys Ala			
450	455	460	
Glu Thr Lys Glu Gly Gly Gly Glu Glu Lys Gly Met Arg Arg Glu Glu			
465	470	475	480
Ile Gly Glu Glu Asn Lys Gln Ser Ser Leu Glu Glu Ile Phe Lys Tyr			
485	490	495	
Arg Ala Glu Ala Gln Gln Lys Val Lys Glu Arg Asn Glu Arg Ala Lys			
500	505	510	
Gln Ala Ala Glu Ala Ala Lys Glu Arg Asn Lys Gln Ala Asn Lys Gly			
515	520	525	
Asn Glu Glu Gly Arg Arg Glu Arg Glu Ser Gly Gly Gly Val His His			
530	535	540	

Glu Ala Lys Phe Glu Thr Lys Gly Glu Lys Lys Lys Asp Leu Val Gly

545 550 555 560

Arg Glu Arg Asn Lys Glu Glu Lys Gln Arg Ser Ser Pro Arg Gly Lys

565 570 575

Val Glu Ala Glu Lys Ala Arg Pro Met Glu Glu Thr Lys Val Glu Ala

580 585 590

Lys Gly Arg Glu Lys Asp Val Thr Lys Glu Gly Gly Val Glu Glu Gln

595 600 605

Gly Arg Gly Arg Lys Glu Asn Glu Gln Ser Ser Leu Lys Asp Ile Ser

610 615 620

Lys Tyr Arg Ala Glu Ala Gln Gln Asn Ser Phe Asn Ala Thr Glu Ala

625 630 635 640

Ala Lys Glu Arg Tyr Glu Arg Ala Asn Gln Ala Thr Ser Glu Ala Ala

645 650 655

Lys Glu Arg Asn Lys Gln Ala Asn Lys Glu Ala Thr Lys Ala Lys Asp

660 665 670

Val Thr Arg Glu Met Asp Gln Gln Gly Asn Leu Lys Thr Glu Asn Glu

675 680 685

Thr Gln Asp Asn Asp Gln Lys Gly Tyr Gly Gly Ala Lys Tyr Thr Ile

690 695 700

Gly Ser Val Asp His Ile Thr Thr Pro Phe Ile Val Glu Ala Asn Leu

705 710 715 720

Lys Ser Glu Asn Gln Ile Gln Asp Asn Gly Gln Lys Gly Tyr Gly Gly

725 730 735

Ala Lys Asp Thr Ile Gly Ser Val Asp His Ile Thr Thr Pro Leu Ala

740 745 750

Glu Lys Ala Lys Ala Ala Gly Ser Thr Thr Ala Gln Tyr Val Gly Glu

755 760 765

Lys Ala Ala Gln Ala Lys Asp Ala Thr Val Gln Thr Gly Lys Ser Ala

770 775 780

Ala Lys Val Ala Ser Asp Leu Arg Asp Lys Ala Leu Ala Thr Gly Trp

785 790 795 800
 Ser Ala Ala His Tyr Ser Thr Glu Ile Thr Val Glu Gly Thr Lys Ala

 805 810 815
 Ala Thr Asn Val Val Lys Gly Val Ala Glu Tyr Ala Gly Gln Lys Ala
 820 825 830
 Ser Glu Leu Ala Ala Met Ser Val Asp Thr Ala Lys Gly Leu Ala Ala
 835 840 845
 Ala Ala Ala Gly Glu Asn Ala Lys Glu Tyr Thr Ala Arg Lys Lys Val
 850 855 860
 Glu Ala Glu Met Asp Leu Glu Ala Lys Arg Glu Ala Gln Asn Gln Glu

 865 870 875 880
 Ser Lys Glu Trp Pro Ser Ala Lys Ser Thr Thr Glu Ser Ile Gln Arg
 885 890 895
 Gly Gln Gly Gln Gln Glu Gln His Glu Gln Gly Glu Lys Trp Glu His
 900 905 910
 Gly Ala Gln Arg Thr Asn Lys Pro His Glu Ser Asn Ile Val Glu Thr
 915 920 925
 Phe Glu Glu Asn Leu Gly Gly Ile Gly Glu Lys Arg Glu Gln Lys Pro

 930 935 940
 Leu Gly Ser Ile Ile Gly Glu Ser Phe Gln Gly Val Gln Glu Lys Gly
 945 950 955 960
 Ser Glu Val Met Ala Ser Ile Gly Glu Lys Leu Gly Ser Ala Ala His
 965 970 975
 Thr Leu Val Lys Lys Pro Leu Asp Lys Ala Thr Glu Gly Gly Arg Glu
 980 985 990
 Val Leu Gly Ala Val Gly Glu Thr Val Val Glu Ile Gly Glu Asn Met

 995 1000 1005
 Val Lys Lys Pro Ala Gln Lys Val Gln Gln His Gln Gly Glu Gly
 1010 1015 1020
 Gly Gly Gly Val Leu Asn Ala Ile Gly Glu Thr Ile Ala Glu Ile
 1025 1030 1035

Ala Glu Thr Thr Lys Val Ile Val Ala Gly Glu Gly Glu Lys Glu
 1040 1045 1050
 Ile Ile Val Lys Thr His Glu Phe Glu Tyr Gly Asp Leu Lys Leu

1055 1060 1065
 Asp

<210> 496
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 496

Ala Ala Gly Ser Thr Thr Ala Gln Tyr Val Gly Glu Lys
 1 5 10

<210> 497
 <211> 21
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 497

Ala Leu Ala Thr Gly Trp Ser Ala Ala His Tyr Ser Thr Glu Ile Thr
 1 5 10 15

Val Glu Gly Thr Lys
 20

<210>
 > 498
 <211> 15
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 498

Ala Gln Val Ala Gly Ser Thr Thr Val Gln Tyr Ala Gly Glu Lys
 1 5 10 15

<210> 499
 <211> 15
 <212> PRT
 <213> Glycine max

<400> 499

Asp Thr Ile Gly Arg Val Asp Asn Ile Thr Thr Pro Leu Ala Lys

1 5 10 15

<210> 500

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 500

Asp Thr Ile Gly Ser Val Asp His Ile Thr Thr Pro Leu Ala Glu Lys

1 5 10 15

<210> 501

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 501

Glu Arg Glu Leu Ala Ser Asp Arg Ala Arg Ser Gly Asn Ile Val Lys

1 5 10 15

<210> 502

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 502

Glu Arg Tyr Glu Arg Ala Asn Gln Ala Thr Ser Glu Ala Ala Lys

1 5 10 15

<210> 503

<211> 18

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 503

Gly Gly Gly Glu Glu Gln Gly Arg Arg Arg Glu Glu Ile Gly Glu Glu

1 5 10 15

Asn Lys

<210> 504

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 504

Gly Leu Ala Ala Ala Ala Ala Gly Glu Asn Ala Lys

1 5 10

<210> 505

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 505

Gly Arg Val Val Ile Glu Ser Glu Lys

1 5

<210> 506

<211> 9

<

212> PRT

<213> Glycine max

<400> 506

Gly Val Ala Glu Tyr Ala Gly Gln Lys

1 5

<210> 507

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 507

Leu Gly Ser Ala Ala His Thr Leu Val Lys

1 5 10

<210> 508

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 508

Gln Ser Ser Leu Glu Glu Ile Phe Lys

1 5

<210> 509

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 509

Gln Ser Ser Leu Glu Glu Ile Ser Lys

1 5

<210> 510

<211> 20

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 510

Arg Glu Gln Lys Pro Leu Gly Ser Ile Ile Gly Glu Ser Phe Gln Gly

1 5 10 15

Val Gln Glu Lys

20

<210> 511

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 511

Thr Gly Asn Glu Thr Gln Asp Ile Gly Gln Lys

1 5 10

<210> 512

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 512

Val Ile Val Ala Gly Glu Gly Glu Lys

1 5

<210> 513

<211> 28

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 513

Val Gln Gln His Gln Gly Glu Gly Gly Gly Val Leu Asn Ala Ile

1 5 10 15

Gly Glu Thr Ile Ala Glu Ile Ala Glu Thr Thr Lys

20 25

<210> 514

<211> 735

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(735)

<400> 514

atg gca ctg tgc aac cgc gtc aga tcg gga atc tct ctc ttc acc aaa 48

Met Ala Leu Cys Asn Arg Val Arg Ser Gly Ile Ser Leu Phe Thr Lys

1 5 10 15

tcc acg ttc ctc act tcc cag cga tcc act ctc caa cga tcc ctc gtt 96

Ser Thr Phe Leu Thr Ser Gln Arg Ser Thr Leu Gln Arg Ser Leu Val

20 25 30

gcc cct ttc att tcc ctc gcc tcc aga aat tac gcc aac gtg ccg ggg 144

Ala Pro Phe Ile Ser Leu Ala Ser Arg Asn Tyr Ala Asn Val Pro Gly

35 40 45

caa aag gaa acc aaa gtt aag gtc cct ctg gct ttg ttt gga ggt tca 192

Gln Lys Glu Thr Lys Val Lys Val Pro Leu Ala Leu Phe Gly Gly Ser

50 55 60

gga aac tat gcc tct gct ttg tat att gca tct gtg aaa gcc aat gca 240

Gly Asn Tyr Ala Ser Ala Leu Tyr Ile Ala Ser Val Lys Ala Asn Ala

65 70 75 80

gtg gaa aag gtt gag act gag ctt ctg caa ttt gtt gag gca gta aag 288

Val Glu Lys Val Glu Thr Glu Leu Leu Gln Phe Val Glu Ala Val Lys

85 90 95

aat agt ccc ata ttt tca cag ttt ata agg gac ttg tct gtg gct aag 336
Asn Ser Pro Ile Phe Ser Gln Phe Ile Arg Asp Leu Ser Val Ala Lys
100 105 110
gat gtt aga gtt aaa gtt atc cag gat att tgt ggg gaa gcc aag ttt 384
Asp Val Arg Val Lys Val Ile Gln Asp Ile Cys Gly Glu Ala Lys Phe
115 120 125
tcg gat gtt aca aag aac ttc ctt gtt att gtt gct gag aat gga agg 432
Ser Asp Val Thr Lys Asn Phe Leu Val Ile Val Ala Glu Asn Gly Arg
130 135 140
ctt aaa aac ata gac acc att gca aag agg ttt gca cag ttg tca atg 480
Leu Lys Asn Ile Asp Thr Ile Ala Lys Arg Phe Ala Gln Leu Ser Met
145 150 155 160
gca tat aag gga gaa gtg caa gcg act gtg acc act gtt gtt cct ctt 528
Ala Tyr Lys Gly Glu Val Gln Ala Thr Val Thr Thr Val Val Pro Leu
165 170 175
ccc cct gaa gag gaa aag gca ttg aag gag act ctt cag gaa ata ata 576
Pro Pro Glu Glu Glu Lys Ala Leu Lys Glu Thr Leu Gln Glu Ile Ile
180 185 190
ggg tct gga gcg aag gtt cat ctt gaa cag aag att gat cca agc ata 624
Gly Ser Gly Ala Lys Val His Leu Glu Gln Lys Ile Asp Pro Ser Ile
195 200 205
ctt ggt ggg ctt gtg ctt gaa ttt agc cag aag gtc ttt gac atg tca 672
Leu Gly Gly Leu Val Leu Glu Phe Ser Gln Lys Val Phe Asp Met Ser
210 215 220
att aag acc agg gca caa cag atg gag agg atc ctc cga gag ccc gtg 720
Ile Lys Thr Arg Ala Gln Gln Met Glu Arg Ile Leu Arg Glu Pro Val
225 230 235 240
tcc att gcc aac atc 735
Ser Ile Ala Asn Ile
245
<210> 515

<211> 245

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 515

Met Ala Leu Cys Asn Arg Val Arg Ser Gly Ile Ser Leu Phe Thr Lys

1 5 10 15

Ser Thr Phe Leu Thr Ser Gln Arg Ser Thr Leu Gln Arg Ser Leu Val

20 25 30

Ala Pro Phe Ile Ser Leu Ala Ser Arg Asn Tyr Ala Asn Val Pro Gly

35 40 45

Gln Lys Glu Thr Lys Val Lys Val Pro Leu Ala Leu Phe Gly Gly Ser

50 55 60

Gly Asn Tyr Ala Ser Ala Leu Tyr Ile Ala Ser Val Lys Ala Asn Ala

65 70 75 80

Val Glu Lys Val Glu Thr Glu Leu Leu Gln Phe Val Glu Ala Val Lys

85 90 95

Asn Ser Pro Ile Phe Ser Gln Phe Ile Arg Asp Leu Ser Val Ala Lys

100 105 110

Asp Val Arg Val Lys Val Ile Gln Asp Ile Cys Gly Glu Ala Lys Phe

115 120 125

Ser Asp Val Thr Lys Asn Phe Leu Val Ile Val Ala Glu Asn Gly Arg

130 135 140

Leu Lys Asn Ile Asp Thr Ile Ala Lys Arg Phe Ala Gln Leu Ser Met

145 150 155 160

Ala Tyr Lys Gly Glu Val Gln Ala Thr Val Thr Thr Val Val Pro Leu

165 170 175

Pro Pro Glu Glu Glu Lys Ala Leu Lys Glu Thr Leu Gln Glu Ile Ile

180 185 190

Gly Ser Gly Ala Lys Val His Leu Glu Gln Lys Ile Asp Pro Ser Ile

195 200 205

Leu Gly Gly Leu Val Leu Glu Phe Ser Gln Lys Val Phe Asp Met Ser

210 215 220
 Ile Lys Thr Arg Ala Gln Gln Met Glu Arg Ile Leu Arg Glu Pro Val
 225 230 235 240
 Ser Ile Ala Asn Ile
 245
 <210> 516
 <211> 12
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 516
 Glu Thr Leu Gln Glu Ile Ile Gly Ser Gly Ala Lys
 1 5 10

 <210> 517
 <211> 678
 <212> DNA
 <213> Glycine max
 <220><221> CDS
 <222> (1)..(678)
 <400> 517
 atg acc aca caa gta cca cca cac agt gtc caa gtc cac aca aca aca 48
 Met Thr Thr Gln Val Pro Pro His Ser Val Gln Val His Thr Thr Thr
 1 5 10 15
 cac cgc tac gaa gct ggc gtc gtc ccc ccc gga gcc cgt ttc gaa ccg 96
 His Arg Tyr Glu Ala Gly Val Val Pro Pro Gly Ala Arg Phe Glu Pro
 20 25 30

 ccg cgt tat gaa gcc ggc gtc aaa gcg ccc tcc att tac cat tcc gag 144
 Pro Arg Tyr Glu Ala Gly Val Lys Ala Pro Ser Ile Tyr His Ser Glu
 35 40 45
 aga ggt cca acg act tcc cag gtc ctc gcc gtc ctc gcc ggc ctc ccg 192
 Arg Gly Pro Thr Thr Ser Gln Val Leu Ala Val Leu Ala Gly Leu Pro
 50 55 60
 gtc ggt ggc atc ctg ctc ctc ctg gcg gga ttg acc ctg gca gga acc 240

Val	Gly	Gly	Ile	Leu	Leu	Leu	Leu	Ala	Gly	Leu	Thr	Leu	Ala	Gly	Thr	
65				70				75				80				
ctc	acc	gga	ctg	gca	gtt	gcc	acg	ccg	ctc	ttc	gtc	ctc	ttc	agc	ccg	288
Leu	Thr	Gly	Leu	Ala	Val	Ala	Thr	Pro	Leu	Phe	Val	Leu	Phe	Ser	Pro	
85				90				95								
gtg	ctg	gtt	cca	gcc	acg	gtc	gcc	atc	ggc	ctg	gcc	gtg	gcc	ggg	ttc	336
Val	Leu	Val	Pro	Ala	Thr	Val	Ala	Ile	Gly	Leu	Ala	Val	Ala	Gly	Phe	
100				105				110								
ctg	acg	tcg	ggg	gcc	ttc	ggg	ctc	acg	gcg	ctg	tct	tcc	ttc	tcc	tgg	384
Leu	Thr	Ser	Gly	Ala	Phe	Gly	Leu	Thr	Ala	Leu	Ser	Ser	Phe	Ser	Trp	
115				120				125								
atc	ctg	aac	tac	atc	cgg	gag	acc	cag	cca	gcc	tcg	gag	aac	ctc	gcc	432
Ile	Leu	Asn	Tyr	Ile	Arg	Glu	Thr	Gln	Pro	Ala	Ser	Glu	Asn	Leu	Ala	
130				135				140								
gcc	gcc	gcg	aag	cat	cac	ctc	gcc	gag	gcg	gcg	gag	tac	gtg	ggg	cag	480
Ala	Ala	Ala	Lys	His	His	Leu	Ala	Glu	Ala	Ala	Glu	Tyr	Val	Gly	Gln	
145				150				155				160				
aag	acg	aag	gaa	gtg	ggg	cag	aag	acc	aag	gag	gtt	ggg	cag	gat	att	528
Lys	Thr	Lys	Glu	Val	Gly	Gln	Lys	Thr	Lys	Glu	Val	Gly	Gln	Asp	Ile	
165				170				175								
cag	agc	aag	gca	cag	gat	aca	agg	gag	gca	gct	gca	agg	gat	gca	agg	576
Gln	Ser	Lys	Ala	Gln	Asp	Thr	Arg	Glu	Ala	Ala	Ala	Arg	Asp	Ala	Arg	
180				185				190								
gag	gca	gct	gca	agg	gat	gca	agg	gaa	gct	gct	gca	agg	gat	gca	aag	624
Glu	Ala	Ala	Ala	Arg	Asp	Ala	Arg	Glu	Ala	Ala	Ala	Arg	Asp	Ala	Lys	
195				200				205								
gtg	gag	gca	agg	gat	gta	aag	aga	aca	aca	gtg	aca	gca	aca	acc	gca	672
Val	Glu	Ala	Arg	Asp	Val	Lys	Arg	Thr	Thr	Val	Thr	Ala	Thr	Thr	Ala	
210				215				220								
acc		gca														678
Thr		Ala														

225

<210> 518

<211> 226

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 518

Met Thr Thr Gln Val Pro Pro His Ser Val Gln Val His Thr Thr Thr
1 5 10 15

His Arg Tyr Glu Ala Gly Val Val Pro Pro Gly Ala Arg Phe Glu Pro
20 25 30

Pro Arg Tyr Glu Ala Gly Val Lys Ala Pro Ser Ile Tyr His Ser Glu
35 40 45

Arg Gly Pro Thr Thr Ser Gln Val Leu Ala Val Leu Ala Gly Leu Pro
50 55 60

Val Gly Gly Ile Leu Leu Leu Leu Ala Gly Leu Thr Leu Ala Gly Thr
65 70 75 80

Leu Thr Gly Leu Ala Val Ala Thr Pro Leu Phe Val Leu Phe Ser Pro
85 90 95

Val Leu Val Pro Ala Thr Val Ala Ile Gly Leu Ala Val Ala Gly Phe
100 105 110

Leu Thr Ser Gly Ala Phe Gly Leu Thr Ala Leu Ser Ser Phe Ser Trp
115 120 125

Ile Leu Asn Tyr Ile Arg Glu Thr Gln Pro Ala Ser Glu Asn Leu Ala
130 135 140

Ala Ala Ala Lys His His Leu Ala Glu Ala Ala Glu Tyr Val Gly Gln
145 150 155 160

Lys Thr Lys Glu Val Gly Gln Lys Thr Lys Glu Val Gly Gln Asp Ile
165 170 175

Gln Ser Lys Ala Gln Asp Thr Arg Glu Ala Ala Ala Arg Asp Ala Arg
180 185 190

Glu Ala Ala Ala Arg Asp Ala Arg Glu Ala Ala Ala Arg Asp Ala Lys

195	200	205	
Val Glu Ala Arg Asp Val Lys Arg Thr Thr Val Thr Ala Thr Thr Ala			
210	215	220	
Thr Ala			
225			
<210> 519			
<211> 9			
<212> PRT			
<213> Glycine max			
<400> 519			
Glu Val Gly Gln Asp Ile Gln Ser Lys			
1	5		
<210> 520			
<211> 11			
<212> PRT			
<213> Glycine max			
<400> 520			
Arg Thr Thr Val Thr Ala Thr Thr Ala Thr Ala			
1	5	10	
<210> 521			
<211> 627			
<212> DNA			
<213> Glycine max			
<220><221> CDS			
<222> (1)..(627)			
<400> 521			
atg aca agg aaa caa gca agt tcc acg aga cgt ggc ggt ctt tca gga			48
Met Thr Arg Lys Gln Ala Ser Ser Thr Arg Arg Gly Gly Leu Ser Gly			
1	5	10	15
gtc ttg cat tcc aaa tcc aaa tct tct cct cta ctc tcc ata tcc ctt			96
Val Leu His Ser Lys Ser Lys Ser Ser Pro Leu Leu Ser Ile Ser Leu			
20	25	30	

gtc cta ttt gta gcc atc ctt ctc atc ctt tat gct tgt atc ggg tca	144
Val Leu Phe Val Ala Ile Leu Leu Ile Leu Tyr Ala Cys Ile Gly Ser	
35 40 45	
ggt ata ttg gga gga aga aag gat gtg att agc atg gct gaa gat gat	192
Gly Ile Leu Gly Gly Arg Lys Asp Val Ile Ser Met Ala Glu Asp Asp	
50 55 60	
ttt tca tgc act ttt gaa gtt cca agt gca att cct gtt ttg aag aat	240
Phe Ser Cys Thr Phe Glu Val Pro Ser Ala Ile Pro Val Leu Lys Asn	
65 70 75 80	
gca tat ggt ggc agc atg aaa aat gtt ttg cac gta ggc cct gag agt	288
Ala Tyr Gly Gly Ser Met Lys Asn Val Leu His Val Gly Pro Glu Ser	
85 90 95	
tgt tcg gtg gtc tcc aaa ttt tta aga gaa ggg gaa act gaa gca tgg	336
Cys Ser Val Val Ser Lys Phe Leu Arg Glu Gly Glu Thr Glu Ala Trp	
100 105 110	
ggt gtg gag cca tat gac tta gac gat gct gat agg aac tgc aag gct	384
Gly Val Glu Pro Tyr Asp Leu Asp Asp Ala Asp Arg Asn Cys Lys Ala	
115 120 125	
ctt gtg cag aaa ggc att ata cgt gtt gca gat ata aaa ttc cct tta	432
Leu Val Gln Lys Gly Ile Ile Arg Val Ala Asp Ile Lys Phe Pro Leu	
130 135 140	
cca tac agg gtg aag tct ttt tct cat gtt ata gtg tca gat gct ttg	480
Pro Tyr Arg Val Lys Ser Phe Ser His Val Ile Val Ser Asp Ala Leu	
145 150 155 160	
gat tac ctg tct cca aaa tat ata aac aaa act ctt cct gag cta gca	528
Asp Tyr Leu Ser Pro Lys Tyr Ile Asn Lys Thr Leu Pro Glu Leu Ala	
165 170 175	
agg gta tct tct gat ggt att att att ttc aca ggt tac cca ggt caa	576
Arg Val Ser Ser Asp Gly Ile Ile Ile Phe Thr Gly Tyr Pro Gly Gln	
180 185 190	
ccg aga gct aaa ata gca cca tta tcc aaa ttt ggc cgt cca cat agg	624

Pro Arg Ala Lys Ile Ala Pro Leu Ser Lys Phe Gly Arg Pro His Arg

195 200 205

tgc

627

Cys

<210> 522

<211> 209

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 522

Met Thr Arg Lys Gln Ala Ser Ser Thr Arg Arg Gly Gly Leu Ser Gly

1 5 10 15

Val Leu His Ser Lys Ser Lys Ser Ser Pro Leu Leu Ser Ile Ser Leu

20 25 30

Val Leu Phe Val Ala Ile Leu Leu Ile Leu Tyr Ala Cys Ile Gly Ser

35 40 45

Gly Ile Leu Gly Gly Arg Lys Asp Val Ile Ser Met Ala Glu Asp Asp

50 55 60

Phe Ser Cys Thr Phe Glu Val Pro Ser Ala Ile Pro Val Leu Lys Asn

65 70 75 80

Ala Tyr Gly Gly Ser Met Lys Asn Val Leu His Val Gly Pro Glu Ser

85 90 95

Cys Ser Val Val Ser Lys Phe Leu Arg Glu Gly Glu Thr Glu Ala Trp

100 105 110

Gly Val Glu Pro Tyr Asp Leu Asp Asp Ala Asp Arg Asn Cys Lys Ala

115 120 125

Leu Val Gln Lys Gly Ile Ile Arg Val Ala Asp Ile Lys Phe Pro Leu

130 135 140

Pro Tyr Arg Val Lys Ser Phe Ser His Val Ile Val Ser Asp Ala Leu

145 150 155 160

Asp Tyr Leu Ser Pro Lys Tyr Ile Asn Lys Thr Leu Pro Glu Leu Ala

165 170 175

Arg Val Ser Ser Asp Gly Ile Ile Ile Phe Thr Gly Tyr Pro Gly Gln

180 185 190

Pro Arg Ala Lys Ile Ala Pro Leu Ser Lys Phe Gly Arg Pro His Arg

195 200 205

Cys

<210> 523

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 523

Asn Ala Tyr Gly Gly Ser Met Lys

1 5

<210> 524

<211> 723

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(723)

<400> 524

atg gcc gcg cga gct ctg ttg acc aga aaa acc cta gcc acc gtg ctc 48

Met Ala Ala Arg Ala Leu Leu Thr Arg Lys Thr Leu Ala Thr Val Leu

1 5 10 15

cgc aac gac gcg aag ccc ata atc gga gtt ggc ata aca gca gcg gct 96

Arg Asn Asp Ala Lys Pro Ile Ile Gly Val Gly Ile Thr Ala Ala Ala

20 25 30

act cat tca cgc ggg ttg cac gtg tac acg cta ccc gat ctg gat tac 144

Thr His Ser Arg Gly Leu His Val Tyr Thr Leu Pro Asp Leu Asp Tyr

35 40 45

gac tat ggc gca ctg gag cca gcc atc agc ggc gac atc atg cag ctg 192

Asp Tyr Gly Ala Leu Glu Pro Ala Ile Ser Gly Asp Ile Met Gln Leu

50	55	60	
cac cac cag aag cac cac cag act tac atc acc aac tac aac aag gcc			240
His His Gln Lys His His Gln Thr Tyr Ile Thr Asn Tyr Asn Lys Ala			
65	70	75	80
ctc gag cag ctc caa gac gcc atc gcc aag aaa gat tcc tcc gcc gtc			288
Leu Glu Gln Leu Gln Asp Ala Ile Ala Lys Lys Asp Ser Ser Ala Val			
85	90	95	
gtt aag ctc cag ggc gcc atc aag ttc aac ggc gga ggt cat gtc aac			336
Val Lys Leu Gln Gly Ala Ile Lys Phe Asn Gly Gly Gly His Val Asn			
100	105	110	
cat tct att ttc tgg aaa aat cta gct cct gtt cgt gaa gga ggt ggt			384
His Ser Ile Phe Trp Lys Asn Leu Ala Pro Val Arg Glu Gly Gly Gly			
115	120	125	
gaa cca ccc aag ggt tca ctg gga tgg gct att gac aca cat ttt ggt			432
Glu Pro Pro Lys Gly Ser Leu Gly Trp Ala Ile Asp Thr His Phe Gly			
130	135	140	
tct ttt gaa gca tta ata caa aaa gtt aac gca gaa ggt gct gca cta			480
Ser Phe Glu Ala Leu Ile Gln Lys Val Asn Ala Glu Gly Ala Ala Leu			
145	150	155	160
cag ggg tct gga tgg gtg tgg ctt ggt ctg gac aaa gag ttg aag agg			528
Gln Gly Ser Gly Trp Val Trp Leu Gly Leu Asp Lys Glu Leu Lys Arg			
165	170	175	
ctt gta gtt gaa acc act gcc aac cag gac cca ctg gtt act aag gga			576
Leu Val Val Glu Thr Thr Ala Asn Gln Asp Pro Leu Val Thr Lys Gly			
180	185	190	
cca aat ttg gtt cca ttg att ggt att gat gtt tgg gag cat gcg tac			624
Pro Asn Leu Val Pro Leu Ile Gly Ile Asp Val Trp Glu His Ala Tyr			
195	200	205	
tac tta cag tac aag aat gtt aga cca gac tat ctg aag aac att tgg			672
Tyr Leu Gln Tyr Lys Asn Val Arg Pro Asp Tyr Leu Lys Asn Ile Trp			

210 215 220

aaa gtt att aat tgg aaa tat gcc agt gaa gtg tat gag aaa gag agc 720

Lys Val Ile Asn Trp Lys Tyr Ala Ser Glu Val Tyr Glu Lys Glu Ser

225 230 235 240

tct 723

Ser

<210> 525

<211> 241

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 525

Met Ala Ala Arg Ala Leu Leu Thr Arg Lys Thr Leu Ala Thr Val Leu

1 5 10 15

Arg Asn Asp Ala Lys Pro Ile Ile Gly Val Gly Ile Thr Ala Ala Ala

20 25 30

Thr His Ser Arg Gly Leu His Val Tyr Thr Leu Pro Asp Leu Asp Tyr

35 40 45

Asp Tyr Gly Ala Leu Glu Pro Ala Ile Ser Gly Asp Ile Met Gln Leu

50 55 60

His His Gln Lys His His Gln Thr Tyr Ile Thr Asn Tyr Asn Lys Ala

65 70 75 80

Leu Glu Gln Leu Gln Asp Ala Ile Ala Lys Lys Asp Ser Ser Ala Val

85 90 95

Val Lys Leu Gln Gly Ala Ile Lys Phe Asn Gly Gly Gly His Val Asn

100 105 110

His Ser Ile Phe Trp Lys Asn Leu Ala Pro Val Arg Glu Gly Gly Gly

115 120 125

Glu Pro Pro Lys Gly Ser Leu Gly Trp Ala Ile Asp Thr His Phe Gly

130 135 140

Ser Phe Glu Ala Leu Ile Gln Lys Val Asn Ala Glu Gly Ala Ala Leu

145 150 155 160
 Gln Gly Ser Gly Trp Val Trp Leu Gly Leu Asp Lys Glu Leu Lys Arg
 165 170 175
 Leu Val Val Glu Thr Thr Ala Asn Gln Asp Pro Leu Val Thr Lys Gly
 180 185 190

Pro Asn Leu Val Pro Leu Ile Gly Ile Asp Val Trp Glu His Ala Tyr
 195 200 205
 Tyr Leu Gln Tyr Lys Asn Val Arg Pro Asp Tyr Leu Lys Asn Ile Trp
 210 215 220
 Lys Val Ile Asn Trp Lys Tyr Ala Ser Glu Val Tyr Glu Lys Glu Ser
 225 230 235 240
 Ser

<210> 526

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 526

Ala Leu Glu Gln Leu Gln Asp Ala Ile Ala Lys

1 5 10

<210> 527

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 527

His His Gln Thr Tyr Ile Thr Asn Tyr Asn Lys

1 5 10

<210> 528

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 528

Asn Leu Ala Pro Val Arg Glu Gly Gly Gly Glu Pro Pro Lys

1 5 10

<210> 529

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 529

Asn Val Arg Pro Asp Tyr Leu Lys

1 5

<210> 530

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 530

Arg Leu Val Val Glu Thr Thr Ala Asn Gln Asp Pro Leu Val Thr Lys

1 5 10 15

<210> 531

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 531

Tyr Ala Ser Glu Val Tyr Glu Lys

1 5

<210> 532

<211> 720

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(720)

<400> 532

atg gcc gcg cga gcc ctg ttg acc aga aaa acc cta gcc acc gtt ctc 48

Met Ala Ala Arg Ala Leu Leu Thr Arg Lys Thr Leu Ala Thr Val Leu

1 5 10 15

cgc aac gac gcg aag ccc ata atc gga gct ggc ata gct gca gct act 96

Arg Asn Asp Ala Lys Pro Ile Ile Gly Ala Gly Ile Ala Ala Ala Thr	
20 25 30	
cat tct cgt ggg ttg cac gtg tac acg ctc ccc gat ctg gat tac gac	144
His Ser Arg Gly Leu His Val Tyr Thr Leu Pro Asp Leu Asp Tyr Asp	
35 40 45	
tat ggc gct ctg gag cca gcc atc agc ggc gaa atc atg cag ctg cac	192
Tyr Gly Ala Leu Glu Pro Ala Ile Ser Gly Glu Ile Met Gln Leu His	
50 55 60	
cac cag aag cac cac cag act tac atc acc aac ttc aac aag gcc ctc	240
His Gln Lys His His Gln Thr Tyr Ile Thr Asn Phe Asn Lys Ala Leu	
65 70 75 80	
gag cag ctc caa gac gcc gtc gcc aag aaa gat tcc tcc gcc gtc gtt	288
Glu Gln Leu Gln Asp Ala Val Ala Lys Lys Asp Ser Ser Ala Val Val	
85 90 95	
aag ctc cag ggc gcc atc aag ttc aac ggc gga ggt cac gtc aac cat	336
Lys Leu Gln Gly Ala Ile Lys Phe Asn Gly Gly Gly His Val Asn His	
100 105 110	
tct att ttc tgg aaa aat cta gct cct gtt cgt gaa gga ggt ggt gaa	384
Ser Ile Phe Trp Lys Asn Leu Ala Pro Val Arg Glu Gly Gly Gly Glu	
115 120 125	
cca ccc aag ggt tca ctg gga tgg gcc att gac aca cat ttt ggc tct	432
Pro Pro Lys Gly Ser Leu Gly Trp Ala Ile Asp Thr His Phe Gly Ser	
130 135 140	
ttt gaa gca tta gta caa aaa gtt aat gca gaa ggt gct gca cta cag	480
Phe Glu Ala Leu Val Gln Lys Val Asn Ala Glu Gly Ala Ala Leu Gln	
145 150 155 160	
ggg tct gga tgg gtg tgg ctt ggt ctg gac aaa gag ttg aag agg ctt	528
Gly Ser Gly Trp Val Trp Leu Gly Leu Asp Lys Glu Leu Lys Arg Leu	
165 170 175	
gta gtt gaa acc act gcc aac cag gac cca ctg gtt act aag gga cca	576
Val Val Glu Thr Thr Ala Asn Gln Asp Pro Leu Val Thr Lys Gly Pro	

180	185	190	
aat ttg gtt cca ttg ctt ggt att gat gtt tgg gag cat gcg tac tac			624
Asn Leu Val Pro Leu Leu Gly Ile Asp Val Trp Glu His Ala Tyr Tyr			
195	200	205	
tta cag tac aag aat gtt aga cca gac tat ctg aag aac att tgg aaa			672
Leu Gln Tyr Lys Asn Val Arg Pro Asp Tyr Leu Lys Asn Ile Trp Lys			
210	215	220	
gtt att aat tgg aaa tat gcc agt gaa gtg tat gag aaa gag agc tct			720
Val Ile Asn Trp Lys Tyr Ala Ser Glu Val Tyr Glu Lys Glu Ser Ser			
225	230	235	240
<210> 533			
<211> 240			
<212> PRT			
<213> Glycine max			
<400> 533			
Met Ala Ala Arg Ala Leu Leu Thr Arg Lys Thr Leu Ala Thr Val Leu			
1	5	10	15
Arg Asn Asp Ala Lys Pro Ile Ile Gly Ala Gly Ile Ala Ala Ala Thr			
20	25	30	
His Ser Arg Gly Leu His Val Tyr Thr Leu Pro Asp Leu Asp Tyr Asp			
35	40	45	
Tyr Gly Ala Leu Glu Pro Ala Ile Ser Gly Glu Ile Met Gln Leu His			
50	55	60	
His Gln Lys His His Gln Thr Tyr Ile Thr Asn Phe Asn Lys Ala Leu			
65	70	75	80
Glu Gln Leu Gln Asp Ala Val Ala Lys Lys Asp Ser Ser Ala Val Val			
85	90	95	
Lys Leu Gln Gly Ala Ile Lys Phe Asn Gly Gly Gly His Val Asn His			
100	105	110	
Ser Ile Phe Trp Lys Asn Leu Ala Pro Val Arg Glu Gly Gly Gly Glu			
115	120	125	

Pro Pro Lys Gly Ser Leu Gly Trp Ala Ile Asp Thr His Phe Gly Ser
130 135 140
Phe Glu Ala Leu Val Gln Lys Val Asn Ala Glu Gly Ala Ala Leu Gln
145 150 155 160
Gly Ser Gly Trp Val Trp Leu Gly Leu Asp Lys Glu Leu Lys Arg Leu
165 170 175
Val Val Glu Thr Thr Ala Asn Gln Asp Pro Leu Val Thr Lys Gly Pro
180 185 190
Asn Leu Val Pro Leu Leu Gly Ile Asp Val Trp Glu His Ala Tyr Tyr
195 200 205
Leu Gln Tyr Lys Asn Val Arg Pro Asp Tyr Leu Lys Asn Ile Trp Lys
210 215 220
Val Ile Asn Trp Lys Tyr Ala Ser Glu Val Tyr Glu Lys Glu Ser Ser

225 230 235 240

<210> 534

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 534

Ala Leu Glu Gln Leu Gln Asp Ala Val Ala Lys

1 5 10

<210> 535

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 535

His His Gln Thr Tyr Ile Thr Asn Phe Asn Lys

1 5 10

<210> 536

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 536

Asn Leu Ala Pro Val Arg Glu Gly Gly Gly Glu Pro Pro Lys

1 5 10

<210> 537

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 537

Asn Val Arg Pro Asp Tyr Leu Lys

1 5

<210> 538

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 538

Arg Leu Val Val Glu Thr Thr Ala Asn Gln Asp Pro Leu Val Thr Lys

1 5 10 15

<210> 539

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 539

Tyr Ala Ser Glu Val Tyr Glu Lys

1 5

<210> 540

<211> 486

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(486)

<400> 540

atg gct cca att gca gtg gga gat gtc att cca gac ggc att ttg gct 48

Met Ala Pro Ile Ala Val Gly Asp Val Ile Pro Asp Gly Ile Leu Ala

1 5 10 15

tac ttg gat gaa gaa aac aaa ccc caa act gtc tct att cac tct etc	96
Tyr Leu Asp Glu Glu Asn Lys Pro Gln Thr Val Ser Ile His Ser Leu	
20 25 30	
gcc gcc ggc aag aaa gtc atc atc ttt ggg gtt ccc ggt gcc ttc act	144
Ala Ala Gly Lys Lys Val Ile Ile Phe Gly Val Pro Gly Ala Phe Thr	
35 40 45	
cct aca tgc agc ttg aag cac gtg cct ggc ttc att gag aga gca gaa	192
Pro Thr Cys Ser Leu Lys His Val Pro Gly Phe Ile Glu Arg Ala Glu	
50 55 60	
gag ctg aaa gga aag ggt gtg gac gaa ata atc tgt atc agc gtg aat	240
Glu Leu Lys Gly Lys Gly Val Asp Glu Ile Ile Cys Ile Ser Val Asn	
65 70 75 80	
gat ccc ttt gtg atg aac tca tgg gcc aaa acg ttc cca gag aac aag	288
Asp Pro Phe Val Met Asn Ser Trp Ala Lys Thr Phe Pro Glu Asn Lys	
85 90 95	
cat gtt aag ttc ctt gct gat ggt gca gcc aaa tac acc aat gcc ctc	336
His Val Lys Phe Leu Ala Asp Gly Ala Ala Lys Tyr Thr Asn Ala Leu	
100 105 110	
ggt ctt gag ctt gac ctc acc gac aag ggt ctc ggc gtc cgc tca aag	384
Gly Leu Glu Leu Asp Leu Thr Asp Lys Gly Leu Gly Val Arg Ser Lys	
115 120 125	
agg ttt gct ttg ctg gtg gaa gac ctc aag gtg aag gtt gca aat gtt	432
Arg Phe Ala Leu Leu Val Glu Asp Leu Lys Val Lys Val Ala Asn Val	
130 135 140	
gaa agt gga gga gag ttc acc atc tcc agt gct gaa gag atc atc aag	480
Glu Ser Gly Gly Glu Phe Thr Ile Ser Ser Ala Glu Glu Ile Ile Lys	
145 150 155 160	
gcc ctc	486
Ala Leu	

<210> 541

<211> 162

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 541

Met Ala Pro Ile Ala Val Gly Asp Val Ile Pro Asp Gly Ile Leu Ala

1 5 10 15

Tyr Leu Asp Glu Glu Asn Lys Pro Gln Thr Val Ser Ile His Ser Leu

20 25 30

Ala Ala Gly Lys Lys Val Ile Ile Phe Gly Val Pro Gly Ala Phe Thr

35 40 45

Pro Thr Cys Ser Leu Lys His Val Pro Gly Phe Ile Glu Arg Ala Glu

50 55 60

Glu Leu Lys Gly Lys Gly Val Asp Glu Ile Ile Cys Ile Ser Val Asn

65 70 75 80

Asp Pro Phe Val Met Asn Ser Trp Ala Lys Thr Phe Pro Glu Asn Lys

85 90 95

His Val Lys Phe Leu Ala Asp Gly Ala Ala Lys Tyr Thr Asn Ala Leu

100 105 110

Gly Leu Glu Leu Asp Leu Thr Asp Lys Gly Leu Gly Val Arg Ser Lys

115 120 125

Arg Phe Ala Leu Leu Val Glu Asp Leu Lys Val Lys Val Ala Asn Val

130 135 140

Glu Ser Gly Gly Glu Phe Thr Ile Ser Ser Ala Glu Glu Ile Ile Lys

145 150 155 160

Ala Leu

<210> 542

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 542

His Val Pro Gly Phe Ile Glu Arg Ala Glu Glu Leu Lys

1 5 10

<210> 543

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 543

Arg Phe Ala Leu Leu Val Glu Asp Leu Lys

1 5 10

<210> 544

<211> 20

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 544

Val Ala Asn Val Glu Ser Gly Gly Glu Phe Thr Ile Ser Ser Ala Glu

1 5 10 15

Glu Ile Ile Lys

20

<210> 545

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 545

Tyr Thr Asn Ala Leu Gly Leu Glu Leu Asp Leu Thr Asp Lys

1 5 10

<210> 546

<211> 486

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(486)

<400> 546

atg gct cca att gca gtg gga aac gtg att cca gac ggc att ttg gct 48

Met Ala Pro Ile Ala Val Gly Asn Val Ile Pro Asp Gly Ile Leu Ala

1	5	10	15	
tac ttg gat gaa gaa aac aaa ccc caa act gtc tcc att cac tct ctc				96
Tyr Leu Asp Glu Glu Asn Lys Pro Gln Thr Val Ser Ile His Ser Leu				
	20	25	30	
gcc acc ggc aag aaa gtc atc atc ttt ggg gtt ccc ggt gcc ttc act				144
Ala Thr Gly Lys Lys Val Ile Ile Phe Gly Val Pro Gly Ala Phe Thr				
	35	40	45	
cct act tgc agc ttg aag cac gtt cct ggc ttc att gag aga gca gaa				192
Pro Thr Cys Ser Leu Lys His Val Pro Gly Phe Ile Glu Arg Ala Glu				
	50	55	60	
gag ctg aaa ggg aag ggt gtg gac gaa ata atc tgt atc agt gtg aat				240
Glu Leu Lys Gly Lys Gly Val Asp Glu Ile Ile Cys Ile Ser Val Asn				
65	70	75	80	
gat cca ttt gtg atg aac tca tgg gcc aaa aca ttc cca gag aac aag				288
Asp Pro Phe Val Met Asn Ser Trp Ala Lys Thr Phe Pro Glu Asn Lys				
	85	90	95	
cat gtt aag ttc ctt gct gat ggt gca gcc aaa tac acc aat gcc ctt				336
His Val Lys Phe Leu Ala Asp Gly Ala Ala Lys Tyr Thr Asn Ala Leu				
	100	105	110	
ggt ctt gag ctt gac ctc act gac aag ggt ctc ggc gtc cgc tca aag				384
Gly Leu Glu Leu Asp Leu Thr Asp Lys Gly Leu Gly Val Arg Ser Lys				
	115	120	125	
agg ttt gct ctg ctg gtg gaa gac ctc aag gtg aag gtt gcg aat gtt				432
Arg Phe Ala Leu Leu Val Glu Asp Leu Lys Val Lys Val Ala Asn Val				
	130	135	140	
gaa agt gga gga gag ttc acc atc tcc agt gct gaa gag atc atc aag				480
Glu Ser Gly Gly Glu Phe Thr Ile Ser Ser Ala Glu Glu Ile Ile Lys				
145	150	155	160	
gcc ctt				486
Ala Leu				

<210> 547

<211> 162

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 547

Met Ala Pro Ile Ala Val Gly Asn Val Ile Pro Asp Gly Ile Leu Ala

1 5 10 15

Tyr Leu Asp Glu Glu Asn Lys Pro Gln Thr Val Ser Ile His Ser Leu

20 25 30

Ala Thr Gly Lys Lys Val Ile Ile Phe Gly Val Pro Gly Ala Phe Thr

35 40 45

Pro Thr Cys Ser Leu Lys His Val Pro Gly Phe Ile Glu Arg Ala Glu

50 55 60

Glu Leu Lys Gly Lys Gly Val Asp Glu Ile Ile Cys Ile Ser Val Asn

65 70 75 80

Asp Pro Phe Val Met Asn Ser Trp Ala Lys Thr Phe Pro Glu Asn Lys

85 90 95

His Val Lys Phe Leu Ala Asp Gly Ala Ala Lys Tyr Thr Asn Ala Leu

100 105 110

Gly Leu Glu Leu Asp Leu Thr Asp Lys Gly Leu Gly Val Arg Ser Lys

115 120 125

Arg Phe Ala Leu Leu Val Glu Asp Leu Lys Val Lys Val Ala Asn Val

130 135 140

Glu Ser Gly Gly Glu Phe Thr Ile Ser Ser Ala Glu Glu Ile Ile Lys

145 150 155 160

Ala Leu

<210> 548

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 548

His Val Pro Gly Phe Ile Glu Arg Ala Glu Glu Leu Lys

1 5 10

<210> 549

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 549

Arg Phe Ala Leu Leu Val Glu Asp Leu Lys

1 5 10

<210> 550

<211> 20

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 550

Val Ala Asn Val Glu Ser Gly Gly Glu Phe Thr Ile Ser Ser Ala Glu

1 5 10 15

Glu Ile Ile Lys

20

<210> 551

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 551

Tyr Thr Asn Ala Leu Gly Leu Glu Leu Asp Leu Thr Asp Lys

1 5 10

<210> 552

<211> 456

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(456)

<400> 552

atg tcg cag ttg ctg gat aaa gcc aag aac ttc gtg tcg gag aag gta

48

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 553

Met Ser Gln Leu Leu Asp Lys Ala Lys Asn Phe Val Ser Glu Lys Val

1 5 10 15

Asn Asp Met Ala Lys Pro Glu Ala Ser Val Thr Asp Val Asp Phe Lys

20 25 30

Arg Val Ser Lys Asp Asn Val Glu Tyr Leu Ala Lys Val Ser Val Arg

35 40 45

Asn Pro Tyr Ser Thr Ser Ile Pro Ile Cys Glu Ile Asn Tyr Ser Phe

50 55 60

Lys Ser Ala Ser Arg Glu Ile Ala Ser Gly Lys Ile Pro Asp Pro Gly

65 70 75 80

Ser Leu Lys Ala Lys Asp Thr Thr Met Val Asp Val Pro Val Lys Val

85 90 95

Pro Tyr Ser Ile Leu Met Ser Leu Ala Lys Asp Ile Gly Ala Asp Trp

100 105 110

Asp Ile Asp Tyr Gln Leu Asp Leu Gly Leu Val Ile Asp Val Pro Val

115 120 125

Ile Gly Ile Phe Thr Ile Pro Leu Ser Gln Lys Gly Glu Ile Lys Leu

130 135 140

Pro Thr Leu Ser Thr Met Phe Ala

145 150

<210> 554

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 554

Asp Asn Val Glu Tyr Leu Ala Lys

1 5

<210> 555

<211> 480

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(480)

<400> 555

atg tcg gac gaa gag cac cat ttc gag tcc aag gca gac gcc ggt gcc 48

Met Ser Asp Glu Glu His His Phe Glu Ser Lys Ala Asp Ala Gly Ala

1 5 10 15

tcc aaa acc tac cct cag caa gcc ggt acc att cgc aag aac ggc tac 96

Ser Lys Thr Tyr Pro Gln Gln Ala Gly Thr Ile Arg Lys Asn Gly Tyr

20 25 30

atc gtc atc aaa gga cgc ccc tgc aag gtt gtg gaa gtt tcg act tcc 144

Ile Val Ile Lys Gly Arg Pro Cys Lys Val Val Glu Val Ser Thr Ser

35 40 45

aaa act gga aag cac ggt cac gcc aag tgc cac ttt gtt gga att gat 192

Lys Thr Gly Lys His Gly His Ala Lys Cys His Phe Val Gly Ile Asp

50 55 60

att ttc act gcc aag aaa ctt gag gat att gtg ccc tct tct cac aac 240

Ile Phe Thr Ala Lys Lys Leu Glu Asp Ile Val Pro Ser Ser His Asn

65 70 75 80

tgt gat gtt cct cat gtg aat cgt act gat tac cag ctc att gat att 288

Cys Asp Val Pro His Val Asn Arg Thr Asp Tyr Gln Leu Ile Asp Ile

85 90 95

gct gag gat gga ttt ttg agt ctg ctt act gaa aat ggg aac acc aag 336

Ala Glu Asp Gly Phe Leu Ser Leu Leu Thr Glu Asn Gly Asn Thr Lys

100 105 110

gat gac ctc aag ctt ccc act gat gag agt ctg ctc act cag ata aag 384

Asp Asp Leu Lys Leu Pro Thr Asp Glu Ser Leu Leu Thr Gln Ile Lys

115 120 125

gat gga ttt gct gag ggc aag gat ctt gtt gtg tct gtc atg tct gct 432

Asp Gly Phe Ala Glu Gly Lys Asp Leu Val Val Ser Val Met Ser Ala

130 135 140 480
atg ggt gag gaa cag att tgc gcc ctg aag gat att ggg cca aag aac

Met Gly Glu Glu Gln Ile Cys Ala Leu Lys Asp Ile Gly Pro Lys Asn

145 150 155 160

<210> 556

<211> 160

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 556

Met Ser Asp Glu Glu His His Phe Glu Ser Lys Ala Asp Ala Gly Ala

1 5 10 15

Ser Lys Thr Tyr Pro Gln Gln Ala Gly Thr Ile Arg Lys Asn Gly Tyr

20 25 30

Ile Val Ile Lys Gly Arg Pro Cys Lys Val Val Glu Val Ser Thr Ser

35 40 45

Lys Thr Gly Lys His Gly His Ala Lys Cys His Phe Val Gly Ile Asp

50 55 60

Ile Phe Thr Ala Lys Lys Leu Glu Asp Ile Val Pro Ser Ser His Asn

65 70 75 80

Cys Asp Val Pro His Val Asn Arg Thr Asp Tyr Gln Leu Ile Asp Ile

85 90 95

Ala Glu Asp Gly Phe Leu Ser Leu Leu Thr Glu Asn Gly Asn Thr Lys

100 105 110

Asp Asp Leu Lys Leu Pro Thr Asp Glu Ser Leu Leu Thr Gln Ile Lys

115 120 125

Asp Gly Phe Ala Glu Gly Lys Asp Leu Val Val Ser Val Met Ser Ala

130 135 140

Met Gly Glu Glu Gln Ile Cys Ala Leu Lys Asp Ile Gly Pro Lys Asn

145 150 155 160

<210> 557

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 557

Leu Pro Thr Asp Glu Ser Leu Leu Thr Gln Ile Lys

1 5 10

<210> 558

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 558

Asn Gly Tyr Ile Val Ile Lys

1 5

<210> 559

<211> 480

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(480)

<400> 559

atg tcg gac gaa gag cat cac ttc gat tct cag gcg gat gcg gga gcg 48

Met Ser Asp Glu Glu His His Phe Asp Ser Gln Ala Asp Ala Gly Ala

1 5 10 15

tcc aag acg tat cct cag cag gct ggt acc att cgc aag aat ggc tac 96

Ser Lys Thr Tyr Pro Gln Gln Ala Gly Thr Ile Arg Lys Asn Gly Tyr

20 25 30

atc gtc atc aaa tcc agg cct tgc aag gtt gta gag gtc tct acg tca 144

Ile Val Ile Lys Ser Arg Pro Cys Lys Val Val Glu Val Ser Thr Ser

35 40 45

aag aca ggc aaa cat gga cat gca aag tgt cac ttt gct gca att gat 192

Lys Thr Gly Lys His Gly His Ala Lys Cys His Phe Ala Ala Ile Asp

50 55 60

att ttt aat ggg aaa aag ctt gaa gat att gtt cca tca tcc cac aac 240

Ile Phe Asn Gly Lys Lys Leu Glu Asp Ile Val Pro Ser Ser His Asn

65	70	75	80	
tgt gat gtt cca cat gtg aat cgc act gac tat cag ctt att gat atc				288
Cys Asp Val Pro His Val Asn Arg Thr Asp Tyr Gln Leu Ile Asp Ile				
	85	90	95	
tct gaa gac ggc ttt gtg agt ctg ttg act gat aat gga aat acc aag				336
Ser Glu Asp Gly Phe Val Ser Leu Leu Thr Asp Asn Gly Asn Thr Lys				
	100	105	110	
gat gat ctg aag ctt cct act gat gag gca ttg ctt gct cag att aaa				384
Asp Asp Leu Lys Leu Pro Thr Asp Glu Ala Leu Leu Ala Gln Ile Lys				
	115	120	125	
gat gga ttt tct gaa gga aaa gac ctt gtg gtt tct gtt atg tct gca				432
Asp Gly Phe Ser Glu Gly Lys Asp Leu Val Val Ser Val Met Ser Ala				
	130	135	140	
atg gga gaa gaa cag atc tgt tca ctg aag gac atc ggt ccc aaa aat				480
Met Gly Glu Glu Gln Ile Cys Ser Leu Lys Asp Ile Gly Pro Lys Asn				
145	150	155	160	
<210> 560				
<211> 160				
<212> PRT				
<213> Glycine max				
<400> 560				
Met Ser Asp Glu Glu His His Phe Asp Ser Gln Ala Asp Ala Gly Ala				
1	5	10	15	
Ser Lys Thr Tyr Pro Gln Gln Ala Gly Thr Ile Arg Lys Asn Gly Tyr				
	20	25	30	
Ile Val Ile Lys Ser Arg Pro Cys Lys Val Val Glu Val Ser Thr Ser				
	35	40	45	
Lys Thr Gly Lys His Gly His Ala Lys Cys His Phe Ala Ala Ile Asp				
	50	55	60	
Ile Phe Asn Gly Lys Lys Leu Glu Asp Ile Val Pro Ser Ser His Asn				
65	70	75	80	
Cys Asp Val Pro His Val Asn Arg Thr Asp Tyr Gln Leu Ile Asp Ile				

85 90 95
Ser Glu Asp Gly Phe Val Ser Leu Leu Thr Asp Asn Gly Asn Thr Lys

100 105 110
Asp Asp Leu Lys Leu Pro Thr Asp Glu Ala Leu Leu Ala Gln Ile Lys

115 120 125
Asp Gly Phe Ser Glu Gly Lys Asp Leu Val Val Ser Val Met Ser Ala

130 135 140
Met Gly Glu Glu Gln Ile Cys Ser Leu Lys Asp Ile Gly Pro Lys Asn

145 150 155 160

<210> 561

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 561

Asn Gly Tyr Ile Val Ile Lys

1 5

<210> 562

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 562

Thr Tyr Pro Gln Gln Ala Gly Thr Ile Arg Lys

1 5 10

<210> 563

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 563

Val Val Glu Val Ser Thr Ser Lys

1 5

<210> 564

<211> 501

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(501)

<400> 564

atg gct agc caa tca aac act aaa tca gtt cac gat ttc aca gtt aaa 48

Met Ala Ser Gln Ser Asn Thr Lys Ser Val His Asp Phe Thr Val Lys

1 5 10 15

gat gcc agg gga aat aat gtt aat ctc gcc gat tac aaa gga aag gtc 96

Asp Ala Arg Gly Asn Asn Val Asn Leu Ala Asp Tyr Lys Gly Lys Val

20 25 30

ctt ctc att gtc aat gtt gcc tca caa tgc ggc ttg act aat tca aac 144

Leu Leu Ile Val Asn Val Ala Ser Gln Cys Gly Leu Thr Asn Ser Asn

35 40 45

tac aca gag ctt aac caa ttg tat gag aaa tac aaa ggg aaa gga ctt 192

Tyr Thr Glu Leu Asn Gln Leu Tyr Glu Lys Tyr Lys Gly Lys Gly Leu

50 55 60

gaa att ctg gca ttc cca tgc aat cag ttt ggg gct cag gag cca gga 240

Glu Ile Leu Ala Phe Pro Cys Asn Gln Phe Gly Ala Gln Glu Pro Gly

65 70 75 80

act aat gaa gag att gtg gag ttt gct tgt act cgc ttc aaa gct gag 288

Thr Asn Glu Glu Ile Val Glu Phe Ala Cys Thr Arg Phe Lys Ala Glu

85 90 95

ttt ccc att ttc gac aag gtg gat gtg aat ggt gac aat gct gct cca 336

Phe Pro Ile Phe Asp Lys Val Asp Val Asn Gly Asp Asn Ala Ala Pro

100 105 110

ctg tac aag ttt ctg aaa tca agc aaa ggt gga ctc ttt ggg gat agt 384

Leu Tyr Lys Phe Leu Lys Ser Ser Lys Gly Gly Leu Phe Gly Asp Ser

115 120 125

atc aaa tgg aac ttc tcc aaa ttc ctt gtt gat aag gat ggg aat gtc 432

Ile Lys Trp Asn Phe Ser Lys Phe Leu Val Asp Lys Asp Gly Asn Val

130 135 140

gtt gac cgt tat gca ccc aca act tct cct ctc agc att gag aaa gac 480

Val Asp Arg Tyr Ala Pro Thr Thr Ser Pro Leu Ser Ile Glu Lys Asp

145 150 155 160

ata aag aag ctg cta gat gca 501

Ile Lys Lys Leu Leu Asp Ala

165

<210> 565

<211> 167

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 565

Met Ala Ser Gln Ser Asn Thr Lys Ser Val His Asp Phe Thr Val Lys

1 5 10 15

Asp Ala Arg Gly Asn Asn Val Asn Leu Ala Asp Tyr Lys Gly Lys Val

20 25 30

Leu Leu Ile Val Asn Val Ala Ser Gln Cys Gly Leu Thr Asn Ser Asn

35 40 45

Tyr Thr Glu Leu Asn Gln Leu Tyr Glu Lys Tyr Lys Gly Lys Gly Leu

50 55 60

Glu Ile Leu Ala Phe Pro Cys Asn Gln Phe Gly Ala Gln Glu Pro Gly

65 70 75 80

Thr Asn Glu Glu Ile Val Glu Phe Ala Cys Thr Arg Phe Lys Ala Glu

85 90 95

Phe Pro Ile Phe Asp Lys Val Asp Val Asn Gly Asp Asn Ala Ala Pro

100 105 110

Leu Tyr Lys Phe Leu Lys Ser Ser Lys Gly Gly Leu Phe Gly Asp Ser

115 120 125

Ile Lys Trp Asn Phe Ser Lys Phe Leu Val Asp Lys Asp Gly Asn Val

130 135 140

Val Asp Arg Tyr Ala Pro Thr Thr Ser Pro Leu Ser Ile Glu Lys Asp

145 150 155 160

Ile Lys Lys Leu Leu Asp Ala

165

<210> 566

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 566

Ala Glu Phe Pro Ile Phe Asp Lys

1 5

<210> 567

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 567

Asp Ala Arg Gly Asn Asn Val Asn Leu Ala Asp Tyr Lys

1 5 10

<210> 568

<211> 19

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 568

Asp Gly Asn Val Val Asp Arg Tyr Ala Pro Thr Thr Ser Pro Leu Ser

1 5 10 15

Ile Glu Lys

<210> 569

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 569

Gly Gly Leu Phe Gly Asp Ser Ile Lys

1 5

<210> 570

<211> 13

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 570

Val Asp Val Asn Gly Asp Asn Ala Ala Pro Leu Tyr Lys

1 5 10

<210> 571

<211> 357

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(357)

<400> 571

atg gct tcc gaa gaa tcc cag aac aag ccc ccc agc gag cag tcc act 48

Met Ala Ser Glu Glu Ser Gln Asn Lys Pro Pro Ser Glu Gln Ser Thr

1 5 10 15

acc gaa ctc atc acg agc gcg aag ctg gtg gcg gag gcg gcg cag tcg 96

Thr Glu Leu Ile Thr Ser Ala Lys Leu Val Ala Glu Ala Ala Gln Ser

20 25 30

gct ctg aag agc gac agc gac aaa gtg gac aag gcc aag gtg gct gac 144

Ala Leu Lys Ser Asp Ser Asp Lys Val Asp Lys Ala Lys Val Ala Asp

35 40 45

gct gcc ggc gat ctt ctc gac gcg gcg ggg aag tat gga aaa ctt gat 192

Ala Ala Gly Asp Leu Leu Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Gly Lys Leu Asp

50 55 60

gac aaa caa ggc ata ggg caa tat gtt gac aag gct gct gat tat ctg 240

Asp Lys Gln Gly Ile Gly Gln Tyr Val Asp Lys Ala Ala Asp Tyr Leu

65 70 75 80

cat aat tac cag ggt gat aat acc act gct cct tca cag cct gca gag 288

His Asn Tyr Gln Gly Asp Asn Thr Thr Ala Pro Ser Gln Pro Ala Glu

85 90 95

tct aaa ggt gaa gaa agt ggt ggt ggg tta ggt ggt ctt gca aac ttg 336

Ser Lys Gly Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Gly Gly Leu Ala Asn Leu

100 105 110

gct gga ggc ttc ttc aaa aag

357

Ala Gly Gly Phe Phe Lys Lys

115

<210> 572

<211> 119

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 572

Met Ala Ser Glu Glu Ser Gln Asn Lys Pro Pro Ser Glu Gln Ser Thr

1 5 10 15

Thr Glu Leu Ile Thr Ser Ala Lys Leu Val Ala Glu Ala Ala Gln Ser

20 25 30

Ala Leu Lys Ser Asp Ser Asp Lys Val Asp Lys Ala Lys Val Ala Asp

35 40 45

Ala Ala Gly Asp Leu Leu Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Gly Lys Leu Asp

50 55 60

Asp Lys Gln Gly Ile Gly Gln Tyr Val Asp Lys Ala Ala Asp Tyr Leu

65 70 75 80

His Asn Tyr Gln Gly Asp Asn Thr Thr Ala Pro Ser Gln Pro Ala Glu

85 90 95

Ser Lys Gly Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Gly Gly Leu Ala Asn Leu

100 105 110

Ala Gly Gly Phe Phe Lys Lys

115

<210> 573

<211> 23

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 573

Ala Ala Asp Tyr Leu His Asn Tyr Gln Gly Asp Asn Thr Thr Ala Pro

1 5 10 15

Ser Gln Pro Ala Glu Ser Lys

20

<210> 574

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 574

Leu Val Ala Glu Ala Ala Gln Ser Ala Leu Lys

1 5 10

<210> 575

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 575

Gln Gly Ile Gly Gln Tyr Val Asp Lys

1 5

<210> 576

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 576

Val Ala Asp Ala Ala Gly Asp Leu Leu Asp Ala Ala Gly Lys

1 5 10

<210> 577

<211> 777

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(777)

<400> 577

atg gcg gcc gct ccc tgc cct cgc gaa gag aac gtc tac atg gcg aag 48

Met Ala Ala Ala Pro Ser Pro Arg Glu Glu Asn Val Tyr Met Ala Lys

1	5	10	15	
ctc gcc gag cag gcc gag cgc tac gaa gag atg gtg gag ttc atg gag				96
Leu Ala Glu Gln Ala Glu Arg Tyr Glu Glu Met Val Glu Phe Met Glu				
20	25	30		
aag gtc tcc gcc gcc gcc gac aac gag gaa ctt acc gtg gag gag agg				144
Lys Val Ser Ala Ala Ala Asp Asn Glu Glu Leu Thr Val Glu Glu Arg				
35	40	45		
aac ctc ctc tcc gtc gcc tac aag aac gtg atc gga gcg cgc gcc				192
Asn Leu Leu Ser Val Ala Tyr Lys Asn Val Ile Gly Ala Arg Arg Ala				
50	55	60		
tcg tgg cgc atc atc tcc tcg atc gag cag aag gag gag agc cgc ggc				240
Ser Trp Arg Ile Ile Ser Ser Ile Glu Gln Lys Glu Glu Ser Arg Gly				
65	70	75	80	
aac gag gat cac gtc tcc gtc atc cgc gac tac cga tcc aag atc gag				288
Asn Glu Asp His Val Ser Val Ile Arg Asp Tyr Arg Ser Lys Ile Glu				
85	90	95		
tcc gag ctc tcc aac atc tgc gac ggt atc ctc aag ctc ctc gac tct				336
Ser Glu Leu Ser Asn Ile Cys Asp Gly Ile Leu Lys Leu Leu Asp Ser				
100	105	110		
cgc ctc att cca tcc gct tcc tcc ggc gat tcc aag gtc ttc tac ctc				384
Arg Leu Ile Pro Ser Ala Ser Ser Gly Asp Ser Lys Val Phe Tyr Leu				
115	120	125		
aag atg aag gga gat tac cac aga tac ctt gcc gag ttc aag acc ggc				432
Lys Met Lys Gly Asp Tyr His Arg Tyr Leu Ala Glu Phe Lys Thr Gly				
130	135	140		
gcc gag cgt aag gag gct gcc gag agc act ctc tct gca tac aaa gcc				480
Ala Glu Arg Lys Glu Ala Ala Glu Ser Thr Leu Ser Ala Tyr Lys Ala				
145	150	155	160	
gca cag gac att gcg aat gcc gaa ctg cct cct act cat cca att agg				528
Ala Gln Asp Ile Ala Asn Ala Glu Leu Pro Pro Thr His Pro Ile Arg				
165	170	175		

ctt ggc ctt gct ctt aac ttt tct gta ttt tac tac gaa atc ctt aat 576

Leu Gly Leu Ala Leu Asn Phe Ser Val Phe Tyr Tyr Glu Ile Leu Asn

180 185 190

tct ccg gat cgt gcc tgc aac ctt gca aaa cag gct ttt gat gaa gct 624

Ser Pro Asp Arg Ala Cys Asn Leu Ala Lys Gln Ala Phe Asp Glu Ala

195 200 205

att gct gaa ttg gat aca ctg gga gag gag tca tac aag gat agc act 672

Ile Ala Glu Leu Asp Thr Leu Gly Glu Glu Ser Tyr Lys Asp Ser Thr

210 215 220

ttg atc atg caa ctc ctt cgt gat aac ctc aca ctt tgg acc tct gac 720

Leu Ile Met Gln Leu Leu Arg Asp Asn Leu Thr Leu Trp Thr Ser Asp

225 230 235 240

atg cag gac gat gga gca gat gaa att aaa gaa gca gca ccg aaa ccg 768

Met Gln Asp Asp Gly Ala Asp Glu Ile Lys Glu Ala Ala Pro Lys Pro

245 250 255

gat gac cag 777

Asp Asp Gln

<210> 578

<211> 259

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 578

Met Ala Ala Ala Pro Ser Pro Arg Glu Glu Asn Val Tyr Met Ala Lys

1 5 10 15

Leu Ala Glu Gln Ala Glu Arg Tyr Glu Glu Met Val Glu Phe Met Glu

20 25 30

Lys Val Ser Ala Ala Ala Asp Asn Glu Glu Leu Thr Val Glu Glu Arg

35 40 45

Asn Leu Leu Ser Val Ala Tyr Lys Asn Val Ile Gly Ala Arg Arg Ala

50 55 60

Ser Trp Arg Ile Ile Ser Ser Ile Glu Gln Lys Glu Glu Ser Arg Gly
 65 70 75 80
 Asn Glu Asp His Val Ser Val Ile Arg Asp Tyr Arg Ser Lys Ile Glu
 85 90 95

Ser Glu Leu Ser Asn Ile Cys Asp Gly Ile Leu Lys Leu Leu Asp Ser
 100 105 110
 Arg Leu Ile Pro Ser Ala Ser Ser Gly Asp Ser Lys Val Phe Tyr Leu
 115 120 125
 Lys Met Lys Gly Asp Tyr His Arg Tyr Leu Ala Glu Phe Lys Thr Gly
 130 135 140
 Ala Glu Arg Lys Glu Ala Ala Glu Ser Thr Leu Ser Ala Tyr Lys Ala
 145 150 155 160

Ala Gln Asp Ile Ala Asn Ala Glu Leu Pro Pro Thr His Pro Ile Arg
 165 170 175
 Leu Gly Leu Ala Leu Asn Phe Ser Val Phe Tyr Tyr Glu Ile Leu Asn
 180 185 190
 Ser Pro Asp Arg Ala Cys Asn Leu Ala Lys Gln Ala Phe Asp Glu Ala
 195 200 205
 Ile Ala Glu Leu Asp Thr Leu Gly Glu Glu Ser Tyr Lys Asp Ser Thr
 210 215 220

Leu Ile Met Gln Leu Leu Arg Asp Asn Leu Thr Leu Trp Thr Ser Asp
 225 230 235 240
 Met Gln Asp Asp Gly Ala Asp Glu Ile Lys Glu Ala Ala Pro Lys Pro
 245 250 255

Asp Asp Gln

<210> 579

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 579

Glu Ala Ala Glu Ser Thr Leu Ser Ala Tyr Lys

1 5 10

<210> 580

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 580

Leu Leu Asp Ser Arg Leu Ile Pro Ser Ala Ser Ser Gly Asp Ser Lys

1 5 10 15

<210> 581

<211> 19

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 581

Gln Ala Phe Asp Glu Ala Ile Ala Glu Leu Asp Thr Leu Gly Glu Glu

1 5 10 15

Ser Tyr Lys

<210> 582

<211> 23

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 582

Val Ser Ala Ala Ala Asp Asn Glu Glu Leu Thr Val Glu Glu Arg Asn

1 5 10 15

Leu Leu Ser Val Ala Tyr Lys

20

<210> 583

<211> 993

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(993)

<400> 583

atg gcg ttg aac aat ggc gtc ccc gcc acc ggc acc ggc ctc atc gtc	48
Met Ala Leu Asn Asn Gly Val Pro Ala Thr Gly Thr Gly Leu Ile Val	
1 5 10 15	
agc ttc ggt gag atg ctc atc gac ttc gtc ccc acc gtc tct ggc gtg	96
Ser Phe Gly Glu Met Leu Ile Asp Phe Val Pro Thr Val Ser Gly Val	
20 25 30	
tcc ctg gcc gag gcc cct ggc ttc ctc aag gcc ccc ggc ggc gcc ccc	144
Ser Leu Ala Glu Ala Pro Gly Phe Leu Lys Ala Pro Gly Gly Ala Pro	
35 40 45	
gct aac gtc gcc atc gcc gtg tgc cgc ctc ggc ggc aaa gcc gcc ttc	192
Ala Asn Val Ala Ile Ala Val Ser Arg Leu Gly Gly Lys Ala Ala Phe	
50 55 60	
gtc ggc aag ctc ggc gac gac gag ttc ggc cac atg ctc gcc gga atc	240
Val Gly Lys Leu Gly Asp Asp Glu Phe Gly His Met Leu Ala Gly Ile	
65 70 75 80	
ctc aag gaa aac ggc gtt cgc gcc gac ggc atc aac ttt gac cag ggc	288
Leu Lys Glu Asn Gly Val Arg Ala Asp Gly Ile Asn Phe Asp Gln Gly	
85 90 95	
gca cgc acc gcc ctg gcc ttc gtg acc cta cgc gcc gac ggg gag cgt	336
Ala Arg Thr Ala Leu Ala Phe Val Thr Leu Arg Ala Asp Gly Glu Arg	
100 105 110	
gag ttc atg ttc tac aga aac ccc agc gcc gac atg ctc ctc aag ccc	384
Glu Phe Met Phe Tyr Arg Asn Pro Ser Ala Asp Met Leu Leu Lys Pro	
115 120 125	
gaa gaa ctc aat ctc gaa ctc atc aga tct gca aaa gtt ttc cat tac	432
Glu Glu Leu Asn Leu Glu Leu Ile Arg Ser Ala Lys Val Phe His Tyr	
130 135 140	
gga tca atc agt ttg atc gtg gag cca tgc aga tca gca cac ttg aag	480
Gly Ser Ile Ser Leu Ile Val Glu Pro Cys Arg Ser Ala His Leu Lys	
145 150 155 160	
gca atg gaa gta gcc aag gaa tct ggg tgc ttg ctc tcc tat gac ccc	528

Ala Met Glu Val Ala Lys Glu Ser Gly Cys Leu Leu Ser Tyr Asp Pro

165 170 175
aac ctt cgt cta cct ttg tgg cct tcg gct gag gaa gct cgt aag caa 576

Asn Leu Arg Leu Pro Leu Trp Pro Ser Ala Glu Glu Ala Arg Lys Gln

180 185 190
ata ctg agc att tgg gag aag gct gat ttg atc aag gtc agt gat gcg 624

Ile Leu Ser Ile Trp Glu Lys Ala Asp Leu Ile Lys Val Ser Asp Ala

195 200 205

gag ctt gag ttc ctc aca gga agt gac aag att gat gat gaa tct gct 672

Glu Leu Glu Phe Leu Thr Gly Ser Asp Lys Ile Asp Asp Glu Ser Ala

210 215 220
ttg tca ttg tgg cac ccc aat ttg aag ttg ctc ctt gtc act ctt ggg 720

Leu Ser Leu Trp His Pro Asn Leu Lys Leu Leu Leu Val Thr Leu Gly

225 230 235 240
gaa cat ggt tcc aga tac tac acc aag agt ttc aaa gga tcg gta gat 768

Glu His Gly Ser Arg Tyr Tyr Thr Lys Ser Phe Lys Gly Ser Val Asp

245 250 255
gct ttc cat gtc aat aca gtt gat aca act ggt gcc ggt gat tcc ttt 816

Ala Phe His Val Asn Thr Val Asp Thr Thr Gly Ala Gly Asp Ser Phe

260 265 270
gtt ggt gct tta ttg gcc aag att gtc gat gat cag tcc ata ctt gaa 864

Val Gly Ala Leu Leu Ala Lys Ile Val Asp Asp Gln Ser Ile Leu Glu

275 280 285
gat gaa cca agg tta aga gaa gta cta aag ttt gca aat gca tgt gga 912

Asp Glu Pro Arg Leu Arg Glu Val Leu Lys Phe Ala Asn Ala Cys Gly

290 295 300
gct att aca act acc caa aag gga gca att ccg gcc ctt ccc aaa gag 960

Ala Ile Thr Thr Thr Gln Lys Gly Ala Ile Pro Ala Leu Pro Lys Glu

305 310 315 320

gag gct gca ctg aaa ctg atc aaa ggg ggg tca 993

Glu Ala Ala Leu Lys Leu Ile Lys Gly Gly Ser

325 330

<210> 584

<211> 331

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 584

Met Ala Leu Asn Asn Gly Val Pro Ala Thr Gly Thr Gly Leu Ile Val

1 5 10 15

Ser Phe Gly Glu Met Leu Ile Asp Phe Val Pro Thr Val Ser Gly Val

20 25 30

Ser Leu Ala Glu Ala Pro Gly Phe Leu Lys Ala Pro Gly Gly Ala Pro

35 40 45

Ala Asn Val Ala Ile Ala Val Ser Arg Leu Gly Gly Lys Ala Ala Phe

50 55 60

Val Gly Lys Leu Gly Asp Asp Glu Phe Gly His Met Leu Ala Gly Ile

65 70 75 80

Leu Lys Glu Asn Gly Val Arg Ala Asp Gly Ile Asn Phe Asp Gln Gly

85 90 95

Ala Arg Thr Ala Leu Ala Phe Val Thr Leu Arg Ala Asp Gly Glu Arg

100 105 110

Glu Phe Met Phe Tyr Arg Asn Pro Ser Ala Asp Met Leu Leu Lys Pro

115 120 125

Glu Glu Leu Asn Leu Glu Leu Ile Arg Ser Ala Lys Val Phe His Tyr

130 135 140

Gly Ser Ile Ser Leu Ile Val Glu Pro Cys Arg Ser Ala His Leu Lys

145 150 155 160

Ala Met Glu Val Ala Lys Glu Ser Gly Cys Leu Leu Ser Tyr Asp Pro

165 170 175

Asn Leu Arg Leu Pro Leu Trp Pro Ser Ala Glu Glu Ala Arg Lys Gln

180 185 190

Ile Leu Ser Ile Trp Glu Lys Ala Asp Leu Ile Lys Val Ser Asp Ala
195 200 205

Glu Leu Glu Phe Leu Thr Gly Ser Asp Lys Ile Asp Asp Glu Ser Ala
210 215 220

Leu Ser Leu Trp His Pro Asn Leu Lys Leu Leu Leu Val Thr Leu Gly
225 230 235 240

Glu His Gly Ser Arg Tyr Tyr Thr Lys Ser Phe Lys Gly Ser Val Asp
245 250 255

Ala Phe His Val Asn Thr Val Asp Thr Thr Gly Ala Gly Asp Ser Phe
260 265 270

Val Gly Ala Leu Leu Ala Lys Ile Val Asp Asp Gln Ser Ile Leu Glu
275 280 285

Asp Glu Pro Arg Leu Arg Glu Val Leu Lys Phe Ala Asn Ala Cys Gly
290 295 300

Ala Ile Thr Thr Thr Gln Lys Gly Ala Ile Pro Ala Leu Pro Lys Glu
305 310 315 320

Glu Ala Ala Leu Lys Leu Ile Lys Gly Gly Ser
325 330

<210> 585

<211> 19

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 585

Ala Pro Gly Gly Ala Pro Ala Asn Val Ala Ile Ala Val Ser Arg Leu
1 5 10 15

Gly Gly Lys

<210> 586

<211> 27

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 586

Gly Ser Val Asp Ala Phe His Val Asn Thr Val Asp Thr Thr Gly Ala

1 5 10 15

Gly Asp Ser Phe Val Gly Ala Leu Leu Ala Lys

20 25

<210> 587

<211> 19

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 587

Ile Val Asp Asp Gln Ser Ile Leu Glu Asp Glu Pro Arg Leu Arg Glu

1 5 10 15

Val Leu Lys

<210> 588

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 588

Val Ser Asp Ala Glu Leu Glu Phe Leu Thr Gly Ser Asp Lys

1 5 10

<210> 589

<211> 759

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(759)

<400> 589

atg ggc aga aag ttc ttc gtt ggt ggc aac tgg aaa tgc aat ggg acc 48

Met Gly Arg Lys Phe Phe Val Gly Gly Asn Trp Lys Cys Asn Gly Thr

1 5 10 15

act gag gag gtg aag aag att gtt act act tta aat gaa gct aaa gtc 96

Thr Glu Glu Val Lys Lys Ile Val Thr Thr Leu Asn Glu Ala Lys Val

20 25 30

cct gga gaa gat gtt gta gaa gtt gtt gtg agc cct cct ttt gtg ttc	144
Pro Gly Glu Asp Val Val Glu Val Val Val Ser Pro Pro Phe Val Phe	
35 40 45	
ctt cct ttt gta aaa agt ttg ctg cgc cct gat ttc cat gtc tcg gcc	192
Leu Pro Phe Val Lys Ser Leu Leu Arg Pro Asp Phe His Val Ser Ala	
50 55 60	
caa aat tgt tgg gtt cgc aaa ggt ggt gct tat act gga gag gtt agt	240
Gln Asn Cys Trp Val Arg Lys Gly Gly Ala Tyr Thr Gly Glu Val Ser	
65 70 75 80	
gct gaa atg ctt gtt aat ttg gga att cct tgg gtt att att ggt cac	288
Ala Glu Met Leu Val Asn Leu Gly Ile Pro Trp Val Ile Ile Gly His	
85 90 95	
tct gaa cgg agg cag ctt ttg aat gaa tca aat gag ttt gtg gga gat	336
Ser Glu Arg Arg Gln Leu Leu Asn Glu Ser Asn Glu Phe Val Gly Asp	
100 105 110	
aaa gtt gcc tat gca ctt caa caa ggt ctg aaa gtt ata gca tgc att	384
Lys Val Ala Tyr Ala Leu Gln Gln Gly Leu Lys Val Ile Ala Cys Ile	
115 120 125	
ggg gaa act ctt gaa cag cgt gaa gct ggt aca aca acg gct gtt gtt	432
Gly Glu Thr Leu Glu Gln Arg Glu Ala Gly Thr Thr Thr Ala Val Val	
130 135 140	
gct gag caa aca aaa gca att gca gct aaa ata tca aat tgg gac aat	480
Ala Glu Gln Thr Lys Ala Ile Ala Ala Lys Ile Ser Asn Trp Asp Asn	
145 150 155 160	
gtc gtt ttg gcc tat gag cca gtt tgg gcc att gga aca gga aag gtt	528
Val Val Leu Ala Tyr Glu Pro Val Trp Ala Ile Gly Thr Gly Lys Val	
165 170 175	
gca act cct gct cag gct caa gag gtt cat gct gat tta agg aaa tgg	576
Ala Thr Pro Ala Gln Ala Gln Glu Val His Ala Asp Leu Arg Lys Trp	
180 185 190	
gtt cat gac aat gtg agt gct gaa gtt gct gca tct gta aga att atc	624

Val His Asp Asn Val Ser Ala Glu Val Ala Ala Ser Val Arg Ile Ile

195 200 205
tat gga ggc tct gta aat gga gga aac tgc aaa gaa ttg gca gca cag 672

Tyr Gly Gly Ser Val Asn Gly Gly Asn Cys Lys Glu Leu Ala Ala Gln

210 215 220
ccc gat gtt gat gga ttt ttg gtt ggt ggt gca tcc ctc aag gcg gaa 720

Pro Asp Val Asp Gly Phe Leu Val Gly Gly Ala Ser Leu Lys Ala Glu

225 230 235 240

ttt gtg gac atc ata aac gct gcc act gtg aag aag aat 759

Phe Val Asp Ile Ile Asn Ala Ala Thr Val Lys Lys Asn

245 250

<210> 590

<211> 253

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 590

Met Gly Arg Lys Phe Phe Val Gly Gly Asn Trp Lys Cys Asn Gly Thr

1 5 10 15

Thr Glu Glu Val Lys Lys Ile Val Thr Thr Leu Asn Glu Ala Lys Val

20 25 30

Pro Gly Glu Asp Val Val Glu Val Val Val Ser Pro Pro Phe Val Phe

35 40 45

Leu Pro Phe Val Lys Ser Leu Leu Arg Pro Asp Phe His Val Ser Ala

50 55 60

Gln Asn Cys Trp Val Arg Lys Gly Gly Ala Tyr Thr Gly Glu Val Ser

65 70 75 80

Ala Glu Met Leu Val Asn Leu Gly Ile Pro Trp Val Ile Ile Gly His

85 90 95

Ser Glu Arg Arg Gln Leu Leu Asn Glu Ser Asn Glu Phe Val Gly Asp

100 105 110

Lys Val Ala Tyr Ala Leu Gln Gln Gly Leu Lys Val Ile Ala Cys Ile

115 120 125
 Gly Glu Thr Leu Glu Gln Arg Glu Ala Gly Thr Thr Thr Ala Val Val
 130 135 140
 Ala Glu Gln Thr Lys Ala Ile Ala Ala Lys Ile Ser Asn Trp Asp Asn
 145 150 155 160

Val Val Leu Ala Tyr Glu Pro Val Trp Ala Ile Gly Thr Gly Lys Val
 165 170 175
 Ala Thr Pro Ala Gln Ala Gln Glu Val His Ala Asp Leu Arg Lys Trp
 180 185 190
 Val His Asp Asn Val Ser Ala Glu Val Ala Ala Ser Val Arg Ile Ile
 195 200 205
 Tyr Gly Gly Ser Val Asn Gly Gly Asn Cys Lys Glu Leu Ala Ala Gln
 210 215 220

Pro Asp Val Asp Gly Phe Leu Val Gly Gly Ala Ser Leu Lys Ala Glu
 225 230 235 240
 Phe Val Asp Ile Ile Asn Ala Ala Thr Val Lys Lys Asn
 245 250

<210> 591
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 591

Ala Glu Phe Val Asp Ile Ile Asn Ala Ala Thr Val Lys
 1 5 10

<210> 592
 <211> 19
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 592

Glu Leu Ala Ala Gln Pro Asp Val Asp Gly Phe Leu Val Gly Gly Ala
 1 5 10 15

Ser Leu Lys

<210> 593

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 593

Phe Phe Val Gly Gly Asn Trp Lys

1 5

<210> 594

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 594

Ile Val Thr Thr Leu Asn Glu Ala Lys

1 5

<210> 595

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 595

Val Ala Thr Pro Ala Gln Ala Gln Glu Val His Ala Asp Leu Arg Lys

1 5 10 15

<210> 596

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 596

Val Ala Tyr Ala Leu Gln Gln Gly Leu Lys

1 5 10

<210> 597

<211> 22

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 597

Val Pro Gly Glu Asp Val Val Glu Val Val Val Ser Pro Pro Phe Val

1 5 10 15

Phe Leu Pro Phe Val Lys

20

<210> 598

<211> 759

<212>

DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(759)

<400> 598

atg ggc aga aaa ttc ttc gtt ggt ggc aac tgg aaa tgc aat ggg acc 48

Met Gly Arg Lys Phe Phe Val Gly Gly Asn Trp Lys Cys Asn Gly Thr

1 5 10 15

act gag gag gta aag aag att gtt act act ttg aat gag gct aaa gtc 96

Thr Glu Glu Val Lys Lys Ile Val Thr Thr Leu Asn Glu Ala Lys Val

20 25 30

cct gga gaa gat gtc gta gaa gtt gtt gtg agc cct cct ttt gtg ttc 144

Pro Gly Glu Asp Val Val Glu Val Val Val Ser Pro Pro Phe Val Phe

35 40 45

ctt cct gtt gta aaa agt ttg ctg cgc cct gat ttc cat gtt tcg gca 192

Leu Pro Val Val Lys Ser Leu Leu Arg Pro Asp Phe His Val Ser Ala

50 55 60

caa aac tgt tgg gtt cgc aaa ggt ggt gct tat acc ggt gag gtt agt 240

Gln Asn Cys Trp Val Arg Lys Gly Gly Ala Tyr Thr Gly Glu Val Ser

65 70 75 80

gct gaa atg ctt gtt aat ttg gga att cct tgg gtt att att ggt cac 288

Ala Glu Met Leu Val Asn Leu Gly Ile Pro Trp Val Ile Ile Gly His

85 90 95

tct gaa cgg agg cag ctt tta aat gaa tca aat gag ttt gtg gga gat 336

Ser Glu Arg Arg Gln Leu Leu Asn Glu Ser Asn Glu Phe Val Gly Asp

100	105	110	
aaa gtt gcc tat gca ctt caa caa ggt cta aaa gtt att gca tgc att			384
Lys Val Ala Tyr Ala Leu Gln Gln Gly Leu Lys Val Ile Ala Cys Ile			
115	120	125	
ggg gag act ctc gaa cag cgt gaa gct ggt aca aca acg gct gtt gtt			432
Gly Glu Thr Leu Glu Gln Arg Glu Ala Gly Thr Thr Thr Ala Val Val			
130	135	140	
tct gag caa aca aaa gca att gca gct aaa ata tca aat tgg gac aat			480
Ser Glu Gln Thr Lys Ala Ile Ala Ala Lys Ile Ser Asn Trp Asp Asn			
145	150	155	160
gtc gtt ttg gcc tac gag cca gtt tgg gcc att gga aca gga aag gtt			528
Val Val Leu Ala Tyr Glu Pro Val Trp Ala Ile Gly Thr Gly Lys Val			
165	170	175	
gct act cct gct cag gct caa gag gtc cat gct gat ttg agg aaa tgg			576
Ala Thr Pro Ala Gln Ala Gln Glu Val His Ala Asp Leu Arg Lys Trp			
180	185	190	
gtt cat gac aat gtg agt gct gaa gtt gct gca tct gta aga att atc			624
Val His Asp Asn Val Ser Ala Glu Val Ala Ala Ser Val Arg Ile Ile			
195	200	205	
tat gga ggt tct gta aat gga gga aac tgc aaa gaa ttg gcc gca cag			672
Tyr Gly Gly Ser Val Asn Gly Gly Asn Cys Lys Glu Leu Ala Ala Gln			
210	215	220	
ccc gat gtt gat gga ttt ttg gtt ggt ggt gcc tcc ctg aag ccg gag			720
Pro Asp Val Asp Gly Phe Leu Val Gly Gly Ala Ser Leu Lys Pro Glu			
225	230	235	240
ttc gtg gac atc ata aat gct gcc act gtg aag aag aat			759
Phe Val Asp Ile Ile Asn Ala Ala Thr Val Lys Lys Asn			
245	250		

<210> 599

<211> 253

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 599

Met Gly Arg Lys Phe Phe Val Gly Gly Asn Trp Lys Cys Asn Gly Thr

1 5 10 15

Thr Glu Glu Val Lys Lys Ile Val Thr Thr Leu Asn Glu Ala Lys Val

20 25 30

Pro Gly Glu Asp Val Val Glu Val Val Val Ser Pro Pro Phe Val Phe

35 40 45

Leu Pro Val Val Lys Ser Leu Leu Arg Pro Asp Phe His Val Ser Ala

50 55 60

Gln Asn Cys Trp Val Arg Lys Gly Gly Ala Tyr Thr Gly Glu Val Ser

65 70 75 80

Ala Glu Met Leu Val Asn Leu Gly Ile Pro Trp Val Ile Ile Gly His

85 90 95

Ser Glu Arg Arg Gln Leu Leu Asn Glu Ser Asn Glu Phe Val Gly Asp

100 105 110

Lys Val Ala Tyr Ala Leu Gln Gln Gly Leu Lys Val Ile Ala Cys Ile

115 120 125

Gly Glu Thr Leu Glu Gln Arg Glu Ala Gly Thr Thr Thr Ala Val Val

130 135 140

Ser Glu Gln Thr Lys Ala Ile Ala Ala Lys Ile Ser Asn Trp Asp Asn

145 150 155 160

Val Val Leu Ala Tyr Glu Pro Val Trp Ala Ile Gly Thr Gly Lys Val

165 170 175

Ala Thr Pro Ala Gln Ala Gln Glu Val His Ala Asp Leu Arg Lys Trp

180 185 190

Val His Asp Asn Val Ser Ala Glu Val Ala Ala Ser Val Arg Ile Ile

195 200 205

Tyr Gly Gly Ser Val Asn Gly Gly Asn Cys Lys Glu Leu Ala Ala Gln

210 215 220

Pro Asp Val Asp Gly Phe Leu Val Gly Gly Ala Ser Leu Lys Pro Glu

225 230 235 240

Phe Val Asp Ile Ile Asn Ala Ala Thr Val Lys Lys Asn

245

250

<210> 600

<211> 32

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 600

Glu Leu Ala Ala Gln Pro Asp Val Asp Gly Phe Leu Val Gly Gly Ala

1 5 10 15

Ser Leu Lys Pro Glu Phe Val Asp Ile Ile Asn Ala Ala Thr Val Lys

20

25

30

<210> 601

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 601

Phe Phe Val Gly Gly Asn Trp Lys

1 5

<210> 602

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 602

Ile Val Thr Thr Leu Asn Glu Ala Lys

1 5

<210> 603

<211> 16

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 603

Val Ala Thr Pro Ala Gln Ala Gln Glu Val His Ala Asp Leu Arg Lys

1 5 10 15

<210> 604

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 604

Val Ala Tyr Ala Leu Gln Gln Gly Leu Lys

1 5 10

<210

> 605

<211> 765

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(765)

<400> 605

atg gcc tca ttg ggt ggg tta caa aat gtg agc ggc atc aat ttt ctt 48

Met Ala Ser Leu Gly Gly Leu Gln Asn Val Ser Gly Ile Asn Phe Leu

1 5 10 15

atc aaa gag aaa gga tgt tgt atg ctg cag ggt cca aaa gtc aat gca 96

Ile Lys Glu Lys Gly Cys Cys Met Leu Gln Gly Pro Lys Val Asn Ala

20 25 30

aag ttc gag ctg aag ccg cca cca tat cca ctg aat ggt ttg gag ccg 144

Lys Phe Glu Leu Lys Pro Pro Pro Tyr Pro Leu Asn Gly Leu Glu Pro

35 40 45

gtg atg agc cag cag aca ctt gag ttt cac tgg ggg aag cac cac aag 192

Val Met Ser Gln Gln Thr Leu Glu Phe His Trp Gly Lys His His Lys

50 55 60

act tat gtg gaa aat ctg aaa aaa caa gtt gtt ggg aca gag ctt gat 240

Thr Tyr Val Glu Asn Leu Lys Lys Gln Val Val Gly Thr Glu Leu Asp

65 70 75 80

ggg aag tca cta gaa gag att att gtc aca tca tac aat aag ggt gac 288

Gly Lys Ser Leu Glu Glu Ile Ile Val Thr Ser Tyr Asn Lys Gly Asp

85 90 95

att ctt cca gct ttc aac aat gca gca cag gta tgg aac cat gac ttc 336

Ile Leu Pro Ala Phe Asn Asn Ala Ala Gln Val Trp Asn His Asp Phe

100 105 110
 ttc tgg gag tgc atg aaa cca ggt gga ggt gga aag cca tcc ggg gag 384

Phe Trp Glu Cys Met Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Ser Gly Glu

115 120 125
 ctt cta gaa ctg att gaa aga gac ttt ggt tca ttt gta aaa ttc ctt 432

Leu Leu Glu Leu Ile Glu Arg Asp Phe Gly Ser Phe Val Lys Phe Leu

130 135 140

gat gag ttc aag gct gct gct gca aca caa ttt ggt tca ggg tgg gct 480

Asp Glu Phe Lys Ala Ala Ala Ala Thr Gln Phe Gly Ser Gly Trp Ala

145 150 155 160

tgg cta gca tat aga gca aga aaa ttt gat ggg gaa aat gta gca aat 528

Trp Leu Ala Tyr Arg Ala Arg Lys Phe Asp Gly Glu Asn Val Ala Asn

165 170 175

cct cct tca ccc gat gag gac aac aag cta gtg gtg ctc aag agt ccc 576

Pro Pro Ser Pro Asp Glu Asp Asn Lys Leu Val Val Leu Lys Ser Pro

180 185 190

aat gct gtg aac ccc ctt gtt tgg gga ggt tac tac cca ctt ctt acc 624

Asn Ala Val Asn Pro Leu Val Trp Gly Gly Tyr Tyr Pro Leu Leu Thr

195 200 205

att gat gtt tgg gag cat gct tac tac ctt gat ttt cag aac cgg cgt 672

Ile Asp Val Trp Glu His Ala Tyr Tyr Leu Asp Phe Gln Asn Arg Arg

210 215 220

cct gat tat ata tca gtg ttc atg gat aag ctt gtt tcc tgg gat gca 720

Pro Asp Tyr Ile Ser Val Phe Met Asp Lys Leu Val Ser Trp Asp Ala

225 230 235 240

gtg agc tct aga ctt gaa caa gct aag gct tta att acc agt gca 765

Val Ser Ser Arg Leu Glu Gln Ala Lys Ala Leu Ile Thr Ser Ala

245 250 255

<210> 606

<211> 255

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 606

Met Ala Ser Leu Gly Gly Leu Gln Asn Val Ser Gly Ile Asn Phe Leu

1 5 10 15

Ile Lys Glu Lys Gly Cys Cys Met Leu Gln Gly Pro Lys Val Asn Ala

20 25 30

Lys Phe Glu Leu Lys Pro Pro Pro Tyr Pro Leu Asn Gly Leu Glu Pro

35 40 45

Val Met Ser Gln Gln Thr Leu Glu Phe His Trp Gly Lys His His Lys

50 55 60

Thr Tyr Val Glu Asn Leu Lys Lys Gln Val Val Gly Thr Glu Leu Asp

65 70 75 80

Gly Lys Ser Leu Glu Glu Ile Ile Val Thr Ser Tyr Asn Lys Gly Asp

85 90 95

Ile Leu Pro Ala Phe Asn Asn Ala Ala Gln Val Trp Asn His Asp Phe

100 105 110

Phe Trp Glu Cys Met Lys Pro Gly Gly Gly Gly Lys Pro Ser Gly Glu

115 120 125

Leu Leu Glu Leu Ile Glu Arg Asp Phe Gly Ser Phe Val Lys Phe Leu

130 135 140

Asp Glu Phe Lys Ala Ala Ala Ala Thr Gln Phe Gly Ser Gly Trp Ala

145 150 155 160

Trp Leu Ala Tyr Arg Ala Arg Lys Phe Asp Gly Glu Asn Val Ala Asn

165 170 175

Pro Pro Ser Pro Asp Glu Asp Asn Lys Leu Val Val Leu Lys Ser Pro

180 185 190

Asn Ala Val Asn Pro Leu Val Trp Gly Gly Tyr Tyr Pro Leu Leu Thr

195 200 205

Ile Asp Val Trp Glu His Ala Tyr Tyr Leu Asp Phe Gln Asn Arg Arg

210 215 220
 Pro Asp Tyr Ile Ser Val Phe Met Asp Lys Leu Val Ser Trp Asp Ala
 225 230 235 240
 Val Ser Ser Arg Leu Glu Gln Ala Lys Ala Leu Ile Thr Ser Ala

245 250 255

<210> 607

<211> 17

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 607

Phe Asp Gly Glu Asn Val Ala Asn Pro Pro Ser Pro Asp Glu Asp Asn

1 5 10 15

Lys

<210> 608

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 608

Leu Val Ser Trp Asp Ala Val Ser Ser Arg Leu Glu Gln Ala Lys

1 5 10 15

<210> 609

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 609

Gln Val Val Gly Thr Glu Leu Asp Gly Lys

1 5 10

<210> 610

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 610

Ser Leu Glu Glu Ile Ile Val Thr Ser Tyr Asn Lys

1 5 10

<210> 611

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 611

Thr Tyr Val Glu Asn Leu Lys

1 5

<210> 612

<211> 732

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(732)

<400> 612

atg gcc tca ttg ggt ggg tta caa aat cta agc ggc atc aat ttt ctt 48

Met Ala Ser Leu Gly Gly Leu Gln Asn Leu Ser Gly Ile Asn Phe Leu

1 5 10 15

atc aaa aaa gag ggt cca aaa gtc aat gcg aag ttc gag ctg aag ccg 96

Ile Lys Lys Glu Gly Pro Lys Val Asn Ala Lys Phe Glu Leu Lys Pro

20 25 30

cca cca tat cca ctg aat ggt ttg gag ccg gtg atg agc cag cag aca 144

Pro Pro Tyr Pro Leu Asn Gly Leu Glu Pro Val Met Ser Gln Gln Thr

35 40 45

ctt gag ttt cat tgg ggg aaa cac cac aag aca tat gtg gaa aat ctg 192

Leu Glu Phe His Trp Gly Lys His His Lys Thr Tyr Val Glu Asn Leu

50 55 60

aaa aaa caa att gtt ggg aca gag ctt gat ggg aaa tca cta gaa gag 240

Lys Lys Gln Ile Val Gly Thr Glu Leu Asp Gly Lys Ser Leu Glu Glu

65 70 75 80

att ata gtg aca tca tat aat aag ggt gac att ctt cca gct ttc aac 288

Ile Ile Val Thr Ser Tyr Asn Lys Gly Asp Ile Leu Pro Ala Phe Asn	
85 90 95	
aat gca gca cag gta tgg aac cat gac ttc ttc tgg gag tgc atg aaa	336
Asn Ala Ala Gln Val Trp Asn His Asp Phe Phe Trp Glu Cys Met Lys	
100 105 110	
cca ggt gga ggt gga aag cca tcc ggg gag ctt cta gaa ctg att gaa	384
Pro Gly Gly Gly Gly Lys Pro Ser Gly Glu Leu Leu Glu Leu Ile Glu	
115 120 125	
aga gac ttt ggc tca ttt gaa aaa ttc ctt gat gag ttt aag gct gct	432
Arg Asp Phe Gly Ser Phe Glu Lys Phe Leu Asp Glu Phe Lys Ala Ala	
130 135 140	
gct gca aca caa ttt ggt tca gga tgg gct tgg ctt gca tat aga gca	480
Ala Ala Thr Gln Phe Gly Ser Gly Trp Ala Trp Leu Ala Tyr Arg Ala	
145 150 155 160	
agc aaa ttt gat ggg gaa aat gca gca aat cct cct tca cca gat gag	528
Ser Lys Phe Asp Gly Glu Asn Ala Ala Asn Pro Pro Ser Pro Asp Glu	
165 170 175	
gac aac aag cta gtg gtg ctc aag agt ccc aat gct gtg aac ccc ctt	576
Asp Asn Lys Leu Val Val Leu Lys Ser Pro Asn Ala Val Asn Pro Leu	
180 185 190	
gtt tgg gga ggc tat tat cca ctt ctt acc att gat gtt tgg gag cat	624
Val Trp Gly Gly Tyr Tyr Pro Leu Leu Thr Ile Asp Val Trp Glu His	
195 200 205	
gct tac aac ctt gat ttt cag aac cgg cgc cct gat tat ata tca gtg	672
Ala Tyr Asn Leu Asp Phe Gln Asn Arg Arg Pro Asp Tyr Ile Ser Val	
210 215 220	
ttc atg gat aag ctt gtt tcc tgg gat gca gtg agt tct aga ctt gaa	720
Phe Met Asp Lys Leu Val Ser Trp Asp Ala Val Ser Ser Arg Leu Glu	
225 230 235 240	
caa gca agg ctt	732
Gln Ala Arg Leu	

<210> 613

<211> 244

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 613

Met Ala Ser Leu Gly Gly Leu Gln Asn Leu Ser Gly Ile Asn Phe Leu

1 5 10 15

Ile Lys Lys Glu Gly Pro Lys Val Asn Ala Lys Phe Glu Leu Lys Pro

20 25 30

Pro Pro Tyr Pro Leu Asn Gly Leu Glu Pro Val Met Ser Gln Gln Thr

35 40 45

Leu Glu Phe His Trp Gly Lys His His Lys Thr Tyr Val Glu Asn Leu

50 55 60

Lys Lys Gln Ile Val Gly Thr Glu Leu Asp Gly Lys Ser Leu Glu Glu

65 70 75 80

Ile Ile Val Thr Ser Tyr Asn Lys Gly Asp Ile Leu Pro Ala Phe Asn

85 90 95

Asn Ala Ala Gln Val Trp Asn His Asp Phe Phe Trp Glu Cys Met Lys

100 105 110

Pro Gly Gly Gly Gly Lys Pro Ser Gly Glu Leu Leu Glu Leu Ile Glu

115 120 125

Arg Asp Phe Gly Ser Phe Glu Lys Phe Leu Asp Glu Phe Lys Ala Ala

130 135 140

Ala Ala Thr Gln Phe Gly Ser Gly Trp Ala Trp Leu Ala Tyr Arg Ala

145 150 155 160

Ser Lys Phe Asp Gly Glu Asn Ala Ala Asn Pro Pro Ser Pro Asp Glu

165 170 175

Asp Asn Lys Leu Val Val Leu Lys Ser Pro Asn Ala Val Asn Pro Leu

180 185 190

Val Trp Gly Gly Tyr Tyr Pro Leu Leu Thr Ile Asp Val Trp Glu His

195 200 205
Ala Tyr Asn Leu Asp Phe Gln Asn Arg Arg Pro Asp Tyr Ile Ser Val
210 215 220
Phe Met Asp Lys Leu Val Ser Trp Asp Ala Val Ser Ser Arg Leu Glu
225 230 235 240
Gln Ala Arg Leu

<210> 614

<211> 10

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 614

Gln Ile Val Gly Thr Glu Leu Asp Gly Lys

1 5 10

<210> 615

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 615

Ser Leu Glu Glu Ile Ile Val Thr Ser Tyr Asn Lys

1 5 10

<210> 616

<211> 7

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 616

Thr Tyr Val Glu Asn Leu Lys

1 5

<210> 617

<211> 1419

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1419)

<400> 617

atg gct tct aag gtg gtt tcg gtt ttg gtt ata gcg atg atg ttg ttt 48

Met Ala Ser Lys Val Val Ser Val Leu Val Ile Ala Met Met Leu Phe

1 5 10 15

gcc atg aac tgt aac tgc act agt gtt ggc cac atg cct tca acc aaa 96

Ala Met Asn Cys Asn Cys Thr Ser Val Gly His Met Pro Ser Thr Lys

20 25 30

gag gaa ggt cac gat ttt cag gag tct aaa gcc aag acc aca caa act 144

Glu Glu Gly His Asp Phe Gln Glu Ser Lys Ala Lys Thr Thr Gln Thr

35 40 45

gcg aac aag gcc atg gaa act ggt aaa gag gga caa gaa gcc gca gag 192

Ala Asn Lys Ala Met Glu Thr Gly Lys Glu Gly Gln Glu Ala Ala Glu

50 55 60

tca tgg aca gaa tgg gct aaa gag aaa ctc agt gaa ggt ctt ggc ttc 240

Ser Trp Thr Glu Trp Ala Lys Glu Lys Leu Ser Glu Gly Leu Gly Phe

65 70 75 80

aaa cat gat cag gaa tcc aaa gaa tcc acc act aac aaa gtc tct gat 288

Lys His Asp Gln Glu Ser Lys Glu Ser Thr Thr Asn Lys Val Ser Asp

85 90 95

tat gcc act gac act gca cag aaa tcc aag gat tat gca act gac act 336

Tyr Ala Thr Asp Thr Ala Gln Lys Ser Lys Asp Tyr Ala Thr Asp Thr

100 105 110

gct cag aaa tca aag gac tat gca ggt gat gct gct cag aaa tca aag 384

Ala Gln Lys Ser Lys Asp Tyr Ala Gly Asp Ala Ala Gln Lys Ser Lys

115 120 125

gac tac gca ggt gat gct gct cag aaa acc aaa gac tat gcc agt gac 432

Asp Tyr Ala Gly Asp Ala Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Asp

130 135 140

act gca cag aca tca aag gac tat gct ggt gat gct gct cag aaa tca 480

Thr Ala Gln Thr Ser Lys Asp Tyr Ala Gly Asp Ala Ala Gln Lys Ser

145 150 155 160
aag ggc tat gtt ggt gat gct gca caa aag acc aaa gaa tat gtt ggt 528

Lys Gly Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gln Lys Thr Lys Glu Tyr Val Gly

 165 170 175
gat gca gca cag aag aca aag gat tat gcc act gac gca gca cag aag 576

Asp Ala Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Thr Asp Ala Ala Gln Lys

 180 185 190

acc aaa gat tat gct act cag aag acc aag gac tat gca agt gat gca 624

Thr Lys Asp Tyr Ala Thr Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Asp Ala

 195 200 205
act gat gct gca aag aag act aaa gat tat gct gct cag aag act aag 672

Thr Asp Ala Ala Lys Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ala Gln Lys Thr Lys

 210 215 220
gac tat gca agt gaa gct agt gat gtt gca cag aac aca aaa gat tat 720

Asp Tyr Ala Ser Glu Ala Ser Asp Val Ala Gln Asn Thr Lys Asp Tyr

225 230 235 240
gct gct cag aag acc aag gac tat gcc agc ggt ggt gcg cag aag acc 768

Ala Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Gly Gly Ala Gln Lys Thr

 245 250 255
aag gat tat gcc agc ggt ggt gcg cag aag acc aag gac tat gca agt 816

Lys Asp Tyr Ala Ser Gly Gly Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser

 260 265 270
gat gct gcg cag aag acc aag gac tat gca agt gat ggt gct caa aag 864

Asp Ala Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Asp Gly Ala Gln Lys

 275 280 285
agc aaa gaa tat gcg ggt gat gta gca ctg aat gcc aaa gat tat gct 912

Ser Lys Glu Tyr Ala Gly Asp Val Ala Leu Asn Ala Lys Asp Tyr Ala

290 295 300

caa aaa agc aaa gat tac gca ggt gat gct gca cag aat gtc aaa gat	960
Gln Lys Ser Lys Asp Tyr Ala Gly Asp Ala Ala Gln Asn Val Lys Asp	
305 310 315 320	
tat gca agt gat gca gtg cag aag aga aaa gag tat tct ggt gat gct	1008
Tyr Ala Ser Asp Ala Val Gln Lys Arg Lys Glu Tyr Ser Gly Asp Ala	
325 330 335	
tct cac aag agc aaa gag gct tct gat tat gcc agt gag acg gct aag	1056
Ser His Lys Ser Lys Glu Ala Ser Asp Tyr Ala Ser Glu Thr Ala Lys	
340 345 350	
aag acc aaa gat tat gtc ggt gat gct gct cag aga agc aaa ggg gct	1104
Lys Thr Lys Asp Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gln Arg Ser Lys Gly Ala	
355 360 365	
gct gaa tat gct agt gat gcg gct cag agg acc aaa gag tat gct ggt	1152
Ala Glu Tyr Ala Ser Asp Ala Ala Gln Arg Thr Lys Glu Tyr Ala Gly	
370 375 380	
gat gct acc aag aga agc aaa gag gct tct aat gat cat gcc aat gac	1200
Asp Ala Thr Lys Arg Ser Lys Glu Ala Ser Asn Asp His Ala Asn Asp	
385 390 395 400	
atg gct cag aag acc aaa gac tac gcc agt gac act gct cag aga acc	1248
Met Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Asp Thr Ala Gln Arg Thr	
405 410 415	
aag gaa aaa ctc caa gac att gca tct gaa gct ggt caa tac agt gca	1296
Lys Glu Lys Leu Gln Asp Ile Ala Ser Glu Ala Gly Gln Tyr Ser Ala	
420 425 430	
gag aaa gct aga gaa atg aag gat gca gca gca gag aag gca agt gac	1344
Glu Lys Ala Arg Glu Met Lys Asp Ala Ala Ala Glu Lys Ala Ser Asp	
435 440 445	
ata gca aag gct gca aag caa aaa tca caa gag gtg aaa gag aaa tta	1392
Ile Ala Lys Ala Ala Lys Gln Lys Ser Gln Glu Val Lys Glu Lys Leu	
450 455 460	
ggt gga caa cac cgg gat gcc gag ctt	1419

Gly Gly Gln His Arg Asp Ala Glu Leu

465 470

<210> 618

<211> 473

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 618

Met Ala Ser Lys Val Val Ser Val Leu Val Ile Ala Met Met Leu Phe

1 5 10 15

Ala Met Asn Cys Asn Cys Thr Ser Val Gly His Met Pro Ser Thr Lys

20 25 30

Glu Glu Gly His Asp Phe Gln Glu Ser Lys Ala Lys Thr Thr Gln Thr

35 40 45

Ala Asn Lys Ala Met Glu Thr Gly Lys Glu Gly Gln Glu Ala Ala Glu

50 55 60

Ser Trp Thr Glu Trp Ala Lys Glu Lys Leu Ser Glu Gly Leu Gly Phe

65 70 75 80

Lys His Asp Gln Glu Ser Lys Glu Ser Thr Thr Asn Lys Val Ser Asp

85 90 95

Tyr Ala Thr Asp Thr Ala Gln Lys Ser Lys Asp Tyr Ala Thr Asp Thr

100 105 110

Ala Gln Lys Ser Lys Asp Tyr Ala Gly Asp Ala Ala Gln Lys Ser Lys

115 120 125

Asp Tyr Ala Gly Asp Ala Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Asp

130 135 140

Thr Ala Gln Thr Ser Lys Asp Tyr Ala Gly Asp Ala Ala Gln Lys Ser

145 150 155 160

Lys Gly Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gln Lys Thr Lys Glu Tyr Val Gly

165 170 175

Asp Ala Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Thr Asp Ala Ala Gln Lys

180 185 190

Thr Lys Asp Tyr Ala Thr Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Asp Ala

195 200 205

Thr Asp Ala Ala Lys Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ala Gln Lys Thr Lys

210 215 220

Asp Tyr Ala Ser Glu Ala Ser Asp Val Ala Gln Asn Thr Lys Asp Tyr

225 230 235 240

Ala Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Gly Gly Ala Gln Lys Thr

245 250 255

Lys Asp Tyr Ala Ser Gly Gly Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser

260 265 270

Asp Ala Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Asp Gly Ala Gln Lys

275 280 285

Ser Lys Glu Tyr Ala Gly Asp Val Ala Leu Asn Ala Lys Asp Tyr Ala

290 295 300

Gln Lys Ser Lys Asp Tyr Ala Gly Asp Ala Ala Gln Asn Val Lys Asp

305 310 315 320

Tyr Ala Ser Asp Ala Val Gln Lys Arg Lys Glu Tyr Ser Gly Asp Ala

325 330 335

Ser His Lys Ser Lys Glu Ala Ser Asp Tyr Ala Ser Glu Thr Ala Lys

340 345 350

Lys Thr Lys Asp Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gln Arg Ser Lys Gly Ala

355 360 365

Ala Glu Tyr Ala Ser Asp Ala Ala Gln Arg Thr Lys Glu Tyr Ala Gly

370 375 380

Asp Ala Thr Lys Arg Ser Lys Glu Ala Ser Asn Asp His Ala Asn Asp

385 390 395 400

Met Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Asp Thr Ala Gln Arg Thr

405 410 415

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

420 425 430

Glu Lys Ala Arg Glu Met Lys Asp Ala Ala Ala Glu Lys Ala Ser Asp

435 440 445
Ile Ala Lys Ala Ala Lys Gln Lys Ser Gln Glu Val Lys Glu Lys Leu

450 455 460
Gly Gly Gln His Arg Asp Ala Glu Leu

465 470

<210> 619

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 619

Asp Tyr Ala Gly Asp Ala Ala Gln Asn Val Lys

1 5 10

<210> 620

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 620

Asp Tyr Ala Ser Asp Ala Ala Gln Lys

1 5

<210> 621

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 621

Asp Tyr Ala Ser Asp Ala Thr Asp Ala Ala Lys

1 5 10

<210> 622

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 622

Asp Tyr Ala Ser Asp Ala Val Gln Lys

1 5

<210> 623

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 623

Asp Tyr Ala Ser Asp Thr Ala Gln Arg Thr Lys

1 5 10

<210> 624

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 624

Asp Tyr Ala Ser Asp Thr Ala Gln Thr Ser Lys

1 5 10

<210> 625

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 625

Asp Tyr Ala Ser Glu Ala Ser Asp Val Ala Gln Asn Thr Lys

1 5 10

<210> 626

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 626

Asp Tyr Ala Thr Asp Ala Ala Gln Lys

1 5

<210> 627

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 627

Asp Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gln Arg Ser Lys

1 5 10

<210> 628

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 628

Glu Ala Ser Asp Tyr Ala Ser Glu Thr Ala Lys

1 5 10

<210> 629

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 629

Glu Tyr Ala Gly Asp Val Ala Leu Asn Ala Lys

1 5 10

<210> 630

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 630

Glu Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gln Lys

1 5

<210> 631

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 631

Gly Ala Ala Glu Tyr Ala Ser Asp Ala Ala Gln Arg Thr Lys

1 5 10

<210> 632

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 632

Gly Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gln Lys

1 5

<210> 633

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 633

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

1 5 10 15

<210> 634

<211>

> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 634

Leu Ser Glu Gly Leu Gly Phe Lys

1 5

<210> 635

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 635

Val Ser Asp Tyr Ala Thr Asp Thr Ala Gln Lys

1 5 10

<210> 636

<211> 1374

<212> DNA

<213> Glycine max

<220><221> CDS

<222> (1)..(1374)

<400> 636

atg gct tcg agg gtg gtt tcg gtt ttg gtg ata gcg atg atg ttg ttt

48

Met Ala Ser Arg Val Val Ser Val Leu Val Ile Ala Met Met Leu Phe

1	5	10	15	
gcc atg aac tgt aac tgc act agt gtt ggc cac atg cct tca acc aaa				96
Ala Met Asn Cys Asn Cys Thr Ser Val Gly His Met Pro Ser Thr Lys				
	20	25	30	
gag gaa ggt cac gat ttt cag gag gct aaa gcc aag aca aca caa act				144
Glu Glu Gly His Asp Phe Gln Glu Ala Lys Ala Lys Thr Thr Gln Thr				
	35	40	45	
gcg aac aag gcc atg gaa act ggt aaa gat ggg aaa gaa gcc gca gag				192
Ala Asn Lys Ala Met Glu Thr Gly Lys Asp Gly Lys Glu Ala Ala Glu				
	50	55	60	
tca tgg aca gaa tgg gct aaa gag aaa ctc act gaa ggt ctt ggc ttc				240
Ser Trp Thr Glu Trp Ala Lys Glu Lys Leu Thr Glu Gly Leu Gly Phe				
65	70	75	80	
aaa cat gat caa gaa tcc acc act aag aaa gtc tct gac tat gcc ggt				288
Lys His Asp Gln Glu Ser Thr Thr Lys Lys Val Ser Asp Tyr Ala Gly				
	85	90	95	
gat gct gct cag aaa tca aag gac tat gcc ggt gac act gct cag aaa				336
Asp Ala Ala Gln Lys Ser Lys Asp Tyr Ala Gly Asp Thr Ala Gln Lys				
	100	105	110	
acc aag gac tat gcc ggt gac act gct cag aaa acc aag gac tat gcc				384
Thr Lys Asp Tyr Ala Gly Asp Thr Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala				
	115	120	125	
ggt gac act gca cag aca tca aag gac tat gcc ggt gat gct gct cag				432
Gly Asp Thr Ala Gln Thr Ser Lys Asp Tyr Ala Gly Asp Ala Ala Gln				
	130	135	140	
aaa tca aag ggc tat gtc ggt gat gct gca caa aag acc aaa gaa tat				480
Lys Ser Lys Gly Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gln Lys Thr Lys Glu Tyr				
145	150	155	160	
gtt ggt gat gct gct cag aag acc atg gat tat gcc act gat gca gca				528
Val Gly Asp Ala Ala Gln Lys Thr Met Asp Tyr Ala Thr Asp Ala Ala				
	165	170	175	

cag aag acc aaa gat tat gct act cag aag act aag gac tat gca agt	576
Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Thr Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser	
180 185 190	
gat gca act gat gct gca aaa aag act aaa gat tat gct gct cag aag	624
Asp Ala Thr Asp Ala Ala Lys Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ala Gln Lys	
195 200 205	
acc aag gat tat gca agt gat gca act gat gct gca aaa aag act aag	672
Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Asp Ala Thr Asp Ala Ala Lys Lys Thr Lys	
210 215 220	
gat tat gct gcg cag aag acc aag gac tat gcc agt ggt ggt gcg cag	720
Asp Tyr Ala Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Gly Gly Ala Gln	
225 230 235 240	
aag acc aag gac tat gcc agt ggt gct gcg cag aag acc aag gac tat	768
Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Gly Ala Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr	
245 250 255	
gca agt gat gct gcg cag agg acc aag gac cat gca agt gat ggt gct	816
Ala Ser Asp Ala Ala Gln Arg Thr Lys Asp His Ala Ser Asp Gly Ala	
260 265 270	
caa aag agc aaa gaa tat gcg ggt gat gta gca cag aat gcc aaa gat	864
Gln Lys Ser Lys Glu Tyr Ala Gly Asp Val Ala Gln Asn Ala Lys Asp	
275 280 285	
tat gct caa aag agc aaa gat tat gcg ggt gat gct gta cag aat atc	912
Tyr Ala Gln Lys Ser Lys Asp Tyr Ala Gly Asp Ala Val Gln Asn Ile	
290 295 300	
aaa gat tat gca aat gat gca gcg cac aag agc aaa gat tat gct ggt	960
Lys Asp Tyr Ala Asn Asp Ala Ala His Lys Ser Lys Asp Tyr Ala Gly	
305 310 315 320	
gat gct tct cac aag agc aaa gaa gct tct gat tat gcc agt gag acg	1008
Asp Ala Ser His Lys Ser Lys Glu Ala Ser Asp Tyr Ala Ser Glu Thr	
325 330 335	
gct cag aag acc aaa gac tat gtt ggt gat gct gct cag aaa agc aaa	1056

Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gln Lys Ser Lys

340 345 350
gag gct tct gaa tat gct agt gat gcg gct cag agg acc aaa gag tat 1104

Glu Ala Ser Glu Tyr Ala Ser Asp Ala Ala Gln Arg Thr Lys Glu Tyr

355 360 365
gct ggt gat gcc acc aag aga agc aaa gag gct tct gat cat gcc aat 1152

Ala Gly Asp Ala Thr Lys Arg Ser Lys Glu Ala Ser Asp His Ala Asn

370 375 380

gac atg gct cgg aag acc aaa gac tac gcc agt gac act gct cag aga 1200

Asp Met Ala Arg Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Asp Thr Ala Gln Arg

385 390 395 400

acc aag gaa aaa ctc caa gac att gca tct gag gct ggt caa tac agt 1248

Thr Lys Glu Lys Leu Gln Asp Ile Ala Ser Glu Ala Gly Gln Tyr Ser

405 410 415

aca gag aag gcc aga gaa atg aag gat gca gca gca gag aag gct agt 1296

Thr Glu Lys Ala Arg Glu Met Lys Asp Ala Ala Ala Glu Lys Ala Ser

420 425 430

gac att gca aag gct gca aag caa aaa tca caa gag ctg aaa gac aaa 1344

Asp Ile Ala Lys Ala Ala Lys Gln Lys Ser Gln Glu Leu Lys Asp Lys

435 440 445

tta ggt gga caa cac cgg gat gct gag ctt 1374

Leu Gly Gly Gln His Arg Asp Ala Glu Leu

450 455

<210> 637

<211> 458

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 637

Met Ala Ser Arg Val Val Ser Val Leu Val Ile Ala Met Met Leu Phe

1 5 10 15

Ala Met Asn Cys Asn Cys Thr Ser Val Gly His Met Pro Ser Thr Lys

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

Gln Lys Ser Lys Glu Tyr Ala Gly Asp Val Ala Gln Asn Ala Lys Asp
 275 280 285
 Tyr Ala Gln Lys Ser Lys Asp Tyr Ala Gly Asp Ala Val Gln Asn Ile
 290 295 300

Lys Asp Tyr Ala Asn Asp Ala Ala His Lys Ser Lys Asp Tyr Ala Gly
 305 310 315 320
 Asp Ala Ser His Lys Ser Lys Glu Ala Ser Asp Tyr Ala Ser Glu Thr
 325 330 335
 Ala Gln Lys Thr Lys Asp Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gln Lys Ser Lys
 340 345 350
 Glu Ala Ser Glu Tyr Ala Ser Asp Ala Ala Gln Arg Thr Lys Glu Tyr
 355 360 365

Ala Gly Asp Ala Thr Lys Arg Ser Lys Glu Ala Ser Asp His Ala Asn
 370 375 380
 Asp Met Ala Arg Lys Thr Lys Asp Tyr Ala Ser Asp Thr Ala Gln Arg
 385 390 395 400
 Thr Lys Glu Lys Leu Gln Asp Ile Ala Ser Glu Ala Gly Gln Tyr Ser
 405 410 415
 Thr Glu Lys Ala Arg Glu Met Lys Asp Ala Ala Ala Glu Lys Ala Ser
 420 425 430

Asp Ile Ala Lys Ala Ala Lys Gln Lys Ser Gln Glu Leu Lys Asp Lys
 435 440 445
 Leu Gly Gly Gln His Arg Asp Ala Glu Leu
 450 455

<210> 638

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 638

Asp Tyr Ala Gly Asp Ala Val Gln Asn Ile Lys
 1 5 10

<210> 639

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 639

Asp Tyr Ala Ser Asp Ala Ala Gln Arg Thr Lys

1 5 10

<210> 640

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 640

Asp Tyr Ala Ser Asp Ala Thr Asp Ala Ala Lys

1 5 10

<210> 641

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 641

Asp Tyr Ala Ser Asp Thr Ala Gln Arg Thr Lys

1 5 10

<210> 642

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 642

Asp Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gln Lys

1 5

<210> 643

<211> 12

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 643

Glu Ala Ser Asp Tyr Ala Ser Glu Thr Ala Gln Lys

1 5 10

<210> 644

<211> 14

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 644

Glu Ala Ser Glu Tyr Ala Ser Asp Ala Ala Gln Arg Thr Lys

1 5 10

<210> 645

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 645

Glu Tyr Ala Gly Asp Val Ala Gln Asn Ala Lys

1 5 10

<210> 646

<211> 9

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 646

Gly Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gln Lys

1 5

<210> 647

<211> 15

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 647

Leu Gln Asp Ile Ala Ser Glu Ala Gly Gln Tyr Ser Thr Glu Lys

1 5 10 15

<210> 648

<211> 8

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 648

Leu Thr Glu Gly Leu Gly Phe Lys

1 5

<210> 649

<211> 11

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 649

Val Ser Asp Tyr Ala Gly Asp Ala Ala Gln Lys

1 5 10