(19) OFICINA ESPAÑOLA DE PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

(11) Número de publicación: **2 715 327**

(51) Int. CI.:

C12N 15/29 (2006.01)
C12P 7/64 (2006.01)
C12N 9/10 (2006.01)
C10L 1/02 (2006.01)
C12N 15/82 (2006.01)
A23K 20/147 (2006.01)

(12) TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA T3

(86) Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **22.10.2013 PCT/IB2013/059526**

(87) Fecha y número de publicación internacional: **08.05.2014 WO14068439**

(96) Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **22.10.2013 E 13851770 (1)**

(97) Fecha y número de publicación de la concesión europea: **05.12.2018 EP 2914726**

(54) Título: **Polinucleótidos, polipéptidos de aciltransferasa mejorados y métodos de uso**

(30) Prioridad:

30.10.2012 US 201261720119 P

(45) Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
03.06.2019

(73) Titular/es:

AGRESEARCH LIMITED (50.0%)
5th Floor, Tower Block Ruakura Research Centre
East Street
Hamilton, NZ y
NATIONAL RESEARCH COUNCIL OF CANADA (NRC) (50.0%)

(72) Inventor/es:

ROBERTS, NICHOLAS JOHN;
CURRAN, AMY CHRISTINA;
WINICHAYAKUL, SOMRUTAI;
ROLDAN, MARISSA;
SCOTT, RICHARD WILLIAM;
TAYLOR, DAVID, CHARLES y
MARILLIA, ELIZABETH-FRANCE

(74) Agente/Representante:

ISERN JARA, Jorge

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

DESCRIPCIÓN

Polinucleótidos, polipéptidos de aciltransferasa mejorados y métodos de uso

Campo técnico

La invención se refiere a composiciones y métodos para la manipulación de la producción de lípidos celulares y/o el perfil de lípidos celulares.

Antecedentes

El aceite vegetal es un producto económicamente importante, no solo debido a su amplia utilización en la industria alimentaria y como componente de ingredientes de piensos, sino que también tiene una amplia gama de aplicaciones como biocombustibles o en la fabricación de diversos productos nutracéuticos e industriales. Dentro de la propia planta, el aceite es esencial para llevar a cabo una serie de procesos metabólicos que son vitales para el crecimiento y el desarrollo, especialmente durante la germinación de las semillas y en las fases iniciales de crecimiento de la planta. Teniendo en cuenta su valor, existe un creciente interés de investigación dentro del campo de la biotecnología para mejorar la producción de aceite vegetal y hacer que el suministro sea más sostenible.

El componente principal del aceite vegetal es el triacilglicérido (TAG). Es la principal forma de almacenamiento de lípidos en las semillas oleaginosas y la principal fuente de energía para la germinación de semillas y el desarrollo de plántulas. La biosíntesis de TAG a través de la ruta de Kennedy implica etapas de acilación secuencial a partir del precursor sn-glicerol-3-fosfato (G3P). En primer lugar, el G3P se esterifica mediante una acil-CoA para formar ácido lisofosfatídico (LPA) en una reacción catalizada por glicerol-3-fosfato aciltransferasa (GPAT, EC 2.3.1.15). A esto le sigue una segunda etapa de acilación catalizada por la ácido lisofosfatídico aciltransferasa (LPAT; EC 2.3.1.51) formando ácido fosfatídico (PA), un intermedio clave en la biosíntesis de glicerolípidos. Después, el PA es desfosforilado por la enzima ácido fosfatídico fosfatasa (PAP; EC3.1.3.4) para liberar el precursor inmediato de TAG, el *sn*-1,2-diacilglicerol (DAG). Por último, el DAG es acilado en la posición *sn-3* por la enzima diacilglicerol aciltransferasa (DGAT; EC 2.3.1.20) para formar TAG.

Dado que esta última acción catalítica es la única etapa en la biosíntesis de TAG, la DGAT se denomina enzima formadora de triacilglicerol comprometida. Dado que DAG está ubicado en el punto de ramificación entre la biosíntesis de TAG y de fosfolípidos de membrana, DGAT potencialmente juega un papel decisivo en la regulación de la formación de TAG en la ruta de síntesis de glicerolípidos (Lung y Weselake, 2006, Lipids. diciembre de 2006; 41(12): 1073-88). Hay dos familias diferentes de proteínas DGAT. La primera familia de proteínas DGAT ("DGAT1") se relaciona con la acil-coenzima A:colesterol aciltransferasa ("ACAT") y se ha descrito en los documentos U.A. at. 6.100.077 y 6.344.548. Una segunda familia de proteínas DGAT ("DGAT2") no está relacionada con la familia DGAT1 y se describe en la publicación de patente PCT WO 2004/011671 publicada el 5 de febrero de 2004. Otras referencias a los genes DGAT y su uso en plantas incluyen los las publicaciones PCT No. WO2004/011.671, WO1898/055.631 y WO2000/001.713, y en la publicación de patente de Estados Unidos No. 20030115632.

DGAT1 es normalmente la principal enzima sintetizadora de TAG tanto en la semilla como en la hoja senescente (Kaup et al., 2002, Plant Physiol. 129 (4): 1616-26; para revisiones, véase Lung y Weselake 2006, Lipids. 41 (12): 1073-88; Cahoon et al., 2007, Current Opinion in Plant Biology. 10: 236-244; y Li et al., 2010, Lipids. 45: 145-157).

El aumento del rendimiento de los cultivos de semillas oleaginosas (colza, girasol, cártamo, soja, maíz, algodón, linaza, lino, etc.) ha sido un objetivo importante para la industria agrícola durante décadas. Se han probado muchos enfoques (incluyendo la cría tradicional y mutacional, así como la ingeniería genética), normalmente con un éxito modesto (Xu et al., 2008, Plant Biotechnol J., 6: 799-818 y referencias en su interior).

Aunque los biocombustibles líquidos ofrecen una promesa considerable, la realidad de utilizar material biológico se ve atenuada por los usos competitivos y las cantidades disponibles. En consecuencia, plantas y microorganismos genomanipulados para abordar esto es el foco de múltiples grupos de investigación; en particular, la acumulación de triacilglcerol (TAG) en tejidos vegetativos y levaduras y bacterias oleaginosas (Fortman et al., 2008, Trends Biotechnol 26, 375-381; Ohlrogge et al., 2009, Science 324, 1019-1020). El TAG es un lípido neutro con el doble de la densidad energética de la celulosa y se puede usar para generar biodiesel, un biocombustible deseable de alta densidad energética con uno de los procesos de fabricación más simples y eficientes. La acumulación de TAG genotecnológico en las hojas hasta ahora ha dado como resultado un aumento de 5-20 veces con respecto al tipo silvestre, utilizando diversas estrategias que incluyen: la sobreexpresión de los factores de transcripción del desarrollo de semillas (LEC1, LEC2 y WRI1); silenciamiento de APS (un gen clave implicado en la biosíntesis de almidón); mutación de CGI-58 (un regulador de la acumulación de lípidos neutros); y la regulación positiva de la enzima de síntesis de TAG, DGAT (diacilglicerol O aciltransferasa, EC 2.3.1.20) en plantas y también en levaduras (Andrianov et al., 2009, Plant Biotech J 8, 1-11; Mu et al., 2008, Plant Physiol 148, 1042-1054; Sanjaya et al., 2011, Plant Biotech J 9, 874-883; Santos-Mendoza, et al., 2008, Plant J 54, 608-620; James et al., 2010, Proc. Natl. Acad. Sci. EE.UU. 107, 17833-17838; Beopoulos et al., 2011, Appl Microbiol Biotechnol 90, 1193-1206; Bouvier-Navé et al., 2000, Eur J Biochem 267, 85-96; Durrett et al., 2008, Plant J 54, 593-607). Sin embargo, se ha reconocido que para conseguir mayores aumentos

en TAG, prevenir su catabolismo puede ser crucial en tejidos no oleaginosos y en una gama de fases de desarrollo (Yang y Ohlrogge, 2009, Plant Physiol 150, 1981-1989).

Manipular positivamente el rendimiento y la calidad de los triacilglicéridos (TAG) en eucariotas es difícil de conseguir. La enzima diacilglicerol-O-aciltransferasa (DGAT) tiene la actividad específica más baja de las enzimas de la ruta de Kennedy y se considera un "cuello de botella" en la síntesis de TAG.

Se han realizado intentos previos para mejorar DGAT1 mediante métodos biotecnológicos, con un éxito limitado. Por ejemplo, Nykiforuk et al., (2002, Biochimica et Biophysica Acta 1580: 95-109) informaron sobre el truncamiento *N*-terminal de la DGAT1 de *Brassica napus* pero informaron una actividad aproximadamente un 50 % más baja. McFie et al., (2010, JBC., 285: 37377-37387) informaron de que el truncamiento *N*-terminal de la DGAT1 de ratón produjo un aumento de la actividad específica de la enzima, pero también informaron de una gran disminución en el nivel de proteína que se acumulaba.

Xu et al., (2008, Plant Biotechnology Journal, 6:799-818) identificaron recientemente una secuencia de consenso (X-Leu-X-Lys-XX-Ser-XXX-Val) dentro de secuencia de DGAT1 de *Tropaeolum majus* (capuchina de jardín) (TmDGAT1)), como un motivo de direccionamiento típico de los miembros de la proteína cinasa-1 relacionada con SNF1 (SnRK1), siendo Ser el residuo para fosforilación. Las proteínas SnRK1 son una clase de Ser/Thr proteína cinasas que se han implicado cada vez más en la regulación global del metabolismo del carbono en las plantas, por ejemplo, la inactivación de la sacarosa fosfato sintasa por fosforilación (Halford & Hardie 1998, Plant Mol Biol. 37: 735-48. Revisión). Xu et al., (2008, Plant Biotechnology Journal, 6:799-818) realizaron mutagénesis dirigida al sitio en seis supuestas regiones/motivos funcionales de la enzima TmDGAT1. La mutagénesis de un residuo de serina (S197) en un supuesto sitio diana de SnRK1 dio como resultado un aumento del 38 %-80 % en la actividad de DGAT1, y la sobreexpresión de TmDGAT1 mutada en Arabidopsis produjo un aumento del 20 %-50 % en el contenido de aceite por semilla.

Kamisaka, et al. (2010. Applied microbiology and biotechnology 88.1 (2010): 105-115) describe como

Sería beneficioso proporcionar formas mejoradas de DGAT1, que superen una o más de las deficiencias en la técnica anterior, y que se puedan usar para aumentar la producción de aceite celular.

Es un objetivo de la invención proporcionar proteínas DGAT1 mejoradas y métodos para su uso para alterar al menos uno de la producción de lípidos celulares y el perfil de lípidos celulares, y/o al menos proporcionar al público una opción útil.

Sumario de la invención

Los inventores han demostrado que es posible producir proteínas DGAT1 quiméricas con propiedades ventajosas respecto a cualquiera de las moléculas DGAT1 parentales usadas para producir las proteínas DGAT1 quiméricas. Las proteínas DGAT1 quiméricas de la invención pueden expresarse en células para alterar el contenido de lípidos y el perfil de lípidos de las células, u organismos que contienen las células.

Polinucleótido que codifica un polipéptido

En el primer aspecto, la invención proporciona una célula, célula vegetal o planta que comprende un polinucleótido que codifica una proteína DGAT1 quimérica que comprende:

a) en su extremo *N*-terminal, una parte X-terminal de una primera proteína DGAT1 vegetal, y
b) en su extremo *C*-terminal, una parte *C*-terminal de una segunda proteína DGAT1 vegetal,

en donde la unión entre la parte *N*-terminal de la primera proteína DGAT1 y la parte C-terminal de la segunda proteína DGAT1 está cadena arriba del primer dominio transmembrana en la segunda proteína DGAT1 vegetal.
y en donde la célula, la célula vegetal o la planta producen más triacilglicérido (TAG) que una célula, célula vegetal o planta de control.

En una realización, la proteína DGAT1 quimérica tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a la primera DGAT1, la segunda DGAT1 o tanto la primera DGAT1 como la segunda DGAT1.

En una realización adicional, la proteína DGAT1 quimérica tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a la primera DGAT1.

En una realización adicional, la proteína DGAT1 quimérica tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a la segunda DGAT1.

En una realización adicional, la proteína DGAT1 quimérica tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a tanto la primera DGAT1 como la segunda DGAT1.

En una realización, la parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1 es la región citoplásmica *N*-terminal de la primera proteína DGAT1. En una realización, la región citoplásmica *N*-terminal de la primera proteína DGAT1 se extiende desde el extremo N de la primera proteína DGAT1 hasta el extremo del dominio de unión a acil-CoA de la primera proteína DGAT1. En una realización adicional, la región citoplásmica *N*-terminal de la primera proteína DGAT1 es la región cadena arriba del primer dominio transmembrana.

La posición del dominio de unión a acil-CoA y el primer dominio transmembrana, para una serie de proteínas DGAT1, se muestra en la figura 3.

En una realización adicional, la unión entre la parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1 y la parte *C*-terminal de una segunda proteína DGAT1 está en el sitio de unión a acil-CoA de la primera y la segunda proteína DGAT1.

En una realización adicional, la unión entre la parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1 y la parte *C*-terminal de una segunda proteína DGAT1 está en una posición correspondiente en el sitio de unión a acil-CoA de la primera y la segunda proteína DGAT1.

En una realización, la unión entre la parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1 y la parte *C*-terminal de una segunda proteína DGAT1 está dentro de la LSS (Leu-Ser-Ser) conservada en el sitio de unión a acil-CoA de la primera y la segunda proteína DGAT1.

En una realización preferida, la DGAT1 quimérica tiene un sitio de unión a acil-CoA intacto.

En una realización, el sitio de unión a acil-CoA en la DGAT1 quimérica es de la misma longitud que el sitio de unión a acil-CoA en la primera proteína DGAT1.

En una realización adicional, el sitio de unión a acil-CoA en la DGAT1 quimérica es de la misma longitud que el sitio de unión a acil-CoA en la segunda proteína DGAT1.

En una realización preferida, el sitio de unión a acil-CoA en la DGAT1 quimérica es de la misma longitud que el sitio de unión a acil-CoA en la primera y la segunda proteína DGAT1.

En una realización adicional, el polipéptido de la invención, cuando se expresa en la célula, tiene una especificidad de sustrato alterada con respecto a al menos una de las primera y segunda proteínas DGAT1.

Construcción

La divulgación proporciona una construcción genética que comprende un polinucleótido de la invención como se ha descrito anteriormente.

Células

En una realización adicional, la invención proporciona una célula que comprende un polinucleótido de la invención.

En una realización preferida, la célula expresa la DGAT1 quimérica.

En una realización, la proteína DGAT1 quimérica, cuando se expresa en la célula, tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada,
ii) estabilidad aumentada,
iii) propiedades de oligomerización alteradas,
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales, y
v) propiedades de direccionamiento subcelular sustancialmente normales

con respecto a la primera DGAT1, la segunda DGAT1 o tanto la primera DGAT1 como la segunda DGAT1.

En una realización, la proteína DGAT1 quimérica, cuando se expresa en la célula, tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada,
ii) estabilidad aumentada,
iii) propiedades de oligomerización alteradas,
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales, y
v) propiedades de direccionamiento subcelular sustancialmente normales

con respecto a la primera DGAT1, cuando se expresa en una célula.

En una realización, la proteína DGAT1 quimérica, cuando se expresa en la célula, tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada,
ii) estabilidad aumentada,
iii) propiedades de oligomerización alteradas,
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales, y
v) propiedades de direccionamiento subcelular sustancialmente normales

con respecto a la segunda DGAT1, cuando se expresa en una célula.

En una realización adicional, la proteína DGAT1 quimérica tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a tanto la primera DGAT1 como la segunda DGAT1.

La célula produce más TAG que una célula de control.

En una realización, la célula produce al menos un 5 % más, al menos un 10 % más, al menos un 15 % más, al menos un 20 % más, al menos un 25 % más, al menos un 30 % más, al menos un 35 % más, al menos un 40 % más, al menos un 45 % más, al menos un 50 % más, al menos un 55 % más, al menos un 60 % más, al menos un 65 % más, al menos un 70 % más, al menos un 75 % más, al menos un 80 % más, al menos un 85 % más, al menos un 90 % más, preferentemente al menos un 95 % más, preferentemente al menos un 100 % más, al menos un 105 % más, al menos un 110 % más, al menos un 115 % más, al menos un 120 % más, al menos un 125 % más, al menos un 130 % más, al menos un 135 % más, al menos un 140 % más, al menos un 145 % más, al menos un 150 % más lípido que una célula de control.

En una realización adicional, la célula tiene un perfil lipídico alterado con respecto a una célula de control.

En una realización, la proporción de 16:0 en el triacilglicerol está alterada con respecto a la de una célula de control.

En una realización, la proporción de 16:0 en el triacilglicerol está alterada en al menos el 1 %, preferentemente al menos el 2 %, más preferentemente al menos el 3 %, más preferentemente al menos el 4 %, más preferentemente al menos el 5 %, más preferentemente al menos el 6 %, más preferentemente al menos el 7 %, más preferentemente al menos el 8 %, más preferentemente al menos el 9 %, más preferentemente al menos el 10 %, más preferentemente al menos el 11 %, más preferentemente al menos el 12 %, más preferentemente al menos el 13 %, más preferentemente al menos el 14 %, más preferentemente al menos el 15 %, más preferentemente al menos el 16 %, más preferentemente al menos el 17 %, más preferentemente al menos el 18 %, más preferentemente al menos el 19 %, más preferentemente al menos el 20 %, con respecto a la de una célula de control.

En una realización adicional, el perfil lipídico alterado tiene una proporción de 16:0 en el triacilglicerol en el intervalo del 6 % al 16 %. En esta realización, la proporción de 16:0 en el triacilglicerol está alterada en el intervalo del 6 % al 16 %.

En una realización adicional, la proporción de 18:0 en el triacilglicerol está alterada con respecto a la de una célula de control.

En una realización, la proporción de 18:0 en el triacilglicerol está alterada en al menos el 1 %, preferentemente al menos el 2 %, más preferentemente al menos el 3 %, más preferentemente al menos el 4 %, más preferentemente al menos el 5 %, más preferentemente al menos el 6 %, más preferentemente al menos el 7 %, más preferentemente al menos el 8 %, más preferentemente al menos el 9 %, más preferentemente al menos el 10 %, más preferentemente al menos el 11 %, más preferentemente al menos el 12 %, más preferentemente al menos el 13 %, más preferentemente al menos el 14 %, más preferentemente al menos el 15 %, más preferentemente al menos el 16 %, más preferentemente al menos el 17 %, más preferentemente al menos el 18 %, más preferentemente al menos el 19 %, más preferentemente al menos el 20 %, con respecto a la de una célula de control.

En una realización adicional, el perfil lipídico alterado tiene una proporción de 18:0 en el triacilglicerol en el intervalo del 7 % al 15 %. En esta realización, la proporción de 18:0 en el triacilglicerol está alterada en el intervalo del 7 % al 15 %.

En una realización adicional, la proporción de 18:1 en el triacilglicerol está alterada con respecto a la de una célula de control.

En una realización, la proporción de 18:1 en el triacilglicerol está alterada en al menos el 1 %, preferentemente al menos el 2 %, más preferentemente al menos el 3 %, más preferentemente al menos el 4 %, más preferentemente al menos el 5 %, más preferentemente al menos el 6 %, más preferentemente al menos el 7 %, más preferentemente al menos el 8 %, más preferentemente al menos el 9 %, más preferentemente al menos el 10 %, más preferentemente al menos el 11 %, más preferentemente al menos el 12 %, más preferentemente al menos el 13 %, más preferentemente al menos el 14 %, más preferentemente al menos el 15 %, más preferentemente al menos el 16 %, más preferentemente al menos el 17 %, más preferentemente al menos el 18 %, más preferentemente al menos el 19 %, más preferentemente al menos el 20 %, con respecto a la de una célula de control.

En una realización adicional, el perfil lipídico alterado tiene una proporción de 18:1 en el triacilglicerol en el intervalo del 39 % al 55 %. En esta realización, la proporción de 18:1 en el triacilglicerol está alterada en el intervalo del 39 % al 55 %.

La célula de control puede ser cualquier célula del mismo tipo que no esté transformada con el polinucleótido, o construcción, de la invención para expresar la DGAT1 quimérica.

En una realización, la célula de control es una célula no transformada. En una realización adicional, la célula de control es una célula transformada para expresar la primera DGAT1. En una realización adicional, la célula de control es una célula transformada para expresar la segunda DGAT1.

Células también transformadas para expresar una oleosina

En una realización, la célula también está transformada para expresar al menos una de: una oleosina, esteroleosina, caloleosina, polioleosina y una oleosina que incluye al menos una cisteína introducida artificialmente (WO2011/053169).

Planta

En una realización adicional, la invención proporciona una planta que comprende un polinucleótido de la invención.

En una realización preferida, la planta expresa la DGAT1 quimérica.

En una realización, la proteína DGAT1 quimérica, cuando se expresa en la planta, tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada,
ii) estabilidad aumentada,
iii) propiedades de oligomerización alteradas,
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales, y
v) propiedades de direccionamiento subcelular sustancialmente normales

con respecto a la primera DGAT1, la segunda DGAT1 o tanto la primera DGAT1 como la segunda DGAT1.

En una realización, la proteína DGAT1 quimérica, cuando se expresa en la planta, tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada,
ii) estabilidad aumentada,
iii) propiedades de oligomerización alteradas,
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales, y
v) propiedades de direccionamiento subcelular sustancialmente normales

con respecto a la primera DGAT1.

En una realización, la proteína DGAT1 quimérica, cuando se expresa en la planta, tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada,
ii) estabilidad aumentada,
iii) propiedades de oligomerización alteradas,
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales, y
v) propiedades de direccionamiento subcelular sustancialmente normales

con respecto a la segunda DGAT1.

En una realización, la proteína DGAT1 quimérica, cuando se expresa en la planta, tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada,
ii) estabilidad aumentada,
iii) propiedades de oligomerización alteradas,
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales, y
v) propiedades de direccionamiento subcelular sustancialmente normales

con respecto a tanto la primera DGAT1 como la segunda DGAT1.

En una realización, la proteína DGAT1 quimérica, cuando se expresa en la planta, tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada,
ii) estabilidad aumentada,
iii) propiedades de oligomerización alteradas,
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales, y
v) propiedades de direccionamiento subcelular sustancialmente normales

con respecto a tanto la primera DGAT1 como la segunda DGAT1.

La planta produce más TAG, en al menos uno de sus tejidos o partes, que el tejido o parte equivalente en una planta de control.

En una realización, la planta produce al menos un 5 % más, al menos un 10 % más, al menos un 15 % más, al menos un 20 % más, al menos un 25 % más, al menos un 30 % más, al menos un 35 % más, al menos un 40 % más, al menos un 45 % más, al menos un 50 % más, al menos un 55 % más, al menos un 60 % más, al menos un 65 % más, al menos un 70 % más, al menos un 75 % más, al menos un 80 % más, al menos un 85 % más, al menos un 90 % más, preferentemente al menos un 95 % más, preferentemente al menos un 100 % más, al menos un 105 % más, al menos un 110 % más, al menos un 115 % más, al menos un 120 % más, al menos un 125 % más, al menos un 130 % más, al menos un 135 % más, al menos un 140 % más, al menos un 145 % más, al menos un 150 % más lípido que una célula de control.

En una realización, el tejido es un tejido vegetativo. En una realización, la parte es una hoja. En una realización adicional, la parte es una raíz. En una realización adicional, la parte es un tubérculo. En una realización adicional, la parte es un bulbo. En una realización adicional, la parte es un tallo. En una realización adicional, la parte es un tallo de una planta monocotiledónea. En una realización adicional, la parte es un stovum (tallo y limbo de la hoja).

En una realización preferida, el tejido es tejido de semilla. En una realización preferida, la parte es una semilla. En una realización preferida, el tejido es tejido del endospermo.

En una realización adicional, la planta en su conjunto produce más lípidos que la planta de control en su conjunto.

En una realización adicional, la planta tiene un lípido alterado, en al menos uno de sus tejidos o partes, con respecto a una planta de control.

En una realización, la proporción de 16:0 en el triacilglicerol está alterada con respecto a la de una planta de control.

En una realización, la proporción de 16:0 en el triacilglicerol está alterada en al menos el 1 %, preferentemente al menos el 2 %, más preferentemente al menos el 3 %, más preferentemente al menos el 4 %, más preferentemente al menos el 5 %, más preferentemente al menos el 6 %, más preferentemente al menos el 7 %, más preferentemente al menos el 8 %, más preferentemente al menos el 9 %, más preferentemente al menos el 10 %, más preferentemente al menos el 11 %, más preferentemente al menos el 12 %, más preferentemente al menos el 13 %, más preferentemente al menos el 14 %, más preferentemente al menos el 15 %, más preferentemente al menos el 16 %, más preferentemente al menos el 17 %, más preferentemente al menos el 18 %, más preferentemente al menos el 19 %, más preferentemente al menos el 20 %, con respecto a la de una célula de control.

En una realización, el perfil lipídico alterado tiene una proporción de 16:0 en el triacilglicerol en el intervalo del 6 % al 16 %. En esta realización, la proporción de 16:0 en el triacilglicerol está alterada en el intervalo del 6 % al 16 %.

En una realización adicional, la proporción de 18:0 en el triacilglicerol está alterada con respecto a la de una planta de control.

En una realización, la proporción de 18:0 en el triacilglicerol está alterada en al menos el 1 %, preferentemente al menos el 2 %, más preferentemente al menos el 3 %, más preferentemente al menos el 4 %, más preferentemente al menos el 5 %, más preferentemente al menos el 6 %, más preferentemente al menos el 7 %, más preferentemente al menos el 8 %, más preferentemente al menos el 9 %, más preferentemente al menos el 10 %, más preferentemente al menos el 11 %, más preferentemente al menos el 12 %, más preferentemente al menos el 13 %, más preferentemente al menos el 14 %, más preferentemente al menos el 15 %, más preferentemente al menos el 16 %, más preferentemente al menos el 17 %, más preferentemente al menos el 18 %, más preferentemente al menos el 19 %, más preferentemente al menos el 20 %, con respecto a la de una célula de control.

En una realización, el perfil lipídico alterado tiene una proporción de 18:0 en el triacilglicerol en el intervalo del 7 % al 15 %. En esta realización, la proporción de 18:0 en el triacilglicerol está alterada en el intervalo del 7 % al 15 %.

En una realización adicional, la proporción de 18:1 en el triacilglicerol está alterada con respecto a la de una planta de control.

En una realización, la proporción de 18:1 en el triacilglicerol está alterada en al menos el 1 %, preferentemente al menos el 2 %, más preferentemente al menos el 3 %, más preferentemente al menos el 4 %, más preferentemente al menos el 5 %, más preferentemente al menos el 6 %, más preferentemente al menos el 7 %, más preferentemente al menos el 8 %, más preferentemente al menos el 9 %, más preferentemente al menos el 10 %, más preferentemente al menos el 11 %, más preferentemente al menos el 12 %, más preferentemente al menos el 13 %, más preferentemente al menos el 14 %, más preferentemente al menos el 15 %, más preferentemente al menos el 16 %, más preferentemente al menos el 17 %, más preferentemente al menos el 18 %, más preferentemente al menos el 19 %, más preferentemente al menos el 20 %, con respecto a la de una célula de control.

En una realización, el perfil lipídico alterado tiene una proporción de 18:1 en el triacilglicerol en el intervalo del 39 % al 55 %. En esta realización, la proporción de 18:1 en el triacilglicerol está alterada en el intervalo del 39 % al 55 %.

En una realización, el tejido es un tejido vegetativo. En una realización, la parte es una hoja. En una realización adicional, la parte es una raíz. En una realización adicional, la parte es un tubérculo. En una realización adicional, la parte es un bulbo. En una realización adicional, la parte es un tallo. En una realización adicional, la parte es un tallo de una planta monocotiledónea. En una realización adicional, la parte es un stovum (tallo y limbo de la hoja).

En una realización preferida, el tejido es tejido de semilla. En una realización preferida, la parte es una semilla. En una realización preferida, el tejido es tejido del endospermo.

En una realización adicional, la planta en su conjunto tiene un perfil lipídico alterado con respecto a la planta de control en su conjunto.

La planta de control puede ser cualquier planta del mismo tipo que no esté transformada con el polinucleótido, o construcción, de la invención para expresar la DGAT1 quimérica.

En una realización, la planta de control es una planta no transformada. En una realización adicional, la planta de control es una planta transformada para expresar la primera DGAT1. En una realización adicional, la planta de control es una planta transformada para expresar la segunda DGAT1.

Planta también transformada para expresar una oleosina

En una realización, la planta también está transformada para expresar al menos una de: una oleosina, esteroleosina, caloleosina, polioleosina y una oleosina que incluye al menos una cisteína introducida artificialmente (WO 2011/053169).

Polipéptido

En un aspecto adicional, la invención proporciona una proteína DGAT1 quimérica producida por la expresión del polinucleótido de la invención descrito anteriormente en una célula, célula vegetal o planta, en donde la proteína DGAT1 quimérica es capaz de aumentar la producción de TAG en la célula, célula vegetal o planta, con respecto a la de la célula, célula vegetal o planta de control.

En una realización, la proteína DGAT1 quimérica tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a la primera DGAT1, la segunda DGAT1 o tanto la primera DGAT1 como la segunda DGAT1.

En una realización adicional, la proteína DGAT1 quimérica tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a la primera DGAT1.

En una realización adicional, la proteína DGAT1 quimérica tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a la segunda DGAT1.

En una realización, la proteína DGAT1 quimérica, cuando se expresa en la planta, tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada,
ii) estabilidad aumentada,
iii) propiedades de oligomerización alteradas,
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales, y
v) propiedades de direccionamiento subcelular sustancialmente normales

con respecto a tanto la primera DGAT1 como la segunda DGAT1.

En una realización, la parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1 es la región citoplásmica *N*-terminal de la primera proteína DGAT1. En una realización, la región citoplásmica *N*-terminal de la primera proteína DGAT1 se extiende desde el extremo N de la primera proteína DGAT1 hasta el extremo del dominio de unión a acil-CoA de la primera proteína DGAT1. En una realización adicional, la región citoplásmica *N*-terminal de la primera proteína DGAT1 es la región cadena arriba del primer dominio transmembrana.

La posición del dominio de unión a acil-CoA y el primer dominio transmembrana, para una serie de proteínas DGAT1, se muestra en la figura 3.

En una realización, la unión entre la parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1 y la parte *C*-terminal de una segunda proteína DGAT1 está en el sitio de unión a acil-CoA de la primera y la segunda proteína DGAT1.

En una realización adicional, la unión entre la parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1 y la parte *C*-terminal de una segunda proteína DGAT1 está en una posición correspondiente en el sitio de unión a acil-CoA de la primera y la segunda proteína DGAT1.

En una realización, la unión entre la parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1 y la parte *C*-terminal de una segunda proteína DGAT1 está dentro de la LSS (Leu-Ser-Ser) conservada en el sitio de unión a acil-CoA de la primera y la segunda proteína DGAT1.

En una realización preferida, la DGAT1 quimérica tiene un sitio de unión a acil-CoA intacto.

En una realización, el sitio de unión a acil-CoA en la DGAT1 quimérica es de la misma longitud que el sitio de unión a acil-CoA en la primera proteína DGAT1.
En una realización adicional, el sitio de unión a acil-CoA en la DGAT1 quimérica es de la misma longitud que el sitio de unión a acil-CoA en la segunda proteína DGAT1.

En una realización preferida, el sitio de unión a acil-CoA en la DGAT1 quimérica es de la misma longitud que el sitio de unión a acil-CoA en la primera y la segunda proteína DGAT1.

Método para producir una DCAT1 quimérica

En el presente documento se describe un método para producir una proteína DGAT1 quimérica, comprendiendo el método combinar:

a) una parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1, y
b) una parte *C*-terminal de una segunda proteína DGAT1.

La proteína DGAT1 quimérica comprende:

a) en su extremo *N*-terminal, la parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1, y
b) en su extremo *C*-terminal, la parte *C*-terminal de una segunda proteína DGAT1.

La proteína DGAT1 quimérica puede tener al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a la primera DGAT1, la segunda DGAT1 o tanto la primera DGAT1 como la segunda DGAT1.

La proteína DGAT1 quimérica puede tener al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a la primera DGAT1.

La proteína DGAT1 quimérica puede tener al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales con respecto a la segunda DGAT1.

La proteína DGAT1 quimérica puede tener al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada

iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a tanto la primera DGAT1 como la segunda DGAT1.

El método puede comprender ensayar al menos uno de

i) actividad
ii) estabilidad
iii) propiedades de oligomerización
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares
v) propiedades de direccionamiento celular

de la proteína DGAT1 quimérica.

El método puede comprender la etapa de seleccionar una proteína DGAT1 quimérica que tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a la primera DGAT1, la segunda DGAT1 o tanto la primera DGAT1 como la segunda DGAT1.

El método puede comprender la etapa de seleccionar una proteína DGAT1 quimérica que tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a la primera proteína DGAT1.

El método puede comprender la etapa de seleccionar una proteína DGAT1 quimérica que tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a la segunda proteína DGAT1.

El método puede comprender la etapa de seleccionar una proteína DGAT1 quimérica que tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales

con respecto a tanto la primera DGAT1 como la segunda DGAT1.

La parte *N*-terminal de la primera proteína DGAT1 puede ser la región citoplásmica *N*-terminal de la primera proteína DGAT1. La región citoplásmica *N*-terminal de la primera proteína DGAT1 puede extenderse desde el extremo N de la primera proteína DGAT1 hasta el extremo del dominio de unión a acil-CoA de la primera proteína DGAT1.

La región citoplásmica *N*-terminal de la primera proteína DGAT1 puede ser la región cadena arriba del primer dominio transmembrana.

La posición del dominio de unión a acil-CoA y el primer dominio transmembrana, para una serie de proteínas DGAT1, se muestra en la figura 3.

La unión entre la parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1 y la parte *C*-terminal de una segunda proteína DGAT1 está cadena arriba del primer dominio transmembrana.

La unión entre la parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1 y la parte *C*-terminal de una segunda proteína DGAT1 puede estar en el sitio de unión a acil-CoA de la primera y la segunda proteína DGAT1.

La unión entre la parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1 y la parte *C*-terminal de una segunda proteína DGAT1 puede estar en una posición correspondiente en el sitio de unión a acil-CoA de la primera y la segunda proteína DGAT1.

La unión entre la parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1 y la parte *C*-terminal de una segunda proteína DGAT1 puede estar dentro de la LSS (Leu-Ser-Ser) conservada en el sitio de unión a acil-CoA de la primera y la segunda proteína DGAT1.

La DGAT1 quimérica puede tener un sitio de unión a acil-CoA intacto.

El sitio de unión a acil-CoA en la DGAT1 quimérica puede ser de la misma longitud que el sitio de unión a acil-CoA en la primera proteína DGAT1.

El sitio de unión a acil-CoA en la DGAT1 quimérica puede ser de la misma longitud que el sitio de unión a acil-CoA en la segunda proteína DGAT1.

El sitio de unión de acil-CoA en la DGAT1 quimérica puede ser de la misma longitud que el sitio de unión a acil-CoA en la primera y la segunda proteína DGAT1.

Partes de planta

En una realización adicional, la invención proporciona una parte, propágulo o progenie de una planta de la invención, en donde la parte, propágulo o progenie comprende al menos uno del polinucleótido y la proteína DGAT1 quimérica, en donde la parte, propágulo o progenie produce más TAG que una parte, propágulo o progenie de control.

En una realización preferida, la parte, propágulo o progenie expresa al menos uno de un polinucleótido, o polipéptido de la invención.

En una realización preferida, la parte, propágulo o progenie expresa una proteína DGAT1 quimérica de la invención.

La parte, propágulo o progenie produce más TAG que una parte, propágulo o progenie de control, o parte, propágulo o progenie de una planta de control.

En una realización, la parte, propágulo o progenie produce al menos un 5 % más, al menos un 10 % más, al menos un 15 % más, al menos un 20 % más, al menos un 25 % más, al menos un 30 % más, al menos un 35 % más, al menos un 40 % más, al menos un 45 % más, al menos un 50 % más, al menos un 55 % más, al menos un 60 % más, al menos un 65 % más, al menos un 70 % más, al menos un 75 % más, al menos un 80 % más, al menos un 85 % más, al menos un 90 % más, preferentemente al menos un 95 % más, preferentemente al menos un 100 % más, al menos un 105 % más, al menos un 110 % más, al menos un 115 % más, al menos un 120 % más, al menos un 125 % más, al menos un 130 % más, al menos un 135 % más, al menos un 140 % más, al menos un 145 % más, al menos un 150 % más lípido que una parte, propágulo o progenie de control, o parte, propágulo o progenie de una planta de control.

En una realización preferida, la parte, propágulo o progenie tiene un perfil lipídico alterado con respecto a una parte, propágulo o progenie de control, o parte, propágulo o progenie de una planta de control.

En una realización, la proporción de 16:0 en el triacilglicerol está alterada con respecto a la de una parte, propágulo o progenie de control, o parte, propágulo o progenie de una planta de control.

En una realización, la proporción de 16:0 en el triacilglicerol está alterada en al menos el 1 %, preferentemente al menos el 2 %, más preferentemente al menos el 3 %, más preferentemente al menos el 4 %, más preferentemente al menos el 5 %, más preferentemente al menos el 6 %, más preferentemente al menos el 7 %, más preferentemente al menos el 8 %, más preferentemente al menos el 9 %, más preferentemente al menos el 10 %, más preferentemente al menos el 11 %, más preferentemente al menos el 12 %, más preferentemente al menos el 13 %, más preferentemente al menos el 14 %, más preferentemente al menos el 15 %, más preferentemente al menos el 16 %, más preferentemente al menos el 17 %, más preferentemente al menos el 18 %, más preferentemente al menos el 19 %, más preferentemente al menos el 20 %, con respecto a la de una parte, propágulo o progenie de control, o parte, propágulo o progenie de una planta de control.

En una realización adicional, el perfil lipídico alterado tiene una proporción de 16:0 en el triacilglicerol en el intervalo del 6 % al 16 %. En esta realización, la proporción de 16:0 en el triacilglicerol está alterada en el intervalo del 6 % al 16 %.

En una realización adicional, la proporción de 18:0 en el triacilglicerol está alterada con respecto a la de una parte, propágulo o progenie de control, o parte, propágulo o progenie de una planta de control.

En una realización, la proporción de 18:0 en el triacilglicerol está alterada en al menos el 1 %, preferentemente al menos el 2 %, más preferentemente al menos el 3 %, más preferentemente al menos el 4 %, más preferentemente al menos el 5 %, más preferentemente al menos el 6 %, más preferentemente al menos el 7 %, más preferentemente al menos el 8 %, más preferentemente al menos el 9 %, más preferentemente al menos el 10 %, más preferentemente al menos el 11 %, más preferentemente al menos el 12 %, más preferentemente al menos el 13 %, más preferentemente al menos el 14 %, más preferentemente al menos el 15 %, más preferentemente al menos el 16 %, más preferentemente al menos el 17 %, más preferentemente al menos el 18 %, más preferentemente al menos el 19 %, más preferentemente al menos el 20 %, con respecto a la de una parte, propágulo o progenie de control, o parte, propágulo o progenie de una planta de control.

En una realización adicional, el perfil lipídico alterado tiene una proporción de 18:0 en el triacilglicerol en el intervalo del 7 % al 15 %. En esta realización, la proporción de 18:0 en el triacilglicerol está alterada en el intervalo del 7 % al 15 %.

En una realización adicional, la proporción de 18:1 en el triacilglicerol está alterada con respecto a la de una parte, propágulo o progenie de control, o parte, propágulo o progenie de una planta de control.

En una realización, la proporción de 18:1 en el triacilglicerol está alterada en al menos el 1 %, preferentemente al menos el 2 %, más preferentemente al menos el 3 %, más preferentemente al menos el 4 %, más preferentemente al menos el 5 %, más preferentemente al menos el 6 %, más preferentemente al menos el 7 %, más preferentemente al menos el 8 %, más preferentemente al menos el 9 %, más preferentemente al menos el 10 %, más preferentemente al menos el 11 %, más preferentemente al menos el 12 %, más preferentemente al menos el 13 %, más preferentemente al menos el 14 %, más preferentemente al menos el 15 %, más preferentemente al menos el 16 %, más preferentemente al menos el 17 %, más preferentemente al menos el 18 %, más preferentemente al menos el 19 %, más preferentemente al menos el 20 %, con respecto a la de una parte, propágulo o progenie de control, o parte, propágulo o progenie de una planta de control.

En una realización adicional, el perfil lipídico alterado tiene una proporción de 18:1 en el triacilglicerol en el intervalo del 39 % al 55 %. En esta realización, la proporción de 18:1 en el triacilglicerol está alterada en el intervalo del 39 % al 55 %.

La planta de control puede ser cualquier planta del mismo tipo que no esté transformada con el polinucleótido, o construcción, de la invención para expresar la DGAT1 quimérica.

En una realización, la planta de control es una planta no transformada. En una realización adicional, la planta de control es una planta transformada para expresar la primera proteína DGAT1. En una realización adicional, la planta de control es una planta transformada para expresar la segunda proteína DGAT1.

Preferentemente, la parte, propágulo o progenie de control es de una planta de control como se ha descrito anteriormente.

En una realización, la parte es de un tejido vegetativo. En una realización, la parte es una hoja. En una realización adicional, la parte es una raíz. En una realización adicional, la parte es un tubérculo. En una realización adicional, la parte es un bulbo. En una realización adicional, la parte es un tallo. En una realización adicional, la parte es un tallo de una planta monocotiledónea. En una realización adicional, la parte es un stovum (tallo y limbo de la hoja).

En una realización adicional, la parte es de un tejido reproductivo. En una realización adicional, la parte es una semilla. En una realización preferida, la parte es de o incluye tejido del endospermo.

Alimento para animales

En un aspecto adicional, la invención proporciona un pienso para animales que comprende al menos uno de un polinucleótido, célula, célula vegetal, parte, propágulo y progenie de planta de la invención en donde la célula, célula vegetal, planta, parte, propágulo o progenie de planta produce más TAG que una célula, célula vegetal, planta, parte, propágulo o progenie de planta de control.

Materia prima de biocombustible

En un aspecto adicional, la invención proporciona una materia prima de biocombustible que comprende al menos uno de un polinucleótido, célula, célula vegetal, parte, propágulo y progenie de planta de la invención, en donde la célula, célula vegetal, planta, parte, propágulo o progenie de planta produce más TAG que una célula, célula vegetal, planta, parte, propágulo o progenie de planta de control.

Lípido

En la invención, el lípido es triacilglicerol o triglicérido (TAG), los términos se usan indistintamente.

Métodos para producir lípido

En un aspecto adicional, la invención proporciona un método para producir TAG, comprendiendo el método expresar una proteína DGAT1 quimérica en una célula, célula vegetal o planta de la invención, en donde el TAG se produce como resultado de la expresión de la proteína DGAT1 quimérica.

La expresión de la proteína DGAT1 quimérica de la invención en la planta conduce a la producción del lípido en la planta.

En una realización, el método incluye la etapa de transformar una célula vegetal o planta con un polinucleótido como se ha descrito anteriormente que codifica la proteína DGAT1 quimérica.

En una realización adicional, el método incluye la etapa de extraer el lípido de la célula, célula vegetal o planta, o de una parte, propágulo o progenie de la planta.

En una realización adicional, el lípido se procesa a al menos uno de:

a) un combustible,
b) un producto oleoquímico,
c) un aceite nutricional,
d) un aceite cosmético,
e) un ácido graso poliinsaturado (PUFA), y
f) una combinación de cualquiera de a) a e).

En un aspecto adicional, la invención proporciona un método para producir TAG, comprendiendo el método extraer TAG de al menos uno de una célula, célula vegetal, planta, parte, propágulo y progenie de planta de la invención, en donde el TAG se produce como resultado de la expresión de la proteína quimérica DGAT1 en la célula, célula vegetal, planta, parte, propágulo o progenie de planta.

En una realización adicional, el lípido se procesa a al menos uno de:

a) un combustible,
b) un producto oleoquímico,
c) un aceite nutricional,
d) un aceite cosmético,
e) un ácido graso poliinsaturado (PUFA), y
f) una combinación de cualquiera de a) a e).

Descripción detallada de la invención

En esta memoria descriptiva, donde se ha hecho referencia a memorias descriptivas de patente, otros documentos externos u otras fuentes de información, esto generalmente tiene el propósito de proporcionar un contexto para discutir las características de la invención. A menos que se especifique otra cosa, la referencia a dichos documentos externos no debe interpretarse como una admisión de que dichos documentos, o dichas fuentes de información, en cualquier jurisdicción, son técnicas anteriores, o forman parte del conocimiento general común en la técnica.

El término "que comprende" como se usa en esta memoria descriptiva significa "que consiste al menos en parte en". Cuando se interpreta cada afirmación en esta memoria descriptiva que incluye el término "que comprende", también pueden estar presentes otras características distintas de las procedidas por el término. Los términos relacionados tales como "comprenden" y "comprende" se deben interpretar de la misma manera. En algunas realizaciones, el término "que comprende" (y los términos relacionados tales como "comprenden" y "comprende") se puede reemplazar por "que consiste en" (y los términos relacionados "consisten" y "consiste").

Definiciones

El término "DGAT1", como se usa en el presente documento, significa acil CoA: diacilglicerol aciltransferasa (EC 2.3.1.20)

DGAT1 es normalmente la principal enzima sintetizadora de TAG tanto en la semilla como en la hoja senescente (Kaup et al., 2002, Plant Physiol. 129 (4): 1616-26; para revisiones, véase Lung y Weselake 2006, Lipids. 41 (12): 1073-88; Cahoon et al., 2007, Current Opinion in Plant Biology. 10: 236-244; y Li et al., 2010, Lipids. 45: 145-157).

DGAT1 contiene aproximadamente 500 aminoácidos y tiene 10 dominios transmembrana predichos, mientras que DGAT2 tiene solo 320 aminoácidos y se predice que contendrá solo dos dominios transmembrana; también se predijo que ambas proteínas tenían sus extremos N y C ubicados en el citoplasma (Shockey et al., 2006, Plant Cell 18: 2294-2313). Tanto *DGAT1* como *DGAT2* tienen ortólogos en animales y hongos y son proteínas transmembrana ubicadas en el RE.

En la mayoría de las plantas dicotiledóneas, *DGAT1* y *DGAT2* parecen ser genes de una sola copia, mientras que normalmente hay dos versiones de cada uno en las gramíneas que probablemente surgieron durante la duplicación del genoma de la hierba (Salse et al., 2008, Plant Cell, 20:11-24).

La expresión "primera proteína DGAT1" o "segunda proteína DGAT1", como se usa en el presente documento, significa normalmente una DGAT1 de origen natural o nativa. En algunos casos, la secuencia de DGAT1 puede haberse ensamblado a partir de secuencias en el genoma, pero puede no expresarse en plantas. En una realización, la primera o la segunda proteína DGAT1, por lo tanto, puede no ser una DGAT1 que esté aislada de la naturaleza.

En una realización, la "primera proteína DGAT1" o la "segunda proteína DGAT1" tiene la secuencia de una cualquiera de las SEQ ID NO:1 a 29 o una variante de la misma. Preferentemente, la variante tiene al menos un 70 % de identidad con una cualquiera de las SEQ ID NO:1 a 29. En una realización adicional, la "primera proteína DGAT1" o "segunda proteína DGAT1" tiene la secuencia de una cualquiera de las SEQ ID NO:1 a 29.

En una realización, la "primera proteína DGAT1" o la "segunda proteína DGAT1" está codificada por un polinucleótido que comprende la secuencia de una cualquiera de las SEQ ID NO:30 a 58 o una variante de la misma. Preferentemente, la variante tiene al menos un 70 % de identidad con una cualquiera de las SEQ ID NO:30 a 58. En una realización adicional, la "primera proteína DGAT1" o la "segunda proteína DGAT1" está codificada por un polinucleótido que comprende la secuencia de una cualquiera de las SEQ ID NO:30 a 58.

En una realización, las secuencias de DGAT1 quimérica comprenden la secuencia de cualquier SEQ ID NO:59 a 94 o una variante de la misma. Preferentemente, la variante tiene al menos un 70 % de identidad con una cualquiera de las SEQ ID NO:59 a 94. En una realización adicional, las secuencias de DGAT1 quimérica tienen la secuencia de una cualquiera de las SEQ ID NO:59 a 94.

En una realización adicional, las secuencias de polipéptidos DGAT1 quiméricos tienen la secuencia de cualquier SEQ ID NO:59, 61,66, 68, 70-72, 74-76, 78, 79, 82, 84-86, 88-90, 92 y 93 o una variante de la misma. Preferentemente, la variante tiene al menos un 70 % de identidad con una cualquiera de las SEQ ID NO: 59, 61,66, 68, 70-72, 74-76, 78, 79, 82, 84-86, 88-90, 92 y 93. En una realización adicional, las secuencias de DGAT1 quimérica tienen la secuencia de cualquiera de las SEQ ID NO:59, 61,66, 68, 70-72, 74-76, 78, 79, 82, 84-86, 88-90, 92 y 93.

Aunque no se prefiere, la DGAT1 quimérica de la invención puede incluir modificaciones adicionales en al menos una de:

a) la parte *N*-terminal de una primera proteína DGAT1, y
b) la parte *C*-terminal de una segunda proteína DGAT1.

Preferentemente, la DGAT1 quimérica de la invención incluye un sitio de unión acil-CoA funcional.

Las expresiones cadena arriba y cadena abajo son de acuerdo con la convención normal para indicar hacia el extremo N de un polipéptido, y hacia el extremo C de un polipéptido, respectivamente.

Sitio de unión a acil-CoA

La posición del sitio de unión a acil-CoA en una serie de secuencias de DGAT1 se muestra en la figura 3.

Motivo conservado ESPLSS

En una realización preferida, el sitio de unión a acil-CoA comprende el motivo conservado ESPLSS

Fórmulas generales del sitio de unión a acil-CoA

En una realización preferida, el sitio de unión a acil-CoA en la DGAT1 quimérica tiene la fórmula:

XXXESPLSSXXIFXXXHA,

en donde X es cualquier aminoácido.

En una realización preferida, el sitio de unión a acil-CoA en la DGAT1 quimérica tiene la fórmula:

XXXESPLSSXXIFXXSHA,

en donde X es cualquier aminoácido.

En una realización preferida, el sitio de unión a acil-CoA en la DGAT1 quimérica tiene la fórmula:

$X_1X_2X_3ESPLSSX_4X_5IFX_6X_7X_8HA$,

donde X_1 = R, K, V, T, A, S o G; X_2 = A, T, V, I, N, R, S o L; X_3 = R o K; X_4 = D o G; X_5 = A, T, N o L; X_6 = K o R; X_7 = Q o H; y X_8 = S o está ausente.

En una realización preferida, el sitio de unión a acil-CoA en la DGAT1 quimérica tiene la fórmula:

$X_1X_2X_3ESPLSSX_4X_5IFX_6X_7SHA$,

donde X_1 = R, K, V, T, A, S o G; X_2 = A, T, V, I, N, R, S o L; X_3 = R o K; X_4 = D o G; X_5 = A, T, N o L; X_6 = K o R; y X_7 = Q o H.

Métodos para producir proteínas DGAT1 quiméricas

Métodos para producir proteínas quiméricas, o las secuencias de polinucleótidos que las codifican, son bien conocidos por los expertos en la materia. Una proteína DGAT1 quimérica se puede producir convenientemente combinando, usando técnicas biológicas moleculares estándar tales como digestión de restricción y ligamiento, secuencias que codifican proteínas DGAT1, y expresando a continuación la proteína DGAT1 quimérica. Como alternativa, las secuencias de polinucleótidos que codifican las proteínas DGAT1 quiméricas pueden sintetizarse convenientemente, y las proteínas quiméricas expresarse a partir de las secuencias sintetizadas. Para preparar múltiples proteínas DGAT1 quiméricas, las secuencias codificantes pueden sintetizarse para incluir sitios de restricción que no alteren la secuencia de aminoácidos de las proteínas expresadas. Estos sitios de restricción pueden utilizarse para combinar secuencias para la producción y expresión de las proteínas quiméricas. Estos y otros métodos similares para producir proteínas quiméricas son conocidos por los expertos en la materia.

Las primera y segunda secuencias de proteínas DGAT1, y los polinucleótidos codificantes, usados para producir las proteínas DGAT1 quiméricas de la invención, pueden seleccionarse de las desveladas en el presente documento. Como alternativa, pueden identificarse otras secuencias de DGAT1 mediante métodos bien conocidos por los expertos en la materia, incluyendo búsquedas en bases de datos bioinformáticas, así como métodos de clonación física. Las primera y segunda secuencias de proteínas DGAT1 pueden ser de cualquier especie, incluyendo plantas, animales y microorganismos.

La frase "actividad DGAT1 aumentada" significa actividad específica aumentada con respecto a la de la primera y/o segunda proteína DGAT1.

Un experto en la materia sabría cómo ensayar la "actividad específica" de la DGAT1 quimérica. Esto se puede hacer normalmente aislando, enriqueciendo y cuantificando la DGAT1 recombinante y usando después este material para determinar la velocidad de formación de triacilglicéridos y/o la desaparición de sustratos precursores (incluyendo diversas formas de acil-CoA y DAG) según Xu et al., (2008), Plant Biotechnology Journal. 6: 799-818.

La frase "estabilidad aumentada" significa que la proteína DGAT1 quimérica es más estable, cuando se expresa en una célula, que la primera y/o la segunda DGAT1. Esto puede causar un aumento de la acumulación de DGAT1 quimérica activa cuando se expresa en células, con respecto a cuando la primera y/o segunda DGAT1 se expresa en células.

Los expertos en la materia saben cómo probar la "estabilidad" de la DGAT1 quimérica. Esto implicaría normalmente expresar la DGAT1 quimérica en una célula, o células, y expresar la primera o segunda DGAT1 en una célula separada, o células del mismo tipo. La acumulación de la quimérica y la primera o segunda proteína DGAT1 en las células respectivas se puede medir, por ejemplo, mediante inmunotransferencia y/o ELISA. Un mayor nivel de acumulación de la DGAT1 quimérica con respecto a la primera o la segunda DGAT1, en el mismo punto temporal, indica que la DGAT1 quimérica tiene estabilidad aumentada. Como alternativa, la estabilidad también puede determinarse mediante la formación de una estructura cuaternaria que también puede determinarse mediante análisis por inmunotransferencia.

La frase "propiedades de oligomerización alteradas" significa que la manera en que, o la medida en que la DGAT1 quimérica forma oligómeros, está alterada con respecto a la primera y/o segunda DGAT1.

Los expertos en la materia saben cómo ensayar las "propiedades de oligomerización" de la DGAT1 quimérica. Esto se puede hacer normalmente mediante análisis por inmunotransferencia o cromatografía de exclusión por tamaño.

La frase "propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales" significa que la DGAT1 quimérica de la invención conserva sustancialmente la misma acumulación de proteínas cuando se expresa en una célula, al igual que la primera y/o la segunda DGAT1. Es decir, no hay menos acumulación de DGAT1 quimérica que la acumulación de primera y/o segunda DGAT1, cuando cualquiera de las dos se expresa por separado en el mismo tipo de célula.

Un experto en la materia sabría cómo ensayar las "propiedades de acumulación de proteínas celulares" de la DGAT1 quimérica. Esto implicaría normalmente expresar la DGAT1 quimérica en una célula, o células, y expresar la primera o segunda DGAT1 en una célula separada, o células del mismo tipo. La acumulación de la quimérica y la primera o segunda proteína DGAT1 en las células respectivas se puede medir, por ejemplo, mediante ELISA o inmunotransferencia. Un nivel sustancialmente similar de acumulación de la DGAT1 quimérica con respecto a la primera o la segunda DGAT1, en el mismo punto temporal, indica que la DGAT1 quimérica tiene "propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales" aumentadas.

La frase "propiedades de direccionamiento subcelular sustancialmente normales" significa que la DGAT1 quimérica de la invención conserva sustancialmente el mismo direccionamiento subcelular cuando se expresa en una célula, al igual que la primera y/o la segunda DGAT1. Es decir, la DGAT1 quimérica se dirige a los mismos compartimentos subcelulares que la primera y/o segunda DGAT1, cuando cualquiera de las dos se expresa por separado en el mismo tipo de célula.

Un experto en la materia sabría cómo ensayar las "propiedades de direccionamiento subcelular" de la DGAT1 quimérica. Esto implicaría normalmente expresar la DGAT1 quimérica en una célula, o células, y expresar la primera o segunda DGAT1 en una célula separada, o células del mismo tipo. A continuación se puede evaluar el direccionamiento subcelular de la proteína DGAT1 quimérica y la primera o segunda en las células respectivas, por ejemplo, mediante ultracentrifugación para separar y aislar fracciones subcelulares individuales y después determinar el nivel de DGAT1 en cada fracción. El "direccionamiento subcelular" sustancialmente similar de la DGAT1 quimérica con respecto a la primera o la segunda DGAT1, en el mismo punto temporal, indica que la DGAT1 quimérica tiene "la proteína celular sustancialmente normal tiene "propiedades de direccionamiento subcelular sustancialmente normales" aumentadas.

Lípido

En una realización, el lípido es un aceite. En una realización adicional, el aceite es triacilglicerol (TAG)

Producción de lípido

La célula, células, tejidos, plantas y partes de planta de la invención producen más lípido que las células, tejidos, plantas y partes de plantas de control.

Los expertos en la materia conocen bien los métodos para medir la producción de lípido. Esto se puede hacer normalmente mediante análisis espectral de masas-cromatografía de gases con éster metílico de ácidos grasos (FAMES GC-MS). Los métodos adecuados también se describen en la sección de ejemplos de esta memoria descriptiva.

Especificidad de sustrato

En determinadas realizaciones, Los polipéptidos de la invención tienen una especificidad de sustrato alterada con respecto a las proteínas DGAT1 parentales. Las proteínas DGAT1 de plantas son relativamente promiscuas en términos de los sustratos de ácidos grasos y las especies de DAG que son capaces de utilizar para generar TAG. Como tales, se puede considerar que tienen una especificidad de sustrato relativamente baja. Sin embargo, esto puede modificarse de modo que determinados ácidos grasos se conviertan en un sustrato preferido respecto a otros. Esto conduce a un aumento en las proporciones de los ácidos grasos preferidos en el TAG y disminuciones en las proporciones de las especies de ácidos grasos no preferidas. La especificidad de sustrato puede determinarse por análisis cuantitativo *in vitro* de la producción de TAG después de la adición de cantidades específicas y conocidas de sustratos purificados a cantidades conocidas de DGAT recombinante, según Xu et al., (2008), Plant Biotechnology Journal. 6: 799-818.

Perfil lipídico

En una realización adicional, la célula, células, tejidos, plantas y partes de planta de la invención tienen un perfil lipídico alterado con respecto a las células, tejidos, plantas y partes de planta de control.

Los expertos en la materia conocen bien los métodos para evaluar el perfil lipídico. Esto puede implicar evaluar la proporción o el porcentaje de al menos una de las especies de ácidos grasos 16:0, 16:1, 18:0, 18:1c9 presentes en el lípido. Esto se puede hacer normalmente mediante análisis de éster metílico de ácidos grasos (FAME) (Browse et al., 1986, Anal. Biochem. 152, 141-145). Los métodos adecuados también se describen en la sección de ejemplos de esta memoria descriptiva.

Células

La DGAT1 quimérica de la invención, o como se usa en los métodos de la invención, puede expresarse en cualquier tipo de célula.

En una realización, la célula es una célula procariota. En una realización adicional, la célula es una célula eucariota. En una realización, la célula se selecciona de una célula bacteriana, una célula de levadura, una célula fúngica, una célula de insecto, una célula de alga y una célula vegetal. En una realización, la célula es una célula bacteriana. En una realización adicional, la célula es una célula de levadura. En una realización, la célula de levadura es una célula de *S. ceriviseae*. En otra realización, la célula es una célula fúngica. En otra realización, la célula es una célula de insecto. En otra realización, la célula es una célula de alga. En una realización adicional, la célula es una célula vegetal.

En una realización, la célula es una célula no vegetal. En una realización, el no vegetal se selecciona de *E. coli*, *P. pastoris, S. ceriviseae, D. salina* y C. *reinhardtii.* En una realización adicional, el no vegetal se selecciona de *P. pastoris*, *S. ceriviseae, D. Salina* y C. *reinhardtii.*

En una realización, la célula es una célula microbiana. En otra realización, la célula microbiana es una célula de alga de la división de Chlorophyta (algas verdes), Rhodophyta (algas rojas), Phaeophyceae (algas pardas), Bacillariophycaeae (diatomeas) o Dinoflagellata (dinoflageladas). En otra realización, la célula microbiana es una célula de alga de las especies *Chlamydomonas*, *Dunaliella, Botrycoccus, Chlorella, Crypthecodinium, Gracilaria, Sargassum, Pleurochrysis, Porphyridium, Phaeodactylum, Haematococcus, Isochrysis, Scenedesmus, Monodus, Cyclotella, Nitzschia* o *Parietochloris.* En otra realización, la célula de alga es *Chlamydomonas reinhardtii*. En otra realización más, la célula es del género *Yarrowia*, *Candida, Rhodotorula, Rhodosporidium, Cryptococcus, Trichosporon, Eipomyces, Pythium, Schizochytrium, Thraustochytrium* o *Ulkenia.* En otra realización más, la célula es una bacteria del género *Rhodococcus*, *Escherichia* o una cianobacteria. En otra realización más, la célula es una célula de levadura. En otra realización más, la célula es una célula sintética.

Plantas

La primera y/o segunda secuencias de DGAT1, a partir de las cuales se producen las secuencias de DGAT1 quimérica, pueden ser secuencias de DGAT1 de origen natural. Preferentemente, la primera y/o segunda DGAT1 secuencias son de plantas. En determinadas realizaciones, las células en las que se expresan las proteínas DGAT1 quiméricas son de plantas. En otras realizaciones, las proteínas DGAT1 quiméricas se expresan en plantas.

Las células vegetales, de las que se derivan la primera y/o la segunda proteínas DGAT1, las plantas de las que se derivan las células vegetales y las plantas en las que se expresan las proteínas DGAT1 quiméricas pueden ser de cualquier especie vegetal.

En una realización, la célula vegetal o planta, se deriva de una especie de planta gimnosperma.

En una realización adicional, la célula vegetal o planta, se deriva de una especie de planta angiosperma.

En una realización adicional, la célula vegetal o planta, se deriva de una especie de planta dicotiledónea.

En una realización adicional, la célula vegetal o planta, se deriva de una especie de planta monocotiledónea.

Otras plantas preferidas son especies de plantas forrajeras de un grupo que comprende, pero sin limitarse a, los siguientes géneros: Zea, *Lolium, Hordium, Miscanthus, Saccharum, Festuca, Dactylis, Bromus, Thinopyrum, Trifolium, Medicago, Pheleum, Phalaris, Holcus, Glicina, Lotus, Plantago* y *Cichorium.*

Otras plantas preferidas son las plantas leguminosas. La planta leguminosa o parte de la misma puede abarcar cualquier planta de la familia de plantas Leguminosae o Fabaceae. Por ejemplo, las plantas pueden seleccionarse de leguminosas forrajeras que incluyen, alfalfa, trébol; leucaena; leguminosas de grano que incluyen, judías, lentejas, altramuces, guisantes, cacahuetes, soja; leguminosas en floración, incluyendo lupino, leguminosas farmacéuticas o industriales; y especies de leguminosas de barbecho o abono verde.

Un género particularmente preferido es *Trifolium*. Las especies de *Trifolium* preferidas incluyen *Trifolium repens*; *Trifolium arvense; Trifolium affine*; y *Trifolium occidentale.* Una especie de *Trifolium* particularmente preferida es *Trifolium repens*.

Otro género preferido es *Medicago*. Las especies preferidas de *Medicago* incluyen *Medicago sativa* y *Medicago truncatula*. Una especie de *Medicago* particularmente preferida es *Medicago sativa*, comúnmente conocida como alfalfa.

Otro género preferido es *Glycine*. Las especies de *Glycine* preferidas incluyen *Glycine max* y *Glycine wightii* (también conocida como *Neonotonia wightii*). Una especie de *Glycine* particularmente preferida es *Glycine max*, comúnmente conocida como soja. Una especie de *Glycine* particularmente preferida es *Glycine wightii*, comúnmente conocida como soja perenne.

Otro género preferido es *Vigna*. Una especie de *Vigna* particularmente preferida es *Vigna unguiculata* comúnmente conocida como caupí.

Otro género preferido es *Mucana*. Especies de *Mucana* preferidas incluyen *Mucana pruniens*. Una especie de *Mucana* particularmente preferida es *Mucana pruniens* comúnmente conocida como frijol terciopelo.

Otro género preferido es *Arachis*. Una especie de *Arachis* particularmente preferida es *Arachis glabrata* comúnmente conocida como cacahuete perenne.

Otro género preferido es *Pisum*. Una especie preferida de *Pisum* es *Pisum sativum*, comúnmente conocida como guisante.

Otro género preferido es *Lotus*. Las especies de Lotus preferidas incluyen *Lotus corniculatus*, *Lotus pedunculatus, Lotus glabar, Lotus tenuis* y *Lotus uliginosus.* Una especie de *Lotus* preferida es *Lotus corniculatus*, comúnmente conocida como cuernecillo. Otra especie de *Lotus* preferida es *Lotus glabar*, comúnmente conocida como cuernecillo de hoja estrecha. Otra especie preferida de *Lotus* es *Lotus pedunculatus*, comúnmente conocida como cuernecillo grande. Otra especie preferida de *Lotus* es *Lotus tenuis*, comúnmente conocida como cuernecillo delgado.

Otro género preferido es *Brassica*. Una especie preferida de *Brassica* es *Brassica oleracea*, comúnmente conocida como col rizada forrajera y col forrajeras. Un género preferido de *Brassica* es *Camelina*. Una especie preferida de *Camelina* es *Camelina sativa*.

Otras especies preferidas son los cultivos de semillas oleaginosas que incluyen, pero sin limitación, los siguientes géneros: *Brassica, Carthumus, Helianthus*, *Zea* y *Sesamum*.

Un género preferido de semillas oleaginosas es *Brassica*. Una especie preferida de semilla oleaginosa es *Brassica napus*.

Un género preferido de semillas oleaginosas es *Brassica*. Una especie preferida de semilla oleaginosa es *Brassica oleraceae.*

Un género preferido de semillas oleaginosas es *Carthamus.* Una especie de semilla oleaginosa preferida es *Carthamus tinctorius.*

Un género preferido de semillas oleaginosas es *Helianthus.* Una especie preferida de semilla oleaginosa es *Helianthus annuus.*

Un género preferido de semillas oleaginosas es Zea. Una especie de semilla oleaginosa preferida es *Zea mays.*

Un género preferido de semillas oleaginosas es *Sesamum.* Una especie preferida de semilla oleaginosa es *Sesamum indicum.*

Un género preferido de semillas de ensilaje es *Zea*. Una especie de semilla de ensilaje preferida es *Zea mays.*

Un género productor de grano preferido es *Hordeum.* Una especie productora de grano preferida es *Hordeum vulgare.*

Un género de pastoreo preferido es *Lolium.* Una especie de pastoreo preferida es *Lolium perenne.*

Un género de pastoreo preferido es *Lolium.* Una especie de pastoreo preferida es *Lolium arundinaceum.*

Un género de pastoreo preferido es *Trifolium.* Una especie de pastoreo preferida es *Trifolium repens.*

Un género de pastoreo preferido es *Hordeum.* Una especie de pastoreo preferida es *Hordeum vulgare.*

Las plantas preferidas también incluyen plantas forrajeras o de alimentación animal. Dichas plantas incluyen pero no se limitan a los siguientes géneros: *Miscanthus, Saccharum, Panicum.*

Un género de biocombustible preferido es *Miscanthus.* Una especie de biocombustible preferida es *Miscanthus giganteus.*
Un género de biocombustible preferido es *Saccharum.* Una especie de biocombustible preferida es *Saccharum officinarum.*

Un género de biocombustible preferido es *Panicum.* Una especie de biocombustible preferida es *Panicum virgatum.*

Partes, propágulos o progenie de planta

Se pretende que el término "planta" incluya una planta completa, cualquier parte de una planta, una semilla, un fruto, propágulos y progenie de una planta.

El término "propágulo" significa cualquier parte de una planta que se puede usar en la reproducción o propagación, ya sea sexual o asexual, incluyendo semillas y esquejes.

Las plantas de la invención pueden cultivarse y autofecundarse o cruzarse con una cepa vegetal diferente y la progenie resultante, que comprende los polinucleótidos o construcciones de la invención, y/o que expresan las secuencias de DGAT1 quiméricas de la invención, también forman parte de la presente invención.

Preferentemente, las plantas, partes, propágulos y progenie de plantas comprenden un polinucleótido o construcción de la invención, y/o expresan una secuencia de DGAT1 quimérica de la invención.

Polinucleótidos y fragmentos

El término "polinucleótido o polinucleótidos", como se usa en el presente documento, significa un polímero de desoxirribonucleótidos o ribonucleótidos mono o bicatenario de cualquier longitud pero preferentemente al menos 15 nucleótidos, e incluye como ejemplos no limitantes, secuencias codificantes y no codificantes de un gen, complementos de secuencias sentido y antisentido, exones, intrones, ADN genómico, ADNc, pre-ARNm, ARNm, ARNr, ARNip, miARN, ARNt, ribozimas, polipéptidos recombinantes, secuencias de ADN o ARN de origen natural aisladas y purificadas, secuencias de ARN y ADN sintéticas, sondas de ácido nucleico, cebadores y fragmentos.

Un "fragmento" de una secuencia de polinucleótidos proporcionada en el presente documento es una subsecuencia de nucleótidos contiguos.

El término "cebador" se refiere a un polinucleótido corto, que generalmente tiene un grupo 3'OH libre, que hibrida con un modelo y se usa para cebar la polimerización de un polinucleótido complementario a la diana.

El término "sonda" se refiere a un polinucleótido corto que se usa para detectar una secuencia de polinucleótidos que es complementaria a la sonda, en un ensayo basado en hibridación. La sonda puede consistir en un "fragmento" de un polinucleótido como se define en el presente documento.

Polipéptidos y fragmentos

El término "polipéptido", como se usa en el presente documento, abarca cadenas de aminoácidos de cualquier longitud, pero preferentemente al menos 5 aminoácidos, incluyendo proteínas de longitud completa, en las que los residuos de aminoácidos están unidos por enlaces peptídicos covalentes. Los polipéptidos de la presente invención, o usados en los métodos de la invención, pueden ser productos naturales purificados, o pueden producirse parcial o totalmente usando técnicas recombinantes o sintéticas.

Un "fragmento" de un polipéptido es una subsecuencia del polipéptido que preferentemente realiza una función y/o proporciona una estructura tridimensional del polipéptido. El término puede referirse a un polipéptido, un agregado de un polipéptido tal como un dímero u otro multímero, un polipéptido de fusión, un fragmento de polipéptido, una variante de polipéptido, o un derivado del mismo capaz de realizar la actividad enzimática anterior.

El término "aislado" cuando se aplica a las secuencias de polinucleótidos o de polipéptidos descritas en el presente documento se usa para referirse a secuencias que se retiran de su entorno celular natural. Una molécula aislada se puede obtener mediante cualquier método o combinación de métodos que incluyen técnicas bioquímicas, recombinantes y sintéticas.

El término "recombinante" se refiere a una secuencia de polinucleótidos que se retira de las secuencias que la rodean en su contexto natural y/o se recombina con secuencias que no están presentes en su contexto natural.

Una secuencia de polipéptidos "recombinante" se produce mediante la traducción de una secuencia de polinucleótidos "recombinante".

El término "derivado de" con respecto a los polinucleótidos o polipéptidos de la invención que se derivan de un género o especie particular, significa que el polinucleótido o polipéptido tiene la misma secuencia que un polinucleótido o polipéptido encontrado de forma natural en ese género o especie. El polinucleótido o polipéptido, derivado de un género o especie particular, por lo tanto, puede producirse de forma sintética o recombinante.

Variantes

Como se usa en el presente documento, el término "variante" se refiere a secuencias de polinucleótidos o polipéptidos diferentes de las secuencias específicamente identificadas, en donde uno o más nucleótidos o residuos de aminoácidos se delecionan, sustituyen o añaden. Las variantes pueden ser variantes alélicas de origen natural o variantes de origen no natural. Las variantes pueden ser de la misma o de otras especies y pueden abarcar homólogos, parálogos y ortólogos. En determinadas realizaciones, las variantes de los polipéptidos y polipéptidos de la invención poseen actividades biológicas que son iguales o similares a las de los polipéptidos o polipéptidos de la invención. El término "variante" con referencia a polipéptidos y polipéptidos abarca todas las formas de polipéptidos y polipéptidos como se definen en el presente documento.

Variantes de polinucleótidos

Las secuencias de polinucleótidos variantes exhiben preferentemente al menos el 50 %, más preferentemente al menos el 51 %, más preferentemente al menos el 52 %, más preferentemente al menos el 53 %, más preferentemente al menos el 54 %, más preferentemente al menos el 55 %, más preferentemente al menos el 56 %, más preferentemente al menos el 57 %, más preferentemente al menos el 58 %, más preferentemente al menos el 59 %, más preferentemente al menos el 60 %, más preferentemente al menos el 61 %, más preferentemente al menos el 62 %, más preferentemente al menos el 63 %, más preferentemente al menos el 64 %, más preferentemente al menos el 65 %, más preferentemente al menos el 66 %, más preferentemente al menos el 67 %, más preferentemente al menos el 68 %, más preferentemente al menos el 69 %, más preferentemente al menos el 70 %, más preferentemente al menos el 71 %, más preferentemente al menos el 72 %, más preferentemente al menos el 73 %, más preferentemente al menos el 74 %, más preferentemente al menos el 75 %, más preferentemente al menos el 76 %, más preferentemente al menos el 77 %, más preferentemente al menos el 78 %, más preferentemente al menos el 79 %, más preferentemente al menos el 80 %, más preferentemente al menos el 81 %, más preferentemente al menos el 82 %, más preferentemente al menos el 83 %, más preferentemente al menos el 84 %, más preferentemente al menos el 85 %, más preferentemente al menos el 86 %, más preferentemente al menos el 87 %, más preferentemente al menos el 88 %, más preferentemente al menos el 89 %, más preferentemente al menos el 90 %, más preferentemente al menos el 91 %, más preferentemente al menos el 92 %, más preferentemente al menos el 93 %, más preferentemente al menos el 94 %, más preferentemente al menos el 95 %, más preferentemente al menos el 96 %, más preferentemente al menos el 97 %, más preferentemente al menos el 98 %, y de la forma más preferente al menos el 99 % de identidad con una secuencia de la presente invención. La identidad se encuentra en una ventana de comparación de al menos 20 posiciones de nucleótidos, preferentemente al menos 50 posiciones de nucleótidos, más preferentemente al menos 100 posiciones de nucleótidos, y de la forma más preferente en toda la longitud de un polinucleótido de la invención.

La identidad de la secuencia de polinucleótidos puede ser determinada de la siguiente manera. La secuencia de polinucleótidos en cuestión se compara con una secuencia de polinucleótidos candidata usando BLASTN (del conjunto de programas BLAST, versión 2.2.5 [noviembre de 2002]) en bl2seq (Tatiana A. Tatusova, Thomas L. Madden (1999), "Blast 2 sequences - a new tool for comparing protein and nucleotide sequences", FEMS Microbiol Lett. 174:247-250), que está disponible públicamente en el sitio web del NCBI en Internet en ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/. Se utilizan los parámetros por defecto del bl2seq excepto porque debe desactivarse la filtración de partes de baja complejidad.

La identidad de las secuencias de polinucleótidos puede ser examinada usando los siguientes parámetros de líneas de comando de unix: bl2seq -i nucleotideseq1 -j nucleotideseq2 -F F -p blastn

El parámetro -F F desactiva el filtrado de las secciones de baja complejidad. El parámetro -p selecciona el algoritmo apropiado para el par de secuencias. El programa bl2seq notifica la identidad de la secuencia tanto en forma del número como del porcentaje de nucleótidos idénticos en una línea "Identidades = ".

La identidad de la secuencia de polinucleótidos también puede calcularse a lo largo de la longitud completa del solapamiento entre las secuencias de polinucleótidos candidata y en cuestión mediante el uso de programas de alineación de secuencias globales (por ejemplo, Needleman, S. B. y Wunsch, C. D. (1970) J. Mol. Biol. 48, 443-453). Una implementación completa del algoritmo de alineación global de Needleman-Wunsch se encuentra en el programa Needle del paquete EMBOSS (Rice, P. Longden, I. y Bleasby, A. EMBOSS: The European Molecular Biology Open Software Suite, Trends in Genetics, junio de 2000, vol 16, n° 6. págs. 276-277) que puede obtenerse de Internet en http://www.hgmp.mrc.ac.uk/Software/EMBOSS/. El servidor del European Bioinformatics Institute también proporciona el servicio para llevar a cabo alineaciones globales de EMBOSS-needle entre dos secuencias en línea en http://www.ebi.ac.uk/emboss/align/.

Como alternativa, puede usarse el programa GAP, que computa una alineación global óptima de dos secuencias sin penalizar los huecos terminales. El GAP se describe en la siguiente publicación: Huang, X. (1994) On Global Sequence Alignment. Computer Applications in the Biosciences 10, 227-235.

Un método preferido para calcular el % de identidad de la secuencia de polinucleótidos se basa en alinear las secuencias a comparar usando Clustal X (Jeanmougin et al., 1998, Trends Biochem. Sci. 23, 403-5.)

Las variantes de polinucleótidos de la presente invención también abarcan aquellas que exhiben una similitud con una o más de las secuencias identificadas específicamente que es probable que preserven la equivalencia funcional de esas secuencias y que razonablemente no podría esperarse que se produjeran por una probabilidad aleatoria. Dicha similitud de la secuencia con respecto a los polinucleótidos puede ser determinada mediante el uso del programa disponible públicamente bl2seq del conjunto de programas BLAST (versión 2.2.5 [noviembre de 2002]) del sitio web del NCBI en Internet en ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/.

La similitud de las secuencias de polinucleótidos puede ser examinada usando los siguientes parámetros de líneas de comando de unix: bl2seq -i nucleotideseq1 -j nucleotideseq2 -F F -p tblastx

El parámetro -F F desactiva el filtrado de las secciones de baja complejidad. El parámetro -p selecciona el algoritmo apropiado para el par de secuencias. Este programa encuentra regiones de similitud entre las secuencias, y para cada una de dichas regiones notifica un "valor de E" que es el número de veces esperado que se podría esperar ver dicha coincidencia al azar en una base de datos con un tamaño de referencia fijo que contiene secuencias aleatorias. El tamaño de esta base de datos es establecido por defecto en el programa bl2seq. Para unos valores de E pequeños, mucho menores de uno, el valor de E es aproximadamente la probabilidad de que dicha coincidencia sea aleatoria.

Las variantes de las secuencias de polinucleótidos preferentemente muestran un valor de E menor de 1 x 10 -6 más preferentemente menor de 1 x 10 -9, más preferentemente menor de 1 x 10 -12, más preferentemente menor de 1 x 10 -15, más preferentemente menor de 1 x 10 -18, más preferentemente menor de 1 x 10 -21, más preferentemente menor de 1 x 10 -30, más preferentemente menor de 1 x 10 -40, más preferentemente menor de 1 x 10 -50, más preferentemente menor de 1 x 10 -60, más preferentemente menor de 1 x 10 -70, más preferentemente menor de 1 x 10 -80, más preferentemente menor de 1 x 10 -90 y de la forma más preferente menor de 1 x 10-100 cuando se compara con una cualquiera de las secuencias identificadas específicamente.

Como alternativa, las variantes de los polinucleótidos de la presente invención, o usadas en los métodos de la invención, hibridan con la secuencia de polinucleótidos especificada, o con complementos de la misma en unas condiciones rigurosas.

La expresión "hibridan en unas condiciones rigurosas", y los equivalentes gramaticales de la misma, se refieren a la capacidad de una molécula de polinucleótido de hibridar con una molécula de polinucleótido diana (tal como una molécula de polinucleótido diana inmovilizada en una transferencia de ADN o de ARN, tal como una transferencia Southern o Northern) en unas condiciones definidas de temperatura y de concentración salina. La capacidad para hibridar en unas condiciones de hibridación rigurosas puede ser determinada hibridando inicialmente en unas condiciones menos rigurosas y aumentando después la rigurosidad hasta la rigurosidad deseada.

Con respecto a las moléculas de polinucleótidos mayores de aproximadamente 100 bases de longitud, las condiciones de hibridación rigurosa típicas no son mayores de entre 25 y 30 °C (por ejemplo, 10 °C) por debajo de la temperatura de fusión (Tm) del dúplex nativo (véase en general, Sambrook et al., Eds, 1987, Molecular Cloning, A Laboratory Manual", 2ª Ed. Cold Spring Harbor Press; Ausubel et al., 1987, Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing,). La Tm de las moléculas de polinucleótidos mayores de aproximadamente 100 bases puede calcularse mediante la fórmula Tm = 81,5 + 0,41 % (G + C-log (Na+). (Sambrook et al., Eds, 1987, Molecular Cloning, A Laboratory Manual", 2ª Ed. Cold Spring Harbor Press; Bolton y McCarthy, 1962, PNAS 84:1390). Las condiciones rigurosas típicas para un polinucleótido mayor de 100 bases de longitud serían unas condiciones de hibridación tales como un prelavado con una solución 6X de SSC, SDS al 0,2 %; hibridación a 65 °C, SSC 6X, SDS al 0,2 % durante una noche; seguido de dos lavados de 30 minutos cada uno con SSC 1X, SDS al 0,1 % a 65 °C y dos lavados de 30 minutos cada uno con un SSC 0,2X, SDS al 0,1 % a 65 °C.

Con respecto a las moléculas de polinucleótidos que tienen una longitud menor de 100 bases, condiciones de hibridación rigurosas ejemplares son entre 5 y 10 °C por debajo de la Tm. De media, la Tm de una molécula de polinucleótido con una longitud menor de 100 pb se reduce en aproximadamente (500/longitud del oligonucleótido) °C.

Con respecto a los miméticos de ADN conocidos como ácidos péptidonucleicos (APN) (Nielsen et al., Science. 6 de diciembre de 1991; 254 (5037): 1497-500), los valores de la Tm son mayores que para los híbridos de ADN-ADN o de ADN-ARN, y pueden calcularse mediante el uso de la fórmula descrita en Giesen et al., Nucleic Acids Res. 1 de noviembre 1998;26(21):5004-6. Condiciones de hibridación rigurosas ejemplares para un híbrido de ADN-APN que tiene una longitud menor de 100 bases están entre 5 y 10 °C por debajo de la Tm.

Las variantes de los polinucleótidos de la presente invención, o usadas en los métodos de la invención, también abarcan polinucleótidos que difieren de las secuencias de la invención pero que, como consecuencia de la degeneración del código genético, codifican un polipéptido que tiene una actividad similar a un polipéptido codificado por un polinucleótido de la presente invención. Una alteración en la secuencia que no modifica la secuencia de aminoácidos del polipéptido es una "variación silenciosa". Excepto para ATG (metionina) y TGG (triptófano), pueden cambiarse otros codones para el mismo aminoácido mediante técnicas reconocidas en la técnica, por ejemplo, para optimizar la expresión del codón en un organismo huésped en particular.

También se incluyen en la invención las alteraciones en las secuencias de polinucleótidos que dan como resultado sustituciones conservativas de uno o de varios aminoácidos de la secuencia de polipéptido codificada sin alterar significativamente su actividad biológica. El experto en la materia será consciente de los métodos para la elaboración de sustituciones de aminoácidos fenotípicamente silenciosas (véase, por ejemplo, Bowie et al., 1990, Science 247, 1306).

Las variantes de polinucleótidos, debido a las variaciones silenciosas y a las sustituciones conservativas en la secuencia del polipéptido codificado, pueden determinarse usando el programa disponible públicamente bl2seq del conjunto de programas BLAST (versión 2.2.5 [noviembre de 2002]) del sitio web del NCBI en Internet en ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/ a través del algoritmo tblastx, como se ha descrito anteriormente.

Variantes de polipéptidos

El término "variante", en referencia a los polipéptidos, abarca los polipéptidos de origen natural y los producidos de forma recombinante y sintética. Las secuencias de polipéptidos variantes exhiben preferentemente al menos el 50 %, más preferentemente al menos el 51 %, más preferentemente al menos el 52 %, más preferentemente al menos el 53 %, más preferentemente al menos el 54 %, más preferentemente al menos el 55 %, más preferentemente al menos el 56 %, más preferentemente al menos el 57 %, más preferentemente al menos el 58 %, más preferentemente al menos el 59 %, más preferentemente al menos el 60 %, más preferentemente al menos el 61 %, más preferentemente al menos el 62 %, más preferentemente al menos el 63 %, más preferentemente al menos el 64 %, más preferentemente al menos el 65 %, más preferentemente al menos el 66 %, más preferentemente al menos el 67 %, más preferentemente al menos el 68 %, más preferentemente al menos el 69 %, más preferentemente al menos el 70 %, más preferentemente al menos el 71 %, más preferentemente al menos el 72 %, más preferentemente al menos el 73 %, más preferentemente al menos el 74 %, más preferentemente al menos el 75 %, más preferentemente al menos el 76 %, más preferentemente al menos el 77 %, más preferentemente al menos el 78 %, más preferentemente al menos el 79 %, más preferentemente al menos el 80 %, más preferentemente al menos el 81 %, más preferentemente al menos el 82 %, más preferentemente al menos el 83 %, más preferentemente al menos el 84 %, más preferentemente al menos el 85 %, más preferentemente al menos el 86 %, más preferentemente al menos el 87 %, más preferentemente al menos el 88 %, más preferentemente al menos el 89 %, más preferentemente al menos el 90 %, más preferentemente al menos el 91 %, más preferentemente al menos el 92 %, más preferentemente al menos el 93 %, más preferentemente al menos el 94 %, más preferentemente al menos el 95 %, más preferentemente al menos el 96 %, más preferentemente al menos el 97 %, más preferentemente al menos el 98 %, y de la forma más preferente al menos el 99 % de identidad con una secuencia de la presente invención. La identidad se encuentra en una ventana de comparación de al menos 20 posiciones de aminoácidos, preferentemente al menos aproximadamente 50 posiciones de aminoácidos, más preferentemente al menos 100 posiciones de aminoácidos, y de la forma más preferente en toda la longitud de un polipéptido de la invención.

La identidad de la secuencia de polipéptidos puede ser determinada de la siguiente manera. La secuencia de polipéptidos en cuestión se compara con una secuencia de polipéptidos candidata usando BLASTN (del conjunto de programas BLAST, versión 2.2.5 [noviembre de 2002]) en bl2seq, que está disponible públicamente en el sitio web del NCBI en Internet en ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/. Se utilizan los parámetros por defecto del bl2seq excepto porque debe desactivarse la filtración de regiones de baja complejidad.

La identidad de la secuencia de polipéptidos también puede calcularse a lo largo de la longitud completa del solapamiento entre las secuencias de polinucleótidos candidata y en cuestión mediante el uso de programas de alineación de secuencias globales. EMBOSS-needle (disponible en http:/www.ebi.ac.uk/emboss/align/) y GAP (Huang, X. (1994) On Global Sequence Alignment. Computer Applications in the Biosciences 10, 227-235.) como se discutió anteriormente, son también programas de alineación de secuencias globales adecuados para calcular la identidad de secuencia de polipéptidos.

Un método preferido para calcular el % de identidad de la secuencia de polipéptidos se basa en alinear las secuencias a comparar usando Clustal X (Jeanmougin et al., 1998, Trends Biochem. Sci. 23, 403-5.)

Las variantes de polipéptidos de la presente invención, o usadas en los métodos de la invención, también abarcan aquellas que exhiben una similitud con una o más de las secuencias identificadas específicamente que es probable que preserven la equivalencia funcional de esas secuencias y que razonablemente no podría esperarse que se produjeran por una probabilidad aleatoria. Dicha similitud de la secuencia con respecto a los polinucleótidos puede ser determinada mediante el uso del programa disponible públicamente bl2seq del conjunto de programas BLAST (versión

2.2.5 [noviembre de 2002]) del sitio web del NCBI en Internet en ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/. La similitud de las secuencias de polipéptidos puede ser examinada usando los siguientes parámetros de líneas de comando de unix:
bl2seq -i peptideseq1 -j peptideseq2 -F F -p blastp

Las variantes de las secuencias de polipéptidos preferentemente muestran un valor de E menor de 1 x 10 -6 más preferentemente menor de 1 x 10 -9, más preferentemente menor de 1 x 10 -12, más preferentemente menor de 1 x 10 -15, más preferentemente menor de 1 x 10 -18, más preferentemente menor de 1 x 10 -21, más preferentemente menor de 1 x 10 -30, más preferentemente menor de 1 x 10 -40, más preferentemente menor de 1 x 10 -50, más preferentemente menor de 1 x 10 -60, más preferentemente menor de 1 x 10 -70, más preferentemente menor de 1 x 10 -80, más preferentemente menor de 1 x 10 -90 y de la forma más preferente 1x10-100 cuando se compara con una cualquiera de las secuencias identificadas específicamente.

El parámetro -F F desactiva el filtrado de las secciones de baja complejidad. El parámetro -p selecciona el algoritmo apropiado para el par de secuencias. Este programa encuentra regiones de similitud entre las secuencias, y para cada una de dichas regiones notifica un "valor de E" que es el número de veces esperado que se podría esperar ver dicha coincidencia al azar en una base de datos con un tamaño de referencia fijo que contiene secuencias aleatorias. Para unos valores de E pequeños, mucho menores de uno, esta es aproximadamente la probabilidad de que dicha coincidencia sea aleatoria.

También se incluyen en la invención sustituciones conservativas de uno o de varios aminoácidos de una secuencia de polipéptido descrita sin alterar significativamente su actividad biológica. El experto en la materia será consciente de los métodos para la elaboración de sustituciones de aminoácidos fenotípicamente silenciosas (véase, por ejemplo, Bowie et al., 1990, Science 247, 1306).

Construcciones, vectores y componentes de los mismos

El término "construcción genética" se refiere a una molécula de un polinucleótido, habitualmente un ADN bicatenario, que puede tener insertada otra molécula de polinucleótido (la molécula de polinucleótido de inserto) tal como, pero sin limitación, una molécula de ADNc. Una construcción genética puede contener los elementos necesarios que permiten la transcripción de la molécula de polinucleótido de inserto, y, opcionalmente, la traducción del transcrito a un polipéptido. La molécula de polinucleótido de inserto puede derivar de la célula huésped, o puede derivar de una célula o de un organismo diferente y/o puede ser un polinucleótido recombinante. Una vez en el interior de la célula huésped, la construcción genética puede quedar integrada en el ADN cromosómico del huésped. La construcción genética puede estar unida a un vector.

El término "vector" se refiere a una molécula de un polinucleótido, habitualmente un ADN bicatenario, que se usa para transportar la construcción genética al interior de una célula huésped. El vector puede ser capaz de replicación en al menos un sistema huésped adicional, tal como *E. coli*.

El término "construcción de expresión" se refiere a una construcción genética que incluye los elementos necesarios que permiten la transcripción de la molécula de polinucleótido de inserto, y, opcionalmente, la traducción del transcrito a un polipéptido. Una construcción de expresión comprende normalmente, en una dirección de 5' a 3':

a) un promotor funcional en la célula huésped en la que se transformará la construcción,
b) el polinucleótido a expresar, y
a) un terminador funcional en la célula huésped en la que se transformará la construcción.

La expresión "región codificante" o "marco abierto de lectura" (ORF) se refiere a la hebra sentido de una secuencia de ADN genómico o de una secuencia de ADNc que es capaz de producir un producto de transcripción y/o un polipéptido bajo el control de las secuencias reguladoras apropiadas. La secuencia codificante puede, en algunos casos, ser identificada por la presencia de un codón de inicio de la traducción en 5' y un codón de terminación de la traducción en 3'. Cuando se inserta en una construcción genética, una "secuencia codificante" es capaz de ser expresada cuando está unida operativamente a secuencias promotoras y terminadoras.

"Unido de forma operativa" significa que la secuencia a expresar está colocada bajo el control de elementos reguladores que incluyen promotores, elementos reguladores específicos de tejidos, elementos reguladores temporales, potenciadores, represores y terminadores.

La expresión "región no codificante" se refiere a secuencias no traducidas que están cadena arriba del sitio de inicio de la traducción y cadena abajo del sitio de terminación de la traducción. Estas secuencias también se denominan respectivamente UTR en 5' y UTR en 3'. Estas regiones incluyen elementos requeridos para el inicio y la terminación de la transcripción, la estabilidad del ARNm y para la regulación de la eficiencia de la traducción.

Los terminadores son secuencias que terminan la transcripción, y se encuentran en los extremos no traducidos en 3' de los genes cadena abajo de la secuencia traducida. Los terminadores son unos importantes determinantes de la estabilidad del ARNm y, en algunos casos, se ha descubierto que tienen funciones reguladoras espaciales.

El término "promotor" se refiere a elementos reguladores en cis no transcritos cadena arriba de la región codificante que regulan la transcripción de genes. Los promotores comprenden elementos iniciadores en cis que especifican el sitio de inicio de la transcripción y cajas conservadas, tales como la caja TATA, y los motivos a los que se unen factores de transcripción. Los intrones dentro de las secuencias codificantes también pueden regular la transcripción e influir en el procesamiento postranscripcional (incluyendo corte y empalme, recubrimiento con caperuzas y la poliadenilación).

Un promotor puede ser homólogo con respecto al polinucleótido a expresar. Esto significa que el promotor y el polinucleótido se encuentran unidos de forma operativa en la naturaleza.

Como alternativa, el promotor puede ser heterólogo con respecto al polinucleótido a expresar. Esto significa que el promotor y el polinucleótido no se encuentran unidos de forma operativa en la naturaleza.

En determinadas realizaciones, los polinucleótidos/polipéptidos DGAT1 quiméricos de la invención pueden expresarse ventajosamente bajo el control de secuencias promotoras seleccionadas como se describe a continuación.

Promotores específicos de tejido vegetativo

Un ejemplo de un promotor específico de tejido vegetativo se encuentra en el documento US 6.229.067; y el documento US 7.629.454; y el documento US 7.153.953; y el documento US 6.228.643.

Promotores específicos de polen

Un ejemplo de un promotor específico de polen se encuentra en el documento US 7.141.424; y el documento US 5.545.546; y el documento US 5.412.085; y el documento US 5.086.169; y el documento US 7.667.097.

Promotores específicos de semillas

Un ejemplo de un promotor específico de semillas se encuentra en el documento US 6.342.657; y el documento US 7.081.565; y el documento US 7.405.345; y el documento US 7.642.346; y el documento US 7.371.928. Un promotor específico de semillas preferido es el promotor napin de *Brassica napus* (Josefsson et al., 1987, J Biol Chem. 262(25): 12196-201; Ellerström et al., 1996, Plant Molecular Biology, Volumen 32, volumen 6, pág. 1019-1027).

Promotores específicos de frutos

Un ejemplo de un promotor específico de frutos se encuentra en el documento US 5.536.653; y el documento US 6.127.179; y el documento US 5.608.150; y el documento US 4.943.674.

Promotores específicos de tejido no fotosintético

Los promotores preferidos de tejido no fotosintético incluyen aquellos expresados preferentemente en tejidos/órganos no fotosintéticos de la planta.

Los promotores preferidos de tejido no fotosintético también pueden incluir promotores reprimidos por la luz.

Promotores reprimidos por la luz

Un ejemplo de un promotor reprimido por la luz se encuentra en el documento US 5.639.952 y en el documento US 5.656.496.

Promotores específicos de raíces

Un ejemplo de un promotor específico de raíces se encuentra en el documento US 5.837.848; y los documentos US 2004/0067506 y US 2001/0047525.

Promotores específicos de tubérculos

Un ejemplo de un promotor específico de tubérculos se encuentra en el documento US 6.184.443.

Promotores específicos de bulbos

Un ejemplo de un promotor específico de bulbos se encuentra en Smeets et al., (1997) Plant Physiol. 113: 765-771.

Promotores preferidos de rizomas

Un ejemplo de un promotor preferido de rizomas se encuentra en Jang et al., (2006) Plant Physiol. 142: 1148-1159.

Promotores específicos de endospermo

Un ejemplo de un promotor específico de endospermo se encuentra en el documento US 7.745.697.
Promotores de bulbos

Un ejemplo de un promotor capaz de impulsar la expresión en un bulbo se encuentra en Schenk et al., (2001) Plant Molecular Biology, 47: 399-412.

Promotores preferidos de tejido fotosintético

Los promotores preferidos de tejido fotosintético incluyen aquellos que se expresan preferentemente en tejidos fotosintéticos de las plantas. Los tejidos fotosintéticos de la planta incluyen hojas, tallo, brotes y partes de la planta por encima del suelo. Los promotores preferidos del tejido fotosintético incluyen promotores regulados por la luz.

Promotores regulados por la luz

Los expertos en la materia conocen numerosos promotores regulados por la luz e incluyen, por ejemplo, promotores de proteínas de unión a clorofila a/b (Cab) y promotores de subunidades pequeñas de Rubisco (SSU). Un ejemplo de un promotor regulado por la luz se encuentra en el documento US 5.750.385. Regulado por la luz en este contexto significa inducible por la luz o inducido por la luz.

Un "transgén" es un polinucleótido que se toma de un organismo y se introduce en un organismo diferente por transformación. El transgén puede derivarse de la misma especie o de una especie diferente a la especie del organismo en el que se introduce el transgén.

Células huésped

Las células huésped pueden derivarse de, por ejemplo, bacterias, hongos, levaduras, insectos, mamíferos, algas u organismos vegetales. Las células huésped también pueden ser células sintéticas. Las células huésped preferidas son células eucariotas. Una célula huésped particularmente preferida es una célula vegetal, particularmente una célula vegetal en un tejido vegetativo de una planta.

Una "planta transgénica" se refiere a una planta que contiene material genético nuevo como resultado de la manipulación o transformación genética. El material genético nuevo puede derivarse de una planta de la misma especie que la planta transgénica resultante, o de una especie diferente.

Métodos para aislar o producir polinucleótidos

Las moléculas de polinucleótidos de la invención pueden aislarse usando diversas técnicas conocidas por los expertos en la materia. A modo de ejemplo, dichos polinucleótidos pueden aislarse a través del uso de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) descrita en Mullis et al., Eds. 1994 The Polymerase Chain Reaction, Birkhauser. Los polinucleótidos de la invención pueden amplificarse usando cebadores, como se definen en el presente documento, derivados de las secuencias de polinucleótidos de la invención.

Métodos adicionales para aislar polinucleótidos de la invención incluyen el uso de todos, o de partes de, los polinucleótidos que tienen la secuencia establecida en el presente documento como sondas de hibridación. La técnica de hibridación de sondas de polinucleótidos marcadas con polinucleótidos inmovilizados sobre soportes sólidos, tales como filtros de nitrocelulosa o membranas de nailon, puede usarse para el cribado genómico o bibliotecas de ADNc. Condiciones de hibridación y lavado ejemplares son: hibridación durante 20 horas a 65 °C en SSC 5,0 X, dodecil sulfato sódico al 0,5 %, solución de Denhardt 1 X; lavado (tres lavados de veinte minutos cada uno a 55 °C) en SSC 1,0 X, dodecil sulfato sódico al 1 % (p/v), y opcionalmente un lavado (durante veinte minutos) en SSC 0,5 X, dodecil sulfato sódico al 1 % (p/v), a 60 °C. Puede llevarse a cabo un lavado adicional opcional (durante veinte minutos) en unas condiciones de SSC 0,1 X, dodecil sulfato sódico al 1 % (p/v), a 60 °C.

Los fragmentos de polinucleótidos de la invención pueden producirse mediante técnicas bien conocidas en la técnica tales como digestión con endonucleasas de restricción, síntesis con oligonucleótidos y amplificación por PCR.

Puede usarse una secuencia parcial de polinucleótidos, en los métodos bien conocidos en la técnica para identificar la correspondiente secuencia de polinucleótidos de longitud completa. Dichos métodos incluyen métodos basados en la PCR, 5'RACE (Frohman MA, 1993, Methods Enzymol. 218: 340-56) y métodos basados en hibridación, métodos basados en ordenador/base de datos. Además, a modo de ejemplo, una PCR inversa permite la adquisición de secuencias desconocidas, flanqueantes de las secuencias de polinucleótidos divulgadas en el presente documento, partiendo de cebadores basados en una región conocida (Triglia et al., 1998, Nucleic Acids Res 16, 8186). El método usa varias enzimas de restricción para generar un fragmento adecuado en la región conocida de un gen. Después, el fragmento se circulariza mediante un ligamiento intramolecular y se usa como molde para PCR. Se diseñan cebadores divergentes a partir de la región conocida. Con el fin de ensamblar físicamente clones de longitud completa, pueden

usarse las metodologías habituales de biología molecular (Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual", 2ª Ed. Cold Spring Harbor Press, 1987).

Puede ser beneficioso, cuando se produce una planta transgénica de una especie en particular, transformar dicha planta con una secuencia o secuencias derivadas de esa especie. El beneficio puede ser aliviar la preocupación pública relativa a la transformación entre especies cruzadas en la generación de organismos transgénicos. Por estas razones entre otras, es deseable ser capaces de identificar y aislar los ortólogos de un gen en particular en varias especies vegetales diferentes.

Las variantes (incluyendo los ortólogos) pueden identificarse mediante los métodos descritos.

Métodos para identificar variantes

Métodos físicos

Variantes de polipéptidos pueden identificarse usando métodos basados en PCR (Mullis et al., Eds. 1994 The Polymerase Chain Reaction, Birkhauser). Normalmente, la secuencia de polinucleótidos de un cebador, útil para amplificar variantes de moléculas de polinucleótidos de la invención mediante PCR, puede basarse en una secuencia que codifica una región conservada de la secuencia de aminoácidos correspondiente.

Métodos alternativos de cribado de bibliotecas, bien conocidos por los expertos en la materia, pueden emplearse (Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual", 2ª Ed. Cold Spring Harbor Press, 1987). Cuando se identifican variantes de la secuencia de la sonda, la hibridación y/o la rigurosidad del lavado se reducirán normalmente con respecto a cuando se buscan coincidencias de secuencia exactas.

Las variantes de polipéptidos también pueden identificarse por métodos físicos, por ejemplo, cribando bibliotecas de expresión usando anticuerpos generados contra los polipéptidos de la invención (Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual", 2ª Ed. Cold Spring Harbor Press, 1987) o identificando polipéptidos de fuentes naturales con ayuda de dichos anticuerpos.

Métodos informatizados

Las secuencias variantes de la invención, incluyendo variantes de polinucleótidos y de polipéptidos, también pueden identificarse mediante métodos informatizados bien conocidos por los expertos en la materia, usando algoritmos de alineación de secuencias y herramientas de búsqueda de similitudes entre secuencias de dominio público para buscar en bases de datos de secuencias de dominio público (las bases de datos de dominio público incluyen Genbank, EMBL, Swiss-Prot, PIR y otras). Véanse, por ejemplo, Nucleic Acids Res. 29: 1-10 y 11-16, 2001 para ejemplos de recursos en línea. Las búsquedas de similitudes recuperan y alinean las secuencias diana para compararlas con una secuencia a analizar (es decir, una secuencia de consulta). Los algoritmos de comparación de secuencias usan matrices de puntuación para asignar una puntuación global a cada una de las alineaciones.

Un ejemplo de familia de programas útil para identificar variantes en las bases de datos de secuencias es el conjunto de programas BLAST (versión 2.2.5 [noviembre de 2002]) que incluye BLASTN, BLASTP, BLASTX, tBLASTN y tBLASTX, que están disponibles públicamente en (ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/) o en el National Center for Biotechnology Information (NCBI), National Library of Medicine, Edificio 38A, Sala 8N805, Bethesda, MD 20894 Estados Unidos. El servidor del NCBI también proporciona el servicio para usar los programas para cribar varias bases de datos de secuencias disponibles públicamente. BLASTN compara una secuencia de nucleótidos de consulta frente a bases de datos de secuencias de nucleótidos.

BLASTP compara una secuencia de aminoácidos de consulta frente una base de datos de secuencias de proteínas. BLASTX compara una secuencia de nucleótidos de consulta traducida en todos los marcos de lectura frente una base de datos de secuencias de proteínas. tBLASTN compara una secuencia de proteínas de consulta frente a bases de datos de secuencias de nucleótidos traducidas dinámicamente en todos los marcos de lectura. tBLASTX compara las traducciones de seis marcos de una secuencia de nucleótidos de consulta frente a las traducciones de seis marcos de una base de datos de secuencias de nucleótidos. Los programas BLAST pueden usarse con los parámetros por defecto, o pueden alterarse los parámetros según se requiera para refinar el cribado.

El uso de la familia de algoritmos BLAST, incluyendo BLASTN, BLASTP y BLASTX, se describe en la publicación de Altschul et al., Nucleic Acids Res. 25: 3389-3402, 1997.

Los "resultados positivos" de una o más secuencias de bases de datos por parte de una secuencia consultada producida por BLASTN, BLASTP, BLASTX, tBLASTN, tBLASTX, o un algoritmo similar, alinean e identifican partes de secuencias similares. Los resultados positivos están ordenados según el grado de similitud y la longitud de solapamiento de la secuencia. Los resultados positivos para una secuencia de una base de datos representan generalmente un solapamiento únicamente sobre una fracción de la longitud de secuencia de la secuencia consultada.

Los algoritmos BLASTN, BLASTP, BLASTX, tBLASTN y tBLASTX también producen unos valores "esperados" para las alineaciones. El valor esperado (E) indica el número de resultados positivos que se podría "esperar" ver por azar cuando se busca en una base de datos del mismo tamaño que contiene secuencias contiguas aleatorias. El valor esperado se usa como un umbral de significación para la determinación de si el resultado positivo con respecto a una base de datos indica una verdadera similitud. Por ejemplo, se interpreta que un valor de E de 0,1 asignado a un resultado positivo para un polinucleótido significa que en una base de datos del tamaño de la base de datos cribada, podría esperarse observar 0,1 coincidencias en la parte alineada de la secuencia con una puntuación similar simplemente por azar. Para las secuencias que tienen un valor de E de 0,01 o menos en las partes alineadas y emparejadas, la probabilidad de encontrar una coincidencia al azar en esa base de datos es del 1 % o menos usando el algoritmo BLASTN, BLASTP, BLASTX, tBLASTN o tBLASTX.

Pueden llevarse a cabo múltiples alineaciones de secuencias de un grupo de secuencias relacionadas con CLUSTALW (Thompson, J.D., Higgins, D.G. y Gibson, T.J. (1994) CLUSTALW: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Research, 22:4673-4680, http://www-igbmc.u-strasbg.fr/BioInfo/ClustalW/Top.html) o T-COFFEE (Cedric Notredame, Desmond G. Higgins, Jaap Heringa, T-Coffee: A novel method for fast and accurate multiple sequence alignment, J. Mol. Biol. (2000) 302: 205-217)) o PILEUP, que usa alineaciones progresivas por parejas. (Feng y Doolittle, 1987, J. Mol. Evol. 25, 351).

Hay disponibles aplicaciones informáticas de reconocimiento de patrones para encontrar motivos o secuencias distintivas. Por ejemplo, MEME (Multiple Em for Motif Elicitation) encuentra motivos y secuencias distintivas en un conjunto de secuencias, y MAST (Motif Alignment and Search Tool) usa estos motivos para identificar motivos similares o iguales en secuencias de consulta. Los resultados de MAST se proporcionan en forma de una serie de alineaciones con los datos estadísticos apropiados y un resumen visual de los motivos encontrados. MEME y MAST se desarrollaron en la University of California, San Diego.

PROSITE (Bairoch y Bucher, 1994, Nucleic Acids Res. 22, 3583; Hofmann et al., 1999, Nucleic Acids Res. 27, 215) es un método para identificar las funciones de proteínas no caracterizadas traducidas de secuencias genómicas o de ADNc. La base de datos PROSITE (www.expasy.org/prosite) contiene patrones y perfiles biológicamente significativos y está diseñada para que pueda usarse con las herramientas computacionales apropiadas para asignar una nueva secuencia a una familia de proteínas conocida o para determinar qué dominio o dominios conocidos están presentes en la secuencia (Falquet et al., 2002, Nucleic Acids Res. 30, 235). Prosearch es una herramienta que puede buscar en las bases de datos SWISS-PROT y EMBL con una secuencia patrón o distintiva dada.

Métodos para aislar polipéptidos

Los polipéptidos de la invención, o usados en los métodos de la invención, que incluyen polipéptidos variantes, pueden prepararse usando métodos de síntesis de péptidos bien conocidos en la técnica, tales como síntesis de péptidos directa usando técnicas en fase sólida (por ejemplo, Stewart et al., 1969, en Solid-Phase Peptide Synthesis, WH Freeman Co, San Francisco California, o síntesis automatizada, por ejemplo, usando un sintetizador de péptidos Applied Biosystems 431A (Foster City, California). También se pueden producir formas mutadas de los polipéptidos durante dichas síntesis.

Los polipéptidos y polipéptidos variantes de la invención, o usados en los métodos de la invención, también pueden purificarse a partir de fuentes naturales usando diversas técnicas que son bien conocidas en la técnica (por ejemplo, Deutscher, 1990, Ed, Methods in Enzymology, Vol. 182, Guide to Protein Purification).

Como alternativa, los polipéptidos y polipéptidos variantes de la invención, o usados en los métodos de la invención, pueden expresarse de forma recombinante en células huésped adecuadas y separarse de las células como se discute a continuación.

Métodos para producir construcciones y vectores

Las construcciones genéticas descritas en el presente documento comprenden una o más secuencias de polinucleótidos de la invención y/o polinucleótidos que codifican polipéptidos de la invención, y pueden ser útiles para transformar, por ejemplo, bacterias, hongos, insectos, mamíferos u organismos vegetales. Se pretende que las construcciones genéticas descritas en el presente documento incluyan construcciones de expresión como se definen en el presente documento.

Los métodos para producir y usar construcciones genéticas y vectores son bien conocidos en la técnica y se describen de forma general en Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2ª Ed. Cold Spring Harbor Press, 1987; Ausubel et al., Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing, 1987).

Métodos para producir células huésped que comprenden polinucleótidos, construcciones o vectores

La invención proporciona una célula huésped que comprende una construcción genética o un vector de la invención.

Las células huésped que comprenden construcciones genéticas, tales como construcciones de expresión, de la invención, son útiles en métodos bien conocidos en la técnica (por ejemplo, Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2ª Ed. Cold Spring Harbor Press, 1987; Ausubel et al., Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing, 1987) para la producción recombinante de polipéptidos de la invención. Dichos métodos pueden implicar el cultivo de células huésped en un medio apropiado en unas condiciones adecuadas o conducentes a la expresión de un polipéptido de la invención. El polipéptido recombinante expresado, que opcionalmente puede ser secretado en el cultivo, puede separarse después del medio, de las células huésped o del medio de cultivo mediante métodos bien conocidos en la técnica (por ejemplo, Deutscher, Ed, 1990, Methods in Enzymology, vol. 182, Guide to Protein Purification).

Métodos para producir células vegetales y plantas que comprenden construcciones y vectores

La invención proporciona además células vegetales que comprenden una construcción genética descrita en el presente documento, y células vegetales modificadas para alterar la expresión de un polinucleótido o de un polipéptido de la invención o usado en los métodos de la invención. Las plantas que comprenden dichas células también forman un aspecto de la invención.

Los métodos para la transformación de células vegetales, de plantas y de partes de las mismas con polinucleótidos se describen en Draper et al., 1988, Plant Genetic Transformation and Gene Expression. A Laboratory Manual Blackwell Sci. Pub. Oxford, p. 365; Potrykus y Spangenburg, 1995, Gene Transfer to Plants. Springer-Verlag, Berlín.; y en Gelvin et al., 1993, Plant Molecular Biol. Manual. Kluwer Acad. Pub. Dordrecht. Una revisión sobre plantas transgénicas, incluyendo técnicas de transformación, se proporciona en Galun y Breiman, 1997, Transgenic Plants. Imperial College Press, Londres.

Métodos para la manipulación genética de plantas

Se encuentran disponibles varias estrategias de transformación de plantas (por ejemplo, Birch, 1997, Ann Rev Plant Phys Plant Mol Biol, 48, 297, Hellens RP, et al., (2000) Plant Mol Biol 42: 819-32, Hellens R et al., Plant Meth 1: 13). Por ejemplo, se pueden diseñar estrategias para aumentar la expresión de un polinucleótido/polipéptido en una célula vegetal, órgano y/o en una fase de desarrollo particular donde/cuando se expresa normalmente o para expresar ectópicamente un polinucleótido/polipéptido en una célula, tejido, órgano y/o en una fase de desarrollo particular que/cuando no se expresa normalmente. El polinucleótido/polipéptido expresado puede derivarse de la especie de planta que se va a transformar o puede derivar de una especie de planta diferente.

Las estrategias de transformación pueden diseñarse para reducir la expresión de un polinucleótido/polipéptido en una célula vegetal, tejido, órgano o en una fase de desarrollo particular que/cuando se expresa normalmente. Dichas estrategias se conocen como estrategias de silenciamiento de genes.

Las construcciones genéticas para la expresión de genes en plantas transgénicas incluyen normalmente promotores para dirigir la expresión de uno o más polinucleótidos clonados, terminadores y secuencias de marcadores seleccionables para detectar la presencia de la construcción genética en la planta transformada.

Los promotores adecuados para uso en las construcciones descritas en el presente documento son funcionales en una célula, tejido u órgano de una planta monocotiledónea o dicotiledónea e incluyen promotores específicos de células, tejidos y órganos, promotores específicos del ciclo celular, promotores temporales, promotores inducibles, promotores constitutivos que son activos en la mayoría de los tejidos vegetales, y promotores recombinantes. La elección del promotor dependerá de la expresión temporal y espacial del polinucleótido clonado, según se desee. Los promotores pueden ser aquellos normalmente asociados con un transgén de interés, o promotores que se derivan de genes de otras plantas, virus y bacterias y hongos patógenos para las plantas. Los expertos en la materia serán, sin excesiva experimentación, capaces de seleccionar promotores que sean adecuados para uso en la modificación y modulación de rasgos de plantas usando construcciones genéticas que comprenden las secuencias de polinucleótidos de la invención. Los ejemplos de promotores de plantas constitutivos incluyen el promotor 35S de CaMV, el promotor de la nopalina sintasa y el promotor de la octopina sintasa, y el promotor Ubi 1 del maíz. Los promotores de plantas que son activos en tejidos específicos responden a señales internas de desarrollo o estrés abiótico o biótico externo que se describen en la bibliografía científica. Promotores ejemplares se describen, por ejemplo, en los documentos WO 02/00894 y WO2011/053169.

Los terminadores ejemplares que se usan comúnmente en la construcción genética de transformación de plantas incluyen, por ejemplo, el terminador 35S del virus del mosaico de la coliflor (CaMV), los terminadores de nopalina sintasa u octopina sintasa de *Agrobacterium tumefaciens*, el terminador del gen de la zeína de *Zea mays*, el terminador del gen de ADP-glucosa pirofosforilasa de *Oryza sativa* y el terminador PI-II de *Solanum tuberosum*.

Los marcadores seleccionables usados comúnmente en la transformación de plantas incluyen el gen de la neomicina fofotransferasa II (NPT II) que confiere resistencia a kanamicina, el gen aadA, que confiere resistencia a espectinomicina y a estreptomicina, la fosfinotricina acetil transferasa (gen *bar*) para resistencia a Ignite (AgrEvo) y Basta (Hoechstric), y el gen de la higromicina fosfotransferasa (hpt) para resistencia a higromicina.

El uso de construcciones genéticas que comprenden genes indicadores (secuencias codificantes que expresan una actividad extraña al huésped, habitualmente una actividad enzimática y/o una señal visible (por ejemplo, luciferasa, GUS, GFP) que puede usarse para el análisis de la expresión del promotor en plantas y tejidos de las plantas también se contemplan. La bibliografía sobre genes indicadores se revisa en Herrera-Estrella et al., 1993, Nature 303, 209, y Schrott, 1995, en: Gene Transfer to Plants (Potrykus, T., Spangenberg. Eds) Springer Verlag. Berlín, pág. 325-336.

Las siguientes son publicaciones representativas que describen protocolos de transformación genética que pueden usarse para transformar genéticamente las siguientes especies de plantas: arroz (Alam et al., 1999, Plant Cell Rep. 18, 572); manzana (Yao et al., 1995, Plant Cell Reports 14, 407-412); maíz (patentes de Estados Unidos Nº de serie 5.177.010 y 5.981.840); trigo (Ortiz et al., 1996, Plant Cell Rep. 15, 1996, 877); tomate (patente de Estados Unidos Nº de serie 5.159.135); patata (Kumar et al., 1996 Plant J. 9,: 821); yuca (Li et al., 1996 Nat. Biotechnology 14, 736); lechuga (Michelmore et al., 1987, Plant Cell Rep. 6, 439); tabaco (Horsch et al., 1985, Science 227, 1229); algodón (patentes de Estados Unidos Nº de serie 5.846.797 y 5.004.863); gramíneas (patentes de Estados Unidos Nº 5.187.073 y 6.020.539); menta (Niu et al., 1998, Plant Cell Rep. 17, 165); plantas cítricas (Pena et al., 1995, Plant Sci.104, 183); alcaravea (Krens et al., 1997, Plant Cell Rep, 17, 39); plátano (patente de Estados Unidos Nº de serie 5.792.935); soja (patentes de Estados Unidos Nº 5.416.011; 5.569.834; 5.824.877; 5.563.04455 y 5.968.830); piña (patente de Estados Unidos Nº de serie 5.952.543); álamo (patente de Estados Unidos Nº 4.795.855); monocotiledóneas en general (patentes de Estados Unidos Nº 5.591.616 y 6.037.522); Brassica (patentes de Estados Unidos Nº 5.188.958; 5.463.174 y 5.750.871); cereales (patente de Estados Unidos Nº 6.074.877); pera (Matsuda et al., 2005, Plant Cell Rep. 24(1):45-51); Prunus (Ramesh et al., 2006 Plant Cell Rep. 25 (8): 821-8; Song y Sink 2005 Plant Cell Rep. 2006; 25(2):117-23; Gonzalez Padilla et al., 2003 Plant Cell Rep.22(1):38-45); fresa (Oosumi et al., 2006 Planta. 223 (6): 1219-30; Folta et al., 2006 Planta, 14 de abril; PMID: 16614818), rosa (Li *et al.,* 2003), Rubus (Graham et al., 1995 Methods Mol Biol. 1995; 44: 129-33), tomate (Dan et al., 2006, Plant Cell Reports V25:432-441), manzana (Yao et al., 1995, Plant Cell Rep. 14, 407-412), colza (Brassica napus L.).(Cardoza y Stewart, 2006 Methods Mol Biol. 343:257-66), cártamo (Orlikowska et al, 1995, Plant Cell Tissue and Organ Culture 40:85-91), raigrás (Altpeter et al, 2004 Developments in Plant Breeding 11(7):255-250), arroz (Christou et al, 1991 Nature Biotech. 9:957-962), maíz (Wang et al., 2009 en: Handbook of Maize pág. 609-639) y *Actinidia eriantha* (Wang et al., 2006, Plant Cell Rep. 25,5: 425-31). La invención también contempla la transformación de otras especies. Métodos y protocolos adecuados están disponibles en la bibliografía científica.

Breve descripción de las figuras

La figura 1 muestra la secuencia de ácido nucleico y la traducción de tres marcos de la región transcrita de DGAT1 de *Arabidopsis thaliana* (SEQ ID NO:128). Las secuencias codificantes de exones se muestran en negrita, subrayadas, bloques grises.

La figura 2 muestra la secuencia de ácido nucleico y la traducción de tres marcos de la región transcrita de DGAT1 corta de *Zea mays* (SEQ ID NO:129). Esta secuencia genómica tiene F469 delecionado y Q67 añadido en comparación con las secuencias de ADNc (EU039830) y péptido (ABV91586) usadas realmente en esta patente. Las secuencias codificantes de exones se muestran en negrita, subrayadas, bloques grises.

La figura 3 muestra la secuencia peptídica de la región citoplásmica *N*-terminal de varias DGAT1 de plantas que incluyen versiones tanto largas como cortas de las gramíneas, así como ejemplos de especies dicotiledóneas. El recuadro de la izquierda representa el sitio de unión a acil-CoA (Nykiforuk et al., 2002, Biochimica et Biophysica Acta 1580:95-109). El recuadro de la derecha representa la primera región transmembrana (McFie et al., 2010, JBC., 285: 37377-37387). La flecha de la izquierda representa el límite entre el exón 1 y el exón 2. La flecha de la derecha representa el límite entre el exón 2 y el exón 3. Las secuencias sonAtDGAT1 (SEQ ID NO:130), BjDGAT1 (SEQ ID NO:131), BnDGAT1-AF (SEQ ID NO:132), BjDGAT1 (SEQ ID NO:133), TmajusDGAT1 (SEQ ID NO:134), EpDGAT1 (SEQ ID NO:135), VgDGAT1 (SEQ ID NO:136), NtDGAT1 (SEQ ID NO:137), PfDGAT1 (SEQ ID NO:138), Zml (SEQ ID NO:139), SbDGAT1 (SEQ ID NO:140), OsL (SEQ ID NO:141), OsS (SEQ ID NO:142), SbDGAT1 (SEQ ID NO:143), ZmS (SEQ ID NO:144), PpDGAT1 (SEQ ID NO:145), SmDGAT1 (SEQ ID NO:146), EaDGAT1 (SEQ ID NO:147), VvDGAT1 (SEQ ID NO:148), GmDGAT1 (SEQ ID NO:149), GmDGAT1 (SEQ ID NO:150), LjDGAT1 (SEQ ID NO:151), MtDGAT1 (SEQ ID NO:152), JcDGAT1 (SEQ ID NO:153), VfDGAT1 (SEQ ID NO:154), RcDGAT1 (SEQ ID NO:155), PtDGAT1 (SEQ ID NO:156), Pt DGAT1 (SEQ ID NO:157).

La figura 4 muestra las estructuras de enlace lineal de los residuos de aminoácidos lisina (K) y arginina (R).

Ejemplos

Ejemplo 1: selección de secuencia DGAT1 de planta y predicción del sitio de corte y empalme

La mayoría de las secuencias de ácido nucleico y secuencias peptídicas para las DGAT tipo 1 de planta se pueden encontrar por número de acceso en bibliotecas de dominio público (tabla 1). Para crear alineaciones iniciales se usó ClustalW (Thompson et al., 1994, Nucleic Acids Res., 22, 4673-4680); estas se editaron manualmente y se usaron para crear los modelos para buscar las secuencias DGAT, usando el paquete HMMER2 (HMMER 2.3.2 (octubre de 2003) Copyright© 1992-2003 HHMI/Washington University School of Medicine, disponible en Internet en

http://hmmer.org). El emparejamiento inicial de las secuencias de proteínas contra el ADN genómico con la predicción de corte y empalme se realizó con el paquete GeneWise (Birney et al., 2004, Genome Res. 14: 988-995). Algunas de las secuencias recuperadas parecían tener errores; en particular, los sitios de corte y empalme predichos incorrectamente darían lugar a deleciones internas que probablemente darían como resultado proteínas no funcionales. Si bien las DGAT de tipo 1 de dicotiledóneas y monocotiledóneas tienen 16 exones, existen algunas diferencias en la posición del corte y empalme. El exón 8 en el gen DGAT1 de dicotiledónea corresponde a los exones 8 y 9 en el gen DGAT1 de monocotiledónea, mientras que el exón 14 en el gen de monocotiledónea corresponde a los exones 13 y 14 en el gen de dicotiledónea. Se descubrió que el método más preciso para determinar la probable secuencia codificante genuina a partir de datos genómicos fue usar Vector NTI Advance (TM) 11.0 (© 2008 Invitrogen Corporation) para traducir el genoma en los tres marcos de lectura directos y alinearlos con DGAT1 funcionales demostradas de especies dicotiledóneas o monocotiledóneas, según corresponda (por ejemplo, ADNc de *A. thaliana* NM_127503, proteína NP_179535 y ADNc de *Z. mays* EU039830, proteína ABV91586). La secuencia genómica y las posiciones correspondientes de exón/intrón para *Arabidopsis thaliana* que codifica NP_179535 y *Zea mays* que codifica ABV91586 que se pueden usar como modelo para determinar otras regiones de codificación DGAT de plantas se muestran en las figuras 1 y 2, respectivamente. Se muestra un ejemplo del uso de este modelo para la determinación de DGAT1 de *Z. mays*, SEQ ID NO:10 y SEQ ID NO:39.

Tabla 1

Especie fuente de DGAT1	Nº de acceso y Nº BAC de ADN	SEQ ID NO:	Nº de acceso y Nº BAC de PROTEÍNA	SEQ ID NO:
A. thaliana	NM_127503	1	NP_179535	30
B. juncea	AF164434	2	AAY40784	31
B. napus	AF164434_1	3	AAD45536.1	32
B. juncea	DQ016107	4	AAY40785	33
T. majus	AY084052	5	AAM03340	34
E. pitardii	FJ226588	6	ACO55635	35
V. galamensis	EF653276	7	ABV21945	36
N. tabacum	AF129003_1	8	AAF19345.1	37
P. frutescens	AF298815_1	9	AAG23696.1	38
Z. mays	De: CHORI-201 Maíz B73 BAC	10	De: CHORI-201 Maíz B73 BAC	39
S. bicolor	XM_002439374	11	XP_002439419	40
O. sativa	Os05 g0196800	12	NP_001054869	41
O. sativa	De: AP003714.1	13	De: AP003714.1	42
S. bicolor	XM_002437120.1	14	XP_002437165	43
Z. mays	EU039830	15	ABV91586	44
P. patens	XM_001770877.1	16	XP_001770929	45
S. moellendorffii	XM_002964119	17	XP_002964165	46
E. alatus	AY751297	18	AAV31083	47
V. vinifera	XM_002279309	19	XP_002279345	48
G. max	AY496439	20	AAS78662	49
G. max	AB257590	21	BAE93461	50
L. japonicus	A Y859489	22	AAW51456	51
M. truncatula	AC174465.2	23	ABN09107	52
J. curcas	DQ278448.1	24	ABB84383	53
V. fordii	DQ356680.1	25	ABC94472	54
V. galamensis	EF653276.1	26	ABV21945	55
R. communis	XM_002514086.1	27	XP_002514132	56
P. trichocarpa	XM_002308242.1	28	XP_002308278	57
P. trichocarpa	XM_002330474.1	29	XP_002330510	58

Ejemplo 2: Producción de proteínas DGAT1 quiméricas para expresión en células

Las construcciones de ácido nucleico que codifican las secuencias de aminoácidos, SEQ ID NO:30, 34, 39, 41, 42 y 44 (tabla 1) fueron optimizadas para la expresión en *Saccharomyces cerevisiae* por GeneArt AG (Alemania). Estas se

diseñaron para tener un sitio *XhoI* interno dentro del exón 1 que codifica la región de unión a acil-Co *N*-terminal conservada (identificada por Weselake 2006) sin alterar la secuencia de aminoácidos leucina-serina-serina (LSS). La figura 3 muestra la alineación de varias secuencias de DGAT1 de plantas. El recuadro de la izquierda muestra la posición del sitio de unión a acil-CoA.

Se diseñó un sitio de EcoRI cadena arriba de la secuencia codificante en 5', mientras que un sitio XbaI se colocó cadena abajo del codón de terminación en 3'. Los sitios de XhoI interno y EcoRI y XbaI flanqueantes se usaron para generar quimeras entre cada uno de los clones de DGAT1 originales; esencialmente esto fusionó la reputada región citoplásmica N-terminal (basada en Weselake et al 2006 y McFie et al, 2010) de una DGAT1 con la región luminal del RE *C*-terminal de una DGAT1 diferente. En algunas combinaciones, esto dio como resultado un cambio de un aminoácido en la región citoplásmica remanente cadena abajo del sitio de XhoI diseñado. La supuesta región de unión a acil-Co, DGAT1 de *A. thaliana*, DGAT1 de *T.majus*, DGAT1 de *Z.mays*-L y DGAT1 de *O. sativa*-L tienen una secuencia de aminoácidos idéntica cadena abajo del sitio XhoI (LSSDAIFKQSHA). Mientras que en DGAT1 de *Z.mays*-S y DGAT1 de *O. sativa*-S, el residuo de lisina (K) se reemplaza por un residuo de arginina (R) (LSSDAIFRQSHA). Dado que la posición de este residuo está ubicada 3' en el sitio de *Xho* I codificado por LLS, las quimeras derivadas de un original que contiene la lisina y un original que contiene el residuo de arginina darán como resultado efectivamente una sustitución de este residuo. Esto se consideró una interrupción mínima, ya que tanto la lisina como la arginina son aminoácidos grandes, hidrófilos, cargados positivamente, que contienen un grupo de amina o guanidinio libre, respectivamente, al final de una cadena lateral alifática (figura 4). La lista completa de construcciones de intercambio de dominios de la región *N*-terminal/región *C*-terminal se encuentra en la tabla 2, con las SEQ ID NO:59-94 correspondientes.

Tabla 2

DGAT1 original *N*-terminal	DGAT1 original *C*-terminal	Fusión de cola *C*-terminal	SEQ ID NO:
A. thaliana	*A. thaliana*	V5-6xHis	59
A. thaliana	*O. sativa*-S	V5-6xHis	60
A. thaliana	*O. sativa*-L	V5-6xHis	61
A. thaliana	*Z. mays*-S	V5-6xHis	62
A. thaliana	*Z. mays*-L	V5-6xHis	63
A. thaliana	*T. majus*	V5-6xHis	64
O. sativa-S	*O. sativa*-S	V5-6xHis	65
O. sativa-S	*A. thaliana*	V5-6xHis	66
O. sativa-S	*O. sativa*-L	V5-6xHis	67
O. sativa-S	*Z. mays*-S	V5-6xHis	68
O. sativa-S	*Z. mays*-L	V5-6xHis	69
O. sativa-S	*T. majus*	V5-6xHis	70
O. sativa-L	*O. sativa*-L	V5-6xHis	71
O. sativa-L	*A. thaliana*	V5-6xHis	72
O. sativa-L	*O. sativa*-S	V5-6xHis	73
O. sativa-L	*Z. mays*-S	V5-6xHis	74
O. sativa-L	*Z. mays*-L	V5-6xHis	75
O. sativa-L	*T. majus*	V5-6xHis	76
Z. mays-S	*Z. mays*-S	V5-6xHis	77
Z. mays-S	*A. thaliana*	V5-6xHis	78
Z. mays-S	*O. sativa*-S	V5-6xHis	79
Z. mays-S	*O. sativa*-L	V5-6xHis	80
Z. mays-S	*Z. mays*-L	V5-6xHis	81
Z. mays-S	*T. majus*	V5-6xHis	82
Z. mays-L	*Z. mays*-L	V5-6xHis	83
Z. mays-L	*A. thaliana*	V5-6xHis	84
Z. mays-L	*O. sativa*-S	V5-6xHis	85
Z. mays-L	*O. sativa*-L	V5-6xHis	86
Z. mays-L	*Z. mays*-S	V5-6xHis	87
Z. mays-L	*T. majus*	V5-6xHis	88
T. majus	*T. majus*	V5-6xHis	89

DGAT1 original *N*-terminal	DGAT1 original *C*-terminal	Fusión de cola *C*-terminal	SEQ ID NO:
T. majus	*A. thaliana*	V5-6xHis	90
T. majus	*O. sativa*-S	V5-6xHis	91
T. majus	*O. sativa*-L	V5-6xHis	92
T. majus	*Z. mays*-S	V5-6xHis	93
T. majus	*Z. mays*-L	V5-6xHis	94

Las secuencias fueron sintetizadas por GENEART AG (Alemania) o GeneScript (EE. UU.). Las secuencias se optimizaron para la expresión en *Saccharomyces cerevisiae* y se flanquearon con sitios de restricción apropiados incorporados apropiados para facilitar la clonación en el vector pYES2.1 (Invitrogen).

Ejemplo 3: Expresión de secuencias DGAT1 quiméricas en células

Expresión de construcciones en S. cerevisiae

Las construcciones de DGAT1 originales y las construcciones de DGAT1 quiméricas se colocaron en el vector de expresión de levadura inducible por galactosa pYES2.1/V5-His TOPO® (Invitrogen). Esto dio como resultado la adición de un epítopo V5 *C*-terminal en el marco y una marca de histidina 6x. El nombre de las construcciones quiméricas y el número de sus secuencias peptídicas correspondientes se muestran en la tabla 2.

El mutante cuádruple de *Saccharomyces cerevisiae* (H1246) en el que se han alterado los cuatro genes de biosíntesis de lípidos neutros (Sandager et al., 2002, The Journal of Biological Chemistry, 277: 6478-6482) se transformó según Elble (1992, BioTechniques 13, 18-20) y se seleccionó por la capacidad de crecer en ausencia de uracilo. De forma rutinaria, las células de levadura se cultivaron aeróbicamente durante una noche en un medio sintético con un 0,67 % de YNB, sin uracilo (SC-U) y que contenía un 2 % de glucosa. Se usaron células de cultivo durante la noche para inocular 200 ml de medio de inducción (SC-U que contenía un 2 % de galactosa y un 1 % de rafinosa) a una DO_{600} inicial de 0,4. Se permitió que las células crecieran más a 30 °C, con agitación a 200 rpm hasta la fase estacionaria tardía, normalmente 48 h. Las células se recogieron mediante centrifugación a 1500 x g durante 5 minutos, a continuación los sedimentos celulares se lavaron con agua destilada y se usaron inmediatamente para el análisis posterior o se mantuvieron a -80 °C hasta que se requirieron. Los sedimentos celulares para la extracción de lípidos neutros se liofilizaron durante 48 horas y se almacenaron en un congelador a -20 °C hasta que se requirieron.

Análisis lipídico de S. cerevisiae

Aproximadamente 10 mg de material celular de levadura liofilizado se pesaron con precisión y después se rompieron usando perlas de vidrio mediante agitación en vórtice durante 1 minuto. Este lisado se extrajo en HCl metanólico caliente para el análisis de éster metílico de ácido graso (FAME) (Browse et al., 1986, Anal. Biochem. 152, 141-145).

Para el análisis del perfil de FA, se colocaron aproximadamente 50 mg de levadura liofilizada en un tubo con tapón de rosca de 13 mm, y se añadió un volumen igual de perlas de vidrio antes de agitar en vórtice a alta velocidad en 3 ráfagas de 1 minuto. Después de la adición de 50 µg de patrón interno TAG 19:0, se añadieron 2,4 ml de NaCl 0,17 M en MeOH y la mezcla se agitó en vórtice durante 15 segundos, seguido de la adición a continuación de 4,8 ml de heptano y se mezclaron todos los contenidos.

La solución se incubó a continuación en un baño de agua a 80 °C durante 2 h sin agitación. Después de la incubación, la solución se enfrió a temperatura ambiente. Después del enfriamiento, la fase superior (fase lipídica) se transfirió a un nuevo tubo con tapón de rosca y se evaporó a sequedad bajo una corriente de nitrógeno gaseoso. El residuo seco se disolvió a continuación en 1 ml de heptano y se mezcló bien para la separación SPE de TAG usando una columna de sílice Strata Si-1 (Phenomenwx, 8B-S012-EAK).

Después de preacondicionar con metanol y equilibrar la columna de sílice con heptanos, se hizo pasar el extracto de TAG de 1 ml (incluidos 50 µg de patrón interno TAG 17:0 a través de la columna previamente equilibrada, seguido de 1,2 ml de heptano y después 2 ml de cloroformo:heptano 1:9 v/v/) y se recogió el eluato. El eluato total recogido se evaporó a sequedad bajo la corriente de N gaseoso y el residuo se usó para la extracción de FAME.

FAME de TAG extraído

Al residuo de TAG anterior, se le añadieron de 10 µl de patrón interno 15:0 FA (4 mg/ml disueltos en heptano) y 1 ml de reactivo de HCl metanólico (1 N) que contenía un 5 % de 2,2-dimeetoxipropano (como eliminador de agua).

A continuación se lavó el tubo con N gaseoso, después se selló inmediatamente con un tapón revestido de teflón y se calentó a 80 °C en un baño de agua durante 1 h. Después del enfriamiento, se añadieron 0,6 ml de heptano y 1,0 ml de NaCl al 0,9 % (p/v), la mezcla se agitó en vórtice y después se centrifugó a 500 rpm durante 1 minuto.

A partir de la capa superior de heptano, se recogieron 100 µl y se transfirieron a un inserto de vidrio de fondo plano colocado en un vial para el análisis por GC/MS de FAMES.

Extracción de proteínas y digestión con tripsina

Los sedimentos celulares de levadura se lavaron con tampón de lisis (fosfato de sodio 50 mM, pH 7,4, EDTA 1 mM, glicerol al 5 %, PMSF 1 mM), después se resuspendieron en 500 µl de tampón de lisis, se añadieron perlas de vidrio y las células se rompieron agitando en vórtice 2x a velocidad media durante 30 segundos. Los residuos celulares se sedimentaron por centrifugación a 1000 x *g* durante 5 minutos, el sobrenadante se transfirió a tubos nuevos y las membranas celulares totales se sedimentaron mediante ultracentrifugación a 100.000 x g durante 1 h. Las proteínas de membrana se resuspendieron en tampón de lisis con o sin detergente (dodecil maltósido al 1 %) y se cuantificaron en un fluorómetro Qubit usando el kit de cuantificación Qubit IT.

Se añadió tripsina para dar una concentración final de 25 µg/ml a 50 µl de extracto de proteína y la mezcla se incubó a 30 °C durante 30 minutos. La reacción se terminó mediante la adición de un inhibidor de tripsina de Glycine max (Sigma-Aldrich nº de catálogo T6414) a una concentración final de 0,4 µg/µl. Después de la adición del inhibidor de tripsina, se añadieron 4x de colorante de carga de SDS y 10x de agente reductor (Invitrogen), y la proteína se incubó a 70 °C durante 10 minutos antes de SDS-PAGE seguido de inmunotransferencia. La transferencia se ensayó con un anticuerpo Anti V5-HRP (nº de catálogo R96125, Invitrogen) a una dilución de 1:2500, o con un anticuerpo anti Kar2 (y-115) producido en conejo (SC-33630, Santa Cruz Biotechnology) a una dilución de 1:200. Se usó anti Kar2 para detectar la proteína de levadura Kar2, una proteína localizada luminalmente en el RE (Rose et al., 1989, Cell 57,1211-1221) que sirve como control para demostrar la presencia de microsomas intactos.

Ejemplo 4: Expresión de DGAT1 quimérica en *Brassica napus*

La misma estrategia, como se describe en el ejemplo 2, se usó para generar diversas construcciones de DGAT1 quiméricas para la expresión en las semillas de *Brassica napus*. Esto incluyó las DGAT1 originales de *T. majus* DGAT1, *Z. mays*-L DGAT1 y *Z. mays*-S DGAT1 (aminoácido SEQ ID NO: 34, 39 y 44 respectivamente, tabla 1) optimizadas para la expresión en *Brassica napus* por GeneArt AG. La construcción de *T. majus* se diseñó para contener una mutación puntual única $S_{197}A$ (Xu et al., 2008, Plant Biotechnology Journal, 6: 799-818). Todas las construcciones se diseñaron para tener un Kozak optimizado, el intrón UBQ10 de *Arabidopsis thaliana* y un codón de terminación tetranucleotídico según Scott et al., (2010, Plant Biotechnology Journal, 8: 912-917) como se indica en la tabla 3 a continuación.

Tabla 3

Especie de DGAT1 original	Kozak, intrón, codón de terminación	Modificación de residuos	SEQ ID NO:
T. majus	sí	S197A	95
Z. mays-S	sí	ninguna	96
Z. mays-L	sí	ninguna	97

El mismo patrón de digestión usado para generar las quimeras para expresión en *S. cerevisiae* (ejemplo 2) se usó en las construcciones optimizadas para *B. napus* para generar las quimeras Tm-ZmS; Tm-Zml; ZmS-Tm (S170A); Zml-Tm (S189A); dando como resultado las secuencias de péptidos enumeradas en la tabla 4 (quimeras de DGAT1, Región 1, para expresión en *Brassica napus*).

Tabla 4

DGAT1 original *N*-terminal	DGAT1 original *C*-terminal	Modificación de residuos	SEQ ID NO:
T. majus	*T. majus*	S197A	98
Z. mays-S	*Z. mays*-S	ninguna	99
Z. mays-L	*Z. mays*-L	ninguna	100
T. majus	*Z. mays*-S	ninguna	101
T. majus	*Z. mays*-L	ninguna	102
Z. mays-S	*T. majus*	S170A	103
Z. mays-L	*T. majus*	S189A	104

Las DGAT originales y sus quimeras se transfirieron al vector binario compatible con Gateway®, pMD107 (cortesía del Dr. Mark Smith, NRC Saskatoon, SK, Canadá, S7N 0W9) que los colocó bajo el control del promotor napin específico de semillas (Ellerström et al., 1996, Plant Molecular Biology, Volumen 32, volumen 6, pág. 1019-1027).

Transformación de plantas

B. napus (cv. DH12075) se transformó mediante *Agrobacterium tumefaciens* (GV3101) usando el método de cultivo de cotiledón (adaptado del de Maloney et al., 1989, Plant Cell Rep. 8, 238-242). Las líneas de control contenían un

vector vacío y, cuando se identificaron, las líneas hermanas nulas se usaron posteriormente como controles verdaderos.
Se produjeron aproximadamente 200 líneas T_0 transformadas y sus correspondientes semillas autofecundadas T_1 se analizaron para determinar el contenido de aceite mediante GC. Se seleccionaron aproximadamente 50 líneas transgénicas individuales (incluidas las líneas de control) para la próxima generación (10 plantas/línea) basándose en su contenido de aceite o peso de semilla (8 líneas).

Se cultivaron aproximadamente un total de aproximadamente plantas T_1 y se cribaron por PCR para el número de copias y la identificación de líneas hermanas nulas. Las semillas T_2 se analizaron por triplicado para determinar el contenido de aceite por RMN.

Ejemplo 5: Expresión de DGAT1 quimérica en *Camelina sativa*

La estrategia anterior también se puede usar para generar diversas construcciones de DGAT1 quiméricas para expresión en las semillas de *Camelina sativa* y otras plantas.
Las secuencias con modificaciones fueron sintetizadas por GENEART AG (Alemania) o GeneScript (EE. UU.). Las secuencias se optimizaron para la expresión en especies de *Brassica* e incluyeron un intrón (SEQ ID NO:105) de *Arabidopsis thaliana* DGAT1 - intrón 3. Cada secuencia estaba flanqueada con sitios de recombinación attL apropiados para permitir la clonación de vectores adaptados a Gateway®.

Tabla 5

DGAT1 original *N*-terminal	DGAT1 original *C*-terminal	Modificación de residuos	Mod *C*-terminal	Información adicional	Tipo de secuencia	SEQ ID NO:
T.majus	T. majus	S197A	V5-marca His	+ intrón	NUCLEICA	106
T.majus	T. majus	S197A	V5-marca His	ORF solo	NUCLEICA	107
T.majus	T. majus	S197A	V5-marca His		PEPTÍDICA	108
Z. mays-L	Z. mays-L	Ninguna	V5-marca His	+ intrón	NUCLEICA	109
Z. mays-L	Z. mays-L	Ninguna	V5-marca His	ORF solo	NUCLEICA	110
Z. mays-L	Z. mays-L	Ninguna	V5-marca His		PEPTÍDICA	111
T.majus	Z. mays-L	Ninguna	V5-marca His	+ intrón	NUCLEICA	112
T.majus	Z. mays-L	Ninguna	V5-marca His	ORF solo	NUCLEICA	113
T.majus	Z. mays-L	Ninguna	V5-marca His		PEPTÍDICA	114
Z. mays-L	T. majus	S189A	V5-marca His	+ intrón	NUCLEICA	115
Z. mays-L	T. majus	S189A	V5-marca His	ORF solo	NUCLEICA	116
Z. mays-L	T. majus	S189A	V5-marca His		PEPTÍDICA	117
Z. mays-S	Z. mays-S	Ninguna	V5-marca His	+ intrón	NUCLEICA	118
Z. mays-S	Z. mays-S	Ninguna	V5-marca His	ORF solo	NUCLEICA	119
Z. mays-S	Z. mays-S	Ninguna	V5-marca His		PEPTÍDICA	120
Z. mays-S	T. majus	S170A	V5-marca His	+ intrón	NUCLEICA	121
Z. mays-S	T. majus	S170A	V5-marca His	ORF solo	NUCLEICA	122
Z. mays-S	T. majus	S170A	V5-marca His		PEPTÍDICA	123

DGAT1 original *N*-terminal	DGAT1 original *C*-terminal	Modificación de residuos	Mod *C*-terminal	Información adicional	Tipo de secuencia	SEQ ID NO:
T.majus	Z. mays-S	Ninguna	V5-marca His	+ intrón	NUCLEICA	124
T.majus	Z. mays-S	Ninguna	V5-marca His	ORF solo	NUCLEICA	125
T.majus	Z. mays-S	Ninguna	V5-marca His		PEPTÍDICA	126

Las DGAT originales y sus formas modificadas se transfirieron al vector binario adaptado por Gateway, pRSh1, compatible con Gateway® (Winichayakul et al., 2009, Biotechnol. Appl. Biochem. 53, 111-122) modificado por reemplazo del promotor CaMV35S reemplazado con el promotor Napin de *Brassica napus* (SEQ ID NO:127).

Transformación de *Camelina sativa*

Se transformó *C. sativa* (cf. Calena) mediante Agrobacterium tumefaciens (GV3101) usando el método de inmersión floral (adaptado del método de Clough y Bent, 1998, Plant J. 16 (6): 735-745). Esencialmente, las semillas se sembraron en mezcla para enmacetado, en macetas de 10 cm en un ambiente controlado, aproximadamente 6 semanas después de la siembra, las flores se sumergieron durante 5-14 minutos a vacío (70-80 pulgadas de Hg) en un cultivo durante una noche de células de Agrobacterium GV3101 apropiadas resuspendidas en un tampón de inmersión floral. Después de la transformación al vacío, las plantas se mantuvieron durante 24 h en condiciones de poca luz cubriendo parcialmente con una lámina de plástico negro. Las transformaciones al vacío se pueden repetir tres veces a intervalos de aproximadamente 10-12 días, correspondientes a la duración de la floración. Las plantas se cultivaron en una mezcla para enmacetado en un ambiente controlado (16 horas de duración del día, 21-24 °C, 65-70 % de humedad relativa).

Las semillas T_1 producidas pueden recogerse y rastrearse en busca de transformantes mediante la germinación y el crecimiento de las plántulas a 22 °C con luz continua en una placa de selección de medio MS de media concentración (pH 5,6) que contenía un 1 % (p/v) de sacarosa, 300 mg/l de timentina y 25 mg/l de DL-fosfinotricina para seleccionar para resistencia a los herbicidas. Las poblaciones de semillas autofecundadas T_2 también pueden analizarse mediante inmunotransferencia para detectar la presencia del epítopo V5.

Las semillas autofecundadas pueden analizarse para determinar el contenido de aceite por GC. Se pueden seleccionar aproximadamente 50 líneas transgénicas individuales (incluidas las líneas de control) para la próxima generación (10 plantas/línea) basándose en su contenido de aceite o peso de semilla. Las plantas T_2 se pueden cultivar y analizar por PCR para determinar el número de copias y la identificación de líneas hermanas nulas. Las semillas de T_2 se pueden analizar por triplicado para el contenido de aceite por RMN o GC/MS.

Resultados

El intercambio de la región N-terminal de DGAT1 de la planta aumenta la producción de lípidos en Saccharomyces cerevisiae

La región citoplásmica *N*-terminal se puede intercambiar entre diferentes DGAT1 de plantas para aumentar el rendimiento de lípidos. Las tablas 5-11 muestran los rendimientos de lípidos de diversas DGAT1 quiméricas en las que la región citoplásmica *N*-terminal se derivó de una DGAT1 de planta mientras que el resto de la proteína se derivó de otra DGAT1 de planta. Los rendimientos de lípidos se presentan como gramos de lípidos producidos por litro (lo que, por lo tanto, compensa cualquier diferencia en la tasa de crecimiento) o se han normalizado como un porcentaje del rendimiento de lípidos de la DGAT1 original no modificada correspondiente.

En la tabla 5 se muestra una comparación de las DGAT1 originales y las DGAT1 quiméricas preparadas usando un original donante para la región *N*-terminal y un original donante diferente para la región *N*-terminal. Los rendimientos de lípidos a las 32 h se normalizaron frente al original que produce más límpidos (*Z. mays*-L) y se presentan en orden ascendente.

En la tabla 6 se muestra una comparación de DGAT1 originales de *T. majus* y DGAT1 quiméricas preparadas usando *T. majus* como original donante para la región *N*-terminal o usando *T. majus* como original donante para la región *C*-terminal. Los rendimientos de lípidos a las 32 h se normalizaron frente al rendimiento de lípidos de la DGAT1 original de la región *C*-terminal.

En la tabla 7 se muestra una comparación de DGAT1 originales de *O. Sativa*-L y DGAT1 quiméricas preparadas usando *O. Sativa* como original donante para la región *N*-terminal o usando *O. Sativa*-L como original donante para la región *C*-terminal. Los rendimientos de lípidos a las 32 h se normalizaron frente al rendimiento de lípidos de la DGAT1 original de la región *C*-terminal. ND = No disponible.

En la tabla 8 se muestra una comparación de DGAT1 originales de *Z. mays*-L y DGAT1 quiméricas preparadas usando *Z. mays*-L como original donante para la región *N*-terminal o usando Z. *mays*-L como original donante para la región *C*-terminal. Los rendimientos de lípidos a las 32 h se normalizaron frente al rendimiento de lípidos de la DGAT1 original de las regiones 2-4. ND = No disponible.

En la tabla 9 se muestra una comparación de DGAT1 originales de *O. sativa*-S y DGAT1 quiméricas preparadas usando *O. sativa*-S como original donante para la región *N*-terminal o usando *O. sativa*-S como original donante para la región *C*-terminal. Los rendimientos de lípidos a las 32 h se normalizaron frente al rendimiento de lípidos de la DGAT1 original de la región *C*-terminal. ND = No disponible.

En la tabla 10 se muestra una comparación de DGAT1 originales de *Z. mays-S* y DGAT1 quiméricas preparadas usando Z. *mays*-S como original donante para la región *N*-terminal o usando Z. *mays*-S como original donante para la región *C*-terminal. Los rendimientos de lípidos a las 32 h se normalizaron frente al rendimiento de lípidos de la DGAT1 original de la región *C*-terminal. ND = No disponible.

En la tabla 11 se muestra una comparación de DGAT1 originales de *A. thaliana* y DGAT1 quiméricas preparadas usando *A. thaliana* como original donante para la región *N*-terminal o usando *A. thaliana* como original donante para la región *C*-terminal. Los rendimientos de lípidos a las 32 h se normalizaron frente al rendimiento de lípidos de la DGAT1 original de la región *C*-terminal. ND = No disponible.

Tabla 5

DGAT1 original, región *N*-terminal	DGAT1 original, región *C*-terminal	SEQ ID NO:	Rendimiento de lípidos como % de *Z.mays*-L
Vector solo	Vector solo	N/D	31.96
A. thaliana	*O. sativa*-L	61	37.93
A. thaliana	*Z. mays*-L	63	38.28
A. thaliana	*Z. mays*-S	62	50.67
A. thaliana	*T. majus*	64	52.86
A. thaliana	*O. sativa*-S	60	56.28
A. thaliana	*A. thaliana*	59	64.69
T. majus	*Z. mays*-S	93	75.96
T. majus	*O. sativa*-L	92	76.34
T. majus	*T. majus*	89	77.62
Z. mays-S	*Z. mays*-S	77	81.79
Z. mays-L	*T. majus*	88	83.39
Z. mays-S	*T. majus*	82	83.58
O. sativa-S	*O. sativa*-S	65	84.76
T. majus	*O. sativa*-S	91	86.45
Z. mays-S	*A. thaliana*	78	87.64
O. sativa-L	*O. sativa*-L	71	88.33
T. majus	*A. thaliana*	90	88.69
Z. mays-S	*O. sativa*-L	80	88.91
O. sativa-S	*Z. mays*-S	68	89.11
O. sativa-L	*A thaliana*	72	93.02
Z. mays-S	*O. sativa*-S	79	94.15
O. sativa-L	*Z. mays*-S	74	94.51
O. sativa-S	*Z. mays*-L	69	95.81
Z. mays-L	*O. sativa*-L	86	96.17
Z. mays-L	*A thaliana*	84	97.53
O. sativa-S	*T. majus*	70	98.52
Z. mays-L	*Z. mays*-L	83	100.00
T. majus	*Z. mays*-L	94	100.71
O. sativa-L	*T. majus*	76	102.78
O. sativa-L	*Z. mays*-L	75	104.29
Z. mays-L	*O. sativa*-S	85	105.02

O. sativa-S	*A. thaliana*	66	105.96

Tabla 6

DGAT1 original, región *N*-terminal	DGAT1 original, región *C*-terminal	SEQ ID NO:	Rendimiento de lípidos como % del original de la región *C*-terminal
T. majus	*T. majus*	89	100
T. majus	*A. thaliana*	90	153.03
T. majus	*Z. mays*-L	94	100.61
T. majus	*O. sativa*-L	92	75.43
T. majus	*O. sativa*-S	91	95.41
T. majus	*Z. mays*-S	93	86.46
A. thaliana	*T. majus*	64	71.85
O. sativa-L	*T. majus*	76	135.21
Z. mays-S	*T. majus*	82	112.92
O. sativa-S	*T. majus*	70	142.91
Z. mays-L	*T. majus*	88	108.92

Tabla 7

DGAT1 original, región *N*-terminal	DGAT1 original, región *C*-terminal	SEQ ID NO:	Rendimiento de lípidos como % del original de la región *C*-terminal
O. sativa-L	*O. sativa*-L	71	100
O. sativa-L	*T. majus*	76	135.21
O. sativa-L	*A. thaliana*	72	164.50
O. sativa-L	*Z. mays*-L	75	104.29
O. sativa-L	*Z. mays*-S	74	111.64
O. sativa-L	*O. sativa*-S	73	N/D
A. thaliana	*O. sativa*-L	61	43.43
T. majus	*O. sativa*-L	92	75.43
Z. mays-S	*O. sativa*-L	79	100.79
O. sativa-S	*O. sativa*-L	67	N/D
Z. mays-L	*O. sativa*-L	86	112.03

Tabla 8

DGAT1 original, región *N*-terminal	DGAT1 original, región *C*-terminal	SEQ ID NO:	Rendimiento de lípidos como % del original de la región *C*-terminal
Z. mays -L	*Z. mays* -L	83	100
Z. mays -L	*T. majus*	88	108.65
Z. mays -L	*A. thaliana*	84	189.61
Z. mays -L	*O. sativa* -L	86	112.03
Z. mays -L	*Z. mays*-S	87	N/D
Z. mays -L	*O. sativa*-S	85	135.81
A. thaliana	*Z. mays* -L	63	38.28
T. majus	*Z. mays* -L	94	100.61
Z. mays-S	*Z. mays* -L	81	N/D
O. sativa-S	*Z. mays* -L	69	101.42
O. sativa -L	*Z. mays* -L	75	104.29

Tabla 9

DGAT1 original, región *N*-terminal	DGAT1 original, región *C*-terminal	SEQ ID NO:	Rendimiento de lípidos como % del original de la región *C*-terminal
O. sativa-S	*O. sativa*-S	65	100
O. sativa-S	*T. majus*	70	142.91

DGAT1 original, región *N*-terminal	DGAT1 original, región *C*-terminal	SEQ ID NO:	Rendimiento de lípidos como % del original de la región *C*-terminal
O. sativa-S	*A. thaliana*	66	178.00
O. sativa-S	*O. sativa* -L	67	N/D
O. sativa-S	*Z. mays*-S	68	128.84
O. sativa-S	*Z. mays* -L	69	101.42 or 90.21
A. thaliana	*O. sativa*-S	60	65.19
T. majus	*O. sativa*-S	91	95.41
Z. mays-S	*O. sativa*-S	79	125.26
Z. mays -L	*O. sativa*-S	85	135.81
O. sativa -L	*O. sativa*-S	73	N/D

Tabla 10

DGAT1 original, región *N*-terminal	DGAT1 original, región *C*-terminal	SEQ ID NO:	Rendimiento de lípidos como % del original de la región *C*-terminal
Z. mays-S	*Z. mays*-S	77	100
Z. mays-S	*Z. mays*-L	81	N/D
Z. mays-S	*O. sativa*-L	80	100.79
Z. mays-S	*O. sativa*-S	79	125.26
Z. mays-S	*T. majus*	82	112.92
Z. mays-S	*A. thaliana*	78	170.39
T. majus	*Z. mays*-S	93	105.30
O. sativa-L	*Z. mays*-S	74	129.16
A. thaliana	*Z. mays*-S	62	67.52
O. sativa-S	*Z. mays*-S	68	128.84
Z. mays-L	*Z. mays*-S	87	N/D

Tabla 11

DGAT1 original, *N*-terminal	DGAT1 original, región *C*-terminal	SEQ ID NO:	Rendimiento de lípidos como % del original de la región *C*-terminal
A. thaliana	*A. thaliana*	59	100
A. thaliana	*Z. mays*-L	63	38.28
A. thaliana	*O. sativa*-L	61	43.43
A. thaliana	*O. sativa*-S	60	65.19
A. thaliana	*Z. mays*-S	62	67.52
A. thaliana	*T. majus*	64	71.52
T. majus	*A. thaliana*	90	153.03
O. sativa-L	*A. thaliana*	72	164.50
Z. mays-S	*A. thaliana*	78	170.39
O. sativa-S	*A. thaliana*	66	178.00
Z. mays-L	*A. thaliana*	84	189.61

El intercambio de la región N-terminal de las DGAT1 de planta altera la especificidad del sustrato

La capacidad para cambiar la especificidad del sustrato de las DGAT1 de la planta mediante el intercambio de las regiones *N*-terminales se muestra en la tabla 12 que demuestra que el perfil lipídico del TAG extraído de las células de *Saccharomyces cerevisiae* que sobreexpresan las DGAT1 de la planta se determina predominantemente por el cual el donante de la región *N*-terminal. En los ejemplos dados, esto se ve específicamente como un nivel relativamente alto de 16:0 y 18:0, pero un nivel bajo de 18:1c9 en el TAG extraído de células que expresan DGAT1 en las que la región N-terminal se derivó de *Arabidopsis thaliana*. En contraste, el TAG de las células que expresan DGAT1 en las que la región *N*-terminal se derivó de *O. sativa*-L tiene niveles relativamente bajos de 16:0 y 18:0, pero niveles altos de 18:1c9. Mientras que el TAG de las células que expresan DGAT1 en las que las regiones *N*-terminales se derivaron de *T. majus* tiene niveles intermedios de 16:0, 18:0 y 18:1c9.

Tabla 12

ESPECIES DE ÁCIDOS GRASOS COMO PORCENTAJE DE ÁCIDOS GRASOS TOTALES EN TAG						
DGAT1 original, *N*-terminal	DGAT1 original, *C*-terminal	SEQ ID NO:	16:0	16:1	18:0	18:1c9
A. thaliana	*A. thaliana*	59	16.11	28.92	15.61	39.35
T. majus	*T. majus*	89	9.29	35.22	10.63	44.86
O. sativa-L	*O. sativa*-L	71	6.26	31.21	7.03	55.50
A. thaliana	*O. sativa*-L	61	13.98	33.91	12.82	39.29
O. sativa-L	*A. thaliana*	72	6.68	33.19	7.43	52.70
T. majus	*O. sativa*-L	92	12.43	30.70	12.22	44.65
O. sativa-L	*T. majus*	76	8.22	32.85	9.08	49.85

El intercambio de la región N-terminal de DGAT1 de la planta aumenta la producción de lípidos en Brassica napus

La región *N*-terminal puede intercambiarse entre diferentes DGAT1 de la planta para elevar el contenido de aceite en las semillas de *Brassica napus*. Las tablas 13-14 muestran los contenidos de aceite de las semillas de diversas plantas transgénicas que contenían DGAT1 quiméricas en las que la región N-terminal se derivó de una DGAT1 de planta mientras que el resto de la proteína (la región *C*-terminal) se derivó de otra DGAT1 de planta. En la tabla 13, los contenidos de aceite de las semillas se presentan como % de materia seca (MS) y como porcentaje normalizado del contenido de aceite de las semillas de las originales de DGAT1 no modificadas correspondientes.

Tabla 13

Descripción de la construcción	Nº de ID de la planta transgénica	Aceite de las semillas como % de MS	Aumento del aceite como % de control de vector	Aumento del aceite como % de DGAT1 original *N*-terminal	Aumento del aceite como % de DGAT1 original *C*-terminal
Control de vector	CV	37.99	0.00	N/D	N/D
T. majus	N2	39.07	2.84	N/D	N/D
Z. mays-S	N3	40.25	5.95	N/D	N/D
Z. mays-L	N6	38.96	2.55	N/D	N/D
Tm-ZmS	182-38-4	44.66	17.56	14.31	10.96
Tm-ZmS	182-38-9	43.05	13.32	10.19	6.96
Tm-ZmS	182-52-5	46.20	21.61	18.25	14.78
Tm-ZmS	182-52-9	43.37	14.16	11.01	7.75
Tm-ZmS	182-52-10	43.30	13.98	10.83	7.58
Tm-ZmI	183-17-10	43.80	15.29	12.11	12.42
Tm-ZmI	183-60-6	44.47	17.06	13.82	14.14
ZmS-Tm	184-17-1	43.38	14.19	7.78	11.03
ZmS-Tm	184-26-10	43.94	15.66	9.17	12.46
ZmI-Tm	185-24-5	45.27	19.16	16.20	15.87
ZmI-Tm	185-24-9	45.14	18.82	15.86	15.54
ZmI-Tm	185-22-1	44.23	16.43	13.53	13.21
ZmI-Tm	185-22-4	43.20	13.71	10.88	10.57
ZmI-Tm	185-22-9	43.49	14.48	11.63	11.31
ZmI-Tm	185-14-10	44.77	17.85	14.91	14.59
ZmI-Tm	185-9-9	43.73	15.11	12.24	11.93
ZmI-Tm	185-8-4	44.02	15.87	12.99	12.67
ZmI-Tm	185-8-7	45.11	18.74	15.79	15.46
ZmI-Tm	185-8-8	44.62	17.45	14.53	14.21
ZmI-Tm	185-8-9	43.48	14.45	11.60	11.29

En la tabla 14, los contenidos de aceite de las semillas se presentan basándose en % de MS y como porcentaje normalizado del contenido de aceite de las semillas de la hermana nula segregante correspondiente.

Tabla 14

Descripción de la construcción	Nº de ID transgénica	Aceite de las semillas como % de MS	Aumento del aceite como % de hermana nula
Tm-ZmS	182-38-4	44.66	34.03
Tm-ZmS	182-38-9	43.05	29.20
Tm-ZmS Her nula	182-38-10	33.32	N/D
Tm-Zml	183-17-10	43.8	29.43
Tm-Zml Her nula	183-17-4	33.84	N/D
ZmS-Tm	184-17-1	43.38	30.39
ZmS-Tm Her nula	184-17-5	33.27	N/D
ZmS-Tm	184-17-1	43.38	24.55
ZmS-Tm Her nula	184-17-7	34.83	N/D
ZmS-Tm	184-26-10	43.94	15.66
ZmS-Tm Her nula	184-26-2	37.99	N/D
ZmS-Tm	184-26-10	43.94	31.99
ZmS-Tm Her nula	184-26-6	33.29	N/D
Zml-Tm	185-24-5	45.27	19.41
Zml-Tm	185-24-9	45.14	19.07
Zml-Tm Her nula	185-24-10	37.91	N/D
Zml-Tm	185-22-1	44.23	30.09
Zml-Tm	185-22-4	43.2	27.06
Zml-Tm	185-22-9	43.49	27,91
Zml-Tm Her nula	185-22-2	34	N/D
Zml-Tm	185-9-9	43.73	15.60
Zml-Tm Her nula	185-9-8	37.83	N/D

Discusión

Los solicitantes han demostrado de este modo que las proteínas DGAT1 quiméricas de la invención se pueden usar para manipular la acumulación de lípidos celulares y el perfil lipídico celular. Más específicamente, se pueden usar para conseguir niveles más altos de acumulación de lípidos en células eucariotas que se pueden conseguir usando proteínas DGAT1 inalteradas. También han demostrado que seleccionando para expresar las proteínas DGAT1 quiméricas específicas, no solo pueden aumentar el contenido de lípidos de la célula eucariota sino también alterar el perfil lipídico dentro del TAG que se acumula.

Se discute la producción de DGAT1 de plantas quiméricas en el documento US 2012/0156360 A1. En el ejemplo 11, los autores describen dos quimeras que usan el extremo N de una DGAT1 de maíz y el extremo C de una DGAT1 de avellana. Sin embargo, la unión de las quimeras se encuentra en el supuesto dominio transmembrana que está más cadena abajo de la unión de las quimeras descritas por los solicitantes de la presente solicitud. Adicionalmente, no se presentan datos con respecto a la actividad de las DGAT1 de plantas quiméricas en el documento US 2012/0156360 A1. Por lo tanto, no hay descripción en el documento US 2012/0156360 A1 de las moléculas DGAT1 quiméricas presentadas en el presente documento, o las actividades alteradas especificadas, o el uso de las quimeras de la invención para producir los efectos descritos en el presente documento.

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> AGRESEARCH LIMITED

<120> POLINUCLEÓTIDOS, POLIPÉPTIDOS DE ACILTRANSFERASA MEJORADOS Y MÉTODOS DE USO

<130> 678849 HCF

<150> 61/720,119
<151> 2012-10-30

<160> 157

<170> PatentIn versión 3.5

<210> 1
<211> 2074
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 1

tgaatccttt ttcctttctt cttcttcttc tcttcagaga aaactttgct tctctttcta 60

taaggaacca gacacgaatc ccattcccac cgatttctta gcttcttcct tcaatccgct 120

ctttccctct ccattagatt ctgtttcctc tttcaatttc ttctgcatgc ttctcgattc 180

tctctgacgc ctcttttctc ccgacgctgt ttcgtcaaac gcttttcgaa atggcgattt 240

tggattctgc tggcgttact acggtgacgg agaacggtgg cggagagttc gtcgatcttg 300

ataggcttcg tcgacggaaa tcgagatcgg attcttctaa cggacttctt ctctctggtt 360

ccgataataa ttctccttcg gatgatgttg gagctcccgc cgacgttagg gatcggattg 420

attccgttgt taacgatgac gctcagggaa cagccaattt ggccggagat aataacggtg 480

gtggcgataa taacggtggt ggaagaggcg gcggagaagg aagaggaaac gccgatgcta 540

cgtttacgta tcgaccgtcg gttccagctc atcggagggc gagagagagt ccacttagct 600

ccgacgcaat cttcaaacag agccatgccg gattattcaa cctctgtgta gtagttctta 660

ttgctgtaaa cagtagactc atcatcgaaa atcttatgaa gtatggttgg ttgatcagaa 720

cggatttctg gtttagttca agatcgctgc gagattggcc gcttttcatg tgttgtatat 780

ccctttcgat ctttcctttg gctgccttta cggttgagaa attggtactt cagaaataca 840

tatcagaacc tgttgtcatc tttcttcata ttattatcac catgacagag gttttgtatc 900

cagtttacgt caccctaagg tgtgattctg ctttttttatc aggtgtcact ttgatgctcc 960

tcacttgcat tgtgtggcta aagttggttt cttatgctca tactagctat gacataagat 1020

ccctagccaa tgcagctgat aaggccaatc ctgaagtctc ctactacgtt agcttgaaga 1080

gcttggcata tttcatggtc gctcccacat tgtgttatca gccaagttat ccacgttctg 1140

catgtatacg gaagggttgg gtggctcgtc aatttgcaaa actggtcata ttcaccggat 1200

tcatgggatt tataatagaa caatatataa atcctattgt caggaactca aagcatcctt 1260

tgaaaggcga tcttctatat gctattgaaa gagtgttgaa gctttcagtt ccaaatttat 1320

atgtgtggct ctgcatgttc tactgcttct tccacctttg gttaaacata ttggcagagc 1380

ttctctgctt cggggatcgt gaattctaca aagattggtg gaatgcaaaa agtgtgggag 1440

attactggag aatgtggaat atgcctgttc ataaatggat ggttcgacat atatacttcc 1500

cgtgcttgcg cagcaagata ccaaagacac tcgccattat cattgctttc ctagtctctg 1560

cagtctttca tgagctatgc atcgcagttc cttgtcgtct cttcaagcta tgggcttttc 1620

ttgggattat gtttcaggtg cctttggtct tcatcacaaa ctatctacag gaaaggtttg 1680

gctcaacggt ggggaacatg atcttctggt tcatcttctg cattttcgga caaccgatgt 1740

gtgtgcttct ttattaccac gacctgatga accgaaaagg atcgatgtca tgaaacaact 1800

gttcaaaaaa tgactttctt caaacatcta tggcctcgtt ggatctccgt tgatgttgtg 1860

gtggttctga tgctaaaacg acaaatagtg ttataaccat tgaagaagaa aagaaaatta 1920

gagttgttgt atctgcaaaa attttggtag agacacgcga acccgtttgg attttgttat 1980

ggtgtaaaga aatttcaatc aaaaaactgt tgtaataatt gttaccaaaa agaaatgctt 2040

ttctggaaac gaggggaaaa atagtagttt tgtt 2074

<210> 2
<211> 1512
<212> ADN
<213> Brassica juncea

<400> 2

atggcgattt tggattctgg aggcgtcgct gtaccgccga cggagaacgg cgtcgcggat 60

ctcgacaggc tccaccgtcg taaatcgagt tcggattctt ccaacggact cctctccgat 120

acttccccgt cggacgatgt tggagctgcg gcggccgaaa gggatcgggt tgattccgct 180

gccgaggagg aggctcaggg aacagcgaat ttagctggcg gagatgccga aactagggaa 240

tccgccggag gcgatgtaag gtttacgtat cgaccgtcgg ttccagctca tcggaggacg 300

agggagagtc ctctcagctc cgacgctatc ttcaaacaaa gccatgcagg attgttcaac 360

ctctgtgtag ttgttcttgt tgctgttaac agtagactca tcatcgaaaa cctcatgaag 420

tatggttggt tgatcagaac tgatttttgg tttagttcta catccttacg agactggccg 480

cttttcatgt gttgtctttc actttcggtc tttcctttgg ctgccttcac ggtcgagaaa 540

atggtacttc agaaattcat atctgagcct gttgccatca ttcttcatgt cattataacc 600

atgacagagg tcttgtatcc agtctacgtc acactgaggt gtgattctgc cttcttgtca 660

ggtgtcacgt tgatgctgct cacttgcatt gtgtggctga agttggtttc ttacgctcat 720

actagctacg acataagaac cctggccaat tcagctgata aggtcgatcc tgaaatctcc 780

tactatgtta gcttgaagag cttggcgtat ttcatggttg ctcccacact gtgttatcag 840

ccaagctatc cacgttctcc atgtatccgg aagggttggg tggctcgtca acttgcaaaa 900

ctggtcatat tcactggact catgggattt ataatagagc aatatataaa tcctattgtt 960

aggaactcaa agcatcctct gaaaggggac cttctatatg ctattgaaag agtgttgaag 1020

ctttcagttc caaatctata tgtgtggctc tgcatgttct actgcttctt ccacctttgg 1080

ttaaacatat tggcagagct cctctgcttc ggggaccgtg aattctacaa agattggtgg 1140

aatgcaaaaa gcgttggaga ttattggaga atgtggaata tgcctgttca caaatggatg 1200

gttcgacatg tatactttcc gtgcctgcgc atcaagatac caaaagtacc cgccattatc 1260

attgctttct tagtctctgc agtctttcat gagttatgca tcgcagttcc ttgccgtctc 1320

ttcaatctat gggctttcat gggaattatg tttcaggtcc ctttggtctt tatcacaaac 1380

tttttacaag aaaggtttgg ctccatggtg ggaaacatga tctttggttc agcttcttgc 1440

attttcggac aaccgatgtg tgggcttctt tattaccatg acctgatgaa ccgcaaagga 1500

tccatgtcct ga 1512

<210> 3
<211> 1512
<212> ADN
<213> Brassica napus

<400> 3

atggcgattt tggattctgg aggcgtcgct gtaccgccga cggagaacgg cgtcgcggat 60

ctcgacaggc tccaccgtcg taaatcgagt tcggattctt ccaacggact cctctccgat 120

acttccccgt cggacgatgt tggagctgcg gcggccgaaa gggatcgggt tgattccgct 180

gccgaggagg aggctcaggg aacagcgaat ttagctggcg gagatgccga aactagggaa 240

tccgccggag gcgatgtaag gtttacgtat cgaccgtcgg ttccagctca tcggaggacg 300

agggagagtc ctctcagctc cgacgctatc ttcaaacaaa gccatgcagg attgttcaac 360

ctctgtgtag ttgttcttgt tgctgttaac agtagactca tcatcgaaaa cctcatgaag 420

tatggttggt tgatcagaac tgatttttgg tttagttcta catccttacg agactggccg 480

cttttcatgt gttgtctttc actttcggtc tttcctttgg ctgccttcac ggtcgagaaa 540

atggtacttc agaaattcat atctgagcct gttgccatca ttcttcatgt cattataacc 600

atgacagagg tcttgtatcc agtctacgtc acactgaggt gtgattctgc cttcttgtca 660

ggtgtcacgt tgatgctgct cacttgcatt gtgtggctga agttggtttc ttacgctcat 720

actagctacg acataagaac cctggccaat tcagctgata aggtcgatcc tgaaatctcc 780

tactatgtta gcttgaagag cttggcgtat ttcatggttg ctcccacact gtgttatcag 840

ccaagctatc cacgttctcc atgtatccgg aagggttggg tggctcgtca acttgcaaaa 900

ctggtcatat tcactggact catgggattt ataatagagc aatatataaa tcctattgtt 960

aggaactcaa agcatcctct gaaaggggac cttctatatg ctattgaaag agtgttgaag 1020

ctttcagttc caaatctata tgtgtggctc tgcatgttct actgcttctt ccacctttgg 1080

ttaaacatat tggcagagct cctctgcttc ggggaccgtg aattctacaa agattggtgg 1140

aatgcaaaaa gcgttggaga ttattggaga atgtggaata tgcctgttca caaatggatg 1200

gttcgacatg tatactttcc gtgcctgcgc atcaagatac caaaagtacc cgccattatc 1260

attgctttct tagtctctgc agtctttcat gagttatgca tcgcagttcc ttgccgtctc 1320

ttcaatctat gggctttcat gggaattatg tttcaggtcc ctttggtctt tatcacaaac 1380

tttttacaag aaaggtttgg ctccatggtg ggaaacatga tctttggttc agcttcttgc 1440

attttcggac aaccgatgtg tgggcttctt tattaccatg acctgatgaa ccgcaaagga 1500

tccatgtcct ga 1512

<210> 4
<211> 1510
<212> ADN
<213> Brassica juncea

<400> 4

atggcgattt tggattctgg aactgtcacg atggcgacgg agaacggtgt cgcggatctc 60

gatatgcttc gtcgtcgtaa atcgagatcg gattcttcca acggacttct ctccgagact 120

tccccatcgg atgatgctgg agctccggcc gacgtggagg atcgggttga ttcagctgct 180

cagggaacag cgaatttagc tggagatacg gaaactaggg aatccggtgg aggaggagga 240

ggaggaaacg gcgaggtaag gtttacgtat cgaccgtcgg ttccagctca tcggaggacg 300

agggagagtc cactcagctc cgacgctatc ttcaaacaaa gccatgcagg attgttcaac 360

ctctgtgtag ttgttcttgt tgctgttaac agtagactca tcatcgaaaa tctcatgaag 420

tacggttggt tgatcagaac tgatttctgg tttagttcta catccctccg agattggccg 480

cttttcatgt gttgtctttc actttcaatc tttcctttgg ctgcctttac cgtcgagaaa 540

ttggtactcc agaaattcat atctgaacct gttgtcatca ttcttcatat tattatcacc 600

atgactgagg tcttgtatcc agtctacgtc accctaaggt gtgattcggc tttcttatca 660

ggtgtcacat tgatgctact cacttgcatt gtgtggctga agttggtttc ttacgctcat 720

actaattacg acataagaac cgtagctaat tcagctgata aggtcgatcc tgaagtctcc 780

tactatgtta gcttgaagag cttggcgtat ttcatggttg ctcccacatt gtgttatcag 840

ccaagctatc cacgttctcc gggtatccgg aagggttggg tggctcgtca atttgcgaaa 900

ctggtcatat tcactggact catgggtttt ataatagagc aatatataaa tcctattgtg 960

aggaactcaa agcatccttt gaaaggggat cttctatacg ctattgaaag agtgttgaag 1020

ctttcagttc caaatctata tgtgtggctc tgcatgttct actgcttctt ccacctttgg 1080

ttaaatatat tggcagagct cctttgcttc ggggatcgtg aattctacaa agattggtgg 1140

aatgcaaaaa gcgtaggaga ttattggaga atgtggaata tgcctgttca taaatggatg 1200

gttcgacatg tatactttcc atgcctgcgc ataaagatac cgaaagtacc cgccattatc 1260

attgctttct tagtctctgc agttttccat gagctgtgca ttgcagttcc ttgccgtctc 1320

tttaatttat gggctttcat aggaatcatg tttcaggtgc ctttggtctt tatcacaaac 1380

tatttacaag aaaggtttgg ctccatggtg ggaaacatga tcttctggtt cagcttctgc 1440

attttcggac aaccgatgtg tgtgcttctt tattaccatg acctcatgaa ccgcaaagga 1500

tccatgtcct 1510

<210> 5
<211> 2090
<212> ADN
<213> Tropaeolum majus

<400> 5

acgcggggag ttttcaaaat catattatgc tttttcttca ctactgcatg aactttcttt 60

ctacttcttg caactgattt gtaatcctta cacatgtttc tagttttctc catataaaaa 120

aaatattctc tgagcttctc gattctctag agagagaagg ccaaaaaaaa atggcggtgg 180

cagagtcgtc acagaacacg acaaccatga gtggtcacgg cgactcggat ctcaacaatt 240

tccgtagaag gaaaccgagt tcctccgtga ttgaaccttc gtcgtccggt tttacatcca 300

ccaatggcgt accggcgact ggccacgtgg ctgagaatcg tgaccaggat cgggtagggg 360

ctatggagaa cgcaacagga tcggtcaact taattggaaa tggtggaggc gtggttatcg 420

ggaatgaaga gaaacaggta ggggagactg atatacgatt cacttaccgg ccttcgtttc 480

cggctcatcg gagggtgagg gagagtcctc ttagctctga tgcaatcttc aaacagagcc 540

atgcgggttt attcaacttg tgtatagtag tgctcattgc agtaaacagt aggcttatca 600

tcgaaaatct tatgaagtat ggttggttga tcgatactgg tttctggttt agctcaagat 660

cactgggtga ttggtccatc tttatgtgct gtcttacact cccaattttc ccacttgctg 720

cttttattgt tgaaaagctg gtgcagcgaa atcatatatc tgaacttgtt gctgttctcc 780

ttcatgtaat cgtttctacc gctgcagttt tatatccagt tattgtgatc ttaacgtgtg 840

attcggtgta tatgtctggt gtggtattga tgctctttgg ttgcattatg tggttgaagc 900

tggtgtcata tgcacatact agttctgata ttagaacact ggccaaatct ggctataagg 960

gggatgcgca ccccaattca accattgtga gttgctcata tgatgttagc ttgaagagtt 1020

tggcatactt catggttgct ccgacattat gttaccagcc tagctatcct cgttcgtcgt 1080

gtatccgcaa gggttgggtt gttcgtcaat ttgtcaaact aatagttttc ataggactca 1140

tggggttcat tatagaacaa tatattaatc ctatcgttcg aaattccaaa cacccattga 1200

aaggagattt tttatatgca atagaaagag ttttgaagct ttcagttcca aatctatatg 1260

tttggctttg catgttctac tctttttcc acctctggtt gaacatactg gctgagcttc 1320

ttcgctttgg tgatcgtgaa ttctacaaag attggtggaa tgcaaaaact gttgcggagt 1380

attggaaaat gtggaatatg cctgttcata gatggatggt tcgtcatcta tattttccct 1440

gtttgaggaa tgggataccc aaggaaggtg ccattattat cgcgttctta gtttctggtg 1500

ctttccatga gctctgcatt gcagttcctt gccacgtatt caagttatgg gcctttatag 1560

gcattatgtt tcaggttccc ttggtattga ttacgaatta tctacaagaa aagttcagta 1620

attctatggt gggcaatatg atcttctggt tcatcttctg catacttggc caacctatgt 1680

gtgtccttct atattaccat gacctgataa atctaaagga aaagtgaaaa aatggaagtt 1740

gcctatgctc agagtattcc tatcccaatg cacacattat atggttctgt acaatctgtg 1800

ccccccttcat cctttacacg tacccatgct ggttcctgca cgatgatttg ccttttgttt 1860

gtaagcaata tttggagaga gtccaattta ggaagtgact agtgtggctt atatcttgta 1920

tactaccttt agtcatgggg gggtttttat attactagta ccaaaagtca agttgtatat 1980

gatttacggt ttagtttctt tcatgttttt tgtttttgtg taaatatacg tttcatatat 2040

cactgttttt tcaaagtaaa atcaataata ccccatagat gttgaaactg 2090

<210> 6
<211> 1494
<212> ADN
<213> Echium pitardii

<400> 6

```
cacaaatgac aatatgggag tcgccggaga tcataagctc cgatgaagca gcagcggcgt       60
tgaggcggag aggcggcgcc aaggaggttg cggaacagag attggatagt gaagaagaga      120
agaagaagga ggaggaaaat ggaaaactga agtatactta tcgagcttcc gctccggctc      180
accggagaat caaggagagt cctcttagct ccgacgccat tttcaaacaa agtcatgcag      240
gcctcttcaa tctttgcatt gtggtgcttg ttgctgtaaa cagtcggctt atcattgaga      300
atttgatgaa gtatggttgg ctaattagct cagggttttg gttaagttca acatcattaa      360
gcgactggcc acttctaata tgttgtctca gtctgccgat attccctctg gcttcttttg      420
tggttgaaaa gttgtctcaa caggaattta tatctgagca agtggtgatc actcttcatg      480
cactcataac aacgactgtg attatgtatc cagtaattgt catcctcaga tgtgatcccg      540
ccgttctatc aggtgtgata ttgatgcttt tcacgtgtat tgtgtggttg aagctggtat      600
cttatgcaca tacaaactat gatatgcgag cactagcaaa ggactgtgat aagttacagg      660
cactatcagg ctcttcaatg gaagattgtt cttttgaagt caacttccaa gctttggtat      720
acttcatggt tgctccgaca ttatgttatc agctaaggta tccgcgtacc ccctgcattc      780

gttggggttg ggttacacgt catctcatca agttaatcat atttactgga ctgatgggat      840
tcattattga gcagtatatt aatccaattg tgaaaaattc acaacatcca ttgaagggga      900
acctgttgta tgctatagag agggtcttga agctttcagt tccaaatata tatgtctggc      960
tctgcatgtt ttattgtctc ttccatcttt ggttaaatat actagccgaa cttctgtgtt     1020
ttggggatcg tgagttctac aaagattggt ggaatgctca aacgatagag gagtattgga     1080
ggatgtggaa catgcctgta cataaatgga tggttcgtca tatatatttc ccttgcttgc     1140
ggaatgggat gcctaaggag ttggctattt tgattgcgtt cctaatatct gcaatcttcc     1200
atgagctgtg cattgctgtg ccgtgtcaca tctttaagtt ctgggctttt atcggaataa     1260
tgtttcaggt ccctttggtc cttctgacaa atgttttggt aaaaaagttc caaaattcaa     1320
tggttggcaa tatgatattc tggtgcttct tctgcattct tggtcaaccc atgagtctgc     1380
tgctctatta ccatgatgtc ttgaatagaa aagttaatgc aaactgatac tacagatatc     1440
ttgaaaatgt catcacaaag agtgtgaagg atcgataggt ttcgctcaac agga           1494
```

<210> 7
<211> 1828
<212> ADN
<213> Vernonia galamensis

<400> 7

tctgagctca aatcaaattt ctgcgactca tacaggattc aactcaatac tttcttgatc 60

ggttctgctg ttcatttact tgtaatttct acttctgctt tgctttcatt tcaagctttt 120

ttccttaata atggcgttat tagatacgcc tcagattgga gaaataacga ccaccgccac 180

cacaactata agacggcgga ccactgtcaa gcctgatgct ggaatcggag atggattgtt 240

tgattcttcg tcgtcttcca aaaccaactc atccttcgag gatggtgaca gtttgaatgg 300

tgatttcaat gacaaattta aggaacagat cggagctggt gatgaatcca aggacgactc 360

caaggggaac ggacagaaga tagatcacgg aggagttaaa aagggacgtg aaacgactgt 420

ggtgcattat gcttatcggc cttcttctcc ggctcatcgg agaattaaag aatctccgct 480

tagctctgac gccatcttca agcagagtca tgcaggcctc tttaaccttt gcatagtggt 540

gcttgttgca gtaaatggta ggctcatcat tgagaatctg atgaagtatg gactattgat 600

caattccaac ttttggttca gttcgagatc attgagagac tggccacttc tgatgtgctg 660

cctcactcct tctgactttc cacttgctgc ctacattgtt gagaaattgg catggaaaaa 720

acgtatatcc gaccctgttg taatcacact ccatgttata ataactacaa ctgcaattct 780

ttatccggtc ttcatgattc tgaggttcga ttcagttgtt ctatcaggcg tctcgttgat 840

gctgtgtgct tgcattaatt ggttgaagtt ggtatctttt gtgcatacaa attatgacat 900

gcggtcgctt ttgaactcaa ctgataaggg agaagtggaa cccatgtctt caaatatgga 960

ttatttttat gatgtcaact tcaaaagctt ggtttatttc atggttgctc caactttgtg 1020

ttaccagata agctatcctc gcactgcatt tattcgaaag ggttgggtgt tacggcaact 1080

gatcaagcta gtaatattta cagggttcat gggattcatc attgaacaat atatcaatcc 1140

gattgtcaaa aattctcgtc atccattgaa aggagacttt ttatatgcga ttgagcgggt 1200

tttaaagctt tcagttccga atttatatgt gtggctctgt atgttctact gctttttca 1260

cctttggtta aatatacttg ctgagcttct ttgttttggg gatcgtgaat tttataaaga 1320

ttggtggaat gcacaaacta ttgaagagta ttggaggcta tggaatatgc ctgttcataa 1380

atggattgtt aggcaccttt attttccatg cttgcgtaat gggataccta agggtgctgc 1440

catattggtt gcatttttca tgtctgccgt gttccatgag ctttgtattg ctgttccctg 1500

ccacattttc aagttttggg cttttatcgg gatcatgttt caggtcccgt tggtcctact 1560

cacaaattac ttgcagcaca agtttcaaaa ctcgatggtg ggaaatatga tcttctggtg 1620

ctttttcagc atttttggtc aacccatgtg tgtattactt tactaccatg atgtcatgaa 1680

tcaaaagggg aaaagcaaat aaaaagatgt gattgtgttg ctccatttga tctcatagca 1740

tgactggact aaacaaaccc aagggacaca ttttagtcct taaaggaaaa tttttgtagg 1800

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1828

<210> 8
<211> 2099
<212> ADN
<213> Nicotiana tabacum

<400> 8

ggcacgagcg aaatcttacc caatcctccg ttgcttttct tttagatcct ctttttctgt 60

cattctcttt ttcccaataa caacaactca ttgcatgtga aggttgattt tgatttttgt 120

gtttattcaa actctctctt cacgattttc ttactctttc tagaagtatc cattactttt 180

tagtctgtga ttcggcgaaa gtaagcaatg gtgatcatgg aattgccgga gagcgtcgaa 240

atgacgacga cgacgacgac ttcgggtatt gagaacctca actccgatct taatcactcg 300

gttcggagga gacgtggcag taatggtttt gaggcggcta gtgcaattaa cagttcggat 360

gcgaatatga gcgaagatag aagagatgtg tgtggcagcg gtgctggatt ggaaacggtg 420

aatgagcgga gtaaatcggt tggtgagtcc agtgatgtaa ttcgaaagga ggacgacagg 480

aatgataatg ttgcgaatgg tgaggaaagc aaatcaacgg aaacaacaac gacgccgttt 540

aaatttgctt acagggcgtc ggcaccagct caccggcgaa tcaaggagag tcctctcagc 600

tccgacgcca ttttcaaaca gagtcacgca ggcctgttca atctctgtgt ggtggtgctg 660

attgctgtta acagcaggct gattatcgag aacttgatga agtatggcct tttaattagg 720

gctggctttt ggtttagctc gaagtcgttg agggattggc cgcttctaat gtgctgtctc 780

agtctccaaa ttttgccgct cgctgctttt cttgtggaga agttggcaca gcagaggcat 840

ttgactgagc gtgcggtggt tactcttcac ataactataa caacagctgc cattttgtat 900

ccagttctgg tcattcttgg gtgtgattct gcttttctgt ttggtgtcat attgatgctg 960

gttgcttgca ttgtgtggat gaagctggtt tcttacgcac atacaaatca tgatatgaga 1020

cagctcgcaa agtctacgga caaggatgaa acttcagatg gggatttctc ttatgatgtt 1080

agcttcaaga gtttggctta cttcatggtt gcgccaacat tatgttatca gcttagctat 1140

ccccacactc catgcattcg caaaggttgg gtggcacgcc aattcatcaa gctggtaata 1200

tttacaggat tgatgggatt tatcatagaa cagtacatta acccaattgt gcaaaactca 1260

caacatcctt tgaaaggaaa ccttttatat gccatcgaga gggtattgaa gctttcggtt 1320

ccaaatttat atgtctggct ctgcatgttt tactgcttct ttcatctttg gctaaatata 1380

cttgcggaac tactatgttt tggtgatcgt gagttctaca aggattggtg gaatgccaaa 1440

acaattgatg agtactggag gatgtggaat atgcctgttc ataagtggat ggttcgtcac 1500

atttatttcc cttgcttaag aaacggaatt ccaaaggggg tcgcaatact gattgctttc 1560

cttgtatctg ctgttttcca cgagctgtgt attgctgttc catgtcgcct tttcaagtgg 1620

tgggcattca tgggaattat gttccaggtt cctttggtca tactcacaaa cttcttacaa 1680

aacaagttcc aaagctcgat ggtgggcaat atgatgttct ggtgcttttt ctgcattctt 1740

ggtcagccaa tgtgtgtgct tctgtattac cacgatgtga tgaatagaaa aagcagtgca 1800

cgttaagctt catccaggga tgaattgttg tatgagcaag tattttaagt tttggatccc 1860

aagctctatt ctactgtttc tggcaaggca ttcctgctat ttccttcatc agttccaaca 1920

atattcagat gatacgaaat atctgtttgg aatgcacaac acaagccacg gccagagatg 1980

ctgatgtctc acattttatt gtgttcttca tgtcggagaa atgtaaaata ctatcttgag 2040

ataactctca tgttagtaaa tacctttttg cctctaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaa 2099

<210> 9
<211> 1964
<212> ADN
<213> Perilla frutescens

<400> 9

```
tttagaacca aactattctc cgttaagttc tgagttcgat ttctttcttt tctcaaattt      60
tccgtgcgat ggcgatcttg gactcgccgg agatcctgga cacgacgtcg tccagtgccg     120
acaacggcgc cgcacatcac accactcttc gccggagaca aagtgcgcgc tccgttccgc     180
ctcttctcga ctccgattcc aactctctgg aggcagagag cgcaatcaat gattccgaaa     240
atgttcgaaa cgacgctaat ttgatcgaaa atctccgcgg cggagccgtg gaatccgaga     300
acgaaaaaca ggagagttat ggtaaggagg agggggcgaa agtgaaggag aatggagaaa     360
```

ctagtaatgg caacggaact gatgttatgg ccgtcaaatt cacattcagg ccggcggcgc 420

ctgctcaccg caaaaataag gagagtcctc ttagctccga cgccatcttc aaacagagcc 480

atgcaggcct cttcaacctt tgtatagtgg tgcttgttgc tgtaaatagc agactaataa 540

ttgagaattt aatgaagtat gggtggctga tcaaatcagg attttggttt agttcaacat 600

cgcttaggga ttggccactg ctaatgtgtt gtcttagtct tccagttttt gcactcgctt 660

catttcttgt cgagaagttg gtgaaactaa attatatacc tgagtgggtc gcagtctttc 720

ttcatgttac aatcacaaca gtggaaatct tgtttccagt tgttgtcatt cttaggtgtg 780

attctgctgt tctatcaggt gtcacgctaa tgctctttgc ttgcactgta tggttgaagc 840

tcgtttccta cgcacataca aactatgatt tgagagtact tgcaaaatca cttgataagt 900

gggaagctat gtccaggtac tggaacctcg actacgctta tgatgtaagc tttaagagtc 960

tggcatactt catggttgct cctacattgt gttaccagcc aagctaccct cggacagctt 1020

gcattcggaa gggttgggtg gtaaggcaac taattaagct ggtaatattc acaggactca 1080

tgggatttat tatagaacag tacataaacc cgatcgttca aaattctcaa catcctctga 1140

aaggaaacct tttatatgcc attgagaggg tcttgaagct ttctgttcca aatttatatg 1200

tgtggctctg catgttttat tgtttttcc acctctggct aaatatactt gctgaacttc 1260

tgtgctttgg ggaccgtgag ttttataagg attggtggaa tgcgaggaca gtggaggagt 1320

actggagaat gtggaatatg cctgtccata aatggatggt tcggcatata tactgtccat 1380

gcttacaaaa tggaatacca aagatagtgg cagttttgat cgcgtttctt gtgtctgcga 1440

tttttcatga gctgtgcgtt gcagtccctt gccaaatatt caagttttgg gcgttctcgg 1500

gtatcatgct tcaggttcct ctcgtaatcg tgactaatta cttgcaagaa aagttcaaaa 1560

actcaatggt gggcaatatg atgttctggt gcttcttctg tatctttggt caacctatgt 1620

gtgtgttgct gtactaccac gacttgatga atcgaaaagc tagtgcaagg tagggatgtg 1680

attcatcttc tgagtagaaa tctaaagctc accagcccca acccacccga aaaacaaaaa 1740

ggagcaagga tcctgattgt gagctggtag ataatttgct acaactatgt ttcttaaata 1800

gctgggagta gtttgttatc tgccttcacc taggacgacg ttatgatctg ttgtgatggg 1860

ggtaaggggg catgcaaatt ttgtctattt ttcaaggaat acagaaatgg tgaaaatttg 1920

atgaagcata cccctcgttt actgacaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1964

<210> 10
<211> 1539
<212> ADN
<213> Zea mays

<400> 10

atggcggact ccgaagacgc gccgccagcc gtgcaccgcc gcccaccgcg ccccgctcgc 60

ggtgctgctg cagcccaggg cttcgcggcc gcgttgcgcc gccggctgag atccggcgct 120

gcggtggcgg cacgcgccag ctttgccgca gactccgggg acgagtctgg ccccggcgag 180

ccctcttcgt ctcgccgccg cgacaacagc gggggcgcct cgtccgccgc cggcggccgg 240

gccggggcag gggacttctc cgcgttcacc ttccgcgccg cggcgcctgt ccaccggaaa 300

gccaaggaga gccctctgag ctccgacgcc atcttcaagc agagtcatgc aggccttttc 360

aacctatgta ttgttgttct ggttgcggtg aatagcaggc tcattattga gaacctgatg 420

aagtatggct tattaataag atctggcttt tggtttaatg ctacatcatt gcgagactgg 480

ccactgctaa tgtgttgcct tagtctaccc atatttcccc ttggtgcatt tgcagtcgaa 540

aagttggcat tcaacaatct cattagtgat cctgctacta cctgttttca catccttttt 600

acaacatttg aaattgtata tccagtgctc gtgattctta agtgtgattc tgcagtttta 660

tcaggctttg tgttgatgtt tattgcctgc attgtttggc tgaagcttgt atcttttgca 720

catacaaacc atgatataag aaaactgatc acaagcggca agaaggttga taatgaactg 780

accgcggctg gcatagataa tttacaagct ccaactcttg ggagtctaac atacttcatg 840

atggctccga cactctgtta tcagccaagt tatcctcgaa caccttatgt tagaaaaggt 900

tggctggtcc gtcaagttat tctatacttg atatttactg gtctccaagg attcattatt 960

gagcaataca taaatcctat tgttgtgaac tctcaacatc cattgatggg aggattactg 1020

aatgctgtag agactgtttt gaagctctca ttaccaaatg tctacctgtg gctttgcatg 1080

ttttattgcc ttttccatct gtggttaaac atacttgctg agattcttcg atttggtgac 1140

cgagaattct acaaagactg gtggaatgca aagacaattg atgagtactg gagaaaatgg 1200

aacatgcctg tgcataaatg gattgttcgt catatatatt tcccttgcat gcgaaatggt 1260

atatcaaagg aagttgctgt ttttatatcg ttctttgttt ctgctgtact tcatgagtta 1320

tgtgttgctg ttccctgcca catactcaag ttctgggctt tcttaggaat catgcttcag 1380

attcccctca tcatattgac atcatacctc aaaaataaat tcagtgacac aatggttggc 1440

aatatgatct tttggttttt tttctgcata tacgggcagc caatgtgtgt tctattgtat 1500

taccatgatg tgatgaaccg gactgagaag gcaaaataa 1539

<210> 11
<211> 1548
<212> ADN
<213> Sorghum bicolor

<400> 11

```
atggcggaca ccgacgacgc gccgccggcc ccggccgtgc accgccgccc accgcgcccc      60

gcccgcggtg ctgccgctgc ccagggcttc gcggccaagt tgcgccgacg gctcagctcc     120

ggcgccgcgg cggcggcgcg cgccagcttc gcggcagact ccggggacga gtccggcccc     180

ggggagccct cttcgtcccg ccgccgcgac aacggcgggg acgcctcgtc cgccgccgac     240

ggcggccggg gcggggcagg ggacttctcc gctttcacgt tccgcgccgc ggcgcctgtc     300

caccggaaag ccaaggagag ccccctcagc tccgacgcta tcttcaagca gagtcatgca     360

ggccttttca acctatgtat tgttgttctg gttgcagtga atagcaggct cattattgag     420

aacctgatga agtatggctt attaataagg tctggctttt ggtttaatgc tacatcattg     480

cgagactggc cactgctaat gtgttgcctt agtctacctg tgtttcccct tggtgcattt     540

gcagttgaaa agttggcatt caacaatctc attactgatg ctgccgctac ctgttttcac     600

atctttctta caacacttga aattgtatat ccagtgcttg tgattcttaa gtgtgattct     660

gcagttttat caggctttgt gttgatgttt attgcctgca ttgtttggct gaagcttgta     720

tcttttgcac atacaaacca tgatataaga aaactgatca caagcggcaa gaaggttgat     780

aatgaactga ccgtggctga catagataat ttacaagctc caactcttgg gagtctaaca     840

tacttcatga tggctccgac actctgttat cagccaagtt atcctcgaac accttatgtt     900

agaaaaggtt ggctggttcg tcaagttatt ctatacttga tatttactgg tctccaagga     960

ttcattattg agcaatacat aaatcctatt gttgtgaact ctcaacatcc attgaaggga    1020

ggattactga atgctgtaga gactgttttg aagctctcat taccaaatgt ctacctgtgg    1080

ctttgcatgt tctattgcct tttccatcta tggttaaaca tacttgctga gattcttcga    1140

tttggtgacc gtgaattcta caaagactgg tggaatgcaa aaacaattga tgagtactgg    1200

agaaaatgga acatgcctgt gcataaatgg atgcttcgtc atatatattt tccttgcata    1260

cgaaatggta tatcaaagga agttgctgct tttatagcgt tctttgtttc tgctgtattt    1320

catgagttat gtgttgctgt tccctgccac atactcaagt tctgggcttt cttaggaatc    1380

atgcttcaga ttcccctcat catactgaca tcatacctca aaaataaatt caatgacaca    1440

atggttggca atatgatctt ttggttcttt ttctgcattt acgggcagcc aatgtgcgtt    1500

ctattgtatt accatgatgt gatgaaccgg actgagaaga caaaataa                 1548
```

<210> 12
<211> 2103
<212> ADN
<213> Oryza sativa

<400> 12

```
gtcgtcccgc gtctctcctc acctctcgtc tccctcgcga cgtctcccct tctccctcca      60

cccctccaat ggtgggctcc gatggcgacg gcgacggcgg cggaggggaa gcacacgcgc     120

cggcggcgcc cgcgcaccac caccgccggc ccccgcgccc gcggggaggc agcggggcca     180

tcgtcgaggg cttcgcggcg gcgctccgtc gcaggatccg ctcgggggcc gcggcggccg     240

cgcgggccag cttcgggggc gactccgggg acgaggccgc ctccggggag ccctcctcgt     300
```

cctcgtcctc gtccccgtcc cgccgccgtg gcggcgactc caacggggcg gaggcgtcct 360

ccgccgccgg gggcggtggt ggccgtggcg gcggtgggga cttctccgcg ttcacgttcc 420

gcgcggcggc gccggtgcac cgcaaggcca aggagagccc cctcagctcc gacgccatct 480

tcaagcagag tcatgcaggc cttttcaacc tatgcattgt tgttctagtt gcagtgaaca 540

gcaggcttat tatcgagaac ttaatgaagt atggcttatt aataagagct gggttttggt 600

ttaatgataa atcattgcgg gactggccac ttctaatgtg ttgtcttagt ctgcctgctt 660

tccccctggg tgcatttgca gttgaaaagt tggcatttaa caatgttatt actgatgctg 720

ttgctacctg cctccatatc ttcctttcaa caaccgaaat tgtatatcca gtgcttgtga 780

ttcttaagtg tgattctgca gttttgtctg gctttttgtt gatatttatt gcctgtattg 840

tttggctgaa gcttgtatct tttgcacata caaaccatga tataaggcaa ctgaccatgg 900

gcggcaagaa ggttgataat gaactaagca cagttgacat ggataattta caacctccaa 960

ctttagggaa tctaatatac ttcatgatgg ctcctacact ctgttatcag ccaagctatc 1020

cccgaacttc atgtgttaga aaaggttggc tgattcgtca aattattctg tacttgatct 1080

ttactggtct tcaaggcttc attattgagc aatacataaa tccaattgtt gtgaattctc 1140

agcatccatt gaaaggagga ctcctaaatg ctgtagagac tgttttgaaa ctctcattac 1200

caaatgttta cctgtggctt tgcatgttct atgctttttt ccatctctgg ttaagtatac 1260

ttgctgagat tcttcgattt ggtgaccgtg aattctacaa agattggtgg aatgcaaaaa 1320

caattgatga gtattggaga aaatggaata tgcctgtaca taaatgggtt gttcgccata 1380

tttactttcc ttgcatgcga aatggtatat caaaggaagt tgctgtcttg atatcattcc 1440

ttgtttctgc cgtactccat gagatatgtg tcgctgttcc ctgccgcatt ctcaagttct 1500

gggcattctt aggaataatg ctacagatcc cccttatcgt attgacagca tacctcaaaa 1560

gtaaattcag agatacaatg gttggcaaca tgatattttg gttctttttc tgcatctatg 1620

ggcagccaat gtgccttctc ctgtactatc atgatgtgat gaacaggatt gagaaggcaa 1680

gataaatgcg tgttgccatc tttttcctct gtttcatttt gtaccagcag aagcacaagc 1740

aataatccac atgctagcca taaaacagca tgattcccaa cggtgtggta cagccaacct 1800

tcctgttatt ctattttctt ggctgtggtg tagatttagt ttttaacttg tggctaaccg 1860

caggaatgcc tgtagataag catctgtcat tctgtctggc gacgttctcc ttattaatgt 1920

gtagatgtag aactgtttcc gaaaactata tatcttgaat ctgttatgcc tcgacgaaca 1980

taatcctttt gttaagctta gttggtacag tctagaaagg ataagagtcg tggatgtacg 2040

atttcgtctg ccatatatca cgctcatatt ggcacaggta actttgtcgc taccttctat 2100

ctc 2103

<210> 13
<211> 1473
<212> ADN
<213> Oryza sativa

<400> 13

atggccccgc ccccctcgct cgcccccgat cgcggcggcg gcgaacccga cgacgccctc 60

cgcctgcggg cccgcgccgc cgccgccgcc ggtgacgctc ccgctccgca gcagcagcag 120

gagcagaggc atcaggagca gcagcagcag ctgctctggt accgcgcgtc ggcgcccgcc 180

caccgccgcg tcagggagag ccccctcagc tccgacgcca tcttccgcca gagccatgca 240

ggccttctga acctatgcat tgttgtgctg gttgctgtga acagcagact tattattgag 300

aatttaatga agtatggcct actaattaga gctggatttt ggtttagtgg aacatcgctg 360

gcagattggc ctcttctcat gtgctgtctc actttaccaa ctttcccgct tgctgcactt 420

atggttgaga agttggctca aagaaaactt attagtaaac atgtggttat tcttctccat 480

atcgttatta caacatctgt ccttgtctat ccagttgttg tgattctaaa gtgtgattcg 540

gcagtattat ctggatttgt gttgatgttt cttgcaagca ttatttggtt gaagcttgtt 600

tcttttgctc atacaaatta tgatataaga atgctgtcca aaagtattga aaagggcgtg 660

acacatgaca tttctataga tccggagaac attaaatggc caacctttaa aaggctatcc 720

tacttcatgt tggccccaac actttgttac cagccaagtt atccccgaac tacatatatt 780

agaaaaggtt gggtggtccg acaactgata aaatgccttg tttttacagg cttgatgggt 840

tttataattg agcaatacat aaatccaatt gtgaagaatt cgaagcatcc attgaaaggg 900

aatttcttga atgctataga gagagtattg aaattatcag tgccaacatt atatgtctgg 960

ctttgcatgt tctactgttt tttccatctc tggttgaata ttcttgctga gctcctctgt 1020

tttggtgatc gtgaattcta caaggactgg tggaatgcca aaacagttga agagtattgg 1080

agaatgtgga atatgcctgt tcacaagtgg gtcattcgac atatatattt tccatgcata 1140

aggaatggtt tttcaaaggg tgttgctatc ctaatctcgt tcctggtttc agctgcattt 1200

catgagatat gtattattta tttcattgtc cttatcgatt tgcagctatg tgttgctgtt 1260

ccatgccaca tttttaaatt ctgggcattt attgggatca tgtttcagat tcccctggta 1320

ttcttgacga aataccttca agataaattc aataacacaa tggtgggcaa catgatattt 1380

tggttcttct tcagcatcct ggggcaacca atgtgtgttc tcttatacta ccatgatgtc 1440

atgaacaggc aacaagccca aacaaataga tag 1473

<210> 14
<211> 1590
<212> ADN
<213> Sorghum bicolor

<400> 14

atggccccgc ccccctccat ggccgccgcc tccgatcgcg ccgtccccgg cgccgacgcg 60

accgaggcgt cctccctccg cctccgccgc gccccctcag ccgacgccgg cgaccttgcc 120

gacgattcct caggagaccg gcgggagaac ggcgagccgc aaccgccgca ggagcagcag 180

cagcagcacg agatgctgta ctaccgcgcg tcggcgcccg cccaccgccg cgtcaaggag 240

agcccccctca gctccgacgc catcttccgg cagagccatg ctggtcttct gaatctatgc 300

atcgttgttc tgattgcagt gaacagcaga ctcattattg agaatttaat gaagtatggc 360

ctattgataa gagctggatt ttggtttagt gcaagatcgc tgggtgactg gccccttcta 420

atgtgctgcc tcactttacc agttttccca cttgttgccc tcatggctga gaagctgatt 480

agaagaaagc tcattggtga acatgtggtt attctactcc atatcattat tacaacatct 540

gtcattgtct atccagttgt tgtgactctt aagtgcgact cagcagtgct atctggattc 600

ttgctaatgt ttcttgcgag catcatgtgg atgaagcttg tctcttatgc acatacaaat 660

tatgatataa gggcattgtc caaaagtact gaaaagggtg ctgcatatgg aaattatgtc 720

gatcctgaga gtatgaaaga tccaaccttt aaaagtctag tgtacttcat gttggcccca 780

acactttgtt accagccaac ttatccccga actacatgta ttaggaaggg ttgggtgacc 840

cgacaactta taaagtgcct ggtttttaca ggcttgatgg gcttcataat tgagcaatat 900

ataaacccaa ttgtgaagaa ttccaaacat ccactgaaag ggaatttctt gaatgctata 960

gaaagagtct taaaactctc agtgccaaca ttatatgtat ggctttgcat gttctattgc 1020

ttttttcatt tatggctgaa cattctagct gaactcctct gtttcggtga ccgtgaattc 1080

tacaaggact ggtggaatgc caaaactgtt gaagagtact ggaggatgtg gaacatgcct 1140

gttcataaat ggatcatcag acacatatat tttccatgta taaggaaagg cttttccagg 1200

ggtgtagcta ttctagtctc gtttctggtt tcagctgtat ttcatgagat atgtattgcg 1260

gtgccgtgcc acattttcaa attctgggca ttttctggga tcatgtttca gataccgttg 1320

gtattcttga caagatatct ccaggctacg ttcaagaata taatggtggg caacatgata 1380

ttttggttct tcttcagtat agtcgggcag ccgatgtgtg tccttttata ctaccatgat 1440

gtcatgaaca ggcaggccca gcaagtagat aattcggcag aaacatgtac tttaagacaa 1500

gttatcagaa gcagactgga gcgacgcagc aggaagcagc agcagcagca ggccagcagc 1560

ccccctttgc cattgttacc agctagctag 1590

<210> 15
<211> 1485
<212> ADN
<213> Zea mays

<400> 15

atggccccgc ccccctccat gcctgccgcc tccgatcgcg ccggccctgg ccgcgacgcg 60

ggcgactcgt cctcccttcg cctccgccgc gcccccctcag ccgacgccgg cgaccttgcc 120

ggcgattcct cgggaggctt gcgggagaac ggcgagccgc aatcgccgac gaatccgccg 180

ccgcaggagc agcagcagca cgagatgcta tactaccgcg cgtcggcgcc cgcccaccgc 240

cgcgtcaagg agagcccccct cagctctgac gccatcttcc ggcagagcca tgctggtctt 300

ctgaatctat gcattgttgt tctgatcgca gtgaacagca gactcattat tgagaattta 360

atgaagtatg gcctgttgat aagagctgga ttttggttta gtgcaagatc gctgggtgac 420

tggcccccttc taatgtgctg cctcactcta ccagttttcc cactagttgc actcatggct 480

gagaagctga tcacaagaaa gctcattggt gaacatgtgg ttattctact ccatatcatt 540

attacaacat ctgccattgt ctatccagtt gttgtgactc ttaagtgtga ctcagcagta 600

ctatctggat ttgtgctaat gtttcttgcg agcatcatgt ggatgaagct tgtctcttat 660

gcacatacaa attatgatat aagggtattg tccaaaagta ctgaaaaggg tgctgcatat 720

ggaaattatg tcgatcctga gaatatgaaa gatccaacct ttaaaagtct agtgtacttt 780

atgttggccc caacactttg ttaccagcca acttatcctc aaactacatg tattagaaag 840

ggttgggtga cccagcaact cataaagtgc gtggttttta caggcttgat gggcttcata 900

attgagcaat atataaaccc aattgtgaag aattccaaac atccactgaa agggaatttt 960

ttgaatgcta tagaaagagt cttaaaactc tcagtgccaa cattatatgt atggctttgc 1020

atgttctatt gctttttca tttatggctg aacattgtag ctgaactcct ctgtttcggt 1080

gaccgtgaat tctataagga ctggtggaat gccaaaactg ttgaagagta ctggaggatg 1140

tggaacatgc ctgttcataa gtggatcatc agacacatat attttccatg tataaggaaa 1200

ggcttttcca ggggtgtagc tattctaatc tcgtttctgg tttcagctgt atttcatgag 1260

atatgtattg cggtgccttg ccacattttc aaattctggg cattttctgg gatcatgttt 1320

cagataccct tggtattctt gacaagatat ctccatgcta cgttcaagca tgtaatggtg 1380

ggcaacatga tattttggtt cttcttcagt atagtcggac agccgatgtg tgtccttcta 1440

tactaccatg acgtcatgaa caggcaggcc caggcaagta gatag 1485

<210> 16
<211> 1912
<212> ADN
<213> Physcomitrella patens

<400> 16

atgcctgtga agagtagcaa tctggcgggg gagagggctg ccaccagcca tattaatgcc 60

aacacgaaat tcgacctgcg ggggtgtacg cctgcgcatc gcgttaggag ggaaagcccg 120

cttagttcag acgcaatttt tcatcagagt catgctgggt tgttcaatct ctgtattgtt 180

gttttgatag ctgttaacag ccggcttatt attgagaact taatgaagta tggactactc 240

attagaactg gtttctggtt tagctccaag tctgcacgcg attggccact cttgatgtgc 300

ggtttgagtt taccgacttt tccctttgca gcgttactag tggaaaaact atgctggaaa 360

aatgaaaacg ggaaatggtt gattttcgta ctacacctca taatcagcac tgtagggata 420

ctgtatcctg gatatgttat acacagggtg caatccgcac tgctgcctgg tcttgtattg 480

atactcattg cagtgactgg gtggatgaag cttatatctt acgctcatgt caacaaggac 540

atgcgagaac ttttgagagc caaagaaaag ctacctgagg caccacagta cgcagataaa 600

atagaggttc cggaccacct tacgatccaa aatattgctt atttcatgct cgcgcccaca 660

ctttgctacc agttgagcta ccctcgttcg gacacaattc gaaaaagttg ggtgttacgg 720

caagccggga aattggttgt gttcttgggt ttaggggggat tcatcattga gcagtacata 780

aatcccactg tgaagaattc acagcacccg ctcaggggca actatcttca agcactggag 840

agggttttaa agctttcgtt gccagttctt tatgtttggc tgtgcttgtt ctactgttta 900

tttcatcttt ggttgaatat tgtggcggag ctacttcgct ttggggacag ggaattttat 960

aaggactggt ggaatgctca aacagttgaa gagtattggc gaatgtggaa catgcctgtg 1020

cacaagtgga tggtgcggca tatttatttt ccctccattc gagctggctt atcaaagaaa 1080

gcagcagtac tactggtgtt tgcaatttca gctttgtttc atgaggttat cattggtgtt 1140

ccgtgtcata tgcttcgatg ctgggctttt cttggtatca tgatgcaggt tccgttggtg 1200

tacttgacaa acgtgataaa agagcggtac catagctcta tggttggaaa tatggtattt 1260

tggttcttct tttgcattgt cgggcaaccc atgtgcttgc ttctctacta ccacgacgtt 1320

ttcaacaact ttcccagtac ctgaactgag atcacccatt cgtgcagttg ttaatcttgt 1380

gaatagcact cctcatctgt accttgttat ggcttccact tctcgagaat cgactaaacc 1440

gcaactcata tgtttgtcaa taacgattca ttcgtaggcg ggttggtgtg agattacaag 1500

agaggaaact ttcgtcgtaa gccagcagtg tagatacagt ccaggtagga gtgtaacggg 1560

cacttgcttc aagggcagat ccttgtcaac gcaagctttt gttggagctt gttggagctt 1620

gtttcgcact tagtattctt ttctagctgt agttttaggt gacgttagtc tattcttggt 1680

cccatcatcc atcctgtaag atgctgggcg tgctcacgtg cagaagctgc ctcgaatcct 1740

acgttacaat ttcatgttgg ataccgcgtg gatgtccgct tcagaatctg cgtcatgatg 1800

atgcacacca ttttttttcta ttggaaactg aacagagggt agtgatacgt aagaacattt 1860

tgggaaccgt gcctgaaaat cgtcggagca aataatgatg tggttttgca gc 1912

<210> 17
<211> 1278
<212> ADN
<213> Selaginella moellendorffii

<400> 17

atgcggccct cgctcccggc gcaccggcgg agcaaggaga gcccgctcag ctccgacgcc 60

atcttcacgc agagccacgc cggcctcttc aacctctgca tcgtcgtgct ggtggcggtg 120

aacagccggc tcatcatcga gaatctcatg aagtatggcc tcctcatcca ggccgaggtc 180

ctcttcagct ccaagtcgct caaggactgg ccgctcctca tgtgtggcct ctcgctgctg 240

atcttccccc tcgccgccta tgtcatcgag aagatcaagg cccgccgccc cgccaccgcc 300

gtggcgccgc tccacttgat caacctcgcc gccgcgctgc tctacccgat ctacgtgatc 360

gagatgttcc agtcggatct cctctcgggg ctggttctca tgctcatcgc cgtcaccggc 420

tggctcaagc tcgtctccta cgcgcacacc aacgccgaca tccgcgcggt gaagaaggac 480

ggtggcaaga tcgagctccc cgccgaggcg ccggcgatcg actacccgga caacatctcg 540

ctcaagaaca tcgcctactt catggcagcg ccgacgctgt gctaccagct gagctacccg 600

cgctcgccgc ggattagaac cgggtgggtg ctccggcagc tgggcaagtg gatcgtcttc 660

aacggattca tgggcttcat catcgggcag tacatgaatc cgatcatccg gaactcgacg 720

cacccgctca aggggaacta cctctacgcg atcgagcgcg tgctcaagct gtccatcccc 780

acgctctacg tctggctcgg cttcttctac tgcttcttcc acctgtggct caacatcgtg 840

gcggagatcc tgtgcttcgg cgaccgcgag ttctacaagg actggtggaa cgccaagtcg 900

gtggacgagt actggcggct gtggaacatg cccgtccacc gctggctcgt ccgccacgtc 960

tacttcccgt gcctccggct gggcctccac aagcagttcg ccattttggt ggtgttcgtc 1020

atctccggga tctttcacga gatttgcatc gcggtgccgt gccacatgct gcggggctgg 1080

gcgtttctgg ggatcatgtt ccaggtgccg ctggttctgg tgaccaacgt cctccagcgc 1140

aagttccaga gctccatggt cggcaacatg atcttctggt tcttcttttg catcgtcggg 1200

cagccgatgt gcgtgctgct ctactatcac gacgttgtca acaggcagca gctccagcta 1260

gctgggcggt ccaaataa 1278

<210> 18
<211> 1524
<212> ADN
<213> Euonymus alatus

<400> 18

atggctgcta acttgaacga agcctcggat cttaattttt cgcttcggag gagaactggt 60

ggcatctcaa gtacgactgt gcctgattct agttccgaga caagttcgtc ggaggcggac 120

tatttggacg gaggcaaagg tgccgcggac gtcaaagatc gtggggatgg tgcggtggag 180

tttcagaatt cgatgaagaa cgtggagagg attgagaaac atgagagccg agtaggattg 240

gattcgagat tcacgtatag gccatcggtc ccggctcatc gcacaataaa ggagagcccg 300

cttagctcgg acgcaatatt caaacagagt cacgcaggtc tcttcaatct ctgtatagta 360

gttctggttg ctgtgaacag caggctgatc attgaaaatc taatgaagta tggatggtta 420

ataaggagtg ggttttggtt cagctcaaga tcattgagag actggcccct ttttatgtgt 480

tgtctcacac taccagtatt ccctcttgct gcttttctgt ttgagaagtt ggctcaaaaa 540

aatttaatat ctgaacctgt tgttgttttg cttcatatag taaacactac agctgccgtt 600

ttataccctg ttttggtgat tctaaggtgt gattctgcct ttatgtctgg ggttacgttg 660

atgctctttg cttgtattgt gtggttaaag ttggtatctt atgctcatac caactatgat 720

atgagagccc tcaccaagtc tgttgaaaag ggggacacgc cgttgagctc tcagaacatg 780

gattactcgt ttgatgtcaa tatcaagagt ttggcatatt ttatggttgc tcccacatta 840

tgttaccaga ttagctatcc tcgtacccca tatgttcgca agggttgggt ggttcgtcaa 900

tttgtcaagt taataatatt tactggactt atgggattta taattgaaca atatatcaat 960

cctattgtcc agaattcaca acacccttg aaaggaaact ttttgtatgc cattgagaga 1020

gttttgaagc tttcagtccc aaacctttat gtttggctct gcatgttcta ctgccttttt 1080

catctctggt taaacatact tgctgaactt ctttgttttg gtgatcgtga gttctacaag 1140

gattggtgga acgctaaaac tgttgaggag tactggagaa tgtggaacat gcctgttcat 1200

aagtggatgg ttcgtcatat ctacttccca tgcttgagga acgggatacc caagggtgtt 1260

gcttttgtca tttccttctt agtttctgcc gtcttccatg agctatgcat tgctgttccc 1320

tgccacatct tcaagttatg ggctttcttt ggaataatgc ttcaggttcc cttggtgttg 1380

atcacaagtt atctgcaaaa taagttcaga agctcaatgg tgggaaatat gatgttttgg 1440

ttctctttct gcatttttgg tcaacctatg tgcttacttc tatattacca tgatttgatg 1500

aatcgcaatg ggaagatgga gtag 1524

<210> 19
<211> 1557
<212> ADN
<213> Vitis vinifera

<400> 19

atggcgatct gcaactcgcc tgtcagtgtg accacgtcgt catcaagctc tcacgccgat 60

tcagatctcg acttttccat tcggaagagg ttcggcggga aggggaaggc cgtggcggat 120

tcgtcgctgg agacggagac ggaggcggcg gcggcggcgg tgctcgaagc agagaagtcg 180

gtgggcgagg tggggagtgg cggtgatcga ggggaatcgg ggagtcaggt ggtgaggaat 240

ggggagaacg gagtggctga ggttgccgcg aaattcgcgt accggccgtg tgcgccggct 300

caccggaaag tgaaggaaag tcctctcagt tctgacgcca ttttcagaca gagtcatgcg 360

ggtctcttca acctctgtat agtagtgctt gtagctgtaa acagccggct tatcattgag 420

aatcttatga agtatggttg gttaatcagg gctggttttt ggtttagttc aaaatcattg 480

agagattggc cactctttat gtgctgttta accctcccaa tctttccact tgctgctttt 540

gtggttgaaa agttggctca acaaaagtat atctctgagc aggttgttgt ctctcttcac 600

atcataatta ctacagctgc agttttgttt ccagttttgg tgattctaag gtgtgattca 660

gctgttctct ctggtgtcac actaatgctc tttgcttgca ttgtgtggtt aaaattggta 720

tcttttgcac atacaaatta tgacatgaga gcagttgcca agttaattga taaggggat 780

gacttgtcca cttcattgaa tatggattac ccttatgatg tcaacttcaa gagtttggca 840

tacttcatgg ttgcccccac gctatgttac cagccaagct atcctcgcag cacatgcatt 900

cggaagggtt gggtctttcg ccaatttgtc aagttggcaa tatttacagg tgttatggga 960

tttataatag aacagtatat taatccaatt gttcagaatt ctcagcaccc tttgaagggg 1020

aatttttttt atgcattgga gaggattttg aagctttctg ttccaaattt atatgtgtgg 1080

ctctgcatgt tctactgctt tttccacctc tggttaaata tacttgctga gcttcttcgt 1140

tttggggacc gtgagttcta taaagattgg tggaatgcaa aaacagttga ggagtattgg 1200

agaatgtgga atatgcctgt tcataaatgg atggttcgcc atctctattt tccatgtcta 1260

cggaatggga tatctaaggg agtttctgtg gtgattgcct ttgccatatc tgccatattc 1320

catgagctat gcattgctgt accttgtcac atgtttaagc tttgggcttt cattggaatt 1380

atgttccagg ttcccttggt tttggtcaca aattacttgc aaaataagtt cagaaattct 1440

atggtgggaa atatgatctt ctggctgttt ttcagcattc ttggtcagcc aatgtgtgtg 1500

cttctatatt accatgactt gatgaatcga aaagagacaa ctgaatcaag cctctga 1557

<210> 20
<211> 1880
<212> ADN
<213> Glycine max

<220>
<221> misc_feature
<222> (1798)..(1798)
<223> n es a, c, g o t

<400> 20

gaagagaaga ctgagttagt aaacacgctc gctcggtctt cttttccaat ggcgatttcc 60

gatgagcctg aaactgtagc cactgctctc aaccactctt ccctgcgccg ccgtcccacc 120

gccgctggcc tcttcaattc gcccgagacg accaccgaca gttccggtga tgacttggcc 180

aaggattccg gttccgacga ctccatcagc agcgacgccg ccaattcgca accgcaacaa 240

aaacaagaca ctgatttctc cgtcctcaaa ttcgcctacc gtccttccgt ccccgctcat 300

cgcaaagtga aggaaagtcc gctcagctcc gacaccattt tccgtcagag tcacgcgggc 360

ctcttcaacc tctgtatagt agtccttgtt gctgtgaata gccgactcat cattgagaat 420

ttaatgaagt atggttggtt gatcaaatct ggcttttggt ttagctcaaa gtcattgaga 480

gactggcccc tcttcatgtg ttgtctttct cttgtggtat ttccttttgc tgcatttata 540

gtggagaagt tggcacagca gaagtgtata cccgaaccag ttgttgttgt acttcatata 600

atcattacct cagcttcact tttctatcca gttttagtaa ttctcaggtg tgattctgct 660

tttctatcag gtgttacgtt aatgctattt gcttgtgttg tatggttaaa attggtgtct 720

tatgcacata caaactatga tatgagagca cttaccaaat cagttgaaaa gggagaagct 780

ctgcccgata ctctgaacat ggactatcct tacaatgtaa gcttcaagag cttagcatat 840

ttcctggttg cccctacatt atgttaccag ccaagctatc ctcgcacacc ttatattcga 900

aagggttggc tgtttcgcca acttgtcaag ctgataatat ttacaggagt tatgggattt 960

ataatagaac aatacattaa tcccattgta caaaattcac agcatcctct caagggaaac 1020

cttctttacg ccatcgagag agttctgaag ctttctgttc caaatttata tgtgtggctc 1080

tgcatgttct attgcttttt ccacctttgg ttaaatatat tggcagagct tcttcgattt 1140

ggtgatcgtg aattctacca ggattggtgg aatgccaaaa ctgttgaaga ttattggagg 1200

atgtggaata tgcctgttca caaatggatg atccgccacc tatattttcc atgtttaagg 1260

cacggtatac caaaggccgt tgctctttta attgccttcc tggtttctgc tttattccat 1320

gagctgtgca tcgctgttcc ttgccacata ttcaagttgt gggctttcgg tggaattatg 1380

tttcaggttc ctttggtctt catcactaat tatctgcaaa ataaattcag aaactcgatg 1440

gttggaaata tgatttttg gttcatattc agtattcttg gtcaacctat gtgcgtactg 1500

ctatattacc atgacttaat gaataggaaa ggcaaacttg actgaaggtg cacgtggata 1560

agcttttctg tttttggagt gtataattga tgtcgatatg ttgatcaata ttggtttcca 1620

cgagtacttt catctaccat ggcagtggct gctctgaagg atttccacct gatataccag 1680

gtcgcgaggc taattcatct tgatctatgt acttaatcaa ctctcctctg gcaattgtat 1740

cgatatatgc aattttgaga gccatacact ggcattgata actgccaagg aacagtgnta 1800

gctgtttttc tgttaaatgt taattagtag agagctagat gtaaataaat ttatgctcaa 1860

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1880

<210> 21
<211> 1960
<212> ADN
<213> Glycine max

<400> 21

```
acgcgggggg agaagagaag actgagttag aaaacacgct cggtcttctt ctccaatggc       60

gatttccgat gagcctgaaa gtgtagccac tgctctcaac cactcttccc tgcgccgccg      120

tccctccgcc acctccaccg ccggcctctt caattcgcct gagacaacca ccgacagttc      180
```

cggtgatgac ttggccaagg attctggttc cgacgactcc atcaacagcg acgacgccgc 240

cgtcaattcc caacagcaaa acgaaaaaca agacactgat ttctccgtcc tcaaattcgc 300

ctaccgtcct tccgtccccg ctcaccgcaa agtgaaggaa agtccgctca gctccgacac 360

tattttccgt cagagtcacg cgggcctctt caacctttgt atagtagtcc ttgttgctgt 420

gaatagccga ctcatcattg agaatttaat gaagtatggt tggttgatca aatctggctt 480

ttggtttagc tcaaagtcat tgagagactg gccccttttc atgtgttgtc tttctcttgt 540

ggtatttcct ttcgctgcct ttatagtgga gaagttggca caacggaagt gtatacccga 600

accagttgtt gttgtacttc atataatcat tacctcaact tcgcttttct atccagtttt 660

agttattctc aggtgtgatt ctgcttttgt atcaggtgtc acgttaatgc tgttttcttg 720

tgttgtatgg ttaaaattgg tgtcttatgc acatacaaac tatgatatga gagcacttac 780

caaattagtt gaaaagggag aagcactgct cgatactctg aacatggact atccttacaa 840

cgtaagcttc aagagcttgg catatttcct ggttgcccct acattatgtt accagccaag 900

ctatcctcgc acaccttata ttcgaaaggg ttggttgttt cgccaacttg tcaagctgat 960

aatatttaca ggagttatgg gatttataat agaacaatat attaatccca tagtacaaaa 1020

ttcacagcat cctctcaagg gaaaccttct ttacgccacc gagagagttc tgaagctttc 1080

tgttccaaat ttatatgtgt ggctctgcat gttctattgc tttttccacc tttggttaaa 1140

tatcctggca gagcttcttc gatttggtga tcgtgaattc tacaaggatt ggtggaatgc 1200

caaaactgtc gaagattatt ggaggatgtg gaatatgcct gttcacaaat ggatgatccg 1260

ccacctatat tatccatgtt taaggcacgg tctcccaaag gctgctgctc ttttaattgc 1320

cttcctggtt tctgctttat tccatgagct gtgcattgct gttccttgcc acatattcaa 1380

gttgtgggct ttcggtggaa ttatgtttca ggttcctttg gtcttgatca ctaattatct 1440

gcaaaataaa ttcagaaact caatggttgg aaatatgatt ttttggttca tattcagtat 1500

ccttggtcaa cctatgtgtg tactgctata ctaccatgac ttgatgaata ggaaaggcaa 1560

acttgactga agctacggcc attacatttt aaaggtgcac atggatgagc ttttcagttt 1620

tcagattgta aaattgatgt ggatatgttg gtcaatattg ttttctacga atgctttcat 1680

ctaccatggc attggctgct ctgaaggaat tccacgggat atgccagttc acgaggctaa 1740

ttcattatct tgatctatgt acttaccaac tctcctctgg caattgtatc aaaatatgca 1800

attttgagag ccatacactg gcattgataa ctgccaagga acactctaac tgttttctgt 1860

tagctgttaa ttagtagagg gctagatgta aatggtttat gctcaatata tttatttcct 1920

cctagtcttc aagttccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1960

<210> 22
<211> 1536

<212> ADN
<213> Lotus japonicus

<400> 22

atggcgattt ccgaagactc tgaatctcta ttcgccgccg ccgccgcttc ctccgtcatc 60

caaagcggct cttccgtacg ccgcaggccc agcgctatct ccgccgtcgc gacagtcgaa 120

gacgagagtt cgagtgaaga gccggtgccg gtgagggatt ctggttccga cgtcgacgac 180

tccgtaagca gcgagcaaca cgtctccccc gccaccgcca atcgagagaa gaatcaggtg 240

catgacatct cagccaccaa attcgcctac cgtccttccg cccccgctca tcgcagagtc 300

aaggagagcc ccctcagctc cgacaacatt ttccgtcatc atgcgggtct cttcaacctt 360

tgtatagttg tgcttgttgc agtgaatagc agacttatca ttgagaattt gatgaagtat 420

ggttggttga ttaggactgg cttttggttt agttcaaaat cattgaggga ttggccactc 480

ttcatgtgtt gtctcagtct tgcaatattt ccttttgccg cctttgtagt cgagaagttg 540

gtgcaacaga agtgtatttc tgaaccagtt gttgttcttc atatattcat ttcaacagct 600

gcagttgtct atccagtttt agtaatcctc aggactgatt ctgcttttcc atcaggcgtc 660

acattaatgt tatttgcttg cattgtatgg ctaaaactgg tgtcttatgc acatacgaac 720

tatgatatga gagaacttac caaatcaatt gaaaagggag aagcacttcc caatactctg 780

aatatggact attcttatga tgtgagcttc aagagcttgg catactttat gattgctcct 840

acattatgtt accagccaag atatcctcgc agtccttcta tccggaaagg ttgggtgctt 900

cgtcaacttg tcaagctgat aatatttaca ggagtaatgg gatttataat agaacaatat 960

attaatccta tagttcaaaa ttcacagcat cctttgaagg gaaacctact atatgccatt 1020

gaaagagttc tgaagctgtc tgttccaaac ttatatgtgt ggctctgcat gttctactgc 1080

tttttccacc tttggttaaa tattctcgca gagcttctta gatttggtga tcgcgagttc 1140

tacaaggatt ggtggaatgc caaaactttt gaagagtatt ggaggatgtg gaatatgcct 1200

gttcacaaat ggatgatccg acacctatat tttccatgtt taagaaatgg tatacccaag 1260

ggtgttgcta ttttaattgc cttcctggtt tctgcattgt tccatgagct gtgcattgct 1320

gttccttgcc acattttcaa gttgtgggct tttggtggaa ttatgtttca ggttcctttg 1380

atcttgataa caaattatct gcaaaataag ttcagaaact caatggttgg aaacatgatt 1440

ttttggttca tattcagtat tcttggtcaa ccaatggccg tactgctata ctaccacgat 1500

ttgatgaatc ggaaaagcaa acttgaccaa agctag 1536

<210> 23
<211> 1620
<212> ADN
<213> Medicago truncatula

<400> 23

atggcaattt ccgatacacc ggaaaccact gcaaccgcca cagccaccgt aacaaccatc 60

gaaaccgaca cagatctcaa acgctcttca ctccgacgac gaccgagcgc cacatcaacc 120

gccggtggtc tcttcgacgc ggaaagtgca gctgcagatg ccgttcgaga ttcaggctcc 180

gatgattcgt tgaacggtaa gatcaacaac gaagaagagg ttaaagatcg aaaaacggat 240

catgcagaag gaattgttga cgatgatgat gataatgcgg ttaagaagaa tggtggtaat 300

gacgtcatca atgatcgtga aaatgttgct gtcgatttca aattcactta tcgtccttca 360

gttcccgctc accggagaag caaagaaagt cctcttagct ccggcaatat ttttagacag 420

agtcatgcag gactgttcaa tctctgtatt gtggtgcttg ttgcagtgaa tagtaggctt 480

attattgaaa atctgatgaa gtatggatgg ttgattcgat ctggcttttg gtttagttca 540

aaatcgctta gagattggcc cctcttcatg tgttgtctta gtcttgcaat atttccactt 600

gctgcctttg tagtcgaaaa gttggcccaa caaaaacgta tttctgaacc agttattgtt 660

ctccttcata ttgtaattac aactgttata tcttatggat ccatggcctt gctgtgcagg 720

tgcgattctg ctttttttatc tggttccacg ttaatgctat tgacttgcat agtgtggtta 780

aaattggtgt catatgcaca tacaacctat gatatgagag cgcttgctgt ttcaaatgaa 840

aagggagaaa caatgcccga tactttcaat atggaggagt acccacacaa tgtgagcttc 900

cagagtttag catacttcat ggttgctcct acattatgct accagccaag ctatcctcgc 960

acaccttcgg ttcgaaaggg ttgggtctgt cgacaacttc tcaagctggt catatttaca 1020

ggagttatgg gatttataat agaacaatat atgaatccta ttgtccagaa ttcacaacat 1080

ccattgaagg gaaaccttct atatgccatt gagagagttc tgaagctttc tgttccaaat 1140

gtttatgtgt ggctgtgcat gttctattgc tttttccatc tttggttaaa tatacttgcg 1200

gagcttctcc ggtttggtga tcgtgagttc tacaaagatt ggtggaatgc ccaaacggtt 1260

gaagagtatt ggaggatgtg gaatatgcct gtgcacaaat ggatggttcg tcacgtgtat 1320

tttccctgca taaggtttgg tatacccaag ggtgctgctg ctttgactgc tttcctggtt 1380

tctgctgtgt tccatgagtt atgcattgct gttccttgcc gcatgttcaa gttgtgggct 1440

tttattggaa ttatgttcca ggttcctttg gtcttgatca ccaattacct gaaaaataaa 1500

tacagaaact caatggttgg aaatatgatt ttttggttca tattttgtat tcttggtcaa 1560

cctatgtgtg tactactata ctatcatgac ttgatgaata ggaaaggtga aattgactga 1620

<210> 24
<211> 1566
<212> ADN
<213> Jatropha curcas

<400> 24

atgacgattt tggagaccac tactagcgga ggtgatggtg ttgctgagtc gtcttccgat 60

cttaacgtat cgcttcgacg gagacggaaa ggcaccagct cggatggagc tttgccggaa 120

ttgacttcga atattgttga attggaatct gaaagcggtg gccaggtgat gatggatcca 180

ggtatggtga cggaaccgga gacagagaaa attaatggaa aagattgcgg cggtgacaag 240

gataagattg acaatcgcga gaatcgtggg aggtcggata ttaaattcac gtaccggcca 300

tcggtgccgg ctcatcgagc gctcagggag agtccgctta gctctgatgc tatatttaaa 360

caaagtcatg caggtctgtt caacctctgt atagtagtgc ttgttgctgt taacagcagg 420

cttatcattg aaaatctaat gaagtatggt tggttaatta aaacggggtt ttggtttagt 480

tcaagatcgt tgagagattg gccccttctt atgtgctgtc ttaccctccc tatattctct 540

cttgccgcct atctagttga gaagttggca tatcgaaaat atatatctgc acctattgtt 600

attttctttc atatgctcat taccacaaca gcagttttgt acccagtttc tgtgattctc 660

agttgtgggt ctgctgttct gtctggtgtt gcattgatgc tctttgcttg tatcgtgtgg 720

ttgaaattag tatcttatgc acatacaaac tatgacatga gagccattgc caactcagct 780

gacaagggag atgcactatc cgatacttca ggtgcagatt cttcacgtga tgttagcttc 840

aagagtttgg tctacttcat ggttgctcct acgctatgtt accagccaag ttatcctcga 900

acagattcag ttagaaaggg ttgggtggtt cgtcaatttg tcaagttaat aatatttaca 960

ggattcatgg gatttatcat agaacaatat atcaatccta ttgtccagaa ttcacaacac 1020

cccttaaagg gggatctatt atatgccatt gaaagggttt tgaagctctc agttccaaac 1080

ttatatgtgt ggctctgcat gttctactgc ttttttcatc tatggttaaa tatacttgct 1140

gagctccttc ggtttggtga cagagagttc tataaagatt ggtggaatgc aaggacagtt 1200

gaggagtact ggagaatgtg gaatatgcct gttcataagt ggatggttcg ccatatctac 1260

tttccatgct tgcggcataa aataccaagg ggggtagcct tgttaattgc tttcttcgtt 1320

tcagctgtat ttcatgagtt gtgcattgct gttccttgcc acatgttcaa gctctgggct 1380

tttattggaa ttatgtttca gattccattg gtcgggatca ctaattacct ccagaacaag 1440

ttcagaagct ccatggtggg aaatatgatc ttttggttca ttttctgcat tcttggtcaa 1500

cccatgtgtg tgctattgta ttatcatgac ctaatgaatc ggaaaggcaa tgctgaatta 1560

agatga 1566

<210> 25
<211> 2084
<212> ADN
<213> Vernicia fordii

<400> 25

tctctctctc tttgctttac gtgtacatcg accaccacca cagccatctt gcgactgttc 60

aattatccta taagtaccac cgcattcatc accgccaatc cttaactcta atttgctata 120

ctaaacactt gctttatatg cgcttttcta tttactcttc actgtaattt cttattggta 180

ttcaaagtgt tttcaatgac aatccctgaa acgccggata attccacgga tgctaccacc 240

agtggcggtg ctgagtcctc ttccgatctt aacctttctc ttcgacggag gaggactgct 300

tcaaactccg atggagctgt cgcggaattg gcttccaaga ttgatgagtt ggaatctgat 360

gccggaggag gccaggtgat taaggatccg ggagcagaaa tggattcggg gactttgaaa 420

agtaatggaa aagattgcgg aaccgttaag gataggattg aaaatcgtga gaatcgtgga 480

ggatcggatg ttaaattcac gtatcggccg tcggtgccgg ctcaccgggc gctcaaggag 540

agtccgctta gctctgataa tatatttaaa caaagtcatg caggtctctt caatctctgt 600

atagtagtgc ttgtagcggt taacagtcgg cttatcattg aaaacataat gaagtatggt 660

tggttaatta agactgggtt ttggtttagt tcaagatcgt tgagagactg gccacttctt 720

atgtgctgtc ttaccctccc aatattttct cttgctgcct atctagttga gaagttggcc 780

tgtcggaagt atatatctgc acccactgtt gtttttcttc atattctttt ctcctcaaca 840

gcagttttat accctgtttc tgtgattctc agttgtgaat ctgctgtttt gtccggtgtc 900

gcattgatgc tctttgcttg tatcgtgtgg ttgaaattgg tatcttatgc acatacaaac 960

tttgatatga gagcaattgc taactcagtt gataagggag atgcgctatc caatgcttcg 1020

agtgcagagt cctctcatga tgttagcttc aagagtttgg tttatttcat ggttgctccc 1080

acattgtgtt accagccaag ttatcctcga actgcatcca ttcgaaaggg ttgggtggtt 1140

cgtcaatttg ttaagttaat aatatttaca ggattcatgg gatttatcat agaacaatat 1200

atcaatccta tcgttcagaa ttcacaacat cctttaaaag gggatctctt atatgccatt 1260

gagagggttt tgaagctctc agttccgaat ttatatgtct ggctttgcat gttctactgc 1320

ttttttcacc tatggttaaa tatacttgct gagctccttc gctttggtga tagagagttc 1380

tataaagatt ggtggaatgc aaggacagtt gaggagtatt ggagaatgtg gaatatgcct 1440

gttcataagt ggatggttcg ccatatctac tttccatgct tgcggcataa aataccaagg 1500

ggggtggcct tattaattac tttcttcgtt tcagcagtat ttcatgagtt gtgcattgct 1560

gttccttgcc acatattcaa gctctgggct tttattggaa taatgtttca gattcctttg 1620

gtcgggatca caaattacct tcaaaacaag ttcagaagct caatggtggg gaacatgatc 1680

ttctggttca ttttctgcat tcttggtcaa ccaatgtgct tgctgttgta ttaccatgac 1740

ctaatgaatc gaaaagggac taccgaatca agatgacact aactcatcgt gtggtagact 1800

ctatatatat acatagactt accagagatg ggttgcttcc aacatattgt gcacaagagg 1860

caattgttgt tctcatcaga agagtgggtt aattaattaa ttaatgtaca agcaattttg 1920

aaagtataat cactggcagg gactagtgcc cgactgtagt actgagatta tagaggtatt 1980

atcaatcgtt agtggaaaat tgtaaatgta taaagttcaa tctttgtatt gtttcttttc 2040

taatatcata ttttttttta ttgctcatca aaaaaaaaaa aaaa 2084

<210> 26
<211> 1828
<212> ADN
<213> Vernonia galamensis

<400> 26

tctgagctca aatcaaattt ctgcgactca tacaggattc aactcaatac tttcttgatc 60

ggttctgctg ttcatttact tgtaatttct acttctgctt tgctttcatt tcaagctttt 120

ttccttaata atggcgttat tagatacgcc tcagattgga gaaataacga ccaccgccac 180

cacaactata agacggcgga ccactgtcaa gcctgatgct ggaatcggag atggattgtt 240

tgattcttcg tcgtcttcca aaaccaactc atccttcgag gatggtgaca gtttgaatgg 300

tgatttcaat gacaaattta aggaacagat cggagctggt gatgaatcca aggacgactc 360

caaggggaac ggacagaaga tagatcacgg aggagttaaa aagggacgtg aaacgactgt 420

ggtgcattat gcttatcggc cttcttctcc ggctcatcgg agaattaaag aatctccgct 480

tagctctgac gccatcttca agcagagtca tgcaggcctc tttaaccttt gcatagtggt 540

gcttgttgca gtaaatggta ggctcatcat tgagaatctg atgaagtatg gactattgat 600

caattccaac ttttggttca gttcgagatc attgagagac tggccacttc tgatgtgctg 660

cctcactcct tctgactttc cacttgctgc ctacattgtt gagaaattgg catggaaaaa 720

acgtatatcc gaccctgttg taatcacact ccatgttata ataactacaa ctgcaattct 780

ttatccggtc ttcatgattc tgaggttcga ttcagttgtt ctatcaggcg tctcgttgat 840

gctgtgtgct tgcattaatt ggttgaagtt ggtatctttt gtgcatacaa attatgacat 900

gcggtcgctt ttgaactcaa ctgataaggg agaagtggaa cccatgtctt caaatatgga 960

ttatttttat gatgtcaact tcaaaagctt ggtttatttc atggttgctc caactttgtg 1020

ttaccagata agctatcctc gcactgcatt tattcgaaag ggttgggtgt tacggcaact 1080

gatcaagcta gtaatattta cagggttcat gggattcatc attgaacaat atatcaatcc 1140

gattgtcaaa aattctcgtc atccattgaa aggagacttt ttatatgcga ttgagcgggt 1200

tttaaagctt tcagttccga atttatatgt gtggctctgt atgttctact gctttttca 1260

cctttggtta aatatacttg ctgagcttct ttgttttggg gatcgtgaat tttataaaga 1320

ttggtggaat gcacaaacta ttgaagagta ttggaggcta tggaatatgc ctgttcataa 1380

atggattgtt aggcaccttt attttccatg cttgcgtaat gggataccta agggtgctgc 1440

catattggtt gcatttttca tgtctgccgt gttccatgag ctttgtattg ctgttccctg 1500

ccacattttc aagttttggg cttttatcgg gatcatgttt caggtcccgt tggtcctact 1560

cacaaattac ttgcagcaca agtttcaaaa ctcgatggtg ggaaatatga tcttctggtg 1620

ctttttcagc atttttggtc aacccatgtg tgtattactt tactaccatg atgtcatgaa 1680

tcaaaagggg aaaagcaaat aaaaagatgt gattgtgttg ctccatttga tctcatagca 1740

tgactggact aaacaaaccc aagggacaca ttttagtcct taaaggaaaa tttttgtagg 1800

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1828

<210> 27
<211> 2020
<212> ADN
<213> Ricinus communis

<400> 27

cttcttcttc tgctgctgtt cctctctcct ccaccgccac gctcacctct ctttgcatga 60

cataatacta ttgttcttat tatcattttc actctttaaa tacaaacatc aattattcct 120

tttctatcaa acacatgtat tctattctct cgtcgtctag attctcatct tcattgaatc 180

ctccttctta gcgtgtcttt gtccacttct tttgggcacc gacgttttta atctccatga 240

cgattctcga aacgccagaa actcttggcg tcatctcctc ctccgccact tccgatctca 300

acctctctct ccgacgtaga cggacctcaa atgactccga tggtgcactt gctgatttgg 360

cttcgaagtt tgatgatgat gacgacgtaa gatcggaaga ttctgctgaa aatattatcg 420

aagatcctgt agcagcggtt actgaattgg cgacagcaaa gagtaacgga aaagactgtg 480

ttgccaatag taataaggat aaaattgata gccatggagg atcatcggat tttaaacttg 540

catataggcc ttcggttcca gctcaccggt cacttaagga gagtccgctt agctctgatt 600

taatatttaa acaaagtcat gcaggtctgt ttaacctttg tatagtagtg ctcgtagctg 660

ttaacagcag gctcatcatt gagaatttaa tgaagtatgg ctggttaatt aagacgggct 720

tttggtttag ttcaagatca ttgagagatt ggccgctttt tatgtgctgt ctttctctcc 780

cagtattccc ccttgctgcc tatctagttg agaaggccgc atatcgaaaa tatatatctc 840

cgcctattgt tattttcctt catgtgatca tcacctcagc agctgttttg tacccagctt 900

ctgtaattct cagttgtgaa tctgcttttt tatctggtgt cacattgatg gaacttgctt 960

gtatggtatg gttgaaattg gtatcctatg cacatacaaa ctatgatatg agagcgatcg 1020

ctgacaccat tcataaggaa gatgcatcca attcttctag tacagagtat tgtcatgatg 1080

tgagctttaa gactttggcg tacttcatgg tcgcacccac attatgttac cagccaagtt 1140

atcctcgcac agcatttatt agaaagggct gggtgttccg tcaatttgtc aaactaataa 1200

tttttacagg attcatggga tttatcatag aacaatacat caatcctatc gtccagaatt 1260

ctcaacaccc tttaaaaggg gatctcttat atgccattga gagggttctg aagctctcag 1320

ttccgaattt atatgtgtgg ctctgcttgt tctactgctt ttttcacctg tggttgaata 1380

tagttgctga gctccttcgc ttcggtgacc gggagttcta caaagattgg tggaatgcaa 1440

aaactgttga ggagtactgg aggatgtgga atatgcctgt tcacaagtgg atggttcgcc 1500

atatctactt cccatgccta cgtcgtaaaa taccaagggg ggtagcaata gttattgctt 1560

tcttcgtttc agctgtattt catgagttgt gcattgctgt tccttgccac atgttcaaac 1620

tttgggcttt ttttggaata atgtttcaga ttcctttagt tgtgatcact aattattttc 1680

aaaggaagtt cagaagctca atggtgggaa atatgatctt ctggttcttt ttctgcattc 1740

tcggccaacc tatgtgtgta ctgttgtatt accatgacct aatgaatcgc gatgggaact 1800

gaaccatggg ctcagtccag atatgggtac accttccaag atgttatttt cgtgagtgaa 1860

gactgcacca cagtgttgtt cttgttacac aatccccatt gacagagtag gttaatcgtc 1920

agtttcagga gataagacac aattttgaaa gtacagcaga ggctgctatt aatgtatcat 1980

gttgagtttc tgttatgtta tgttattctt ttttaatctc 2020

<210> 28
<211> 1444
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<400> 28

aaatcatggc ggcgttagag tctccggaga atcatatacg acgtcggatc ttaacttctc 60

cgttcgacgg aggtctacta ctgtcacgga ttcgccttcg acggagatga tggaatcgga 120

ggatttgaaa agtaatggta aagaatgcga taaggttacg aatgagaatc gatcggatat 180

taaattcaat tatcggcctt caatgcctgc tcatcgtggt gttagagaga gtcctcttag 240

ttctgatgct atttttaaac aaagtcatgc aggtctcttc aatctctgta tagttgtgct 300

tgtggctata aacagcaggc ttatcattga aaatataatc aagtatggtt ggttaattaa 360

cggtggattt tggtttagtt caaaatcatt aagagactgg cccctgttta tgtgctgtct 420

tagccttcca gcattccctt tcgcggccta tcttgttgag aagttggcat atcaaaatta 480

tttacctcaa cttgttgttg ttttccttca tacaatcatc accacaggat cacttttata 540

tccagtttta gtaattctca ggtgtgattc tgcttttcta tctggtgtca cgttgatgct 600

cttttcttgc attgtgtggc taaaattggt atcttatgct catacaaact ctgatttgag 660

agcaattgcc aagtcaatag atagggaaga tgtcccatcc atttctcctt atgtgggtaa 720

tccttatgat acttacttta agagtttggt ctacttcatg gtggctccca cattatgtta 780

ccagtcaagc tatcctcgca ctgaatctgt tcgaaaggga tgggtggttc aacaatttgt 840

caagttaata atatttactg gattcatggg atttatcata gaacaatata tcaatcctat 900

tgttaagaat tcacagcacc cttttaaagg aaatctcttg tatgccattg agagggtctt 960

gaagctctca gttcctaatt tatatgtatg gctttgcatg ttctactgct ttttccacct 1020

gtggttaaat atacttgccg agctcctttg ctttggtgat cgggagttct acaaggattg 1080

gtggaatgca agaactgttg aagaatattg gagaatgtgg aatatgccag ttcataagtg 1140

gatggttcgc catatctatt ttccatgcct acggaataaa ataccgaagg ggttagctat 1200

acttattgcc ttcttagttt cagctgtatt tcacgagctg tgcattgctg ttccctgcca 1260

cgtgttcaag ctctgggcat ttattggaat tatgttacag gttcccttag tggtgatcac 1320

aaaatttctc caaaataagt tcagaagctc catggtggga aacatgatct tctggttgtt 1380

tttcagcatt cttggtcaac caatgtgtgt gcttctgtat taccatgact tgatgaatcg 1440

gaag 1444

<210> 29
<211> 1816
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<400> 29

aacatattta aatcatggcg gagtcagagt caccggagaa tcgtatagcg gcaatggaaa 60

gtacatcttc ctcgacgtca gatctcaact tctctattcg acggaggtct acagtcatgg 120

actcggcttc gacggaaatg atgggatcgg agggtttgaa aagtagtggt aaagcatgcg 180

ataaggttaa gattgagaag caatcagata tgaaattcaa ttatcggcca tcaatgcccg 240

ctcatagtgg tgttagagag agtcctctta gttctgatgc tatttttaaa caaagtcatg 300

caggtctctt caatctctgt atagtagtgc ttgtggctgt aaacagcagg cttatcattg 360

aaaatttaat caagtacggc tggttaatca attcaggatt ttggtttagt tcaaaatcat 420

taagagactg gcccctgttt atgtgctgtc ttagtcttcc agcattccct ctcgcggcct 480

atctcgttga gaagttggca tatcgaaatt gtatatctga acttgttgtt gttttccttc 540

atataatcat caccacagca tcacttttgt atccagtttt agtaattctc aggtgtgatt 600

ctgctttact atctggtggc acattgatgc tctttgcttg cattgtgtgg ttgaaattgg 660

tatcttttgc acatacaagc tctgatatga gagcaattgc caagtcaatt gataaggaaa 720

ataccccatc catttcttcg aaagcagata attcttatga tgctaacttt aagagtttgg 780

tctacttcat ggtggctccc acattatgtt accagtcaag ctatcctcgt tctgcatctg 840

ttcgaaaggg ttgggtggtt cgacaatttg tcaagttaat aatatttact ggattcatgg 900

gatttatcat agaacaatat atcaatccta ttgttcagaa ctcgcagcac cctttgaaag 960

gaaatctctt gtatgccatt gagagggtct tgaagctctc agttcctaat ttatatgttt 1020

ggctctgcat gttctactgc tttttccact tgtggttaaa tatacttgcc gagctccttc 1080

gctttggtga tcgggagttc tacaaggatt ggtggaatgc aagaactgtt gaagagtact 1140

ggagaatgtg gaatatgcca gttcataagt ggatggttcg ccatatctat tttccatgtt 1200

tacggaataa aataccaaag tgggcagcct tacttattgc cttctttgtc tcagctgtat 1260

ttcatgagtt gtgtattgct gttccttgcc acatgttcaa gctctgggca tttattggaa 1320

ttatgtttca ggttccctta gtggtgatca caaaattcct tcaaaataag ttcaaaagct 1380

caatggtggg caatatgatc ttctggttat ttttcagcat tcttggtcaa cctatgtgtg 1440

tgcttctata ttaccatgac ttgatgaatc ggaaagggaa aactgaacga agatgacaaa 1500

tgcggtatgg tagagatcgt caagatgaac aaaatgcacg gttatgatag tagagcaggc 1560

attaggtgtg ccttttctta tgtattctgc aggagaaatt gactcgattt tgttgagtcg 1620

agagatggtc tcttcaggac ttttatttt atgtatctca attgacgtgc aagcaatttt 1680

ggaagtacaa gcactggcaa ttaaaatgcc aatgcaacag tggatctgtt gtgttggtta 1740

atcatttcca gaaatttgta aatgtttctt gttccgtctt ttgcttcaaa ggaaataaaa 1800

aaagaagaaa atttct 1816

<210> 30
<211> 520
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 30

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Ala Gly Val Thr Thr Val Thr Glu Asn Gly
1               5                  10                  15

Gly Gly Glu Phe Val Asp Leu Asp Arg Leu Arg Arg Arg Lys Ser Arg
            20                  25                  30

Ser Asp Ser Ser Asn Gly Leu Leu Leu Ser Gly Ser Asp Asn Asn Ser
        35                  40                  45

Pro Ser Asp Asp Val Gly Ala Pro Ala Asp Val Arg Asp Arg Ile Asp
    50                  55                  60

Ser Val Val Asn Asp Asp Ala Gln Gly Thr Ala Asn Leu Ala Gly Asp
65                  70                  75                  80

Asn Asn Gly Gly Gly Asp Asn Asn Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Glu
                85                  90                  95

Gly Arg Gly Asn Ala Asp Ala Thr Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro
            100                 105                 110

Ala His Arg Arg Ala Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
        115                 120                 125

Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Val Val Val Leu Ile
```

```
    130                 135                 140

Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp
145                 150                 155                 160

Leu Ile Arg Thr Asp Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Arg Asp Trp
                165                 170                 175

Pro Leu Phe Met Cys Cys Ile Ser Leu Ser Ile Phe Pro Leu Ala Ala
            180                 185                 190

Phe Thr Val Glu Lys Leu Val Leu Gln Lys Tyr Ile Ser Glu Pro Val
        195                 200                 205

Val Ile Phe Leu His Ile Ile Ile Thr Met Thr Glu Val Leu Tyr Pro
    210                 215                 220

Val Tyr Val Thr Leu Arg Cys Asp Ser Ala Phe Leu Ser Gly Val Thr
225                 230                 235                 240

Leu Met Leu Leu Thr Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala
                245                 250                 255

His Thr Ser Tyr Asp Ile Arg Ser Leu Ala Asn Ala Ala Asp Lys Ala
            260                 265                 270

Asn Pro Glu Val Ser Tyr Tyr Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe
        275                 280                 285

Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Ala
    290                 295                 300

Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Ala Arg Gln Phe Ala Lys Leu Val Ile
305                 310                 315                 320

Phe Thr Gly Phe Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile
                325                 330                 335

Val Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Leu Leu Tyr Ala Ile
            340                 345                 350

Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys
        355                 360                 365

Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu
    370                 375                 380
```

```
Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys
385                 390                 395                 400

Ser Val Gly Asp Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp
                405                 410                 415

Met Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Ser Lys Ile Pro Lys
            420                 425                 430

Thr Leu Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu
        435                 440                 445

Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys Arg Leu Phe Lys Leu Trp Ala Phe Leu
    450                 455                 460

Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Phe Ile Thr Asn Tyr Leu Gln
465                 470                 475                 480

Glu Arg Phe Gly Ser Thr Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe
                485                 490                 495

Cys Ile Phe Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu
            500                 505                 510

Met Asn Arg Lys Gly Ser Met Ser
        515                 520
```

<210> 31
<211> 503
<212> PRT
<213> Brassica juncea

<400> 31

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Gly Gly Val Ala Val Pro Pro Thr Glu Asn
1               5                   10                  15

Gly Val Ala Asp Leu Asp Arg Leu His Arg Arg Lys Ser Arg Ser Asp
            20                  25                  30

Ser Ser Asn Gly Leu Leu Ser Asp Thr Ser Pro Ser Asp Asp Val Gly
        35                  40                  45

Ala Ala Ala Ala Glu Arg Asp Arg Val Asp Ser Ala Ala Glu Glu Glu
    50                  55                  60

Ala Gln Gly Thr Ala Asn Leu Ala Gly Gly Asp Ala Glu Thr Arg Glu
65                  70                  75                  80
```

```
Ser Ala Gly Gly Asp Val Arg Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala
                85                  90                  95

His Arg Arg Thr Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys
            100                 105                 110

Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Val Val Val Leu Val Ala
        115                 120                 125

Val Asn Ser Arg Pro Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu
    130                 135                 140

Ile Arg Thr Asp Phe Trp Phe Ser Ser Thr Ser Leu Arg Asp Trp Pro
145                 150                 155                 160

Leu Phe Met Cys Cys Leu Ser Leu Ser Val Phe Pro Leu Ala Ala Phe
                165                 170                 175

Thr Val Glu Lys Met Val Leu Gln Lys Phe Ile Ser Glu Pro Val Ala
            180                 185                 190

Ile Ile Leu His Val Ile Ile Thr Leu Thr Glu Val Leu Tyr Pro Val
        195                 200                 205

Tyr Val Thr Leu Arg Cys Asp Ser Ala Phe Leu Ser Gly Val Thr Leu
    210                 215                 220

Met Leu Leu Thr Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His
225                 230                 235                 240

Thr Ser Tyr Asp Ile Arg Thr Leu Ala Asn Ser Ala Asp Lys Val Asp
                245                 250                 255

Pro Glu Ile Ser Tyr Tyr Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met
            260                 265                 270

Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Pro Cys
        275                 280                 285

Ile Arg Lys Gly Trp Val Ala Arg Gln Phe Ala Lys Leu Val Ile Phe
    290                 295                 300

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

Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Leu Leu Tyr Ala Ile Glu
                325                 330                 335
```

```
Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met
            340                 345                 350

Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu
        355                 360                 365

Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Ser
    370                 375                 380

Val Gly Asp Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met
385                 390                 395                 400

Val Arg His Val Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Ile Lys Ile Pro Lys Val
                405                 410                 415

Pro Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu Leu
            420                 425                 430

Cys Ile Ala Val Pro Cys Arg Leu Phe Asn Leu Trp Ala Phe Met Gly
        435                 440                 445

Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Phe Ile Thr Asn Phe Leu Gln Glu
    450                 455                 460

Arg Phe Gly Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ser Phe Cys
465                 470                 475                 480

Ile Phe Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Met
                485                 490                 495

Asn Arg Lys Gly Ser Met Ser
            500
```

<210> 32
<211> 503
<212> PRT
<213> Brassica napus

<400> 32

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Gly Gly Val Ala Val Pro Pro Thr Glu Asn
1               5                   10                  15

Gly Val Ala Asp Leu Asp Arg Leu His Arg Arg Lys Ser Ser Ser Asp
            20                  25                  30

Ser Ser Asn Gly Leu Leu Ser Asp Thr Ser Pro Ser Asp Asp Val Gly
        35                  40                  45
```

```
Ala Ala Ala Ala Glu Arg Asp Arg Val Asp Ser Ala Ala Glu Glu Glu
    50                  55                  60

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

Ser Ala Gly Gly Asp Val Arg Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala
                85                  90                  95

His Arg Arg Thr Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys
            100                 105                 110

Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Val Val Val Leu Val Ala
        115                 120                 125

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

Ile Arg Thr Asp Phe Trp Phe Ser Ser Thr Ser Leu Arg Asp Trp Pro
145                 150                 155                 160

Leu Phe Met Cys Cys Leu Ser Leu Ser Val Phe Pro Leu Ala Ala Phe
                165                 170                 175

Thr Val Glu Lys Met Val Leu Gln Lys Phe Ile Ser Glu Pro Val Ala
            180                 185                 190

Ile Ile Leu His Val Ile Ile Thr Met Thr Glu Val Leu Tyr Pro Val
        195                 200                 205

Tyr Val Thr Leu Arg Cys Asp Ser Ala Phe Leu Ser Gly Val Thr Leu
    210                 215                 220

Met Leu Leu Thr Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His
225                 230                 235                 240

Thr Ser Tyr Asp Ile Arg Thr Leu Ala Asn Ser Ala Asp Lys Val Asp
                245                 250                 255

Pro Glu Ile Ser Tyr Tyr Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met
            260                 265                 270

Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Pro Cys
        275                 280                 285

Ile Arg Lys Gly Trp Val Ala Arg Gln Leu Ala Lys Leu Val Ile Phe
    290                 295                 300
```

```
Thr Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val
305                 310                 315                 320

Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Leu Leu Tyr Ala Ile Glu
                325                 330                 335

Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met
            340                 345                 350

Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu
        355                 360                 365

Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Ser
    370                 375                 380

Val Gly Asp Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met
385                 390                 395                 400

Val Arg His Val Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Ile Lys Ile Pro Lys Val
                405                 410                 415

Pro Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu Leu
            420                 425                 430

Cys Ile Ala Val Pro Cys Arg Leu Phe Asn Leu Trp Ala Phe Met Gly
        435                 440                 445

Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Phe Ile Thr Asn Phe Leu Gln Glu
    450                 455                 460

Arg Phe Gly Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Gly Ser Ala Ser Cys
465                 470                 475                 480

Ile Phe Gly Gln Pro Met Cys Gly Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Met
                485                 490                 495

Asn Arg Lys Gly Ser Met Ser
            500
```

<210> 33
<211> 503
<212> PRT
<213> Brassica juncea

<400> 33

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Gly Thr Val Thr Met Ala Thr Glu Asn Gly
1               5                   10                  15
```

```
Val Ala Asp Leu Asp Met Leu Arg Arg Arg Lys Ser Arg Ser Asp Ser
            20                  25                  30

Ser Asn Gly Leu Leu Ser Glu Thr Ser Pro Ser Asp Asp Ala Gly Ala
        35                  40                  45

Pro Ala Asp Val Glu Asp Arg Val Asp Ser Ala Ala Gln Gly Thr Ala
    50                  55                  60

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

Gly Gly Asn Gly Glu Val Arg Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala
                85                  90                  95

His Arg Arg Thr Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys
            100                 105                 110

Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Val Val Val Leu Val Ala
        115                 120                 125

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

Ile Arg Thr Asp Phe Trp Phe Ser Ser Thr Ser Leu Arg Asp Trp Pro
145                 150                 155                 160

Leu Phe Met Cys Cys Leu Ser Leu Ser Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe
                165                 170                 175

Thr Val Glu Lys Leu Val Leu Gln Lys Phe Ile Ser Glu Pro Val Val
            180                 185                 190

Ile Ile Leu His Ile Ile Ile Thr Met Thr Glu Val Leu Tyr Pro Val
        195                 200                 205

Tyr Val Thr Leu Arg Cys Asp Ser Ala Phe Leu Ser Gly Val Thr Leu
    210                 215                 220

Met Leu Leu Thr Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His
225                 230                 235                 240

Thr Asn Tyr Asp Ile Arg Thr Val Ala Asn Ser Ala Asp Lys Val Asp
                245                 250                 255

Pro Glu Val Ser Tyr Tyr Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met
```

```
            260                 265                 270

Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Pro Gly
        275                 280                 285

Ile Arg Lys Gly Trp Val Ala Arg Gln Phe Ala Lys Leu Val Ile Phe
    290                 295                 300

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

Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Leu Leu Tyr Ala Ile Glu
                325                 330                 335

Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met
            340                 345                 350

Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu
        355                 360                 365

Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Ser
    370                 375                 380

Val Gly Asp Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met
385                 390                 395                 400

Val Arg His Val Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Ile Lys Ile Pro Lys Val
                405                 410                 415

Pro Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu Leu
            420                 425                 430

Cys Ile Ala Val Pro Cys Arg Leu Phe Asn Leu Trp Ala Phe Ile Gly
        435                 440                 445

Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Phe Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Glu
    450                 455                 460

Arg Phe Gly Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ser Phe Cys
465                 470                 475                 480

Ile Phe Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Met
                485                 490                 495

Asn Arg Lys Gly Ser Met Ser
            500
```

<210> 34
<211> 518
<212> PRT
<213> Tropaeolum majus

<400> 34

```
Met Ala Val Ala Glu Ser Ser Gln Asn Thr Thr Thr Met Ser Gly His
1               5                  10                  15

Gly Asp Ser Asp Leu Asn Asn Phe Arg Arg Arg Lys Pro Ser Ser Ser
            20                  25                  30

Val Ile Glu Pro Ser Ser Ser Gly Phe Thr Ser Thr Asn Gly Val Pro
        35                  40                  45

Ala Thr Gly His Val Ala Glu Asn Arg Asp Gln Asp Arg Val Gly Ala
    50                  55                  60

Met Glu Asn Ala Thr Gly Ser Val Asn Leu Ile Gly Asn Gly Gly Gly
65                  70                  75                  80

Val Val Ile Gly Asn Glu Glu Lys Gln Val Gly Glu Thr Asp Ile Arg
                85                  90                  95

Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Ala His Arg Arg Val Arg Glu Ser
            100                 105                 110

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe
        115                 120                 125

Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
    130                 135                 140

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Asp Thr Gly Phe Trp Phe
145                 150                 155                 160

Ser Ser Arg Ser Leu Gly Asp Trp Ser Ile Phe Met Cys Cys Leu Thr
                165                 170                 175

Leu Pro Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe Ile Val Glu Lys Leu Val Gln
            180                 185                 190

Arg Asn His Ile Ser Glu Leu Val Ala Val Leu Leu His Val Ile Val
        195                 200                 205

Ser Thr Ala Ala Val Leu Tyr Pro Val Ile Val Ile Leu Thr Cys Asp
    210                 215                 220
```

```
Ser Val Tyr Met Ser Gly Val Val Leu Met Leu Phe Gly Cys Ile Met
225                 230                 235                 240

Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Ser Ser Asp Ile Arg Thr
                245                 250                 255

Leu Ala Lys Ser Gly Tyr Lys Gly Asp Ala His Pro Asn Ser Thr Ile
            260                 265                 270

Val Ser Cys Ser Tyr Asp Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met
        275                 280                 285

Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Ser Cys
    290                 295                 300

Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Phe Val Lys Leu Ile Val Phe
305                 310                 315                 320

Ile Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val
                325                 330                 335

Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Phe Leu Tyr Ala Ile Glu
            340                 345                 350

Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met
        355                 360                 365

Phe Tyr Ser Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu
    370                 375                 380

Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr
385                 390                 395                 400

Val Ala Glu Tyr Trp Lys Met Trp Asn Met Pro Val His Arg Trp Met
                405                 410                 415

Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn Gly Ile Pro Lys Glu
            420                 425                 430

Gly Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Gly Ala Phe His Glu Leu
        435                 440                 445

Cys Ile Ala Val Pro Cys His Val Phe Lys Leu Trp Ala Phe Ile Gly
    450                 455                 460

Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Leu Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Glu
465                 470                 475                 480
```

```
Lys Phe Ser Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe
                485                 490                 495

Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu
            500                 505                 510

Ile Asn Leu Lys Glu Lys
        515
```

<210> 35
<211> 473
<212> PRT
<213> Echium pitardii

<400> 35

```
Met Thr Ile Trp Glu Ser Pro Glu Ile Ile Ser Ser Asp Glu Ala Ala
1               5                   10                  15

Ala Ala Leu Arg Arg Arg Gly Gly Ala Lys Glu Val Ala Glu Gln Arg
            20                  25                  30

Leu Asp Ser Glu Glu Glu Lys Lys Lys Glu Glu Glu Asn Gly Lys Leu
        35                  40                  45

Lys Tyr Thr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg Arg Ile Lys Glu
    50                  55                  60

Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu
65                  70                  75                  80

Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile
                85                  90                  95

Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Ser Ser Gly Phe Trp
            100                 105                 110

Leu Ser Ser Thr Ser Leu Ser Asp Trp Pro Leu Leu Ile Cys Cys Leu
        115                 120                 125

Ser Leu Pro Ile Phe Pro Leu Ala Ser Phe Val Val Glu Lys Leu Ser
    130                 135                 140

Gln Gln Glu Phe Ile Ser Glu Gln Val Val Ile Thr Leu His Ala Leu
145                 150                 155                 160

Ile Thr Thr Thr Val Ile Met Tyr Pro Val Ile Val Ile Leu Arg Cys
                165                 170                 175
```

```
Asp Pro Ala Val Leu Ser Gly Val Ile Leu Met Leu Phe Thr Cys Ile
            180                 185                 190

Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Tyr Asp Met Arg
        195                 200                 205

Ala Leu Ala Lys Asp Cys Asp Lys Leu Gln Ala Leu Ser Gly Ser Ser
    210                 215                 220

Met Glu Asp Cys Ser Phe Glu Val Asn Phe Gln Ala Leu Val Tyr Phe
225                 230                 235                 240

Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Leu Arg Tyr Pro Arg Thr Pro
                245                 250                 255

Cys Ile Arg Trp Gly Trp Val Thr Arg His Leu Ile Lys Leu Ile Ile
            260                 265                 270

Phe Thr Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile
        275                 280                 285

Val Lys Asn Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Asn Leu Leu Tyr Ala Ile
    290                 295                 300

Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Ile Tyr Val Trp Leu Cys
305                 310                 315                 320

Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu
                325                 330                 335

Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Gln
            340                 345                 350

Thr Ile Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp
        355                 360                 365

Met Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn Gly Met Pro Lys
    370                 375                 380

Glu Leu Ala Ile Leu Ile Ala Phe Leu Ile Ser Ala Ile Phe His Glu
385                 390                 395                 400

Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe Trp Ala Phe Ile
                405                 410                 415

Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Leu Leu Thr Asn Val Leu Val
            420                 425                 430
```

```
Lys Lys Phe Gln Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Cys Phe
        435                 440                 445

Phe Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Ser Leu Leu Leu Tyr Tyr His Asp
    450                 455                 460

Val Leu Asn Arg Lys Val Asn Ala Asn
465                 470
```

<210> 36
<211> 523
<212> PRT
<213> Vernonia galamensis

<400> 36

```
Met Ala Leu Leu Asp Thr Pro Gln Ile Gly Glu Ile Thr Thr Thr Ala
1               5                   10                  15

Thr Thr Thr Ile Arg Arg Arg Thr Thr Val Lys Pro Asp Ala Gly Ile
            20                  25                  30

Gly Asp Gly Leu Phe Asp Ser Ser Ser Ser Ser Lys Thr Asn Ser Ser
        35                  40                  45

Phe Glu Asp Gly Asp Ser Leu Asn Gly Asp Phe Asn Asp Lys Phe Lys
    50                  55                  60

Glu Gln Ile Gly Ala Gly Asp Glu Ser Lys Asp Asp Ser Lys Gly Asn
65                  70                  75                  80

Gly Gln Lys Ile Asp His Gly Gly Val Lys Lys Gly Arg Glu Thr Thr
                85                  90                  95

Val Val His Tyr Ala Tyr Arg Pro Ser Ser Pro Ala His Arg Arg Ile
            100                 105                 110

Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala
        115                 120                 125

Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Gly Arg
    130                 135                 140

Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Asn Ser Asn
145                 150                 155                 160

Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys
                165                 170                 175
```

```
Cys Leu Thr Pro Ser Asp Phe Pro Leu Ala Ala Tyr Ile Val Glu Lys
            180                 185                 190

Leu Ala Trp Lys Lys Arg Ile Ser Asp Pro Val Val Ile Thr Leu His
        195                 200                 205

Val Ile Ile Thr Thr Thr Ala Ile Leu Tyr Pro Val Phe Met Ile Leu
    210                 215                 220

Arg Phe Asp Ser Val Val Leu Ser Gly Val Ser Leu Met Leu Cys Ala
225                 230                 235                 240

Cys Ile Asn Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Val His Thr Asn Tyr Asp
                245                 250                 255

Met Arg Ser Leu Leu Asn Ser Thr Asp Lys Gly Glu Val Glu Pro Met
            260                 265                 270

Ser Ser Asn Met Asp Tyr Phe Tyr Asp Val Asn Phe Lys Ser Leu Val
        275                 280                 285

Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Ile Ser Tyr Pro Arg
    290                 295                 300

Thr Ala Phe Ile Arg Lys Gly Trp Val Leu Arg Gln Leu Ile Lys Leu
305                 310                 315                 320

Val Ile Phe Thr Gly Phe Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn
                325                 330                 335

Pro Ile Val Lys Asn Ser Arg His Pro Leu Lys Gly Asp Phe Leu Tyr
            340                 345                 350

Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp
        355                 360                 365

Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala
    370                 375                 380

Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn
385                 390                 395                 400

Ala Gln Thr Ile Glu Glu Tyr Trp Arg Leu Trp Asn Met Pro Val His
                405                 410                 415

Lys Trp Ile Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn Gly Ile
```

```
                420                 425                 430

Pro Lys Gly Ala Ala Ile Leu Val Ala Phe Phe Met Ser Ala Val Phe
        435                 440                 445

His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe Trp Ala
    450                 455                 460

Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Leu Leu Thr Asn Tyr
465                 470                 475                 480

Leu Gln His Lys Phe Gln Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp
                485                 490                 495

Cys Phe Phe Ser Ile Phe Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr
            500                 505                 510

His Asp Val Met Asn Gln Lys Gly Lys Ser Lys
        515                 520
```

<210> 37
<211> 532
<212> PRT
<213> Nicotiana tabacum

<400> 37

```
Met Val Ile Met Glu Leu Pro Glu Ser Val Glu Met Thr Thr Thr Thr
1               5                  10                  15

Thr Thr Ser Gly Ile Glu Asn Leu Asn Ser Asp Leu Asn His Ser Val
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Arg Gly Ser Asn Gly Phe Glu Ala Ala Ser Ala Ile Asn
        35                  40                  45

Ser Ser Asp Ala Asn Met Ser Glu Asp Arg Arg Asp Val Cys Gly Ser
    50                  55                  60

Gly Ala Gly Leu Glu Thr Val Asn Glu Arg Ser Lys Ser Val Gly Glu
65                  70                  75                  80

Ser Ser Asp Val Ile Arg Lys Glu Asp Asp Arg Asn Asp Asn Val Ala
                85                  90                  95

Asn Gly Glu Glu Ser Lys Ser Thr Glu Thr Thr Thr Thr Pro Phe Lys
            100                 105                 110

Phe Ala Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg Arg Ile Lys Glu Ser
```

```
        115                 120                 125

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe
    130                 135                 140

Asn Leu Cys Val Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
145                 150                 155                 160

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly Phe Trp Phe
                165                 170                 175

Ser Ser Lys Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Ser
            180                 185                 190

Leu Gln Ile Leu Pro Leu Ala Ala Phe Leu Val Glu Lys Leu Ala Gln
        195                 200                 205

Gln Arg His Leu Thr Glu Arg Ala Val Val Thr Leu His Ile Thr Ile
    210                 215                 220

Thr Thr Ala Ala Ile Leu Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu Gly Cys Asp
225                 230                 235                 240

Ser Ala Phe Leu Phe Gly Val Ile Leu Met Leu Val Ala Cys Ile Val
                245                 250                 255

Trp Met Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn His Asp Met Arg Gln
            260                 265                 270

Leu Ala Lys Ser Thr Asp Lys Asp Glu Thr Ser Asp Gly Asp Phe Ser
        275                 280                 285

Tyr Asp Val Ser Phe Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr
    290                 295                 300

Leu Cys Tyr Gln Leu Ser Tyr Pro His Thr Pro Cys Ile Arg Lys Gly
305                 310                 315                 320

Trp Val Ala Arg Gln Phe Ile Lys Leu Val Ile Phe Thr Gly Leu Met
                325                 330                 335

Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Gln Asn Ser Gln
            340                 345                 350

His Pro Leu Lys Gly Asn Leu Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys
        355                 360                 365
```

```
Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe
    370                 375                 380

Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp
385                 390                 395                 400

Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Ile Asp Glu Tyr
                405                 410                 415

Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met Val Arg His Ile
            420                 425                 430

Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn Gly Ile Pro Lys Gly Val Ala Ile Leu
        435                 440                 445

Ile Ala Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val
    450                 455                 460

Pro Cys Arg Leu Phe Lys Trp Trp Ala Phe Met Gly Ile Met Phe Gln
465                 470                 475                 480

Val Pro Leu Val Ile Leu Thr Asn Phe Leu Gln Asn Lys Phe Gln Ser
                485                 490                 495

Ser Met Val Gly Asn Met Met Phe Trp Cys Phe Phe Cys Ile Leu Gly
            500                 505                 510

Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Lys
        515                 520                 525

Ser Ser Ala Arg
    530
```

<210> 38
<211> 534
<212> PRT
<213> Perilla frutescens

<400> 38

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Pro Glu Ile Leu Asp Thr Thr Ser Ser Ser
1               5                   10                  15

Ala Asp Asn Gly Ala Ala His His Thr Thr Leu Arg Arg Arg Gln Ser
            20                  25                  30

Ala Arg Ser Val Pro Pro Leu Leu Asp Ser Asp Ser Asn Ser Leu Glu
        35                  40                  45
```

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

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

Gln Glu Ser Tyr Gly Lys Glu Glu Gly Ala Lys Val Lys Glu Asn Gly
                85                  90                  95

Glu Thr Ser Asn Gly Asn Gly Thr Asp Val Met Ala Val Lys Phe Thr
            100                 105                 110

Phe Arg Pro Ala Ala Pro Ala His Arg Lys Asn Lys Glu Ser Pro Leu
        115                 120                 125

Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu
    130                 135                 140

Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn
145                 150                 155                 160

Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Lys Ser Gly Phe Trp Phe Ser Ser
                165                 170                 175

Thr Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Ser Leu Pro
            180                 185                 190

Val Phe Ala Leu Ala Ser Phe Leu Val Glu Lys Leu Val Lys Leu Asn
        195                 200                 205

Tyr Ile Pro Glu Trp Val Ala Val Phe Leu His Val Thr Ile Thr Thr
    210                 215                 220

Val Glu Ile Leu Phe Pro Val Val Val Ile Leu Arg Cys Asp Ser Ala
225                 230                 235                 240

Val Leu Ser Gly Val Thr Leu Met Leu Phe Ala Cys Thr Val Trp Leu
                245                 250                 255

Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Tyr Asp Leu Arg Val Leu Ala
            260                 265                 270

Lys Ser Leu Asp Lys Trp Glu Ala Met Ser Arg Tyr Trp Asn Leu Asp
        275                 280                 285

Tyr Ala Tyr Asp Val Ser Phe Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met Val Ala
    290                 295                 300
```

```
Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Ala Cys Ile Arg
305                 310                 315                 320

Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Leu Ile Lys Leu Val Ile Phe Thr Gly
                325                 330                 335

Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Gln Asn
            340                 345                 350

Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Asn Leu Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val
        355                 360                 365

Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr
    370                 375                 380

Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Cys Phe
385                 390                 395                 400

Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Arg Thr Val Glu
                405                 410                 415

Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met Val Arg
            420                 425                 430

His Ile Tyr Cys Pro Cys Leu Gln Asn Gly Ile Pro Lys Ile Val Ala
        435                 440                 445

Val Leu Ile Ala Phe Leu Val Ser Ala Ile Phe His Glu Leu Cys Val
    450                 455                 460

Ala Val Pro Cys Gln Ile Phe Lys Phe Trp Ala Phe Ser Gly Ile Met
465                 470                 475                 480

Leu Gln Val Pro Leu Val Ile Val Thr Asn Tyr Leu Gln Glu Lys Phe
                485                 490                 495

Lys Asn Ser Met Val Gly Asn Met Met Phe Trp Cys Phe Phe Cys Ile
            500                 505                 510

Phe Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Met Asn
        515                 520                 525

Arg Lys Ala Ser Ala Arg
    530
```

<210> 39

<211> 512
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 39

```
Met Ala Asp Ser Glu Asp Ala Pro Pro Ala Val His Arg Arg Pro Pro
1               5                  10                  15

Arg Pro Ala Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Leu Arg Ser Gly Ala Ala Val Ala Ala Arg Ala Ser Phe
        35                  40                  45

Ala Ala Asp Ser Gly Asp Glu Ser Gly Pro Gly Glu Pro Ser Ser Ser
    50                  55                  60

Arg Arg Arg Asp Asn Ser Gly Gly Ala Ser Ser Ala Ala Gly Gly Arg
65                  70                  75                  80

Ala Gly Ala Gly Asp Phe Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro
                85                  90                  95

Val His Arg Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
            100                 105                 110

Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val
        115                 120                 125

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

Leu Ile Arg Ser Gly Phe Trp Phe Asn Ala Thr Ser Leu Arg Asp Trp
145                 150                 155                 160

Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Ser Leu Pro Ile Phe Pro Leu Gly Ala
                165                 170                 175

Phe Ala Val Glu Lys Leu Ala Phe Asn Asn Leu Ile Ser Asp Pro Ala
            180                 185                 190

Thr Thr Cys Phe His Ile Leu Phe Thr Thr Phe Glu Ile Val Tyr Pro
        195                 200                 205

Val Leu Val Ile Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val
    210                 215                 220

Leu Met Phe Ile Ala Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala
225                 230                 235                 240
```

```
His Thr Asn His Asp Ile Arg Lys Leu Ile Thr Ser Gly Lys Lys Val
                245                 250                 255

Asp Asn Glu Leu Thr Ala Ala Gly Ile Asp Asn Leu Gln Ala Pro Thr
            260                 265                 270

Leu Gly Ser Leu Thr Tyr Phe Met Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
        275                 280                 285

Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Pro Tyr Val Arg Lys Gly Trp Leu Val Arg
    290                 295                 300

Gln Val Ile Leu Tyr Leu Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile
305                 310                 315                 320

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Val Asn Ser Gln His Pro Leu Met
                325                 330                 335

Gly Gly Leu Leu Asn Ala Val Glu Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro
            340                 345                 350

Asn Val Tyr Leu Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Leu Phe His Leu Trp
        355                 360                 365

Leu Asn Ile Leu Ala Glu Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
    370                 375                 380

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp
385                 390                 395                 400

Asn Met Pro Val His Lys Trp Ile Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys
                405                 410                 415

Met Arg Asn Gly Ile Ser Lys Glu Val Ala Val Phe Ile Ser Phe Phe
            420                 425                 430

Val Ser Ala Val Leu His Glu Leu Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile
        435                 440                 445

Leu Lys Phe Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile
    450                 455                 460

Ile Leu Thr Ser Tyr Leu Lys Asn Lys Phe Ser Asp Thr Met Val Gly
465                 470                 475                 480

Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys
```

485 490 495

Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Thr Glu Lys Ala Lys
500 505 510

<210> 40
<211> 515
<212> PRT
<213> Sorghum bicolor

<400> 40

```
Met Ala Asp Thr Asp Asp Ala Pro Pro Ala Pro Ala Val His Arg Arg
1               5                  10                  15

Pro Pro Arg Pro Ala Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gln Gly Phe Ala Ala
            20                  25                  30

Lys Leu Arg Arg Arg Leu Ser Ser Gly Ala Ala Ala Ala Ala Arg Ala
        35                  40                  45

Ser Phe Ala Ala Asp Ser Gly Asp Glu Ser Gly Pro Gly Glu Pro Ser
    50                  55                  60

Ser Ser Arg Arg Arg Asp Asn Gly Gly Asp Ala Ser Ser Ala Ala Asp
65                  70                  75                  80

Gly Gly Arg Gly Gly Ala Gly Asp Phe Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala
                85                  90                  95

Ala Ala Pro Val His Arg Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp
            100                 105                 110

Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val
        115                 120                 125

Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys
    130                 135                 140

Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ser Gly Phe Trp Phe Asn Ala Thr Ser Leu
145                 150                 155                 160

Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Ser Leu Pro Val Phe Pro
                165                 170                 175

Leu Gly Ala Phe Ala Val Glu Lys Leu Ala Phe Asn Asn Leu Ile Thr
            180                 185                 190

Asp Ala Ala Ala Thr Cys Phe His Ile Phe Leu Thr Thr Leu Glu Ile
```

```
        195                 200                 205

Val Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser
    210                 215                 220

Gly Phe Val Leu Met Phe Ile Ala Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val
225                 230                 235                 240

Ser Phe Ala His Thr Asn His Asp Ile Arg Lys Leu Ile Thr Ser Gly
                245                 250                 255

Lys Lys Val Asp Asn Glu Leu Thr Val Ala Asp Ile Asp Asn Leu Gln
            260                 265                 270

Ala Pro Thr Leu Gly Ser Leu Thr Tyr Phe Met Met Ala Pro Thr Leu
        275                 280                 285

Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Pro Tyr Val Arg Lys Gly Trp
    290                 295                 300

Leu Val Arg Gln Val Ile Leu Tyr Leu Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly
305                 310                 315                 320

Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Val Asn Ser Gln His
                325                 330                 335

Pro Leu Lys Gly Gly Leu Leu Asn Ala Val Glu Thr Val Leu Lys Leu
            340                 345                 350

Ser Leu Pro Asn Val Tyr Leu Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Leu Phe
        355                 360                 365

His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg
    370                 375                 380

Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp
385                 390                 395                 400

Arg Lys Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met Leu Arg His Ile Tyr
                405                 410                 415

Phe Pro Cys Ile Arg Asn Gly Ile Ser Lys Glu Val Ala Ala Phe Ile
            420                 425                 430

Ala Phe Phe Val Ser Ala Val Phe His Glu Leu Cys Val Ala Val Pro
        435                 440                 445
```

```
Cys His Ile Leu Lys Phe Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile
    450                 455                 460

Pro Leu Ile Ile Leu Thr Ser Tyr Leu Lys Asn Lys Phe Asn Asp Thr
465                 470                 475                 480

Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln
                485                 490                 495

Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Thr Glu
            500                 505                 510

Lys Thr Lys
        515
```

<210> 41
<211> 538
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 41

```
Met Val Gly Ser Asp Gly Asp Gly Asp Gly Gly Gly Gly Glu Ala His
1               5                   10                  15

Ala Pro Ala Ala Pro Ala His His His Arg Arg Pro Pro Arg Pro Arg
            20                  25                  30

Gly Gly Ser Gly Ala Ile Val Glu Gly Phe Ala Ala Ala Leu Arg Arg
        35                  40                  45

Arg Ile Arg Ser Gly Ala Ala Ala Ala Ala Arg Ala Ser Phe Gly Gly
    50                  55                  60

Asp Ser Gly Asp Glu Ala Ala Ser Gly Glu Pro Ser Ser Ser Ser Ser
65                  70                  75                  80

Ser Ser Pro Ser Arg Arg Arg Gly Gly Asp Ser Asn Gly Ala Glu Ala
                85                  90                  95

Ser Ser Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Gly Asp Phe
            100                 105                 110

Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro Val His Arg Lys Ala Lys
        115                 120                 125

Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly
    130                 135                 140
```

```
Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu
145                 150                 155                 160

Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly Phe
                165                 170                 175

Trp Phe Asn Asp Lys Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys
            180                 185                 190

Leu Ser Leu Pro Ala Phe Pro Leu Gly Ala Phe Ala Val Glu Lys Leu
        195                 200                 205

Ala Phe Asn Asn Val Ile Thr Asp Ala Val Ala Thr Cys Leu His Ile
    210                 215                 220

Phe Leu Ser Thr Thr Glu Ile Val Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu Lys
225                 230                 235                 240

Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Leu Leu Ile Phe Ile Ala Cys
                245                 250                 255

Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn His Asp Ile
            260                 265                 270

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

Val Asp Met Asp Asn Leu Gln Pro Pro Thr Leu Gly Asn Leu Ile Tyr
    290                 295                 300

Phe Met Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Thr
305                 310                 315                 320

Ser Cys Val Arg Lys Gly Trp Leu Ile Arg Gln Ile Ile Leu Tyr Leu
                325                 330                 335

Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro
            340                 345                 350

Ile Val Val Asn Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Gly Leu Leu Asn Ala
        355                 360                 365

Val Glu Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro Asn Val Tyr Leu Trp Leu
    370                 375                 380

Cys Met Phe Tyr Ala Phe Phe His Leu Trp Leu Ser Ile Leu Ala Glu
385                 390                 395                 400
```

```
Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala
                405                 410                 415

Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp Asn Met Pro Val His Lys
            420                 425                 430

Trp Val Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Met Arg Asn Gly Ile Ser
        435                 440                 445

Lys Glu Val Ala Val Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala Val Leu His
    450                 455                 460

Glu Ile Cys Val Ala Val Pro Cys Arg Ile Leu Lys Phe Trp Ala Phe
465                 470                 475                 480

Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile Val Leu Thr Ala Tyr Leu
                485                 490                 495

Lys Ser Lys Phe Arg Asp Thr Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe
            500                 505                 510

Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys Leu Leu Leu Tyr Tyr His
        515                 520                 525

Asp Val Met Asn Arg Ile Glu Lys Ala Arg
    530                 535
```

<210> 42
<211> 477
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 42

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Leu Ala Pro Asp Arg Gly Gly Gly Glu Pro
1               5                   10                  15

Asp Asp Ala Leu Arg Leu Arg Ala Arg Ala Ala Ala Ala Ala Gly Asp
            20                  25                  30

Ala Pro Ala Pro Gln Gln Gln Gln Glu Gln Arg His Gln Glu Gln Gln
        35                  40                  45

Gln Gln Leu Leu Trp Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg Arg Val
    50                  55                  60

Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser His Ala
65                  70                  75                  80
```

```
Gly Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg
                85                  90                  95

Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly
            100                 105                 110

Phe Trp Phe Ser Gly Thr Ser Leu Ala Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys
        115                 120                 125

Cys Leu Thr Leu Pro Thr Phe Pro Leu Ala Ala Leu Met Val Glu Lys
    130                 135                 140

Leu Ala Gln Arg Lys Leu Ile Ser Lys His Val Val Ile Leu Leu His
145                 150                 155                 160

Ile Val Ile Thr Thr Ser Val Leu Val Tyr Pro Val Val Val Ile Leu
                165                 170                 175

Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe Leu Ala
            180                 185                 190

Ser Ile Ile Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn Tyr Asp
        195                 200                 205

Ile Arg Met Leu Ser Lys Ser Ile Glu Lys Gly Val Thr His Asp Ile
    210                 215                 220

Ser Ile Asp Pro Glu Asn Ile Lys Trp Pro Thr Phe Lys Arg Leu Ser
225                 230                 235                 240

Tyr Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg
                245                 250                 255

Thr Thr Tyr Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Leu Ile Lys Cys
            260                 265                 270

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

Pro Ile Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe Leu Asn
    290                 295                 300

Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Thr Leu Tyr Val Trp
305                 310                 315                 320

Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala
                325                 330                 335
```

```
Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn
            340                 345                 350

Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His
        355                 360                 365

Lys Trp Val Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Asn Gly Phe
    370                 375                 380

Ser Lys Gly Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala Ala Phe
385                 390                 395                 400

His Glu Leu Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe Trp Ala
                405                 410                 415

Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr Lys Tyr
            420                 425                 430

Leu Gln Asp Lys Phe Asn Asn Thr Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp
        435                 440                 445

Phe Phe Phe Ser Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr
    450                 455                 460

His Asp Val Met Asn Arg Gln Gln Ala Gln Thr Asn Arg
465                 470                 475
```

<210> 43
<211> 529
<212> PRT
<213> Sorghum bicolor

<400> 43

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Met Ala Ala Ala Ser Asp Arg Ala Val Pro
1               5                   10                  15

Gly Ala Asp Ala Thr Glu Ala Ser Ser Leu Arg Leu Arg Arg Ala Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ala Asp Asp Ser Ser Gly Asp Arg Arg
        35                  40                  45

Glu Asn Gly Glu Pro Gln Pro Pro Gln Glu Gln Gln Gln Gln His Glu
    50                  55                  60

Met Leu Tyr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg Arg Val Lys Glu
65                  70                  75                  80
```

```
Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly Leu
                85                  90                  95

Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile
            100                 105                 110

Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly Phe Trp
        115                 120                 125

Phe Ser Ala Arg Ser Leu Gly Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu
    130                 135                 140

Thr Leu Pro Val Phe Pro Leu Val Ala Leu Met Ala Glu Lys Leu Ile
145                 150                 155                 160

Arg Arg Lys Leu Ile Gly Glu His Val Val Ile Leu Leu His Ile Ile
                165                 170                 175

Ile Thr Thr Ser Val Ile Val Tyr Pro Val Val Val Thr Leu Lys Cys
            180                 185                 190

Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Leu Leu Met Phe Leu Ala Ser Ile
        195                 200                 205

Met Trp Met Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Tyr Asp Ile Arg
    210                 215                 220

Ala Leu Ser Lys Ser Thr Glu Lys Gly Ala Ala Tyr Gly Asn Tyr Val
225                 230                 235                 240

Asp Pro Glu Ser Met Lys Asp Pro Thr Phe Lys Ser Leu Val Tyr Phe
                245                 250                 255

Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Thr Tyr Pro Arg Thr Thr
            260                 265                 270

Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Thr Arg Gln Leu Ile Lys Cys Leu Val
        275                 280                 285

Phe Thr Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile
    290                 295                 300

Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe Leu Asn Ala Ile
305                 310                 315                 320

Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Thr Leu Tyr Val Trp Leu Cys
```

325 330 335

Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu
340 345 350

Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys
355 360 365

Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp
370 375 380

Ile Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Lys Gly Phe Ser Arg
385 390 395 400

Gly Val Ala Ile Leu Val Ser Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu
405 410 415

Ile Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe Trp Ala Phe Ser
420 425 430

Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr Arg Tyr Leu Gln
435 440 445

Ala Thr Phe Lys Asn Ile Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe
450 455 460

Phe Ser Ile Val Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp
465 470 475 480

Val Met Asn Arg Gln Ala Gln Gln Val Asp Asn Ser Ala Glu Thr Cys
485 490 495

Thr Leu Arg Gln Val Ile Arg Ser Arg Leu Glu Arg Arg Ser Arg Lys
500 505 510

Gln Gln Gln Gln Gln Ala Ser Ser Pro Pro Leu Pro Leu Leu Pro Ala
515 520 525

Ser

<210> 44
<211> 494
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 44

Met Ala Pro Pro Pro Ser Met Pro Ala Ala Ser Asp Arg Ala Gly Pro

```
1               5                   10                  15

Gly Arg Asp Ala Gly Asp Ser Ser Ser Leu Arg Leu Arg Arg Ala Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ala Gly Asp Ser Ser Gly Gly Leu Arg
        35                  40                  45

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

Gln Gln His Glu Met Leu Tyr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg
65                  70                  75                  80

Arg Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser
                85                  90                  95

His Ala Gly Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn
            100                 105                 110

Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg
        115                 120                 125

Ala Gly Phe Trp Phe Ser Ala Arg Ser Leu Gly Asp Trp Pro Leu Leu
    130                 135                 140

Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Val Phe Pro Leu Val Ala Leu Met Ala
145                 150                 155                 160

Glu Lys Leu Ile Thr Arg Lys Leu Ile Gly Glu His Val Val Ile Leu
                165                 170                 175

Leu His Ile Ile Ile Thr Thr Ser Ala Ile Val Tyr Pro Val Val Val
            180                 185                 190

Thr Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe
        195                 200                 205

Leu Ala Ser Ile Met Trp Met Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn
    210                 215                 220

Tyr Asp Ile Arg Val Leu Ser Lys Ser Thr Glu Lys Gly Ala Ala Tyr
225                 230                 235                 240

Gly Asn Tyr Val Asp Pro Glu Asn Met Lys Asp Pro Thr Phe Lys Ser
                245                 250                 255
```

```
Leu Val Tyr Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Thr Tyr
            260                 265                 270

Pro Gln Thr Thr Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Thr Gln Gln Leu Ile
        275                 280                 285

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

Ile Asn Pro Ile Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe
305                 310                 315                 320

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

Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile
            340                 345                 350

Val Ala Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp
        355                 360                 365

Trp Asn Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro
    370                 375                 380

Val His Lys Trp Ile Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Lys
385                 390                 395                 400

Gly Phe Ser Arg Gly Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala
                405                 410                 415

Val Phe His Glu Ile Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe
            420                 425                 430

Trp Ala Phe Ser Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr
        435                 440                 445

Arg Tyr Leu His Ala Thr Phe Lys His Val Met Val Gly Asn Met Ile
    450                 455                 460

Phe Trp Phe Phe Phe Ser Ile Val Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu
465                 470                 475                 480

Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Gln Ala Gln Ala Ser Arg
                485                 490
```

<210> 45

<211> 447
<212> PRT
<213> Physcomitrella patens

<400> 45

```
Met Pro Val Lys Ser Ser Asn Leu Ala Gly Glu Arg Ala Ala Thr Ser
1               5                  10                  15

His Ile Asn Ala Asn Thr Lys Phe Asp Leu Arg Gly Cys Thr Pro Ala
            20                  25                  30

His Arg Val Arg Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe His
        35                  40                  45

Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala
    50                  55                  60

Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu
65                  70                  75                  80

Ile Arg Thr Gly Phe Trp Phe Ser Ser Lys Ser Ala Arg Asp Trp Pro
                85                  90                  95

Leu Leu Met Cys Gly Leu Ser Leu Pro Thr Phe Pro Phe Ala Ala Leu
            100                 105                 110

Leu Val Glu Lys Leu Cys Trp Lys Asn Glu Asn Gly Lys Trp Leu Ile
        115                 120                 125

Phe Val Leu His Leu Ile Ile Ser Thr Val Gly Ile Leu Tyr Pro Gly
    130                 135                 140

Tyr Val Ile His Arg Val Gln Ser Ala Leu Leu Pro Gly Leu Val Leu
145                 150                 155                 160

Ile Leu Ile Ala Val Thr Gly Trp Met Lys Leu Ile Ser Tyr Ala His
                165                 170                 175

Val Asn Lys Asp Met Arg Glu Leu Leu Arg Ala Lys Glu Lys Leu Pro
            180                 185                 190

Glu Ala Pro Gln Tyr Ala Asp Lys Ile Glu Val Pro Asp His Leu Thr
        195                 200                 205

Ile Gln Asn Ile Ala Tyr Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
    210                 215                 220

Leu Ser Tyr Pro Arg Ser Asp Thr Ile Arg Lys Ser Trp Val Leu Arg
225                 230                 235                 240
```

```
Gln Ala Gly Lys Leu Val Val Phe Leu Gly Leu Gly Gly Phe Ile Ile
                245                 250                 255

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Thr Val Lys Asn Ser Gln His Pro Leu Arg
            260                 265                 270

Gly Asn Tyr Leu Gln Ala Leu Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro
        275                 280                 285

Val Leu Tyr Val Trp Leu Cys Leu Phe Tyr Cys Leu Phe His Leu Trp
    290                 295                 300

Leu Asn Ile Val Ala Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
305                 310                 315                 320

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Gln Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp
                325                 330                 335

Asn Met Pro Val His Lys Trp Met Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Ser
            340                 345                 350

Ile Arg Ala Gly Leu Ser Lys Lys Ala Ala Val Leu Leu Val Phe Ala
        355                 360                 365

Ile Ser Ala Leu Phe His Glu Val Ile Ile Gly Val Pro Cys His Met
    370                 375                 380

Leu Arg Cys Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Met Gln Val Pro Leu Val
385                 390                 395                 400

Tyr Leu Thr Asn Val Ile Lys Glu Arg Tyr His Ser Ser Met Val Gly
                405                 410                 415

Asn Met Val Phe Trp Phe Phe Phe Cys Ile Val Gly Gln Pro Met Cys
            420                 425                 430

Leu Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Phe Asn Asn Phe Pro Ser Thr
        435                 440                 445
```

<210> 46
<211> 425
<212> PRT
<213> Selaginella moellendorffii

<400> 46

```
Met Arg Pro Ser Leu Pro Ala His Arg Arg Ser Lys Glu Ser Pro Leu
1               5                   10                  15
```

```
Ser Ser Asp Ala Ile Phe Thr Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu
            20                  25                  30

Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn
        35                  40                  45

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

Lys Ser Leu Lys Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Gly Leu Ser Leu Leu
65                  70                  75                  80

Ile Phe Pro Leu Ala Ala Tyr Val Ile Glu Lys Ile Lys Ala Arg Arg
                85                  90                  95

Pro Ala Thr Ala Val Ala Pro Leu His Leu Ile Asn Leu Ala Ala Ala
            100                 105                 110

Leu Leu Tyr Pro Ile Tyr Val Ile Glu Met Phe Gln Ser Asp Leu Leu
        115                 120                 125

Ser Gly Leu Val Leu Met Leu Ile Ala Val Thr Gly Trp Leu Lys Leu
    130                 135                 140

Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Ala Asp Ile Arg Ala Val Lys Lys Asp
145                 150                 155                 160

Gly Gly Lys Ile Glu Leu Pro Ala Glu Ala Pro Ala Ile Asp Tyr Pro
                165                 170                 175

Asp Asn Ile Ser Leu Lys Asn Ile Ala Tyr Phe Met Ala Ala Pro Thr
            180                 185                 190

Leu Cys Tyr Gln Leu Ser Tyr Pro Arg Ser Pro Arg Ile Arg Thr Gly
        195                 200                 205

Trp Val Leu Arg Gln Leu Gly Lys Trp Ile Val Phe Asn Gly Phe Met
    210                 215                 220

Gly Phe Ile Ile Gly Gln Tyr Met Asn Pro Ile Ile Arg Asn Ser Thr
225                 230                 235                 240

His Pro Leu Lys Gly Asn Tyr Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys
                245                 250                 255

Leu Ser Ile Pro Thr Leu Tyr Val Trp Leu Gly Phe Phe Tyr Cys Phe
            260                 265                 270
```

```
Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Val Ala Glu Ile Leu Cys Phe Gly Asp
        275                 280                 285

Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Ser Val Asp Glu Tyr
    290                 295                 300

Trp Arg Leu Trp Asn Met Pro Val His Arg Trp Leu Val Arg His Val
305                 310                 315                 320

Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Leu Gly Leu His Lys Gln Phe Ala Ile Leu
                325                 330                 335

Val Val Phe Val Ile Ser Gly Ile Phe His Glu Ile Cys Ile Ala Val
            340                 345                 350

Pro Cys His Met Leu Arg Gly Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Phe Gln
        355                 360                 365

Val Pro Leu Val Leu Val Thr Asn Val Leu Gln Arg Lys Phe Gln Ser
    370                 375                 380

Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe Cys Ile Val Gly
385                 390                 395                 400

Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Val Asn Arg Gln
                405                 410                 415

Gln Leu Gln Leu Ala Gly Arg Ser Lys
            420                 425
```

<210> 47
<211> 507
<212> PRT
<213> Euonymus alatus

<400> 47

```
Met Ala Ala Asn Leu Asn Glu Ala Ser Asp Leu Asn Phe Ser Leu Arg
1               5                   10                  15

Arg Arg Thr Gly Gly Ile Ser Ser Thr Thr Val Pro Asp Ser Ser Ser
            20                  25                  30

Glu Thr Ser Ser Ser Glu Ala Asp Tyr Leu Asp Gly Gly Lys Gly Ala
        35                  40                  45

Ala Asp Val Lys Asp Arg Gly Asp Gly Ala Val Glu Phe Gln Asn Ser
    50                  55                  60
```

```
Met Lys Asn Val Glu Arg Ile Glu Lys His Glu Ser Arg Val Gly Leu
65                  70                  75                  80

Asp Ser Arg Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala His Arg Thr Ile
                85                  90                  95

Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala
            100                 105                 110

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

Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Arg Ser Gly
    130                 135                 140

Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Phe Met Cys
145                 150                 155                 160

Cys Leu Thr Leu Pro Val Phe Pro Leu Ala Ala Phe Leu Phe Glu Lys
                165                 170                 175

Leu Ala Gln Lys Asn Leu Ile Ser Glu Pro Val Val Val Leu Leu His
            180                 185                 190

Ile Val Asn Thr Thr Ala Ala Val Leu Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu
        195                 200                 205

Arg Cys Asp Ser Ala Phe Met Ser Gly Val Thr Leu Met Leu Phe Ala
    210                 215                 220

Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Tyr Asp
225                 230                 235                 240

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

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

Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Ile Ser Tyr Pro Arg
        275                 280                 285

Thr Pro Tyr Val Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Phe Val Lys Leu
    290                 295                 300

Ile Ile Phe Thr Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn
```

```
305                 310                 315                 320

Pro Ile Val Gln Asn Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Asn Phe Leu Tyr
                325                 330                 335

Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp
            340                 345                 350

Leu Cys Met Phe Tyr Cys Leu Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala
        355                 360                 365

Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn
    370                 375                 380

Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His
385                 390                 395                 400

Lys Trp Met Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn Gly Ile
                405                 410                 415

Pro Lys Gly Val Ala Phe Val Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala Val Phe
            420                 425                 430

His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Leu Trp Ala
        435                 440                 445

Phe Phe Gly Ile Met Leu Gln Val Pro Leu Val Leu Ile Thr Ser Tyr
    450                 455                 460

Leu Gln Asn Lys Phe Arg Ser Ser Met Val Gly Asn Met Met Phe Trp
465                 470                 475                 480

Phe Ser Phe Cys Ile Phe Gly Gln Pro Met Cys Leu Leu Leu Tyr Tyr
                485                 490                 495

His Asp Leu Met Asn Arg Asn Gly Lys Met Glu
            500                 505
```

<210> 48
<211> 518
<212> PRT
<213> Vitis vinifera

<400> 48

```
Met Ala Ile Cys Asn Ser Pro Val Ser Val Thr Thr Ser Ser Ser Ser
1               5                   10                  15

Ser His Ala Asp Ser Asp Leu Asp Phe Ser Ile Arg Lys Arg Phe Gly
```

```
            20                  25                  30

Gly Lys Gly Lys Ala Val Ala Asp Ser Ser Leu Glu Thr Glu Thr Glu
        35                  40                  45

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

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

Gly Glu Asn Gly Val Ala Glu Val Ala Ala Lys Phe Ala Tyr Arg Pro
                85                  90                  95

Cys Ala Pro Ala His Arg Lys Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp
            100                 105                 110

Ala Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val
        115                 120                 125

Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys
    130                 135                 140

Tyr Gly Trp Leu Ile Arg Ala Gly Phe Trp Phe Ser Ser Lys Ser Leu
145                 150                 155                 160

Arg Asp Trp Pro Leu Phe Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Ile Phe Pro
                165                 170                 175

Leu Ala Ala Phe Val Val Glu Lys Leu Ala Gln Gln Lys Tyr Ile Ser
            180                 185                 190

Glu Gln Val Val Val Ser Leu His Ile Ile Ile Thr Thr Ala Ala Val
        195                 200                 205

Leu Phe Pro Val Leu Val Ile Leu Arg Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser
    210                 215                 220

Gly Val Thr Leu Met Leu Phe Ala Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val
225                 230                 235                 240

Ser Phe Ala His Thr Asn Tyr Asp Met Arg Ala Val Ala Lys Leu Ile
                245                 250                 255

Asp Lys Gly Asp Asp Leu Ser Thr Ser Leu Asn Met Asp Tyr Pro Tyr
            260                 265                 270
```

```
Asp Val Asn Phe Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu
        275                 280                 285

Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Thr Cys Ile Arg Lys Gly Trp
    290                 295                 300

Val Phe Arg Gln Phe Val Lys Leu Ala Ile Phe Thr Gly Val Met Gly
305                 310                 315                 320

Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Gln Asn Ser Gln His
                325                 330                 335

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

Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe
        355                 360                 365

His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg
    370                 375                 380

Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp
385                 390                 395                 400

Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met Val Arg His Leu Tyr
                405                 410                 415

Phe Pro Cys Leu Arg Asn Gly Ile Ser Lys Gly Val Ser Val Val Ile
            420                 425                 430

Ala Phe Ala Ile Ser Ala Ile Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro
        435                 440                 445

Cys His Met Phe Lys Leu Trp Ala Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Val
    450                 455                 460

Pro Leu Val Leu Val Thr Asn Tyr Leu Gln Asn Lys Phe Arg Asn Ser
465                 470                 475                 480

Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Leu Phe Phe Ser Ile Leu Gly Gln
                485                 490                 495

Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Met Asn Arg Lys Glu
            500                 505                 510

Thr Thr Glu Ser Ser Leu
        515
```

<210> 49
<211> 498
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 49

```
Met Ala Ile Ser Asp Glu Pro Glu Thr Val Ala Thr Ala Leu Asn His
1               5                  10                  15

Ser Ser Leu Arg Arg Arg Pro Thr Ala Ala Gly Leu Phe Asn Ser Pro
            20                  25                  30

Glu Thr Thr Thr Asp Ser Ser Gly Asp Asp Leu Ala Lys Asp Ser Gly
        35                  40                  45

Ser Asp Asp Ser Ile Ser Ser Asp Ala Ala Asn Ser Gln Pro Gln Gln
    50                  55                  60

Lys Gln Asp Thr Asp Phe Ser Val Leu Lys Phe Ala Tyr Arg Pro Ser
65                  70                  75                  80

Val Pro Ala His Arg Lys Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Thr
                85                  90                  95

Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val
            100                 105                 110

Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr
        115                 120                 125

Gly Trp Leu Ile Lys Ser Gly Phe Trp Phe Ser Ser Lys Ser Leu Arg
    130                 135                 140

Asp Trp Pro Leu Phe Met Cys Cys Leu Ser Leu Val Val Phe Pro Phe
145                 150                 155                 160

Ala Ala Phe Ile Val Glu Lys Leu Ala Gln Gln Lys Cys Ile Pro Glu
                165                 170                 175

Pro Val Val Val Val Leu His Ile Ile Ile Thr Ser Ala Ser Leu Phe
            180                 185                 190

Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu Arg Cys Asp Ser Ala Phe Leu Ser Gly
        195                 200                 205

Val Thr Leu Met Leu Phe Ala Cys Val Val Trp Leu Lys Leu Val Ser
    210                 215                 220
```

```
Tyr Ala His Thr Asn Tyr Asp Met Arg Ala Leu Thr Lys Ser Val Glu
225                 230                 235                 240

Lys Gly Glu Ala Leu Pro Asp Thr Leu Asn Met Asp Tyr Pro Tyr Asn
                245                 250                 255

Val Ser Phe Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Leu Val Ala Pro Thr Leu Cys
            260                 265                 270

Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Pro Tyr Ile Arg Lys Gly Trp Leu
        275                 280                 285

Phe Arg Gln Leu Val Lys Leu Ile Ile Phe Thr Gly Val Met Gly Phe
    290                 295                 300

Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Gln Asn Ser Gln His Pro
305                 310                 315                 320

Leu Lys Gly Asn Leu Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser
                325                 330                 335

Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His
            340                 345                 350

Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu
        355                 360                 365

Phe Tyr Gln Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Val Glu Asp Tyr Trp Arg
    370                 375                 380

Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met Ile Arg His Leu Tyr Phe
385                 390                 395                 400

Pro Cys Leu Arg His Gly Ile Pro Lys Ala Val Ala Leu Leu Ile Ala
                405                 410                 415

Phe Leu Val Ser Ala Leu Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys
            420                 425                 430

His Ile Phe Lys Leu Trp Ala Phe Gly Gly Ile Met Phe Gln Val Pro
        435                 440                 445

Leu Val Phe Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Asn Lys Phe Arg Asn Ser Met
    450                 455                 460

Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe Ser Ile Leu Gly Gln Pro
465                 470                 475                 480
```

Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Met Asn Arg Lys Gly Lys
485 490 495

Leu Asp

<210> 50
<211> 504
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 50

Met Ala Ile Ser Asp Glu Pro Glu Ser Val Ala Thr Ala Leu Asn His
1 5 10 15

Ser Ser Leu Arg Arg Arg Pro Ser Ala Thr Ser Thr Ala Gly Leu Phe
20 25 30

Asn Ser Pro Glu Thr Thr Thr Asp Ser Ser Gly Asp Asp Leu Ala Lys
35 40 45

Asp Ser Gly Ser Asp Asp Ser Ile Asn Ser Asp Asp Ala Ala Val Asn
50 55 60

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

Phe Ala Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala His Arg Lys Val Lys Glu Ser
85 90 95

Pro Leu Ser Ser Asp Thr Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly Leu Phe
100 105 110

Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
115 120 125

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Lys Ser Gly Phe Trp Phe
130 135 140

Ser Ser Lys Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Phe Met Cys Cys Leu Ser
145 150 155 160

Leu Val Val Phe Pro Phe Ala Ala Phe Ile Val Glu Lys Leu Ala Gln
165 170 175

Arg Lys Cys Ile Pro Glu Pro Val Val Val Val Leu His Ile Ile Ile
180 185 190

```
Thr Ser Thr Ser Leu Phe Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu Arg Cys Asp
        195                 200                 205

Ser Ala Phe Val Ser Gly Val Thr Leu Met Leu Phe Ser Cys Val Val
    210                 215                 220

Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Tyr Asp Met Arg Ala
225                 230                 235                 240

Leu Thr Lys Leu Val Glu Lys Gly Glu Ala Leu Leu Asp Thr Leu Asn
                245                 250                 255

Met Asp Tyr Pro Tyr Asn Val Ser Phe Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Leu
            260                 265                 270

Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Pro Tyr
        275                 280                 285

Ile Arg Lys Gly Trp Leu Phe Arg Gln Leu Val Lys Leu Ile Ile Phe
    290                 295                 300

Thr Gly Val Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val
305                 310                 315                 320

Gln Asn Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Asn Leu Leu Tyr Ala Thr Glu
                325                 330                 335

Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met
            340                 345                 350

Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu
        355                 360                 365

Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr
    370                 375                 380

Val Glu Asp Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met
385                 390                 395                 400

Ile Arg His Leu Tyr Tyr Pro Cys Leu Arg His Gly Leu Pro Lys Ala
                405                 410                 415

Ala Ala Leu Leu Ile Ala Phe Leu Val Ser Ala Leu Phe His Glu Leu
            420                 425                 430

Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Leu Trp Ala Phe Gly Gly
```

```
          435                 440                 445

Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Leu Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Asn
    450                 455                 460

Lys Phe Arg Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe
465                 470                 475                 480

Ser Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu
                485                 490                 495

Met Asn Arg Lys Gly Lys Leu Asp
            500
```

<210> 51
<211> 511
<212> PRT
<213> Lotus japonicus

<400> 51

```
Met Ala Ile Ser Glu Asp Ser Glu Ser Leu Phe Ala Ala Ala Ala Ala
1               5                  10                  15

Ser Ser Val Ile Gln Ser Gly Ser Ser Val Arg Arg Arg Pro Ser Ala
            20                  25                  30

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

Val Pro Val Arg Asp Ser Gly Ser Asp Val Asp Asp Ser Val Ser Ser
    50                  55                  60

Glu Gln His Val Ser Pro Ala Thr Ala Asn Arg Glu Lys Asn Gln Val
65                  70                  75                  80

His Asp Ile Ser Ala Thr Lys Phe Ala Tyr Arg Pro Ser Ala Pro Ala
                85                  90                  95

His Arg Arg Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Asn Ile Phe Arg
            100                 105                 110

His His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val
        115                 120                 125

Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile
    130                 135                 140

Arg Thr Gly Phe Trp Phe Ser Ser Lys Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu
```

```
145                 150                 155                 160

Phe Met Cys Cys Leu Ser Leu Ala Ile Phe Pro Phe Ala Ala Phe Val
                165                 170                 175

Val Glu Lys Leu Val Gln Gln Lys Cys Ile Ser Glu Pro Val Val Val
            180                 185                 190

Leu His Ile Phe Ile Ser Thr Ala Ala Val Val Tyr Pro Val Leu Val
        195                 200                 205

Ile Leu Arg Thr Asp Ser Ala Phe Pro Ser Gly Val Thr Leu Met Leu
    210                 215                 220

Phe Ala Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn
225                 230                 235                 240

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

Pro Asn Thr Leu Asn Met Asp Tyr Ser Tyr Asp Val Ser Phe Lys Ser
            260                 265                 270

Leu Ala Tyr Phe Met Ile Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Arg Tyr
        275                 280                 285

Pro Arg Ser Pro Ser Ile Arg Lys Gly Trp Val Leu Arg Gln Leu Val
    290                 295                 300

Lys Leu Ile Ile Phe Thr Gly Val Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr
305                 310                 315                 320

Ile Asn Pro Ile Val Gln Asn Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Asn Leu
                325                 330                 335

Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr
            340                 345                 350

Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile
        355                 360                 365

Leu Ala Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp
    370                 375                 380

Trp Asn Ala Lys Thr Phe Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro
385                 390                 395                 400
```

```
Val His Lys Trp Met Ile Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn
                405                 410                 415

Gly Ile Pro Lys Gly Val Ala Ile Leu Ile Ala Phe Leu Val Ser Ala
            420                 425                 430

Leu Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Leu
        435                 440                 445

Trp Ala Phe Gly Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Ile Leu Ile Thr
    450                 455                 460

Asn Tyr Leu Gln Asn Lys Phe Arg Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile
465                 470                 475                 480

Phe Trp Phe Ile Phe Ser Ile Leu Gly Gln Pro Met Ala Val Leu Leu
                485                 490                 495

Tyr Tyr His Asp Leu Met Asn Arg Lys Ser Lys Leu Asp Gln Ser
            500                 505                 510
```

<210> 52
<211> 539
<212> PRT
<213> Medicago truncatula

<400> 52

```
Met Ala Ile Ser Asp Thr Pro Glu Thr Thr Ala Thr Ala Thr Ala Thr
1               5                   10                  15

Val Thr Thr Ile Glu Thr Asp Thr Asp Leu Lys Arg Ser Ser Leu Arg
            20                  25                  30

Arg Arg Pro Ser Ala Thr Ser Thr Ala Gly Gly Leu Phe Asp Ala Glu
        35                  40                  45

Ser Ala Ala Ala Asp Ala Val Arg Asp Ser Gly Ser Asp Asp Ser Leu
    50                  55                  60

Asn Gly Lys Ile Asn Asn Glu Glu Glu Val Lys Asp Arg Lys Thr Asp
65                  70                  75                  80

His Ala Glu Gly Ile Val Asp Asp Asp Asp Asp Asn Ala Val Lys Lys
                85                  90                  95

Asn Gly Gly Asn Asp Val Ile Asn Asp Arg Glu Asn Val Ala Val Asp
            100                 105                 110
```

```
Phe Lys Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala His Arg Arg Ser Lys
        115                 120                 125

Glu Ser Pro Leu Ser Ser Gly Asn Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly
    130                 135                 140

Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu
145                 150                 155                 160

Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Arg Ser Gly Phe
                165                 170                 175

Trp Phe Ser Ser Lys Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Phe Met Cys Cys
            180                 185                 190

Leu Ser Leu Ala Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe Val Val Glu Lys Leu
        195                 200                 205

Ala Gln Gln Lys Arg Ile Ser Glu Pro Val Ile Val Leu Leu His Ile
    210                 215                 220

Val Ile Thr Thr Val Ala Ile Ile Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu Trp
225                 230                 235                 240

Cys Asp Ser Ala Phe Leu Ser Gly Ser Thr Leu Met Leu Leu Thr Cys
                245                 250                 255

Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Thr Tyr Asp Met
            260                 265                 270

Arg Ala Leu Ala Val Ser Asn Glu Lys Gly Glu Thr Met Pro Asp Thr
        275                 280                 285

Phe Asn Met Glu Glu Tyr Pro His Asn Val Ser Phe Gln Ser Leu Ala
    290                 295                 300

Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg
305                 310                 315                 320

Thr Pro Ser Val Arg Lys Gly Trp Val Cys Arg Gln Leu Leu Lys Leu
                325                 330                 335

Val Ile Phe Thr Gly Val Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Met Asn
            340                 345                 350

Pro Ile Val Gln Asn Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Asn Leu Leu Tyr
        355                 360                 365
```

```
Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Val Tyr Val Trp
    370                 375                 380

Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala
385                 390                 395                 400

Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn
                405                 410                 415

Ala Gln Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His
            420                 425                 430

Lys Trp Met Val Arg His Val Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Phe Gly Ile
        435                 440                 445

Pro Lys Gly Ala Ala Ala Leu Thr Ala Phe Leu Val Ser Ala Val Phe
    450                 455                 460

His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys Arg Met Phe Lys Leu Trp Ala
465                 470                 475                 480

Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Leu Ile Thr Asn Tyr
                485                 490                 495

Leu Lys Asn Lys Tyr Arg Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp
            500                 505                 510

Phe Ile Phe Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr
        515                 520                 525

His Asp Leu Met Asn Arg Lys Gly Glu Ile Asp
    530                 535
```

<210> 53
<211> 521
<212> PRT
<213> Jatropha curcas

<400> 53

```
Met Thr Ile Leu Glu Thr Thr Thr Ser Gly Gly Asp Gly Val Ala Glu
1               5                  10                  15

Ser Ser Ser Asp Leu Asn Val Ser Leu Arg Arg Arg Arg Lys Gly Thr
            20                  25                  30

Ser Ser Asp Gly Ala Leu Pro Glu Leu Thr Ser Asn Ile Val Glu Leu
        35                  40                  45
```

```
Glu Ser Glu Ser Gly Gly Gln Val Met Met Asp Pro Gly Met Val Thr
    50                  55                  60

Glu Pro Glu Thr Glu Lys Ile Asn Gly Lys Asp Cys Gly Gly Asp Lys
65                  70                  75                  80

Asp Lys Ile Asp Asn Arg Glu Asn Arg Gly Arg Ser Asp Ile Lys Phe
                85                  90                  95

Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala His Arg Ala Leu Arg Glu Ser Pro
            100                 105                 110

Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn
        115                 120                 125

Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu
    130                 135                 140

Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Lys Thr Gly Phe Trp Phe Ser
145                 150                 155                 160

Ser Arg Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Thr Leu
                165                 170                 175

Pro Ile Phe Ser Leu Ala Ala Tyr Leu Val Glu Lys Leu Ala Tyr Arg
            180                 185                 190

Lys Tyr Ile Ser Ala Pro Ile Val Ile Phe Phe His Met Leu Ile Thr
        195                 200                 205

Thr Thr Ala Val Leu Tyr Pro Val Ser Val Ile Leu Ser Cys Gly Ser
    210                 215                 220

Ala Val Leu Ser Gly Val Ala Leu Met Leu Phe Ala Cys Ile Val Trp
225                 230                 235                 240

Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Tyr Asp Met Arg Ala Ile
                245                 250                 255

Ala Asn Ser Ala Asp Lys Gly Asp Ala Leu Ser Asp Thr Ser Gly Ala
            260                 265                 270

Asp Ser Ser Arg Asp Val Ser Phe Lys Ser Leu Val Tyr Phe Met Val
        275                 280                 285

Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Asp Ser Val
    290                 295                 300
```

```
Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Phe Val Lys Leu Ile Ile Phe Thr
305                 310                 315                 320

Gly Phe Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Gln
                325                 330                 335

Asn Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Asp Leu Leu Tyr Ala Ile Glu Arg
            340                 345                 350

Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe
        355                 360                 365

Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Arg
    370                 375                 380

Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Arg Thr Val
385                 390                 395                 400

Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met Val
                405                 410                 415

Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Leu Arg His Lys Ile Pro Arg Gly Val
            420                 425                 430

Ala Leu Leu Ile Ala Phe Phe Val Ser Ala Val Phe His Glu Leu Cys
        435                 440                 445

Ile Ala Val Pro Cys His Met Phe Lys Leu Trp Ala Phe Ile Gly Ile
    450                 455                 460

Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Gly Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Asn Lys
465                 470                 475                 480

Phe Arg Ser Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe Cys
                485                 490                 495

Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Met
            500                 505                 510

Asn Arg Lys Gly Asn Ala Glu Leu Arg
        515                 520
```

<210> 54
<211> 526
<212> PRT
<213> Vernicia fordii

<400> 54

```
Met Thr Ile Pro Glu Thr Pro Asp Asn Ser Thr Asp Ala Thr Thr Ser
1               5                  10                  15

Gly Gly Ala Glu Ser Ser Ser Asp Leu Asn Leu Ser Leu Arg Arg Arg
            20                  25                  30

Arg Thr Ala Ser Asn Ser Asp Gly Ala Val Ala Glu Leu Ala Ser Lys
        35                  40                  45

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

Pro Gly Ala Glu Met Asp Ser Gly Thr Leu Lys Ser Asn Gly Lys Asp
65                  70                  75                  80

Cys Gly Thr Val Lys Asp Arg Ile Glu Asn Arg Glu Asn Arg Gly Gly
                85                  90                  95

Ser Asp Val Lys Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala His Arg Ala
            100                 105                 110

Leu Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Asn Ile Phe Lys Gln Ser His
        115                 120                 125

Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser
    130                 135                 140

Arg Leu Ile Ile Glu Asn Ile Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Lys Thr
145                 150                 155                 160

Gly Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met
                165                 170                 175

Cys Cys Leu Thr Leu Pro Ile Phe Ser Leu Ala Ala Tyr Leu Val Glu
            180                 185                 190

Lys Leu Ala Cys Arg Lys Tyr Ile Ser Ala Pro Thr Val Val Phe Leu
        195                 200                 205

His Ile Leu Phe Ser Ser Thr Ala Val Leu Tyr Pro Val Ser Val Ile
    210                 215                 220

Leu Ser Cys Glu Ser Ala Val Leu Ser Gly Val Ala Leu Met Leu Phe
225                 230                 235                 240

Ala Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Phe
```

```
                245                 250                 255

Asp Met Arg Ala Ile Ala Asn Ser Val Asp Lys Gly Asp Ala Leu Ser
            260                 265                 270

Asn Ala Ser Ser Ala Glu Ser Ser His Asp Val Ser Phe Lys Ser Leu
        275                 280                 285

Val Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro
    290                 295                 300

Arg Thr Ala Ser Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Phe Val Lys
305                 310                 315                 320

Leu Ile Ile Phe Thr Gly Phe Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile
                325                 330                 335

Asn Pro Ile Val Gln Asn Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Asp Leu Leu
            340                 345                 350

Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val
        355                 360                 365

Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu
    370                 375                 380

Ala Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp
385                 390                 395                 400

Asn Ala Arg Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val
                405                 410                 415

His Lys Trp Met Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Leu Arg His Lys
            420                 425                 430

Ile Pro Arg Gly Val Ala Leu Leu Ile Thr Phe Phe Val Ser Ala Val
        435                 440                 445

Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Leu Trp
    450                 455                 460

Ala Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Gly Ile Thr Asn
465                 470                 475                 480

Tyr Leu Gln Asn Lys Phe Arg Ser Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe
                485                 490                 495
```

```
Trp Phe Ile Phe Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Leu Leu Tyr
            500                 505                 510

Tyr His Asp Leu Met Asn Arg Lys Gly Thr Thr Glu Ser Arg
        515                 520                 525
```

<210> 55
<211> 523
<212> PRT
<213> Vernonia galamensis

<400> 55

```
Met Ala Leu Leu Asp Thr Pro Gln Ile Gly Glu Ile Thr Thr Thr Ala
1               5                   10                  15

Thr Thr Thr Ile Arg Arg Arg Thr Thr Val Lys Pro Asp Ala Gly Ile
            20                  25                  30

Gly Asp Gly Leu Phe Asp Ser Ser Ser Ser Ser Lys Thr Asn Ser Ser
        35                  40                  45

Phe Glu Asp Gly Asp Ser Leu Asn Gly Asp Phe Asn Asp Lys Phe Lys
    50                  55                  60

Glu Gln Ile Gly Ala Gly Asp Glu Ser Lys Asp Asp Ser Lys Gly Asn
65                  70                  75                  80

Gly Gln Lys Ile Asp His Gly Gly Val Lys Lys Gly Arg Glu Thr Thr
                85                  90                  95

Val Val His Tyr Ala Tyr Arg Pro Ser Ser Pro Ala His Arg Arg Ile
            100                 105                 110

Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala
        115                 120                 125

Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Gly Arg
    130                 135                 140

Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Asn Ser Asn
145                 150                 155                 160

Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys
                165                 170                 175

Cys Leu Thr Pro Ser Asp Phe Pro Leu Ala Ala Tyr Ile Val Glu Lys
            180                 185                 190
```

```
Leu Ala Trp Lys Lys Arg Ile Ser Asp Pro Val Val Ile Thr Leu His
        195                 200                 205

Val Ile Ile Thr Thr Thr Ala Ile Leu Tyr Pro Val Phe Met Ile Leu
    210                 215                 220

Arg Phe Asp Ser Val Val Leu Ser Gly Val Ser Leu Met Leu Cys Ala
225                 230                 235                 240

Cys Ile Asn Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Val His Thr Asn Tyr Asp
                245                 250                 255

Met Arg Ser Leu Leu Asn Ser Thr Asp Lys Gly Glu Val Glu Pro Met
            260                 265                 270

Ser Ser Asn Met Asp Tyr Phe Tyr Asp Val Asn Phe Lys Ser Leu Val
        275                 280                 285

Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Ile Ser Tyr Pro Arg
    290                 295                 300

Thr Ala Phe Ile Arg Lys Gly Trp Val Leu Arg Gln Leu Ile Lys Leu
305                 310                 315                 320

Val Ile Phe Thr Gly Phe Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn
                325                 330                 335

Pro Ile Val Lys Asn Ser Arg His Pro Leu Lys Gly Asp Phe Leu Tyr
            340                 345                 350

Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp
        355                 360                 365

Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala
    370                 375                 380

Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn
385                 390                 395                 400

Ala Gln Thr Ile Glu Glu Tyr Trp Arg Leu Trp Asn Met Pro Val His
                405                 410                 415

Lys Trp Ile Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn Gly Ile
            420                 425                 430

Pro Lys Gly Ala Ala Ile Leu Val Ala Phe Phe Met Ser Ala Val Phe
        435                 440                 445
```

```
His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe Trp Ala
     450                 455                 460

Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Leu Leu Thr Asn Tyr
465                 470                 475                 480

Leu Gln His Lys Phe Gln Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp
                485                 490                 495

Cys Phe Phe Ser Ile Phe Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr
            500                 505                 510

His Asp Val Met Asn Gln Lys Gly Lys Ser Lys
        515                 520
```

<210> 56
<211> 521
<212> PRT
<213> Ricinus communis

<400> 56

```
Met Thr Ile Leu Glu Thr Pro Glu Thr Leu Gly Val Ile Ser Ser Ser
1               5                   10                  15

Ala Thr Ser Asp Leu Asn Leu Ser Leu Arg Arg Arg Arg Thr Ser Asn
            20                  25                  30

Asp Ser Asp Gly Ala Leu Ala Asp Leu Ala Ser Lys Phe Asp Asp Asp
        35                  40                  45

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

Val Ala Ala Val Thr Glu Leu Ala Thr Ala Lys Ser Asn Gly Lys Asp
65                  70                  75                  80

Cys Val Ala Asn Ser Asn Lys Asp Lys Ile Asp Ser His Gly Gly Ser
                85                  90                  95

Ser Asp Phe Lys Leu Ala Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala His Arg Ser
            100                 105                 110

Leu Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Leu Ile Phe Lys Gln Ser His
        115                 120                 125

Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser
    130                 135                 140
```

```
Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Lys Thr
145                 150                 155                 160

Gly Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Phe Met
                165                 170                 175

Cys Cys Leu Ser Leu Pro Val Phe Pro Leu Ala Ala Tyr Leu Val Glu
            180                 185                 190

Lys Ala Ala Tyr Arg Lys Tyr Ile Ser Pro Pro Ile Val Ile Phe Leu
        195                 200                 205

His Val Ile Ile Thr Ser Ala Ala Val Leu Tyr Pro Ala Ser Val Ile
    210                 215                 220

Leu Ser Cys Glu Ser Ala Phe Leu Ser Gly Val Thr Leu Met Glu Leu
225                 230                 235                 240

Ala Cys Met Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Tyr
                245                 250                 255

Asp Met Arg Ala Ile Ala Asp Thr Ile His Lys Glu Asp Ala Ser Asn
            260                 265                 270

Ser Ser Ser Thr Glu Tyr Cys His Asp Val Ser Phe Lys Thr Leu Ala
        275                 280                 285

Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg
    290                 295                 300

Thr Ala Phe Ile Arg Lys Gly Trp Val Phe Arg Gln Phe Val Lys Leu
305                 310                 315                 320

Ile Ile Phe Thr Gly Phe Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn
                325                 330                 335

Pro Ile Val Gln Asn Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Asp Leu Leu Tyr
            340                 345                 350

Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp
        355                 360                 365

Leu Cys Leu Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Val Ala
    370                 375                 380

Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn
385                 390                 395                 400
```

```
Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His
                405                 410                 415

Lys Trp Met Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Arg Lys Ile
            420                 425                 430

Pro Arg Gly Val Ala Ile Val Ile Ala Phe Phe Val Ser Ala Val Phe
        435                 440                 445

His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Met Phe Lys Leu Trp Ala
    450                 455                 460

Phe Phe Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Val Ile Thr Asn Tyr
465                 470                 475                 480

Phe Gln Arg Lys Phe Arg Ser Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp
                485                 490                 495

Phe Phe Phe Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr
            500                 505                 510

His Asp Leu Met Asn Arg Asp Gly Asn
        515                 520
```

<210> 57
<211> 446
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 57

```
Met Met Glu Ser Glu Asp Leu Lys Ser Asn Gly Lys Glu Cys Asp Lys
1               5                   10                  15

Val Thr Asn Glu Asn Arg Ser Asp Ile Lys Phe Asn Tyr Arg Pro Ser
            20                  25                  30

Met Pro Ala His Arg Gly Val Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala
        35                  40                  45

Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val
    50                  55                  60

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

Gly Trp Leu Ile Asn Gly Gly Phe Trp Phe Ser Ser Lys Ser Leu Arg
                85                  90                  95
```

```
Asp Trp Pro Leu Phe Met Cys Cys Leu Ser Leu Pro Ala Phe Pro Phe
            100                 105                 110

Ala Ala Tyr Leu Val Glu Lys Leu Ala Tyr Gln Asn Tyr Leu Pro Gln
        115                 120                 125

Leu Val Val Val Phe Leu His Thr Ile Ile Thr Thr Gly Ser Leu Leu
    130                 135                 140

Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu Arg Cys Asp Ser Ala Phe Leu Ser Gly
145                 150                 155                 160

Val Thr Leu Met Leu Phe Ser Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser
                165                 170                 175

Tyr Ala His Thr Asn Ser Asp Leu Arg Ala Ile Ala Lys Ser Ile Asp
            180                 185                 190

Arg Glu Asp Val Pro Ser Ile Ser Pro Tyr Val Gly Asn Pro Tyr Asp
        195                 200                 205

Thr Tyr Phe Lys Ser Leu Val Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys
    210                 215                 220

Tyr Gln Ser Ser Tyr Pro Arg Thr Glu Ser Val Arg Lys Gly Trp Val
225                 230                 235                 240

Val Gln Gln Phe Val Lys Leu Ile Ile Phe Thr Gly Phe Met Gly Phe
                245                 250                 255

Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Lys Asn Ser Gln His Pro
            260                 265                 270

Phe Lys Gly Asn Leu Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser
        275                 280                 285

Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His
    290                 295                 300

Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu
305                 310                 315                 320

Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Arg Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg
                325                 330                 335

Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met Val Arg His Ile Tyr Phe
```

```
                340                 345                 350

Pro Cys Leu Arg Asn Lys Ile Pro Lys Gly Leu Ala Ile Leu Ile Ala
        355                 360                 365

Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys
    370                 375                 380

His Val Phe Lys Leu Trp Ala Phe Ile Gly Ile Met Leu Gln Val Pro
385                 390                 395                 400

Leu Val Val Ile Thr Lys Phe Leu Gln Asn Lys Phe Arg Ser Ser Met
                405                 410                 415

Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Leu Phe Phe Ser Ile Leu Gly Gln Pro
            420                 425                 430

Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Met Asn Arg Lys
        435                 440                 445
```

<210> 58
<211> 493
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 58

```
Met Ala Glu Ser Glu Ser Pro Glu Asn Arg Ile Ala Ala Met Glu Ser
1               5                  10                  15

Thr Ser Ser Ser Thr Ser Asp Leu Asn Phe Ser Ile Arg Arg Arg Ser
            20                  25                  30

Thr Val Met Asp Ser Ala Ser Thr Glu Met Met Gly Ser Glu Gly Leu
        35                  40                  45

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

Asp Met Lys Phe Asn Tyr Arg Pro Ser Met Pro Ala His Ser Gly Val
65                  70                  75                  80

Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala
                85                  90                  95

Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg
            100                 105                 110

Leu Ile Ile Glu Asn Leu Ile Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Asn Ser Gly
```

```
        115                 120                 125

Phe Trp Phe Ser Ser Lys Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Phe Met Cys
    130                 135                 140

Cys Leu Ser Leu Pro Ala Phe Pro Leu Ala Ala Tyr Leu Val Glu Lys
145                 150                 155                 160

Leu Ala Tyr Arg Asn Cys Ile Ser Glu Leu Val Val Val Phe Leu His
                165                 170                 175

Ile Ile Ile Thr Thr Ala Ser Leu Leu Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu
            180                 185                 190

Arg Cys Asp Ser Ala Leu Leu Ser Gly Gly Thr Leu Met Leu Phe Ala
        195                 200                 205

Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Ser Ser Asp
    210                 215                 220

Met Arg Ala Ile Ala Lys Ser Ile Asp Lys Glu Asn Thr Pro Ser Ile
225                 230                 235                 240

Ser Ser Lys Ala Asp Asn Ser Tyr Asp Ala Asn Phe Lys Ser Leu Val
                245                 250                 255

Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Ser Ser Tyr Pro Arg
            260                 265                 270

Ser Ala Ser Val Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Phe Val Lys Leu
        275                 280                 285

Ile Ile Phe Thr Gly Phe Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn
    290                 295                 300

Pro Ile Val Gln Asn Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Asn Leu Leu Tyr
305                 310                 315                 320

Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp
                325                 330                 335

Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala
            340                 345                 350

Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn
        355                 360                 365
```

```
Ala Arg Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His
    370                 375                 380

Lys Trp Met Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn Lys Ile
385                 390                 395                 400

Pro Lys Trp Ala Ala Leu Leu Ile Ala Phe Phe Val Ser Ala Val Phe
                405                 410                 415

His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Met Phe Lys Leu Trp Ala
            420                 425                 430

Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Val Ile Thr Lys Phe
        435                 440                 445

Leu Gln Asn Lys Phe Lys Ser Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp
    450                 455                 460

Leu Phe Phe Ser Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr
465                 470                 475                 480

His Asp Leu Met Asn Arg Lys Gly Lys Thr Glu Arg Arg
                485                 490
```

<210> 59
<211> 554
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> A. thaliana

<400> 59

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Ala Gly Val Thr Thr Val Thr Glu Asn Gly
1               5                  10                  15

Gly Gly Glu Phe Val Asp Leu Asp Arg Leu Arg Arg Arg Lys Ser Arg
            20                  25                  30

Ser Asp Ser Ser Asn Gly Leu Leu Leu Ser Gly Ser Asp Asn Asn Ser
        35                  40                  45

Pro Ser Asp Asp Val Gly Ala Pro Ala Asp Val Arg Asp Arg Ile Asp
    50                  55                  60

Ser Val Val Asn Asp Asp Ala Gln Gly Thr Ala Asn Leu Ala Gly Asp
65                  70                  75                  80

Asn Asn Gly Gly Gly Asp Asn Asn Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Glu
```

```
                85                  90                  95

Gly Arg Gly Asn Ala Asp Ala Thr Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro
            100                 105                 110

Ala His Arg Arg Ala Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
        115                 120                 125

Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Val Val Val Leu Ile
    130                 135                 140

Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp
145                 150                 155                 160

Leu Ile Arg Thr Asp Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Arg Asp Trp
                165                 170                 175

Pro Leu Phe Met Cys Cys Ile Ser Leu Ser Ile Phe Pro Leu Ala Ala
            180                 185                 190

Phe Thr Val Glu Lys Leu Val Leu Gln Lys Tyr Ile Ser Glu Pro Val
        195                 200                 205

Val Ile Phe Leu His Ile Ile Ile Thr Met Thr Glu Val Leu Tyr Pro
    210                 215                 220

Val Tyr Val Thr Leu Arg Cys Asp Ser Ala Phe Leu Ser Gly Val Thr
225                 230                 235                 240

Leu Met Leu Leu Thr Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala
                245                 250                 255

His Thr Ser Tyr Asp Ile Arg Ser Leu Ala Asn Ala Ala Asp Lys Ala
            260                 265                 270

Asn Pro Glu Val Ser Tyr Tyr Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe
        275                 280                 285

Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Ala
    290                 295                 300

Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Ala Arg Gln Phe Ala Lys Leu Val Ile
305                 310                 315                 320

Phe Thr Gly Phe Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile
                325                 330                 335
```

```
Val Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Leu Leu Tyr Ala Ile
            340                 345                 350

Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys
        355                 360                 365

Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu
    370                 375                 380

Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys
385                 390                 395                 400

Ser Val Gly Asp Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp
                405                 410                 415

Met Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Ser Lys Ile Pro Lys
            420                 425                 430

Thr Leu Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu
        435                 440                 445

Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys Arg Leu Phe Lys Leu Trp Ala Phe Leu
    450                 455                 460

Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Phe Ile Thr Asn Tyr Leu Gln
465                 470                 475                 480

Glu Arg Phe Gly Ser Thr Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe
                485                 490                 495

Cys Ile Phe Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu
            500                 505                 510

Met Asn Arg Lys Gly Ser Met Ser Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His
        515                 520                 525

Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser
    530                 535                 540

Thr Arg Thr Gly His His His His His His
545                 550
```

<210> 60
<211> 564
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> A. thaliana

<400> 60

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Ala Gly Val Thr Thr Val Thr Glu Asn Gly
1               5                  10                  15

Gly Gly Glu Phe Val Asp Leu Asp Arg Leu Arg Arg Arg Lys Ser Arg
            20                  25                  30

Ser Asp Ser Ser Asn Gly Leu Leu Leu Ser Gly Ser Asp Asn Asn Ser
        35                  40                  45

Pro Ser Asp Asp Val Gly Ala Pro Ala Asp Val Arg Asp Arg Ile Asp
    50                  55                  60

Ser Val Val Asn Asp Asp Ala Gln Gly Thr Ala Asn Leu Ala Gly Asp
65                  70                  75                  80

Asn Asn Gly Gly Gly Asp Asn Asn Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Glu
                85                  90                  95

Gly Arg Gly Asn Ala Asp Ala Thr Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro
            100                 105                 110

Ala His Arg Arg Ala Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
        115                 120                 125

Arg Gln Ser His Ala Gly Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val
    130                 135                 140

Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ile Arg Ala Gly Phe Trp Phe Ser Gly Thr Ser Leu Ala Asp Trp
                165                 170                 175

Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Thr Phe Pro Leu Ala Ala
            180                 185                 190

Leu Met Val Glu Lys Leu Ala Gln Arg Lys Leu Ile Ser Lys His Val
        195                 200                 205

Val Ile Leu Leu His Ile Val Ile Thr Thr Ser Val Leu Val Tyr Pro
    210                 215                 220

Val Val Val Ile Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val
225                 230                 235                 240
```

```
Leu Met Phe Leu Ala Ser Ile Ile Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala
                245                 250                 255

His Thr Asn Tyr Asp Ile Arg Met Leu Ser Lys Ser Ile Glu Lys Gly
            260                 265                 270

Val Thr His Asp Ile Ser Ile Asp Pro Glu Asn Ile Lys Trp Pro Thr
        275                 280                 285

Phe Lys Arg Leu Ser Tyr Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
    290                 295                 300

Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Thr Tyr Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg
305                 310                 315                 320

Gln Leu Ile Lys Cys Leu Val Phe Thr Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile
                325                 330                 335

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys
            340                 345                 350

Gly Asn Phe Leu Asn Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro
        355                 360                 365

Thr Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp
    370                 375                 380

Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
385                 390                 395                 400

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp
                405                 410                 415

Asn Met Pro Val His Lys Trp Val Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys
            420                 425                 430

Ile Arg Asn Gly Phe Ser Lys Gly Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu
        435                 440                 445

Val Ser Ala Ala Phe His Glu Leu Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile
    450                 455                 460

Phe Lys Phe Trp Ala Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val
465                 470                 475                 480

Phe Leu Thr Lys Tyr Leu Gln Asp Lys Phe Asn Asn Thr Met Val Gly
                485                 490                 495
```

```
Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe Ser Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys
            500                 505                 510

Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Gln Gln Ala Gln Thr
        515                 520                 525

Asn Arg Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro
    530                 535                 540

Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His
545                 550                 555                 560

His His His His
```

<210> 61
<211> 562
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> A. thaliana

<400> 61

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Ala Gly Val Thr Thr Val Thr Glu Asn Gly
1               5                   10                  15

Gly Gly Glu Phe Val Asp Leu Asp Arg Leu Arg Arg Arg Lys Ser Arg
            20                  25                  30

Ser Asp Ser Ser Asn Gly Leu Leu Leu Ser Gly Ser Asp Asn Asn Ser
        35                  40                  45

Pro Ser Asp Asp Val Gly Ala Pro Ala Asp Val Arg Asp Arg Ile Asp
    50                  55                  60

Ser Val Val Asn Asp Asp Ala Gln Gly Thr Ala Asn Leu Ala Gly Asp
65                  70                  75                  80

Asn Asn Gly Gly Gly Asp Asn Asn Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Glu
                85                  90                  95

Gly Arg Gly Asn Ala Asp Ala Thr Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro
            100                 105                 110

Ala His Arg Arg Ala Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
        115                 120                 125
```

```
Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val
    130                 135                 140

Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ile Arg Ala Gly Phe Trp Phe Asn Asp Lys Ser Leu Arg Asp Trp
                165                 170                 175

Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Ser Leu Pro Ala Phe Pro Leu Gly Ala
            180                 185                 190

Phe Ala Val Glu Lys Leu Ala Phe Asn Asn Val Ile Thr Asp Ala Val
        195                 200                 205

Ala Thr Cys Leu His Ile Phe Leu Ser Thr Thr Glu Ile Val Tyr Pro
    210                 215                 220

Val Leu Val Ile Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Leu
225                 230                 235                 240

Leu Ile Phe Ile Ala Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala
                245                 250                 255

His Thr Asn His Asp Ile Arg Gln Leu Thr Met Gly Gly Lys Lys Val
            260                 265                 270

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

Leu Gly Asn Leu Ile Tyr Phe Met Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
    290                 295                 300

Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Ser Cys Val Arg Lys Gly Trp Leu Ile Arg
305                 310                 315                 320

Gln Ile Ile Leu Tyr Leu Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile
                325                 330                 335

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Val Asn Ser Gln His Pro Leu Lys
            340                 345                 350

Gly Gly Leu Leu Asn Ala Val Glu Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro
        355                 360                 365

Asn Val Tyr Leu Trp Leu Cys Met Phe Tyr Ala Phe Phe His Leu Trp
    370                 375                 380
```

```
Leu Ser Ile Leu Ala Glu Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
385                 390                 395                 400

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp
                405                 410                 415

Asn Met Pro Val His Lys Trp Val Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys
            420                 425                 430

Met Arg Asn Gly Ile Ser Lys Glu Val Ala Val Leu Ile Ser Phe Leu
        435                 440                 445

Val Ser Ala Val Leu His Glu Ile Cys Val Ala Val Pro Cys Arg Ile
    450                 455                 460

Leu Lys Phe Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile
465                 470                 475                 480

Val Leu Thr Ala Tyr Leu Lys Ser Lys Phe Arg Asp Thr Met Val Gly
                485                 490                 495

Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys
            500                 505                 510

Leu Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Ile Glu Lys Ala Arg
        515                 520                 525

Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro
    530                 535                 540

Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His
545                 550                 555                 560

His His
```

<210> 62
<211> 563
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> A. thaliana

<400> 62

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Ala Gly Val Thr Thr Val Thr Glu Asn Gly
1               5                   10                  15
```

```
Gly Gly Glu Phe Val Asp Leu Asp Arg Leu Arg Arg Arg Lys Ser Arg
            20                  25                  30

Ser Asp Ser Ser Asn Gly Leu Leu Leu Ser Gly Ser Asp Asn Asn Ser
        35                  40                  45

Pro Ser Asp Asp Val Gly Ala Pro Ala Asp Val Arg Asp Arg Ile Asp
    50                  55                  60

Ser Val Val Asn Asp Asp Ala Gln Gly Thr Ala Asn Leu Ala Gly Asp
65                  70                  75                  80

Asn Asn Gly Gly Gly Asp Asn Asn Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Glu
                85                  90                  95

Gly Arg Gly Asn Ala Asp Ala Thr Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro
            100                 105                 110

Ala His Arg Arg Ala Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
        115                 120                 125

Arg Gln Ser His Ala Gly Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile
    130                 135                 140

Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160

Leu Ile Arg Ala Gly Phe Trp Phe Ser Ala Arg Ser Leu Gly Asp Trp
                165                 170                 175

Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Val Phe Pro Leu Val Ala
            180                 185                 190

Leu Met Ala Glu Lys Leu Ile Thr Arg Lys Leu Ile Gly Glu His Val
        195                 200                 205

Val Ile Leu Leu His Ile Ile Ile Thr Thr Ser Ala Ile Val Tyr Pro
    210                 215                 220

Val Val Val Thr Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val
225                 230                 235                 240

Leu Met Phe Leu Ala Ser Ile Met Trp Met Lys Leu Val Ser Tyr Ala
                245                 250                 255

His Thr Asn Tyr Asp Ile Arg Val Leu Ser Lys Ser Thr Glu Lys Gly
            260                 265                 270
```

```
Ala Ala Tyr Gly Asn Tyr Val Asp Pro Glu Asn Met Lys Asp Pro Thr
        275                 280                 285

Phe Lys Ser Leu Val Tyr Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
    290                 295                 300

Pro Thr Tyr Pro Gln Thr Thr Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Thr Gln
305                 310                 315                 320

Gln Leu Ile Lys Cys Val Val Phe Thr Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile
                325                 330                 335

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys
            340                 345                 350

Gly Asn Phe Leu Asn Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro
        355                 360                 365

Thr Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp
    370                 375                 380

Leu Asn Ile Val Ala Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
385                 390                 395                 400

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp
                405                 410                 415

Asn Met Pro Val His Lys Trp Ile Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys
            420                 425                 430

Ile Arg Lys Gly Phe Ser Arg Gly Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu
        435                 440                 445

Val Ser Ala Val Phe His Glu Ile Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile
    450                 455                 460

Phe Lys Phe Trp Ala Phe Ser Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val
465                 470                 475                 480

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

Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe Ser Ile Val Gly Gln Pro Met Cys
            500                 505                 510

Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Gln Ala Gln Ala Ser
        515                 520                 525
```

```
Arg Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile
    530                 535                 540

Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His
545                 550                 555                 560

His His His
```

<210> 63
<211> 562
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> A. thaliana

<400> 63

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Ala Gly Val Thr Thr Val Thr Glu Asn Gly
1               5                   10                  15

Gly Gly Glu Phe Val Asp Leu Asp Arg Leu Arg Arg Arg Lys Ser Arg
            20                  25                  30

Ser Asp Ser Ser Asn Gly Leu Leu Leu Ser Gly Ser Asp Asn Asn Ser
        35                  40                  45

Pro Ser Asp Asp Val Gly Ala Pro Ala Asp Val Arg Asp Arg Ile Asp
    50                  55                  60

Ser Val Val Asn Asp Asp Ala Gln Gly Thr Ala Asn Leu Ala Gly Asp
65                  70                  75                  80

Asn Asn Gly Gly Gly Asp Asn Asn Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Glu
                85                  90                  95

Gly Arg Gly Asn Ala Asp Ala Thr Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro
            100                 105                 110

Ala His Arg Arg Ala Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
        115                 120                 125

Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val
    130                 135                 140

Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu
145                 150                 155                 160
```

```
Leu Ile Arg Ser Gly Phe Trp Phe Asn Ala Thr Ser Leu Arg Asp Trp
                165                 170                 175

Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Ser Leu Pro Ile Phe Pro Leu Gly Ala
            180                 185                 190

Phe Ala Val Glu Lys Leu Ala Phe Asn Asn Leu Ile Ser Asp Pro Ala
        195                 200                 205

Thr Thr Cys Phe His Ile Leu Phe Thr Thr Phe Glu Ile Val Tyr Pro
    210                 215                 220

Val Leu Val Ile Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val
225                 230                 235                 240

Leu Met Phe Ile Ala Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala
                245                 250                 255

His Thr Asn His Asp Ile Arg Lys Leu Ile Thr Ser Gly Lys Lys Val
            260                 265                 270

Asp Asn Glu Leu Thr Ala Ala Gly Ile Asp Asn Leu Gln Ala Pro Thr
        275                 280                 285

Leu Gly Ser Leu Thr Tyr Phe Met Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
    290                 295                 300

Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Pro Tyr Val Arg Lys Gly Trp Leu Val Arg
305                 310                 315                 320

Gln Val Ile Leu Tyr Leu Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile
                325                 330                 335

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Val Asn Ser Gln His Pro Leu Met
            340                 345                 350

Gly Gly Leu Leu Asn Ala Val Glu Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro
        355                 360                 365

Asn Val Tyr Leu Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Leu Phe His Leu Trp
    370                 375                 380

Leu Asn Ile Leu Ala Glu Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
385                 390                 395                 400

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp
                405                 410                 415
```

```
Asn Met Pro Val His Lys Trp Ile Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys
            420                 425                 430

Met Arg Asn Gly Ile Ser Lys Glu Val Ala Val Phe Ile Ser Phe Phe
        435                 440                 445

Val Ser Ala Val Leu His Glu Leu Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile
    450                 455                 460

Leu Lys Phe Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile
465                 470                 475                 480

Ile Leu Thr Ser Tyr Leu Lys Asn Lys Phe Ser Asp Thr Met Val Gly
                485                 490                 495

Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys
            500                 505                 510

Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Thr Glu Lys Ala Lys
        515                 520                 525

Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro
    530                 535                 540

Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His
545                 550                 555                 560

His His
```

<210> 64
<211> 560
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> A. thaliana

<400> 64

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Ala Gly Val Thr Thr Val Thr Glu Asn Gly
1               5                   10                  15

Gly Gly Glu Phe Val Asp Leu Asp Arg Leu Arg Arg Arg Lys Ser Arg
            20                  25                  30

Ser Asp Ser Ser Asn Gly Leu Leu Leu Ser Gly Ser Asp Asn Asn Ser
        35                  40                  45
```

```
Pro Ser Asp Asp Val Gly Ala Pro Ala Asp Val Arg Asp Arg Ile Asp
    50                  55                  60

Ser Val Val Asn Asp Asp Ala Gln Gly Thr Ala Asn Leu Ala Gly Asp
65                  70                  75                  80

Asn Asn Gly Gly Gly Asp Asn Asn Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Glu
                85                  90                  95

Gly Arg Gly Asn Ala Asp Ala Thr Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro
            100                 105                 110

Ala His Arg Arg Ala Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
        115                 120                 125

Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile
    130                 135                 140

Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp
145                 150                 155                 160

Leu Ile Asp Thr Gly Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Gly Asp Trp
                165                 170                 175

Ser Ile Phe Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Ile Phe Pro Leu Ala Ala
            180                 185                 190

Phe Ile Val Glu Lys Leu Val Gln Arg Asn His Ile Ser Glu Leu Val
        195                 200                 205

Ala Val Leu Leu His Val Ile Val Ser Thr Ala Ala Val Leu Tyr Pro
    210                 215                 220

Val Ile Val Ile Leu Thr Cys Asp Ser Val Tyr Met Ser Gly Val Val
225                 230                 235                 240

Leu Met Leu Phe Gly Cys Ile Met Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala
                245                 250                 255

His Thr Ser Ser Asp Ile Arg Thr Leu Ala Lys Ser Gly Tyr Lys Gly
            260                 265                 270

Asp Ala His Pro Asn Ser Thr Ile Val Ser Cys Ser Tyr Asp Val Ser
        275                 280                 285

Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
    290                 295                 300
```

```
Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Ser Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg
305                 310                 315                 320

Gln Phe Val Lys Leu Ile Val Phe Ile Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile
                325                 330                 335

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys
            340                 345                 350

Gly Asp Phe Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro
        355                 360                 365

Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Ser Phe Phe His Leu Trp
    370                 375                 380

Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
385                 390                 395                 400

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Val Ala Glu Tyr Trp Lys Met Trp
                405                 410                 415

Asn Met Pro Val His Arg Trp Met Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys
            420                 425                 430

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

Val Ser Gly Ala Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Val
    450                 455                 460

Phe Lys Leu Trp Ala Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val
465                 470                 475                 480

Leu Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Glu Lys Phe Ser Asn Ser Met Val Gly
                485                 490                 495

Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys
            500                 505                 510

Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Ile Asn Leu Lys Glu Lys Ala Lys
        515                 520                 525

Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro
    530                 535                 540

Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
```

545 550 555 560

<210> 65
<211> 511
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> O. sativa-S

<400> 65

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

Asp Asp Ala Leu Arg Leu Arg Ala Arg Ala Ala Ala Ala Ala Gly Asp
20 25 30

Ala Pro Ala Pro Gln Gln Gln Gln Glu Gln Arg His Gln Glu Gln Gln
35 40 45

Gln Gln Leu Leu Trp Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg Arg Val
50 55 60

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

Gly Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg
85 90 95

Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly
100 105 110

Phe Trp Phe Ser Gly Thr Ser Leu Ala Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys
115 120 125

Cys Leu Thr Leu Pro Thr Phe Pro Leu Ala Ala Leu Met Val Glu Lys
130 135 140

Leu Ala Gln Arg Lys Leu Ile Ser Lys His Val Val Ile Leu Leu His
145 150 155 160

Ile Val Ile Thr Thr Ser Val Leu Val Tyr Pro Val Val Val Ile Leu
165 170 175

Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe Leu Ala
180 185 190

Ser Ile Ile Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn Tyr Asp
195 200 205

```
Ile Arg Met Leu Ser Lys Ser Ile Glu Lys Gly Val Thr His Asp Ile
    210                 215                 220

Ser Ile Asp Pro Glu Asn Ile Lys Trp Pro Thr Phe Lys Arg Leu Ser
225                 230                 235                 240

Tyr Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg
                245                 250                 255

Thr Thr Tyr Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Leu Ile Lys Cys
            260                 265                 270

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

Pro Ile Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe Leu Asn
    290                 295                 300

Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Thr Leu Tyr Val Trp
305                 310                 315                 320

Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala
                325                 330                 335

Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn
            340                 345                 350

Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His
        355                 360                 365

Lys Trp Val Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Asn Gly Phe
    370                 375                 380

Ser Lys Gly Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala Ala Phe
385                 390                 395                 400

His Glu Leu Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe Trp Ala
                405                 410                 415

Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr Lys Tyr
            420                 425                 430

Leu Gln Asp Lys Phe Asn Asn Thr Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp
        435                 440                 445

Phe Phe Phe Ser Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr
```

```
     450                 455                 460

His Asp Val Met Asn Arg Gln Gln Ala Gln Thr Asn Arg Ala Lys Gly
465                 470                 475                 480

Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu
                485                 490                 495

Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
            500                 505                 510
```

<210> 66
<211> 501
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> O. sativa-S

<400> 66

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Leu Ala Pro Asp Arg Gly Gly Gly Glu Pro
1               5                  10                  15

Asp Asp Ala Leu Arg Leu Arg Ala Arg Ala Ala Ala Ala Ala Gly Asp
            20                  25                  30

Ala Pro Ala Pro Gln Gln Gln Gln Glu Gln Arg His Gln Glu Gln Gln
        35                  40                  45

Gln Gln Leu Leu Trp Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg Arg Val
    50                  55                  60

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

Gly Leu Phe Asn Leu Cys Val Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg
                85                  90                  95

Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Arg Thr Asp
            100                 105                 110

Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Phe Met Cys
        115                 120                 125

Cys Ile Ser Leu Ser Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe Thr Val Glu Lys
    130                 135                 140

Leu Val Leu Gln Lys Tyr Ile Ser Glu Pro Val Val Ile Phe Leu His
145                 150                 155                 160
```

```
Ile Ile Ile Thr Met Thr Glu Val Leu Tyr Pro Val Tyr Val Thr Leu
                165                 170                 175

Arg Cys Asp Ser Ala Phe Leu Ser Gly Val Thr Leu Met Leu Leu Thr
            180                 185                 190

Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Ser Tyr Asp
        195                 200                 205

Ile Arg Ser Leu Ala Asn Ala Ala Asp Lys Ala Asn Pro Glu Val Ser
    210                 215                 220

Tyr Tyr Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr
225                 230                 235                 240

Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Ala Cys Ile Arg Lys Gly
                245                 250                 255

Trp Val Ala Arg Gln Phe Ala Lys Leu Val Ile Phe Thr Gly Phe Met
            260                 265                 270

Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Arg Asn Ser Lys
        275                 280                 285

His Pro Leu Lys Gly Asp Leu Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys
    290                 295                 300

Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe
305                 310                 315                 320

Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp
                325                 330                 335

Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Ser Val Gly Asp Tyr
            340                 345                 350

Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met Val Arg His Ile
        355                 360                 365

Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Ser Lys Ile Pro Lys Thr Leu Ala Ile Ile
    370                 375                 380

Ile Ala Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val
385                 390                 395                 400

Pro Cys Arg Leu Phe Lys Leu Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Phe Gln
```

```
                405                 410                 415

Val Pro Leu Val Phe Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Glu Arg Phe Gly Ser
            420                 425                 430

Thr Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe Cys Ile Phe Gly Gln
        435                 440                 445

Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Met Asn Arg Lys Gly
    450                 455                 460

Ser Met Ser Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys
465                 470                 475                 480

Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His
                485                 490                 495

His His His His His
            500
```

<210> 67
<211> 509
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> O. sativa-S

<400> 67

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Leu Ala Pro Asp Arg Gly Gly Gly Glu Pro
1               5                  10                  15

Asp Asp Ala Leu Arg Leu Arg Ala Arg Ala Ala Ala Ala Ala Gly Asp
            20                  25                  30

Ala Pro Ala Pro Gln Gln Gln Gln Glu Gln Arg His Gln Glu Gln Gln
        35                  40                  45

Gln Gln Leu Leu Trp Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg Arg Val
    50                  55                  60

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

Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg
                85                  90                  95

Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly
            100                 105                 110
```

```
Phe Trp Phe Asn Asp Lys Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys
        115                 120                 125

Cys Leu Ser Leu Pro Ala Phe Pro Leu Gly Ala Phe Ala Val Glu Lys
    130                 135                 140

Leu Ala Phe Asn Asn Val Ile Thr Asp Ala Val Ala Thr Cys Leu His
145                 150                 155                 160

Ile Phe Leu Ser Thr Thr Glu Ile Val Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu
                165                 170                 175

Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Leu Leu Ile Phe Ile Ala
            180                 185                 190

Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn His Asp
        195                 200                 205

Ile Arg Gln Leu Thr Met Gly Gly Lys Lys Val Asp Asn Glu Leu Ser
    210                 215                 220

Thr Val Asp Met Asp Asn Leu Gln Pro Pro Thr Leu Gly Asn Leu Ile
225                 230                 235                 240

Tyr Phe Met Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg
                245                 250                 255

Thr Ser Cys Val Arg Lys Gly Trp Leu Ile Arg Gln Ile Ile Leu Tyr
            260                 265                 270

Leu Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn
        275                 280                 285

Pro Ile Val Val Asn Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Gly Leu Leu Asn
    290                 295                 300

Ala Val Glu Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro Asn Val Tyr Leu Trp
305                 310                 315                 320

Leu Cys Met Phe Tyr Ala Phe Phe His Leu Trp Leu Ser Ile Leu Ala
                325                 330                 335

Glu Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn
            340                 345                 350

Ala Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp Asn Met Pro Val His
```

```
          355                 360                 365

Lys Trp Val Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Met Arg Asn Gly Ile
    370                 375                 380

Ser Lys Glu Val Ala Val Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala Val Leu
385                 390                 395                 400

His Glu Ile Cys Val Ala Val Pro Cys Arg Ile Leu Lys Phe Trp Ala
                405                 410                 415

Phe Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile Val Leu Thr Ala Tyr
            420                 425                 430

Leu Lys Ser Lys Phe Arg Asp Thr Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp
        435                 440                 445

Phe Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys Leu Leu Leu Tyr Tyr
    450                 455                 460

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

Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly
                485                 490                 495

Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
            500                 505
```

<210> 68
<211> 510
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> O. sativa-S

<400> 68

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Leu Ala Pro Asp Arg Gly Gly Gly Glu Pro
1               5                  10                  15

Asp Asp Ala Leu Arg Leu Arg Ala Arg Ala Ala Ala Ala Ala Gly Asp
            20                  25                  30

Ala Pro Ala Pro Gln Gln Gln Gln Glu Gln Arg His Gln Glu Gln Gln
        35                  40                  45

Gln Gln Leu Leu Trp Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg Arg Val
    50                  55                  60
```

```
Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser His Ala
65                  70                  75                  80

Gly Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg
                85                  90                  95

Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly
            100                 105                 110

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

Cys Leu Thr Leu Pro Val Phe Pro Leu Val Ala Leu Met Ala Glu Lys
    130                 135                 140

Leu Ile Thr Arg Lys Leu Ile Gly Glu His Val Val Ile Leu Leu His
145                 150                 155                 160

Ile Ile Ile Thr Thr Ser Ala Ile Val Tyr Pro Val Val Val Thr Leu
                165                 170                 175

Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe Leu Ala
            180                 185                 190

Ser Ile Met Trp Met Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Tyr Asp
        195                 200                 205

Ile Arg Val Leu Ser Lys Ser Thr Glu Lys Gly Ala Ala Tyr Gly Asn
    210                 215                 220

Tyr Val Asp Pro Glu Asn Met Lys Asp Pro Thr Phe Lys Ser Leu Val
225                 230                 235                 240

Tyr Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Thr Tyr Pro Gln
                245                 250                 255

Thr Thr Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Thr Gln Gln Leu Ile Lys Cys
            260                 265                 270

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

Pro Ile Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe Leu Asn
    290                 295                 300

Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Thr Leu Tyr Val Trp
```

```
305                 310                 315                 320

Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Val Ala
                325                 330                 335

Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn
            340                 345                 350

Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His
        355                 360                 365

Lys Trp Ile Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Lys Gly Phe
    370                 375                 380

Ser Arg Gly Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala Val Phe
385                 390                 395                 400

His Glu Ile Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe Trp Ala
                405                 410                 415

Phe Ser Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr Arg Tyr
            420                 425                 430

Leu His Ala Thr Phe Lys His Val Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp
        435                 440                 445

Phe Phe Phe Ser Ile Val Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr
    450                 455                 460

His Asp Val Met Asn Arg Gln Ala Gln Ala Ser Arg Ala Lys Gly Glu
465                 470                 475                 480

Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu
                485                 490                 495

Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
            500                 505                 510
```

<210> 69
<211> 509
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> O. sativa-S

<400> 69

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Leu Ala Pro Asp Arg Gly Gly Gly Glu Pro
1               5                   10                  15
```

```
Asp Asp Ala Leu Arg Leu Arg Ala Arg Ala Ala Ala Ala Ala Gly Asp
            20                  25                  30

Ala Pro Ala Pro Gln Gln Gln Gln Glu Gln Arg His Gln Glu Gln Gln
        35                  40                  45

Gln Gln Leu Leu Trp Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg Arg Val
    50                  55                  60

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

Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg
                85                  90                  95

Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ser Gly
            100                 105                 110

Phe Trp Phe Asn Ala Thr Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys
        115                 120                 125

Cys Leu Ser Leu Pro Ile Phe Pro Leu Gly Ala Phe Ala Val Glu Lys
    130                 135                 140

Leu Ala Phe Asn Asn Leu Ile Ser Asp Pro Ala Thr Thr Cys Phe His
145                 150                 155                 160

Ile Leu Phe Thr Thr Phe Glu Ile Val Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu
                165                 170                 175

Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe Ile Ala
            180                 185                 190

Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn His Asp
        195                 200                 205

Ile Arg Lys Leu Ile Thr Ser Gly Lys Lys Val Asp Asn Glu Leu Thr
    210                 215                 220

Ala Ala Gly Ile Asp Asn Leu Gln Ala Pro Thr Leu Gly Ser Leu Thr
225                 230                 235                 240

Tyr Phe Met Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg
                245                 250                 255

Thr Pro Tyr Val Arg Lys Gly Trp Leu Val Arg Gln Val Ile Leu Tyr
```

```
            260                 265                 270

Leu Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn
        275                 280                 285

Pro Ile Val Val Asn Ser Gln His Pro Leu Met Gly Gly Leu Leu Asn
    290                 295                 300

Ala Val Glu Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro Asn Val Tyr Leu Trp
305                 310                 315                 320

Leu Cys Met Phe Tyr Cys Leu Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala
                325                 330                 335

Glu Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn
            340                 345                 350

Ala Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp Asn Met Pro Val His
        355                 360                 365

Lys Trp Ile Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Met Arg Asn Gly Ile
    370                 375                 380

Ser Lys Glu Val Ala Val Phe Ile Ser Phe Phe Val Ser Ala Val Leu
385                 390                 395                 400

His Glu Leu Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile Leu Lys Phe Trp Ala
                405                 410                 415

Phe Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile Ile Leu Thr Ser Tyr
            420                 425                 430

Leu Lys Asn Lys Phe Ser Asp Thr Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp
        435                 440                 445

Phe Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr
    450                 455                 460

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

Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly
                485                 490                 495

Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
            500                 505
```

<210> 70
<211> 507
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> O. sativa-S

<400> 70

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Leu Ala Pro Asp Arg Gly Gly Gly Glu Pro
1               5                  10                  15

Asp Asp Ala Leu Arg Leu Arg Ala Arg Ala Ala Ala Ala Ala Gly Asp
            20                  25                  30

Ala Pro Ala Pro Gln Gln Gln Gln Glu Gln Arg His Gln Glu Gln Gln
        35                  40                  45

Gln Gln Leu Leu Trp Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg Arg Val
    50                  55                  60

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

Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg
                85                  90                  95

Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Asp Thr Gly
            100                 105                 110

Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Gly Asp Trp Ser Ile Phe Met Cys
        115                 120                 125

Cys Leu Thr Leu Pro Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe Ile Val Glu Lys
    130                 135                 140

Leu Val Gln Arg Asn His Ile Ser Glu Leu Val Ala Val Leu Leu His
145                 150                 155                 160

Val Ile Val Ser Thr Ala Ala Val Leu Tyr Pro Val Ile Val Ile Leu
                165                 170                 175

Thr Cys Asp Ser Val Tyr Met Ser Gly Val Val Leu Met Leu Phe Gly
            180                 185                 190

Cys Ile Met Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Ser Ser Asp
        195                 200                 205

Ile Arg Thr Leu Ala Lys Ser Gly Tyr Lys Gly Asp Ala His Pro Asn
```

```
    210                 215                 220

Ser Thr Ile Val Ser Cys Ser Tyr Asp Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala
225                 230                 235                 240

Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg
                245                 250                 255

Ser Ser Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Phe Val Lys Leu
            260                 265                 270

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

Pro Ile Val Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Phe Leu Tyr
    290                 295                 300

Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp
305                 310                 315                 320

Leu Cys Met Phe Tyr Ser Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala
                325                 330                 335

Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn
            340                 345                 350

Ala Lys Thr Val Ala Glu Tyr Trp Lys Met Trp Asn Met Pro Val His
        355                 360                 365

Arg Trp Met Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn Gly Ile
    370                 375                 380

Pro Lys Glu Gly Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Gly Ala Phe
385                 390                 395                 400

His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Val Phe Lys Leu Trp Ala
                405                 410                 415

Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Leu Ile Thr Asn Tyr
            420                 425                 430

Leu Gln Glu Lys Phe Ser Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp
        435                 440                 445

Phe Ile Phe Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr
    450                 455                 460
```

```
His Asp Leu Ile Asn Leu Lys Glu Lys Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly
465                 470                 475                 480

His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp
                485                 490                 495

Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
            500                 505
```

<210> 71
<211> 572
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> O. sativa-L

<400> 71

```
Met Val Gly Ser Asp Gly Asp Gly Asp Gly Gly Gly Gly Glu Ala His
1               5                  10                  15

Ala Pro Ala Ala Pro Ala His His His Arg Arg Pro Pro Arg Pro Arg
            20                  25                  30

Gly Gly Ser Gly Ala Ile Val Glu Gly Phe Ala Ala Ala Leu Arg Arg
        35                  40                  45

Arg Ile Arg Ser Gly Ala Ala Ala Ala Ala Arg Ala Ser Phe Gly Gly
    50                  55                  60

Asp Ser Gly Asp Glu Ala Ala Ser Gly Glu Pro Ser Ser Ser Ser Ser
65                  70                  75                  80

Ser Ser Pro Ser Arg Arg Arg Gly Gly Asp Ser Asn Gly Ala Glu Ala
                85                  90                  95

Ser Ser Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Gly Asp Phe
            100                 105                 110

Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro Val His Arg Lys Ala Lys
        115                 120                 125

Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly
    130                 135                 140

Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu
145                 150                 155                 160

Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly Phe
```

```
                 165                 170                 175

Trp Phe Asn Asp Lys Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys
            180                 185                 190

Leu Ser Leu Pro Ala Phe Pro Leu Gly Ala Phe Ala Val Glu Lys Leu
        195                 200                 205

Ala Phe Asn Asn Val Ile Thr Asp Ala Val Ala Thr Cys Leu His Ile
    210                 215                 220

Phe Leu Ser Thr Thr Glu Ile Val Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu Lys
225                 230                 235                 240

Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Leu Leu Ile Phe Ile Ala Cys
                245                 250                 255

Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn His Asp Ile
            260                 265                 270

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

Val Asp Met Asp Asn Leu Gln Pro Pro Thr Leu Gly Asn Leu Ile Tyr
    290                 295                 300

Phe Met Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Thr
305                 310                 315                 320

Ser Cys Val Arg Lys Gly Trp Leu Ile Arg Gln Ile Ile Leu Tyr Leu
                325                 330                 335

Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro
            340                 345                 350

Ile Val Val Asn Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Gly Leu Leu Asn Ala
        355                 360                 365

Val Glu Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro Asn Val Tyr Leu Trp Leu
    370                 375                 380

Cys Met Phe Tyr Ala Phe Phe His Leu Trp Leu Ser Ile Leu Ala Glu
385                 390                 395                 400

Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala
                405                 410                 415
```

```
Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp Asn Met Pro Val His Lys
            420                 425                 430

Trp Val Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Met Arg Asn Gly Ile Ser
        435                 440                 445

Lys Glu Val Ala Val Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala Val Leu His
    450                 455                 460

Glu Ile Cys Val Ala Val Pro Cys Arg Ile Leu Lys Phe Trp Ala Phe
465                 470                 475                 480

Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile Val Leu Thr Ala Tyr Leu
                485                 490                 495

Lys Ser Lys Phe Arg Asp Thr Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe
            500                 505                 510

Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys Leu Leu Leu Tyr Tyr His
        515                 520                 525

Asp Val Met Asn Arg Ile Glu Lys Ala Arg Ala Lys Gly Glu Leu Arg
    530                 535                 540

Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu
545                 550                 555                 560

Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
                565                 570
```

<210> 72
<211> 564
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> O. sativa-L

<400> 72

```
Met Val Gly Ser Asp Gly Asp Gly Asp Gly Gly Gly Gly Glu Ala His
1               5                   10                  15

Ala Pro Ala Ala Pro Ala His His His Arg Arg Pro Pro Arg Pro Arg
            20                  25                  30

Gly Gly Ser Gly Ala Ile Val Glu Gly Phe Ala Ala Ala Leu Arg Arg
        35                  40                  45

Arg Ile Arg Ser Gly Ala Ala Ala Ala Ala Arg Ala Ser Phe Gly Gly
```

```
    50                  55                  60

Asp Ser Gly Asp Glu Ala Ala Ser Gly Glu Pro Ser Ser Ser Ser Ser
65                  70                  75                  80

Ser Ser Pro Ser Arg Arg Arg Gly Gly Asp Ser Asn Gly Ala Glu Ala
                85                  90                  95

Ser Ser Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Gly Asp Phe
            100                 105                 110

Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro Val His Arg Lys Ala Lys
        115                 120                 125

Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly
    130                 135                 140

Leu Phe Asn Leu Cys Val Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu
145                 150                 155                 160

Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Arg Thr Asp Phe
                165                 170                 175

Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Phe Met Cys Cys
            180                 185                 190

Ile Ser Leu Ser Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe Thr Val Glu Lys Leu
        195                 200                 205

Val Leu Gln Lys Tyr Ile Ser Glu Pro Val Val Ile Phe Leu His Ile
    210                 215                 220

Ile Ile Thr Met Thr Glu Val Leu Tyr Pro Val Tyr Val Thr Leu Arg
225                 230                 235                 240

Cys Asp Ser Ala Phe Leu Ser Gly Val Thr Leu Met Leu Leu Thr Cys
                245                 250                 255

Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Ser Tyr Asp Ile
            260                 265                 270

Arg Ser Leu Ala Asn Ala Ala Asp Lys Ala Asn Pro Glu Val Ser Tyr
        275                 280                 285

Tyr Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu
    290                 295                 300
```

```
Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Ala Cys Ile Arg Lys Gly Trp
305                 310                 315                 320

Val Ala Arg Gln Phe Ala Lys Leu Val Ile Phe Thr Gly Phe Met Gly
                325                 330                 335

Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Arg Asn Ser Lys His
            340                 345                 350

Pro Leu Lys Gly Asp Leu Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu
        355                 360                 365

Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe
    370                 375                 380

His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg
385                 390                 395                 400

Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Ser Val Gly Asp Tyr Trp
                405                 410                 415

Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met Val Arg His Ile Tyr
            420                 425                 430

Phe Pro Cys Leu Arg Ser Lys Ile Pro Lys Thr Leu Ala Ile Ile Ile
        435                 440                 445

Ala Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro
    450                 455                 460

Cys Arg Leu Phe Lys Leu Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Phe Gln Val
465                 470                 475                 480

Pro Leu Val Phe Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Glu Arg Phe Gly Ser Thr
                485                 490                 495

Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe Cys Ile Phe Gly Gln Pro
            500                 505                 510

Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Met Asn Arg Lys Gly Ser
        515                 520                 525

Met Ser Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro
    530                 535                 540

Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His
545                 550                 555                 560
```

His His His His

<210> 73
<211> 574
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> O. sativa-L

<400> 73

```
Met Val Gly Ser Asp Gly Asp Gly Asp Gly Gly Gly Gly Glu Ala His
1               5                  10                  15

Ala Pro Ala Ala Pro Ala His His His Arg Arg Pro Pro Arg Pro Arg
            20                  25                  30

Gly Gly Ser Gly Ala Ile Val Glu Gly Phe Ala Ala Ala Leu Arg Arg
        35                  40                  45

Arg Ile Arg Ser Gly Ala Ala Ala Ala Ala Arg Ala Ser Phe Gly Gly
    50                  55                  60

Asp Ser Gly Asp Glu Ala Ala Ser Gly Glu Pro Ser Ser Ser Ser Ser
65                  70                  75                  80

Ser Ser Pro Ser Arg Arg Arg Gly Gly Asp Ser Asn Gly Ala Glu Ala
                85                  90                  95

Ser Ser Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Gly Asp Phe
            100                 105                 110

Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro Val His Arg Lys Ala Lys
        115                 120                 125

Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly
    130                 135                 140

Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu
145                 150                 155                 160

Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly Phe
                165                 170                 175

Trp Phe Ser Gly Thr Ser Leu Ala Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys
            180                 185                 190
```

```
Leu Thr Leu Pro Thr Phe Pro Leu Ala Ala Leu Met Val Glu Lys Leu
        195                 200                 205

Ala Gln Arg Lys Leu Ile Ser Lys His Val Val Ile Leu Leu His Ile
    210                 215                 220

Val Ile Thr Thr Ser Val Leu Val Tyr Pro Val Val Val Ile Leu Lys
225                 230                 235                 240

Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe Leu Ala Ser
                245                 250                 255

Ile Ile Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn Tyr Asp Ile
            260                 265                 270

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

Ile Asp Pro Glu Asn Ile Lys Trp Pro Thr Phe Lys Arg Leu Ser Tyr
    290                 295                 300

Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Thr
305                 310                 315                 320

Thr Tyr Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Leu Ile Lys Cys Leu
                325                 330                 335

Val Phe Thr Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro
            340                 345                 350

Ile Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe Leu Asn Ala
        355                 360                 365

Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Thr Leu Tyr Val Trp Leu
    370                 375                 380

Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu
385                 390                 395                 400

Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala
                405                 410                 415

Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys
            420                 425                 430

Trp Val Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Asn Gly Phe Ser
        435                 440                 445
```

```
Lys Gly Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala Ala Phe His
 450                 455                 460

Glu Leu Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe Trp Ala Phe
465                 470                 475                 480

Ile Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr Lys Tyr Leu
                485                 490                 495

Gln Asp Lys Phe Asn Asn Thr Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe
            500                 505                 510

Phe Phe Ser Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His
        515                 520                 525

Asp Val Met Asn Arg Gln Gln Ala Gln Thr Asn Arg Ala Lys Gly Glu
 530                 535                 540

Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu
545                 550                 555                 560

Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
                565                 570
```

<210> 74
<211> 573
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> O. sativa-L

<400> 74

```
Met Val Gly Ser Asp Gly Asp Gly Asp Gly Gly Gly Gly Glu Ala His
1               5                   10                  15

Ala Pro Ala Ala Pro Ala His His His Arg Arg Pro Pro Arg Pro Arg
            20                  25                  30

Gly Gly Ser Gly Ala Ile Val Glu Gly Phe Ala Ala Ala Leu Arg Arg
        35                  40                  45

Arg Ile Arg Ser Gly Ala Ala Ala Ala Ala Arg Ala Ser Phe Gly Gly
 50                  55                  60

Asp Ser Gly Asp Glu Ala Ala Ser Gly Glu Pro Ser Ser Ser Ser Ser
65                  70                  75                  80
```

```
Ser Ser Pro Ser Arg Arg Arg Gly Gly Asp Ser Asn Gly Ala Glu Ala
                85                  90                  95

Ser Ser Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Gly Asp Phe
            100                 105                 110

Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro Val His Arg Lys Ala Lys
        115                 120                 125

Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly
    130                 135                 140

Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu
145                 150                 155                 160

Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly Phe
                165                 170                 175

Trp Phe Ser Ala Arg Ser Leu Gly Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys
            180                 185                 190

Leu Thr Leu Pro Val Phe Pro Leu Val Ala Leu Met Ala Glu Lys Leu
        195                 200                 205

Ile Thr Arg Lys Leu Ile Gly Glu His Val Val Ile Leu Leu His Ile
    210                 215                 220

Ile Ile Thr Thr Ser Ala Ile Val Tyr Pro Val Val Val Thr Leu Lys
225                 230                 235                 240

Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe Leu Ala Ser
                245                 250                 255

Ile Met Trp Met Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Tyr Asp Ile
            260                 265                 270

Arg Val Leu Ser Lys Ser Thr Glu Lys Gly Ala Ala Tyr Gly Asn Tyr
        275                 280                 285

Val Asp Pro Glu Asn Met Lys Asp Pro Thr Phe Lys Ser Leu Val Tyr
    290                 295                 300

Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Thr Tyr Pro Gln Thr
305                 310                 315                 320

Thr Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Thr Gln Gln Leu Ile Lys Cys Val
                325                 330                 335
```

```
Val Phe Thr Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro
            340                 345                 350

Ile Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe Leu Asn Ala
        355                 360                 365

Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Thr Leu Tyr Val Trp Leu
    370                 375                 380

Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Val Ala Glu
385                 390                 395                 400

Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala
                405                 410                 415

Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys
            420                 425                 430

Trp Ile Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Lys Gly Phe Ser
        435                 440                 445

Arg Gly Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His
    450                 455                 460

Glu Ile Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe Trp Ala Phe
465                 470                 475                 480

Ser Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr Arg Tyr Leu
                485                 490                 495

His Ala Thr Phe Lys His Val Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe
            500                 505                 510

Phe Phe Ser Ile Val Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His
        515                 520                 525

Asp Val Met Asn Arg Gln Ala Gln Ala Ser Arg Ala Lys Gly Glu Leu
    530                 535                 540

Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly
545                 550                 555                 560

Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
                565                 570
```

<210> 75
<211> 572

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> O. sativa-L

<400> 75

```
Met Val Gly Ser Asp Gly Asp Gly Asp Gly Gly Gly Gly Glu Ala His
1               5                  10                  15

Ala Pro Ala Ala Pro Ala His His His Arg Arg Pro Pro Arg Pro Arg
            20                  25                  30

Gly Gly Ser Gly Ala Ile Val Glu Gly Phe Ala Ala Ala Leu Arg Arg
        35                  40                  45

Arg Ile Arg Ser Gly Ala Ala Ala Ala Ala Arg Ala Ser Phe Gly Gly
    50                  55                  60

Asp Ser Gly Asp Glu Ala Ala Ser Gly Glu Pro Ser Ser Ser Ser Ser
65                  70                  75                  80

Ser Ser Pro Ser Arg Arg Arg Gly Gly Asp Ser Asn Gly Ala Glu Ala
                85                  90                  95

Ser Ser Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Gly Asp Phe
            100                 105                 110

Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro Val His Arg Lys Ala Lys
        115                 120                 125

Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly
    130                 135                 140

Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu
145                 150                 155                 160

Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ser Gly Phe
                165                 170                 175

Trp Phe Asn Ala Thr Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys
            180                 185                 190

Leu Ser Leu Pro Ile Phe Pro Leu Gly Ala Phe Ala Val Glu Lys Leu
        195                 200                 205

Ala Phe Asn Asn Leu Ile Ser Asp Pro Ala Thr Thr Cys Phe His Ile
    210                 215                 220
```

```
Leu Phe Thr Thr Phe Glu Ile Val Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu Lys
225                 230                 235                 240

Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe Ile Ala Cys
                245                 250                 255

Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn His Asp Ile
            260                 265                 270

Arg Lys Leu Ile Thr Ser Gly Lys Lys Val Asp Asn Glu Leu Thr Ala
        275                 280                 285

Ala Gly Ile Asp Asn Leu Gln Ala Pro Thr Leu Gly Ser Leu Thr Tyr
    290                 295                 300

Phe Met Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Thr
305                 310                 315                 320

Pro Tyr Val Arg Lys Gly Trp Leu Val Arg Gln Val Ile Leu Tyr Leu
                325                 330                 335

Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro
            340                 345                 350

Ile Val Val Asn Ser Gln His Pro Leu Met Gly Gly Leu Leu Asn Ala
        355                 360                 365

Val Glu Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro Asn Val Tyr Leu Trp Leu
    370                 375                 380

Cys Met Phe Tyr Cys Leu Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu
385                 390                 395                 400

Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala
                405                 410                 415

Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp Asn Met Pro Val His Lys
            420                 425                 430

Trp Ile Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Met Arg Asn Gly Ile Ser
        435                 440                 445

Lys Glu Val Ala Val Phe Ile Ser Phe Phe Val Ser Ala Val Leu His
    450                 455                 460

Glu Leu Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile Leu Lys Phe Trp Ala Phe
465                 470                 475                 480
```

```
Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile Ile Leu Thr Ser Tyr Leu
                485                 490                 495

Lys Asn Lys Phe Ser Asp Thr Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe
            500                 505                 510

Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His
        515                 520                 525

Asp Val Met Asn Arg Thr Glu Lys Ala Lys Ala Lys Gly Glu Leu Arg
    530                 535                 540

Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu
545                 550                 555                 560

Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
                565                 570
```

<210> 76
<211> 570
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> O. sativa-L

<400> 76

```
Met Val Gly Ser Asp Gly Asp Gly Asp Gly Gly Gly Gly Glu Ala His
1               5                   10                  15

Ala Pro Ala Ala Pro Ala His His His Arg Arg Pro Pro Arg Pro Arg
            20                  25                  30

Gly Gly Ser Gly Ala Ile Val Glu Gly Phe Ala Ala Ala Leu Arg Arg
        35                  40                  45

Arg Ile Arg Ser Gly Ala Ala Ala Ala Ala Arg Ala Ser Phe Gly Gly
    50                  55                  60

Asp Ser Gly Asp Glu Ala Ala Ser Gly Glu Pro Ser Ser Ser Ser Ser
65                  70                  75                  80

Ser Ser Pro Ser Arg Arg Arg Gly Gly Asp Ser Asn Gly Ala Glu Ala
                85                  90                  95

Ser Ser Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Gly Asp Phe
            100                 105                 110
```

```
Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro Val His Arg Lys Ala Lys
        115                 120                 125

Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly
    130                 135                 140

Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu
145                 150                 155                 160

Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Asp Thr Gly Phe
                165                 170                 175

Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Gly Asp Trp Ser Ile Phe Met Cys Cys
            180                 185                 190

Leu Thr Leu Pro Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe Ile Val Glu Lys Leu
        195                 200                 205

Val Gln Arg Asn His Ile Ser Glu Leu Val Ala Val Leu Leu His Val
    210                 215                 220

Ile Val Ser Thr Ala Ala Val Leu Tyr Pro Val Ile Val Ile Leu Thr
225                 230                 235                 240

Cys Asp Ser Val Tyr Met Ser Gly Val Val Leu Met Leu Phe Gly Cys
                245                 250                 255

Ile Met Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Ser Ser Asp Ile
            260                 265                 270

Arg Thr Leu Ala Lys Ser Gly Tyr Lys Gly Asp Ala His Pro Asn Ser
        275                 280                 285

Thr Ile Val Ser Cys Ser Tyr Asp Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr
    290                 295                 300

Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser
305                 310                 315                 320

Ser Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Phe Val Lys Leu Ile
                325                 330                 335

Val Phe Ile Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro
            340                 345                 350

Ile Val Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Phe Leu Tyr Ala
        355                 360                 365
```

```
Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu
    370                 375                 380

Cys Met Phe Tyr Ser Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu
385                 390                 395                 400

Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala
                405                 410                 415

Lys Thr Val Ala Glu Tyr Trp Lys Met Trp Asn Met Pro Val His Arg
            420                 425                 430

Trp Met Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn Gly Ile Pro
        435                 440                 445

Lys Glu Gly Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Gly Ala Phe His
    450                 455                 460

Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Val Phe Lys Leu Trp Ala Phe
465                 470                 475                 480

Ile Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Leu Ile Thr Asn Tyr Leu
                485                 490                 495

Gln Glu Lys Phe Ser Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe
            500                 505                 510

Ile Phe Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His
        515                 520                 525

Asp Leu Ile Asn Leu Lys Glu Lys Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His
    530                 535                 540

Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser
545                 550                 555                 560

Thr Arg Thr Gly His His His His His His
                565                 570
```

<210> 77
<211> 528
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-S

<400> 77

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Met Pro Ala Ala Ser Asp Arg Ala Gly Pro
1               5                  10                  15

Gly Arg Asp Ala Gly Asp Ser Ser Ser Leu Arg Leu Arg Arg Ala Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ala Gly Asp Ser Ser Gly Gly Leu Arg
        35                  40                  45

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

Gln Gln His Glu Met Leu Tyr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg
65                  70                  75                  80

Arg Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser
                85                  90                  95

His Ala Gly Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn
            100                 105                 110

Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg
        115                 120                 125

Ala Gly Phe Trp Phe Ser Ala Arg Ser Leu Gly Asp Trp Pro Leu Leu
    130                 135                 140

Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Val Phe Pro Leu Val Ala Leu Met Ala
145                 150                 155                 160

Glu Lys Leu Ile Thr Arg Lys Leu Ile Gly Glu His Val Val Ile Leu
                165                 170                 175

Leu His Ile Ile Ile Thr Thr Ser Ala Ile Val Tyr Pro Val Val Val
            180                 185                 190

Thr Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe
        195                 200                 205

Leu Ala Ser Ile Met Trp Met Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn
    210                 215                 220

Tyr Asp Ile Arg Val Leu Ser Lys Ser Thr Glu Lys Gly Ala Ala Tyr
225                 230                 235                 240

Gly Asn Tyr Val Asp Pro Glu Asn Met Lys Asp Pro Thr Phe Lys Ser
                245                 250                 255
```

```
Leu Val Tyr Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Thr Tyr
            260                 265                 270

Pro Gln Thr Thr Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Thr Gln Gln Leu Ile
        275                 280                 285

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

Ile Asn Pro Ile Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe
305                 310                 315                 320

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

Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile
            340                 345                 350

Val Ala Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp
        355                 360                 365

Trp Asn Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro
    370                 375                 380

Val His Lys Trp Ile Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Lys
385                 390                 395                 400

Gly Phe Ser Arg Gly Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala
                405                 410                 415

Val Phe His Glu Ile Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe
            420                 425                 430

Trp Ala Phe Ser Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr
        435                 440                 445

Arg Tyr Leu His Ala Thr Phe Lys His Val Met Val Gly Asn Met Ile
    450                 455                 460

Phe Trp Phe Phe Phe Ser Ile Val Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu
465                 470                 475                 480

Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Gln Ala Gln Ala Ser Arg Ala Lys
                485                 490                 495

Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro
```

500 505 510

Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
515 520 525

<210> 78
<211> 519
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-S

<400> 78

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Met Pro Ala Ala Ser Asp Arg Ala Gly Pro
1               5                  10                  15

Gly Arg Asp Ala Gly Asp Ser Ser Ser Leu Arg Leu Arg Arg Ala Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ala Gly Asp Ser Ser Gly Gly Leu Arg
        35                  40                  45

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

Gln Gln His Glu Met Leu Tyr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg
65                  70                  75                  80

Arg Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser
                85                  90                  95

His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Val Val Val Leu Ile Ala Val Asn
            100                 105                 110

Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Arg
        115                 120                 125

Thr Asp Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Phe
    130                 135                 140

Met Cys Cys Ile Ser Leu Ser Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe Thr Val
145                 150                 155                 160

Glu Lys Leu Val Leu Gln Lys Tyr Ile Ser Glu Pro Val Val Ile Phe
                165                 170                 175

Leu His Ile Ile Ile Thr Met Thr Glu Val Leu Tyr Pro Val Tyr Val
            180                 185                 190
```

```
Thr Leu Arg Cys Asp Ser Ala Phe Leu Ser Gly Val Thr Leu Met Leu
        195                 200                 205

Leu Thr Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Ser
    210                 215                 220

Tyr Asp Ile Arg Ser Leu Ala Asn Ala Ala Asp Lys Ala Asn Pro Glu
225                 230                 235                 240

Val Ser Tyr Tyr Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met Val Ala
                245                 250                 255

Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Ala Cys Ile Arg
            260                 265                 270

Lys Gly Trp Val Ala Arg Gln Phe Ala Lys Leu Val Ile Phe Thr Gly
        275                 280                 285

Phe Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Arg Asn
    290                 295                 300

Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Leu Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val
305                 310                 315                 320

Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr
                325                 330                 335

Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Cys Phe
            340                 345                 350

Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Ser Val Gly
        355                 360                 365

Asp Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met Val Arg
    370                 375                 380

His Ile Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Ser Lys Ile Pro Lys Thr Leu Ala
385                 390                 395                 400

Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu Leu Cys Ile
                405                 410                 415

Ala Val Pro Cys Arg Leu Phe Lys Leu Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met
            420                 425                 430

Phe Gln Val Pro Leu Val Phe Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Glu Arg Phe
```

```
                435                 440                 445

Gly Ser Thr Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe Cys Ile Phe
    450                 455                 460

Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Met Asn Arg
465                 470                 475                 480

Lys Gly Ser Met Ser Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu
                485                 490                 495

Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr
            500                 505                 510

Gly His His His His His His
        515
```

<210> 79
<211> 529
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-S

<400> 79

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Met Pro Ala Ala Ser Asp Arg Ala Gly Pro
1               5                  10                  15

Gly Arg Asp Ala Gly Asp Ser Ser Ser Leu Arg Leu Arg Arg Ala Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ala Gly Asp Ser Ser Gly Gly Leu Arg
        35                  40                  45

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

Gln Gln His Glu Met Leu Tyr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg
65                  70                  75                  80

Arg Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser
                85                  90                  95

His Ala Gly Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn
            100                 105                 110

Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg
        115                 120                 125
```

```
Ala Gly Phe Trp Phe Ser Gly Thr Ser Leu Ala Asp Trp Pro Leu Leu
    130                 135                 140

Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Thr Phe Pro Leu Ala Ala Leu Met Val
145                 150                 155                 160

Glu Lys Leu Ala Gln Arg Lys Leu Ile Ser Lys His Val Val Ile Leu
                165                 170                 175

Leu His Ile Val Ile Thr Thr Ser Val Leu Val Tyr Pro Val Val Val
            180                 185                 190

Ile Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe
        195                 200                 205

Leu Ala Ser Ile Ile Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn
    210                 215                 220

Tyr Asp Ile Arg Met Leu Ser Lys Ser Ile Glu Lys Gly Val Thr His
225                 230                 235                 240

Asp Ile Ser Ile Asp Pro Glu Asn Ile Lys Trp Pro Thr Phe Lys Arg
                245                 250                 255

Leu Ser Tyr Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr
            260                 265                 270

Pro Arg Thr Thr Tyr Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Leu Ile
        275                 280                 285

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

Ile Asn Pro Ile Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe
305                 310                 315                 320

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

Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile
            340                 345                 350

Leu Ala Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp
        355                 360                 365

Trp Asn Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro
```

```
    370                 375                 380

Val His Lys Trp Val Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Asn
385                 390                 395                 400

Gly Phe Ser Lys Gly Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala
                405                 410                 415

Ala Phe His Glu Leu Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe
            420                 425                 430

Trp Ala Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr
        435                 440                 445

Lys Tyr Leu Gln Asp Lys Phe Asn Asn Thr Met Val Gly Asn Met Ile
    450                 455                 460

Phe Trp Phe Phe Phe Ser Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu
465                 470                 475                 480

Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Gln Gln Ala Gln Thr Asn Arg Ala
                485                 490                 495

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

Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His
        515                 520                 525

His
```

<210> 80
<211> 527
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-S

<400> 80

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Met Pro Ala Ala Ser Asp Arg Ala Gly Pro
1               5                   10                  15

Gly Arg Asp Ala Gly Asp Ser Ser Ser Leu Arg Leu Arg Arg Ala Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ala Gly Asp Ser Ser Gly Gly Leu Arg
        35                  40                  45
```

```
Glu Asn Gly Glu Pro Gln Ser Pro Thr Asn Pro Pro Pro Gln Glu Gln
    50                  55                  60

Gln Gln His Glu Met Leu Tyr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg
65                  70                  75                  80

Arg Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser
                85                  90                  95

His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn
            100                 105                 110

Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg
        115                 120                 125

Ala Gly Phe Trp Phe Asn Asp Lys Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu
    130                 135                 140

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

Glu Lys Leu Ala Phe Asn Asn Val Ile Thr Asp Ala Val Ala Thr Cys
                165                 170                 175

Leu His Ile Phe Leu Ser Thr Thr Glu Ile Val Tyr Pro Val Leu Val
            180                 185                 190

Ile Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Leu Leu Ile Phe
        195                 200                 205

Ile Ala Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn
    210                 215                 220

His Asp Ile Arg Gln Leu Thr Met Gly Gly Lys Lys Val Asp Asn Glu
225                 230                 235                 240

Leu Ser Thr Val Asp Met Asp Asn Leu Gln Pro Pro Thr Leu Gly Asn
                245                 250                 255

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

Pro Arg Thr Ser Cys Val Arg Lys Gly Trp Leu Ile Arg Gln Ile Ile
        275                 280                 285

Leu Tyr Leu Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr
```

```
    290                 295                 300

Ile Asn Pro Ile Val Val Asn Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Gly Leu
305                 310                 315                 320

Leu Asn Ala Val Glu Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro Asn Val Tyr
                325                 330                 335

Leu Trp Leu Cys Met Phe Tyr Ala Phe Phe His Leu Trp Leu Ser Ile
            340                 345                 350

Leu Ala Glu Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp
        355                 360                 365

Trp Asn Ala Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp Asn Met Pro
    370                 375                 380

Val His Lys Trp Val Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Met Arg Asn
385                 390                 395                 400

Gly Ile Ser Lys Glu Val Ala Val Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala
                405                 410                 415

Val Leu His Glu Ile Cys Val Ala Val Pro Cys Arg Ile Leu Lys Phe
            420                 425                 430

Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile Val Leu Thr
        435                 440                 445

Ala Tyr Leu Lys Ser Lys Phe Arg Asp Thr Met Val Gly Asn Met Ile
    450                 455                 460

Phe Trp Phe Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys Leu Leu Leu
465                 470                 475                 480

Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Ile Glu Lys Ala Arg Ala Lys Gly
                485                 490                 495

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

Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
        515                 520                 525
```

<210> 81
<211> 527
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-S

<400> 81

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Met Pro Ala Ala Ser Asp Arg Ala Gly Pro
1               5                   10                  15

Gly Arg Asp Ala Gly Asp Ser Ser Ser Leu Arg Leu Arg Arg Ala Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ala Gly Asp Ser Ser Gly Gly Leu Arg
        35                  40                  45

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

Gln Gln His Glu Met Leu Tyr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg
65                  70                  75                  80

Arg Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser
                85                  90                  95

His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn
            100                 105                 110

Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg
        115                 120                 125

Ser Gly Phe Trp Phe Asn Ala Thr Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu
    130                 135                 140

Met Cys Cys Leu Ser Leu Pro Ile Phe Pro Leu Gly Ala Phe Ala Val
145                 150                 155                 160

Glu Lys Leu Ala Phe Asn Asn Leu Ile Ser Asp Pro Ala Thr Thr Cys
                165                 170                 175

Phe His Ile Leu Phe Thr Thr Phe Glu Ile Val Tyr Pro Val Leu Val
            180                 185                 190

Ile Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe
        195                 200                 205

Ile Ala Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn
    210                 215                 220

His Asp Ile Arg Lys Leu Ile Thr Ser Gly Lys Lys Val Asp Asn Glu
```

225 230 235 240

Leu Thr Ala Ala Gly Ile Asp Asn Leu Gln Ala Pro Thr Leu Gly Ser
245 250 255

Leu Thr Tyr Phe Met Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr
260 265 270

Pro Arg Thr Pro Tyr Val Arg Lys Gly Trp Leu Val Arg Gln Val Ile
275 280 285

Leu Tyr Leu Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr
290 295 300

Ile Asn Pro Ile Val Val Asn Ser Gln His Pro Leu Met Gly Gly Leu
305 310 315 320

Leu Asn Ala Val Glu Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro Asn Val Tyr
325 330 335

Leu Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Leu Phe His Leu Trp Leu Asn Ile
340 345 350

Leu Ala Glu Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp
355 360 365

Trp Asn Ala Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp Asn Met Pro
370 375 380

Val His Lys Trp Ile Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Met Arg Asn
385 390 395 400

Gly Ile Ser Lys Glu Val Ala Val Phe Ile Ser Phe Phe Val Ser Ala
405 410 415

Val Leu His Glu Leu Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile Leu Lys Phe
420 425 430

Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile Ile Leu Thr
435 440 445

Ser Tyr Leu Lys Asn Lys Phe Ser Asp Thr Met Val Gly Asn Met Ile
450 455 460

Phe Trp Phe Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu
465 470 475 480

```
Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Thr Glu Lys Ala Lys Ala Lys Gly
                485                 490                 495

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

Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
        515                 520                 525
```

<210> 82
<211> 524
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-S

<400> 82

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Met Pro Ala Ala Ser Asp Arg Ala Gly Pro
1               5                   10                  15

Gly Arg Asp Ala Gly Asp Ser Ser Ser Leu Arg Leu Arg Arg Ala Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ala Gly Asp Ser Ser Gly Gly Leu Arg
        35                  40                  45

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

Gln Gln His Glu Met Leu Tyr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg
65                  70                  75                  80

Arg Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser
                85                  90                  95

His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn
            100                 105                 110

Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Asp
        115                 120                 125

Thr Gly Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Gly Asp Trp Ser Ile Phe
    130                 135                 140

Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe Ile Val
145                 150                 155                 160

Glu Lys Leu Val Gln Arg Asn His Ile Ser Glu Leu Val Ala Val Leu
```

```
                 165                 170                 175

Leu His Val Ile Val Ser Thr Ala Ala Val Leu Tyr Pro Val Ile Val
            180                 185                 190

Ile Leu Thr Cys Asp Ser Val Tyr Met Ser Gly Val Val Leu Met Leu
        195                 200                 205

Phe Gly Cys Ile Met Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Ser
    210                 215                 220

Ser Asp Ile Arg Thr Leu Ala Lys Ser Gly Tyr Lys Gly Asp Ala His
225                 230                 235                 240

Pro Asn Ser Thr Ile Val Ser Cys Ser Tyr Asp Val Ser Leu Lys Ser
                245                 250                 255

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

Pro Arg Ser Ser Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Phe Val
        275                 280                 285

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

Ile Asn Pro Ile Val Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Phe
305                 310                 315                 320

Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr
                325                 330                 335

Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Ser Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile
            340                 345                 350

Leu Ala Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp
        355                 360                 365

Trp Asn Ala Lys Thr Val Ala Glu Tyr Trp Lys Met Trp Asn Met Pro
    370                 375                 380

Val His Arg Trp Met Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn
385                 390                 395                 400

Gly Ile Pro Lys Glu Gly Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Gly
                405                 410                 415
```

```
Ala Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Val Phe Lys Leu
            420                 425                 430

Trp Ala Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Leu Ile Thr
        435                 440                 445

Asn Tyr Leu Gln Glu Lys Phe Ser Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile
    450                 455                 460

Phe Trp Phe Ile Phe Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu
465                 470                 475                 480

Tyr Tyr His Asp Leu Ile Asn Leu Lys Glu Lys Ala Lys Gly Glu Leu
                485                 490                 495

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

Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His
        515                 520
```

<210> 83
<211> 546
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-L

<400> 83

```
Met Ala Asp Ser Glu Asp Ala Pro Pro Ala Val His Arg Arg Pro Pro
1               5                  10                  15

Arg Pro Ala Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Leu Arg Ser Gly Ala Ala Val Ala Ala Arg Ala Ser Phe
        35                  40                  45

Ala Ala Asp Ser Gly Asp Glu Ser Gly Pro Gly Glu Pro Ser Ser Ser
    50                  55                  60

Arg Arg Arg Asp Asn Ser Gly Gly Ala Ser Ser Ala Ala Gly Gly Arg
65                  70                  75                  80

Ala Gly Ala Gly Asp Phe Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro
                85                  90                  95

Val His Arg Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
```

```
            100                 105                 110

Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val
        115                 120                 125

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

Leu Ile Arg Ser Gly Phe Trp Phe Asn Ala Thr Ser Leu Arg Asp Trp
145                 150                 155                 160

Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Ser Leu Pro Ile Phe Pro Leu Gly Ala
                165                 170                 175

Phe Ala Val Glu Lys Leu Ala Phe Asn Asn Leu Ile Ser Asp Pro Ala
            180                 185                 190

Thr Thr Cys Phe His Ile Leu Phe Thr Thr Phe Glu Ile Val Tyr Pro
        195                 200                 205

Val Leu Val Ile Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val
    210                 215                 220

Leu Met Phe Ile Ala Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala
225                 230                 235                 240

His Thr Asn His Asp Ile Arg Lys Leu Ile Thr Ser Gly Lys Lys Val
                245                 250                 255

Asp Asn Glu Leu Thr Ala Ala Gly Ile Asp Asn Leu Gln Ala Pro Thr
            260                 265                 270

Leu Gly Ser Leu Thr Tyr Phe Met Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
        275                 280                 285

Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Pro Tyr Val Arg Lys Gly Trp Leu Val Arg
    290                 295                 300

Gln Val Ile Leu Tyr Leu Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile
305                 310                 315                 320

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Val Asn Ser Gln His Pro Leu Met
                325                 330                 335

Gly Gly Leu Leu Asn Ala Val Glu Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro
            340                 345                 350
```

```
Asn Val Tyr Leu Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Leu Phe His Leu Trp
        355                 360                 365

Leu Asn Ile Leu Ala Glu Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
    370                 375                 380

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp
385                 390                 395                 400

Asn Met Pro Val His Lys Trp Ile Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys
                405                 410                 415

Met Arg Asn Gly Ile Ser Lys Glu Val Ala Val Phe Ile Ser Phe Phe
            420                 425                 430

Val Ser Ala Val Leu His Glu Leu Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile
        435                 440                 445

Leu Lys Phe Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile
    450                 455                 460

Ile Leu Thr Ser Tyr Leu Lys Asn Lys Phe Ser Asp Thr Met Val Gly
465                 470                 475                 480

Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys
                485                 490                 495

Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Thr Glu Lys Ala Lys
            500                 505                 510

Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro
        515                 520                 525

Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His
    530                 535                 540

His His
545
```

<210> 84
<211> 538
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-L

<400> 84

```
Met Ala Asp Ser Glu Asp Ala Pro Pro Ala Val His Arg Arg Pro Pro
```

```
1               5                   10                  15

Arg Pro Ala Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Leu Arg Ser Gly Ala Ala Val Ala Ala Arg Ala Ser Phe
        35                  40                  45

Ala Ala Asp Ser Gly Asp Glu Ser Gly Pro Gly Glu Pro Ser Ser Ser
    50                  55                  60

Arg Arg Arg Asp Asn Ser Gly Gly Ala Ser Ser Ala Ala Gly Gly Arg
65                  70                  75                  80

Ala Gly Ala Gly Asp Phe Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro
                85                  90                  95

Val His Arg Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
            100                 105                 110

Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Val Val Val Leu Ile
        115                 120                 125

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

Leu Ile Arg Thr Asp Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Arg Asp Trp
145                 150                 155                 160

Pro Leu Phe Met Cys Cys Ile Ser Leu Ser Ile Phe Pro Leu Ala Ala
                165                 170                 175

Phe Thr Val Glu Lys Leu Val Leu Gln Lys Tyr Ile Ser Glu Pro Val
            180                 185                 190

Val Ile Phe Leu His Ile Ile Ile Thr Met Thr Glu Val Leu Tyr Pro
        195                 200                 205

Val Tyr Val Thr Leu Arg Cys Asp Ser Ala Phe Leu Ser Gly Val Thr
    210                 215                 220

Leu Met Leu Leu Thr Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala
225                 230                 235                 240

His Thr Ser Tyr Asp Ile Arg Ser Leu Ala Asn Ala Ala Asp Lys Ala
                245                 250                 255
```

```
Asn Pro Glu Val Ser Tyr Tyr Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe
            260                 265                 270

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

Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Ala Arg Gln Phe Ala Lys Leu Val Ile
    290                 295                 300

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

Val Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Leu Leu Tyr Ala Ile
                325                 330                 335

Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys
            340                 345                 350

Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu
        355                 360                 365

Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys
    370                 375                 380

Ser Val Gly Asp Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp
385                 390                 395                 400

Met Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Ser Lys Ile Pro Lys
                405                 410                 415

Thr Leu Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu
            420                 425                 430

Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys Arg Leu Phe Lys Leu Trp Ala Phe Leu
        435                 440                 445

Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Phe Ile Thr Asn Tyr Leu Gln
    450                 455                 460

Glu Arg Phe Gly Ser Thr Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe
465                 470                 475                 480

Cys Ile Phe Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu
                485                 490                 495

Met Asn Arg Lys Gly Ser Met Ser Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His
            500                 505                 510
```

```
Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser
        515                 520                 525

Thr Arg Thr Gly His His His His His His
    530                 535
```

<210> 85
<211> 548
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-L

<400> 85

```
Met Ala Asp Ser Glu Asp Ala Pro Pro Ala Val His Arg Arg Pro Pro
1               5                   10                  15

Arg Pro Ala Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Leu Arg Ser Gly Ala Ala Val Ala Ala Arg Ala Ser Phe
        35                  40                  45

Ala Ala Asp Ser Gly Asp Glu Ser Gly Pro Gly Glu Pro Ser Ser Ser
    50                  55                  60

Arg Arg Arg Asp Asn Ser Gly Gly Ala Ser Ser Ala Ala Gly Gly Arg
65                  70                  75                  80

Ala Gly Ala Gly Asp Phe Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro
                85                  90                  95

Val His Arg Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
            100                 105                 110

Arg Gln Ser His Ala Gly Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val
        115                 120                 125

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

Leu Ile Arg Ala Gly Phe Trp Phe Ser Gly Thr Ser Leu Ala Asp Trp
145                 150                 155                 160

Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Thr Phe Pro Leu Ala Ala
                165                 170                 175
```

```
Leu Met Val Glu Lys Leu Ala Gln Arg Lys Leu Ile Ser Lys His Val
            180                 185                 190

Val Ile Leu Leu His Ile Val Ile Thr Thr Ser Val Leu Val Tyr Pro
        195                 200                 205

Val Val Val Ile Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val
    210                 215                 220

Leu Met Phe Leu Ala Ser Ile Ile Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala
225                 230                 235                 240

His Thr Asn Tyr Asp Ile Arg Met Leu Ser Lys Ser Ile Glu Lys Gly
                245                 250                 255

Val Thr His Asp Ile Ser Ile Asp Pro Glu Asn Ile Lys Trp Pro Thr
            260                 265                 270

Phe Lys Arg Leu Ser Tyr Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
        275                 280                 285

Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Thr Tyr Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg
    290                 295                 300

Gln Leu Ile Lys Cys Leu Val Phe Thr Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile
305                 310                 315                 320

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys
                325                 330                 335

Gly Asn Phe Leu Asn Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro
            340                 345                 350

Thr Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp
        355                 360                 365

Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
    370                 375                 380

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp
385                 390                 395                 400

Asn Met Pro Val His Lys Trp Val Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys
                405                 410                 415

Ile Arg Asn Gly Phe Ser Lys Gly Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu
            420                 425                 430
```

```
Val Ser Ala Ala Phe His Glu Leu Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile
        435                 440                 445

Phe Lys Phe Trp Ala Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val
    450                 455                 460

Phe Leu Thr Lys Tyr Leu Gln Asp Lys Phe Asn Asn Thr Met Val Gly
465                 470                 475                 480

Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe Ser Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys
                485                 490                 495

Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Gln Gln Ala Gln Thr
            500                 505                 510

Asn Arg Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro
        515                 520                 525

Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His
    530                 535                 540

His His His His
545
```

<210> 86
<211> 546
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-L

<400> 86

```
Met Ala Asp Ser Glu Asp Ala Pro Pro Ala Val His Arg Arg Pro Pro
1               5                   10                  15

Arg Pro Ala Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Leu Arg Ser Gly Ala Ala Val Ala Ala Arg Ala Ser Phe
        35                  40                  45

Ala Ala Asp Ser Gly Asp Glu Ser Gly Pro Gly Glu Pro Ser Ser Ser
    50                  55                  60

Arg Arg Arg Asp Asn Ser Gly Gly Ala Ser Ser Ala Ala Gly Gly Arg
65                  70                  75                  80
```

```
Ala Gly Ala Gly Asp Phe Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro
                85                  90                  95

Val His Arg Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
            100                 105                 110

Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val
        115                 120                 125

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

Leu Ile Arg Ala Gly Phe Trp Phe Asn Asp Lys Ser Leu Arg Asp Trp
145                 150                 155                 160

Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Ser Leu Pro Ala Phe Pro Leu Gly Ala
                165                 170                 175

Phe Ala Val Glu Lys Leu Ala Phe Asn Asn Val Ile Thr Asp Ala Val
            180                 185                 190

Ala Thr Cys Leu His Ile Phe Leu Ser Thr Thr Glu Ile Val Tyr Pro
        195                 200                 205

Val Leu Val Ile Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Leu
    210                 215                 220

Leu Ile Phe Ile Ala Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala
225                 230                 235                 240

His Thr Asn His Asp Ile Arg Gln Leu Thr Met Gly Gly Lys Lys Val
                245                 250                 255

Asp Asn Glu Leu Ser Thr Val Asp Met Asp Asn Leu Gln Pro Pro Thr
            260                 265                 270

Leu Gly Asn Leu Ile Tyr Phe Met Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
        275                 280                 285

Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Ser Cys Val Arg Lys Gly Trp Leu Ile Arg
    290                 295                 300

Gln Ile Ile Leu Tyr Leu Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile
305                 310                 315                 320

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Val Asn Ser Gln His Pro Leu Lys
                325                 330                 335
```

```
Gly Gly Leu Leu Asn Ala Val Glu Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro
            340                 345                 350

Asn Val Tyr Leu Trp Leu Cys Met Phe Tyr Ala Phe Phe His Leu Trp
        355                 360                 365

Leu Ser Ile Leu Ala Glu Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
    370                 375                 380

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp
385                 390                 395                 400

Asn Met Pro Val His Lys Trp Val Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys
                405                 410                 415

Met Arg Asn Gly Ile Ser Lys Glu Val Ala Val Leu Ile Ser Phe Leu
            420                 425                 430

Val Ser Ala Val Leu His Glu Ile Cys Val Ala Val Pro Cys Arg Ile
        435                 440                 445

Leu Lys Phe Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile
    450                 455                 460

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

Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys
                485                 490                 495

Leu Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Ile Glu Lys Ala Arg
            500                 505                 510

Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro
        515                 520                 525

Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His
    530                 535                 540

His His
545
```

<210> 87
<211> 547
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-L

<400> 87

```
Met Ala Asp Ser Glu Asp Ala Pro Pro Ala Val His Arg Arg Pro Pro
1               5                  10                  15

Arg Pro Ala Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Leu Arg Ser Gly Ala Ala Val Ala Ala Arg Ala Ser Phe
        35                  40                  45

Ala Ala Asp Ser Gly Asp Glu Ser Gly Pro Gly Glu Pro Ser Ser Ser
    50                  55                  60

Arg Arg Arg Asp Asn Ser Gly Gly Ala Ser Ser Ala Ala Gly Gly Arg
65                  70                  75                  80

Ala Gly Ala Gly Asp Phe Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro
                85                  90                  95

Val His Arg Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
            100                 105                 110

Arg Gln Ser His Ala Gly Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile
        115                 120                 125

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

Leu Ile Arg Ala Gly Phe Trp Phe Ser Ala Arg Ser Leu Gly Asp Trp
145                 150                 155                 160

Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Val Phe Pro Leu Val Ala
                165                 170                 175

Leu Met Ala Glu Lys Leu Ile Thr Arg Lys Leu Ile Gly Glu His Val
            180                 185                 190

Val Ile Leu Leu His Ile Ile Ile Thr Thr Ser Ala Ile Val Tyr Pro
        195                 200                 205

Val Val Val Thr Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val
    210                 215                 220

Leu Met Phe Leu Ala Ser Ile Met Trp Met Lys Leu Val Ser Tyr Ala
225                 230                 235                 240
```

```
His Thr Asn Tyr Asp Ile Arg Val Leu Ser Lys Ser Thr Glu Lys Gly
                245                 250                 255

Ala Ala Tyr Gly Asn Tyr Val Asp Pro Glu Asn Met Lys Asp Pro Thr
            260                 265                 270

Phe Lys Ser Leu Val Tyr Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
        275                 280                 285

Pro Thr Tyr Pro Gln Thr Thr Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Thr Gln
    290                 295                 300

Gln Leu Ile Lys Cys Val Val Phe Thr Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile
305                 310                 315                 320

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys
                325                 330                 335

Gly Asn Phe Leu Asn Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro
            340                 345                 350

Thr Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp
        355                 360                 365

Leu Asn Ile Val Ala Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
    370                 375                 380

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp
385                 390                 395                 400

Asn Met Pro Val His Lys Trp Ile Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys
                405                 410                 415

Ile Arg Lys Gly Phe Ser Arg Gly Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu
            420                 425                 430

Val Ser Ala Val Phe His Glu Ile Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile
        435                 440                 445

Phe Lys Phe Trp Ala Phe Ser Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val
    450                 455                 460

Phe Leu Thr Arg Tyr Leu His Ala Thr Phe Lys His Val Met Val Gly
465                 470                 475                 480

Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe Ser Ile Val Gly Gln Pro Met Cys
                485                 490                 495
```

```
Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Gln Ala Gln Ala Ser
            500                 505                 510

Arg Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile
        515                 520                 525

Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His
    530                 535                 540

His His His
545
```

<210> 88
<211> 544
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-L

<400> 88

```
Met Ala Asp Ser Glu Asp Ala Pro Pro Ala Val His Arg Arg Pro Pro
1               5                   10                  15

Arg Pro Ala Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Leu Arg Ser Gly Ala Ala Val Ala Ala Arg Ala Ser Phe
        35                  40                  45

Ala Ala Asp Ser Gly Asp Glu Ser Gly Pro Gly Glu Pro Ser Ser Ser
    50                  55                  60

Arg Arg Arg Asp Asn Ser Gly Gly Ala Ser Ser Ala Ala Gly Gly Arg
65                  70                  75                  80

Ala Gly Ala Gly Asp Phe Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro
                85                  90                  95

Val His Arg Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
            100                 105                 110

Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile
        115                 120                 125

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

```
Leu Ile Asp Thr Gly Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Gly Asp Trp
145                 150                 155                 160

Ser Ile Phe Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Ile Phe Pro Leu Ala Ala
                165                 170                 175

Phe Ile Val Glu Lys Leu Val Gln Arg Asn His Ile Ser Glu Leu Val
            180                 185                 190

Ala Val Leu Leu His Val Ile Val Ser Thr Ala Ala Val Leu Tyr Pro
        195                 200                 205

Val Ile Val Ile Leu Thr Cys Asp Ser Val Tyr Met Ser Gly Val Val
    210                 215                 220

Leu Met Leu Phe Gly Cys Ile Met Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala
225                 230                 235                 240

His Thr Ser Ser Asp Ile Arg Thr Leu Ala Lys Ser Gly Tyr Lys Gly
                245                 250                 255

Asp Ala His Pro Asn Ser Thr Ile Val Ser Cys Ser Tyr Asp Val Ser
            260                 265                 270

Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
        275                 280                 285

Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Ser Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg
    290                 295                 300

Gln Phe Val Lys Leu Ile Val Phe Ile Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile
305                 310                 315                 320

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys
                325                 330                 335

Gly Asp Phe Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro
            340                 345                 350

Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Ser Phe Phe His Leu Trp
        355                 360                 365

Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
    370                 375                 380

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Val Ala Glu Tyr Trp Lys Met Trp
385                 390                 395                 400
```

```
Asn Met Pro Val His Arg Trp Met Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys
                405                 410                 415

Leu Arg Asn Gly Ile Pro Lys Glu Gly Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu
            420                 425                 430

Val Ser Gly Ala Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Val
        435                 440                 445

Phe Lys Leu Trp Ala Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val
    450                 455                 460

Leu Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Glu Lys Phe Ser Asn Ser Met Val Gly
465                 470                 475                 480

Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys
                485                 490                 495

Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Ile Asn Leu Lys Glu Lys Ala Lys
            500                 505                 510

Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro
        515                 520                 525

Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
    530                 535                 540
```

<210> 89
<211> 552
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> T. majus

<400> 89

```
Met Ala Val Ala Glu Ser Ser Gln Asn Thr Thr Thr Met Ser Gly His
1               5                   10                  15

Gly Asp Ser Asp Leu Asn Asn Phe Arg Arg Arg Lys Pro Ser Ser Ser
            20                  25                  30

Val Ile Glu Pro Ser Ser Ser Gly Phe Thr Ser Thr Asn Gly Val Pro
        35                  40                  45

Ala Thr Gly His Val Ala Glu Asn Arg Asp Gln Asp Arg Val Gly Ala
    50                  55                  60
```

```
Met Glu Asn Ala Thr Gly Ser Val Asn Leu Ile Gly Asn Gly Gly Gly
65                  70                  75                  80

Val Val Ile Gly Asn Glu Glu Lys Gln Val Gly Glu Thr Asp Ile Arg
                85                  90                  95

Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Ala His Arg Arg Val Arg Glu Ser
            100                 105                 110

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe
        115                 120                 125

Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
    130                 135                 140

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Asp Thr Gly Phe Trp Phe
145                 150                 155                 160

Ser Ser Arg Ser Leu Gly Asp Trp Ser Ile Phe Met Cys Cys Leu Thr
                165                 170                 175

Leu Pro Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe Ile Val Glu Lys Leu Val Gln
            180                 185                 190

Arg Asn His Ile Ser Glu Leu Val Ala Val Leu Leu His Val Ile Val
        195                 200                 205

Ser Thr Ala Ala Val Leu Tyr Pro Val Ile Val Ile Leu Thr Cys Asp
    210                 215                 220

Ser Val Tyr Met Ser Gly Val Val Leu Met Leu Phe Gly Cys Ile Met
225                 230                 235                 240

Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Ser Ser Asp Ile Arg Thr
                245                 250                 255

Leu Ala Lys Ser Gly Tyr Lys Gly Asp Ala His Pro Asn Ser Thr Ile
            260                 265                 270

Val Ser Cys Ser Tyr Asp Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met
        275                 280                 285

Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Ser Cys
    290                 295                 300

Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Phe Val Lys Leu Ile Val Phe
305                 310                 315                 320
```

```
Ile Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val
                325                 330                 335

Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Phe Leu Tyr Ala Ile Glu
            340                 345                 350

Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met
        355                 360                 365

Phe Tyr Ser Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu
    370                 375                 380

Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr
385                 390                 395                 400

Val Ala Glu Tyr Trp Lys Met Trp Asn Met Pro Val His Arg Trp Met
                405                 410                 415

Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn Gly Ile Pro Lys Glu
            420                 425                 430

Gly Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Gly Ala Phe His Glu Leu
        435                 440                 445

Cys Ile Ala Val Pro Cys His Val Phe Lys Leu Trp Ala Phe Ile Gly
    450                 455                 460

Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Leu Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Glu
465                 470                 475                 480

Lys Phe Ser Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe
                485                 490                 495

Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu
            500                 505                 510

Ile Asn Leu Lys Glu Lys Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe
        515                 520                 525

Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg
    530                 535                 540

Thr Gly His His His His His His
545                 550
```

<210> 90
<211> 546

<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> T. majus

<400> 90

```
Met Ala Val Ala Glu Ser Ser Gln Asn Thr Thr Thr Met Ser Gly His
1               5                  10                  15

Gly Asp Ser Asp Leu Asn Asn Phe Arg Arg Arg Lys Pro Ser Ser Ser
            20                  25                  30

Val Ile Glu Pro Ser Ser Ser Gly Phe Thr Ser Thr Asn Gly Val Pro
        35                  40                  45

Ala Thr Gly His Val Ala Glu Asn Arg Asp Gln Asp Arg Val Gly Ala
    50                  55                  60

Met Glu Asn Ala Thr Gly Ser Val Asn Leu Ile Gly Asn Gly Gly Gly
65                  70                  75                  80

Val Val Ile Gly Asn Glu Glu Lys Gln Val Gly Glu Thr Asp Ile Arg
                85                  90                  95

Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Ala His Arg Arg Val Arg Glu Ser
            100                 105                 110

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe
        115                 120                 125

Asn Leu Cys Val Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
    130                 135                 140

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Arg Thr Asp Phe Trp Phe
145                 150                 155                 160

Ser Ser Arg Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Phe Met Cys Cys Ile Ser
                165                 170                 175

Leu Ser Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe Thr Val Glu Lys Leu Val Leu
            180                 185                 190

Gln Lys Tyr Ile Ser Glu Pro Val Val Ile Phe Leu His Ile Ile Ile
        195                 200                 205

Thr Met Thr Glu Val Leu Tyr Pro Val Tyr Val Thr Leu Arg Cys Asp
    210                 215                 220
```

```
Ser Ala Phe Leu Ser Gly Val Thr Leu Met Leu Leu Thr Cys Ile Val
225                 230                 235                 240

Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Ser Tyr Asp Ile Arg Ser
                245                 250                 255

Leu Ala Asn Ala Ala Asp Lys Ala Asn Pro Glu Val Ser Tyr Tyr Val
            260                 265                 270

Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr
        275                 280                 285

Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Ala Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Ala
    290                 295                 300

Arg Gln Phe Ala Lys Leu Val Ile Phe Thr Gly Phe Met Gly Phe Ile
305                 310                 315                 320

Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Arg Asn Ser Lys His Pro Leu
                325                 330                 335

Lys Gly Asp Leu Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val
            340                 345                 350

Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu
        355                 360                 365

Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe
    370                 375                 380

Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Ser Val Gly Asp Tyr Trp Arg Met
385                 390                 395                 400

Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met Val Arg His Ile Tyr Phe Pro
                405                 410                 415

Cys Leu Arg Ser Lys Ile Pro Lys Thr Leu Ala Ile Ile Ile Ala Phe
            420                 425                 430

Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys Arg
        435                 440                 445

Leu Phe Lys Leu Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu
    450                 455                 460

Val Phe Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Glu Arg Phe Gly Ser Thr Val Gly
```

```
465                 470                 475                 480

Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe Cys Ile Phe Gly Gln Pro Met Cys
                485                 490                 495

Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Met Asn Arg Lys Gly Ser Met Ser
            500                 505                 510

Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro
        515                 520                 525

Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His
    530                 535                 540

His His
545
```

<210> 91
<211> 556
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> T. majus

<400> 91

```
Met Ala Val Ala Glu Ser Ser Gln Asn Thr Thr Thr Met Ser Gly His
1               5                  10                  15

Gly Asp Ser Asp Leu Asn Asn Phe Arg Arg Arg Lys Pro Ser Ser Ser
            20                  25                  30

Val Ile Glu Pro Ser Ser Ser Gly Phe Thr Ser Thr Asn Gly Val Pro
        35                  40                  45

Ala Thr Gly His Val Ala Glu Asn Arg Asp Gln Asp Arg Val Gly Ala
    50                  55                  60

Met Glu Asn Ala Thr Gly Ser Val Asn Leu Ile Gly Asn Gly Gly Gly
65                  70                  75                  80

Val Val Ile Gly Asn Glu Glu Lys Gln Val Gly Glu Thr Asp Ile Arg
                85                  90                  95

Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Ala His Arg Arg Val Arg Glu Ser
            100                 105                 110

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly Leu Leu
        115                 120                 125
```

```
Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
    130                 135                 140

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly Phe Trp Phe
145                 150                 155                 160

Ser Gly Thr Ser Leu Ala Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Thr
                165                 170                 175

Leu Pro Thr Phe Pro Leu Ala Ala Leu Met Val Glu Lys Leu Ala Gln
            180                 185                 190

Arg Lys Leu Ile Ser Lys His Val Val Ile Leu Leu His Ile Val Ile
        195                 200                 205

Thr Thr Ser Val Leu Val Tyr Pro Val Val Val Ile Leu Lys Cys Asp
    210                 215                 220

Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe Leu Ala Ser Ile Ile
225                 230                 235                 240

Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn Tyr Asp Ile Arg Met
                245                 250                 255

Leu Ser Lys Ser Ile Glu Lys Gly Val Thr His Asp Ile Ser Ile Asp
            260                 265                 270

Pro Glu Asn Ile Lys Trp Pro Thr Phe Lys Arg Leu Ser Tyr Phe Met
        275                 280                 285

Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Thr Tyr
    290                 295                 300

Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Leu Ile Lys Cys Leu Val Phe
305                 310                 315                 320

Thr Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val
                325                 330                 335

Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe Leu Asn Ala Ile Glu
            340                 345                 350

Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Thr Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met
        355                 360                 365

Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu
```

```
    370                 375                 380

Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr
385                 390                 395                 400

Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Val
                405                 410                 415

Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Asn Gly Phe Ser Lys Gly
            420                 425                 430

Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala Ala Phe His Glu Leu
        435                 440                 445

Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe Trp Ala Phe Ile Gly
    450                 455                 460

Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr Lys Tyr Leu Gln Asp
465                 470                 475                 480

Lys Phe Asn Asn Thr Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe
                485                 490                 495

Ser Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val
            500                 505                 510

Met Asn Arg Gln Gln Ala Gln Thr Asn Arg Ala Lys Gly Glu Leu Arg
        515                 520                 525

Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu
    530                 535                 540

Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
545                 550                 555
```

<210> 92
<211> 554
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> T. majus

<400> 92

```
Met Ala Val Ala Glu Ser Ser Gln Asn Thr Thr Thr Met Ser Gly His
1               5                  10                  15

Gly Asp Ser Asp Leu Asn Asn Phe Arg Arg Arg Lys Pro Ser Ser Ser
            20                  25                  30
```

```
Val Ile Glu Pro Ser Ser Ser Gly Phe Thr Ser Thr Asn Gly Val Pro
        35                  40                  45

Ala Thr Gly His Val Ala Glu Asn Arg Asp Gln Asp Arg Val Gly Ala
    50                  55                  60

Met Glu Asn Ala Thr Gly Ser Val Asn Leu Ile Gly Asn Gly Gly Gly
65                  70                  75                  80

Val Val Ile Gly Asn Glu Glu Lys Gln Val Gly Glu Thr Asp Ile Arg
                85                  90                  95

Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Ala His Arg Arg Val Arg Glu Ser
            100                 105                 110

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe
        115                 120                 125

Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
    130                 135                 140

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly Phe Trp Phe
145                 150                 155                 160

Asn Asp Lys Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Ser
                165                 170                 175

Leu Pro Ala Phe Pro Leu Gly Ala Phe Ala Val Glu Lys Leu Ala Phe
            180                 185                 190

Asn Asn Val Ile Thr Asp Ala Val Ala Thr Cys Leu His Ile Phe Leu
        195                 200                 205

Ser Thr Thr Glu Ile Val Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu Lys Cys Asp
    210                 215                 220

Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Leu Leu Ile Phe Ile Ala Cys Ile Val
225                 230                 235                 240

Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn His Asp Ile Arg Gln
                245                 250                 255

Leu Thr Met Gly Gly Lys Lys Val Asp Asn Glu Leu Ser Thr Val Asp
            260                 265                 270

Met Asp Asn Leu Gln Pro Pro Thr Leu Gly Asn Leu Ile Tyr Phe Met
```

275 280 285

Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Ser Cys
290 295 300

Val Arg Lys Gly Trp Leu Ile Arg Gln Ile Ile Leu Tyr Leu Ile Phe
305 310 315 320

Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val
325 330 335

Val Asn Ser Gln His Pro Leu Lys Gly Gly Leu Leu Asn Ala Val Glu
340 345 350

Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro Asn Val Tyr Leu Trp Leu Cys Met
355 360 365

Phe Tyr Ala Phe Phe His Leu Trp Leu Ser Ile Leu Ala Glu Ile Leu
370 375 380

Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr
385 390 395 400

Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Val
405 410 415

Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Met Arg Asn Gly Ile Ser Lys Glu
420 425 430

Val Ala Val Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala Val Leu His Glu Ile
435 440 445

Cys Val Ala Val Pro Cys Arg Ile Leu Lys Phe Trp Ala Phe Leu Gly
450 455 460

Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile Val Leu Thr Ala Tyr Leu Lys Ser
465 470 475 480

Lys Phe Arg Asp Thr Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe
485 490 495

Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys Leu Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val
500 505 510

Met Asn Arg Ile Glu Lys Ala Arg Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His
515 520 525

```
Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser
    530                 535                 540

Thr Arg Thr Gly His His His His His His
545                 550
```

<210> 93
<211> 555
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> T. majus

<400> 93

```
Met Ala Val Ala Glu Ser Ser Gln Asn Thr Thr Thr Met Ser Gly His
1               5                  10                  15

Gly Asp Ser Asp Leu Asn Asn Phe Arg Arg Arg Lys Pro Ser Ser Ser
            20                  25                  30

Val Ile Glu Pro Ser Ser Ser Gly Phe Thr Ser Thr Asn Gly Val Pro
        35                  40                  45

Ala Thr Gly His Val Ala Glu Asn Arg Asp Gln Asp Arg Val Gly Ala
    50                  55                  60

Met Glu Asn Ala Thr Gly Ser Val Asn Leu Ile Gly Asn Gly Gly Gly
65                  70                  75                  80

Val Val Ile Gly Asn Glu Glu Lys Gln Val Gly Glu Thr Asp Ile Arg
                85                  90                  95

Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Ala His Arg Arg Val Arg Glu Ser
            100                 105                 110

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly Leu Leu
        115                 120                 125

Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
    130                 135                 140

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly Phe Trp Phe
145                 150                 155                 160

Ser Ala Arg Ser Leu Gly Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Thr
                165                 170                 175

Leu Pro Val Phe Pro Leu Val Ala Leu Met Ala Glu Lys Leu Ile Thr
```

```
            180                 185                 190

Arg Lys Leu Ile Gly Glu His Val Val Ile Leu Leu His Ile Ile Ile
        195                 200                 205

Thr Thr Ser Ala Ile Val Tyr Pro Val Val Val Thr Leu Lys Cys Asp
    210                 215                 220

Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe Leu Ala Ser Ile Met
225                 230                 235                 240

Trp Met Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Tyr Asp Ile Arg Val
                245                 250                 255

Leu Ser Lys Ser Thr Glu Lys Gly Ala Ala Tyr Gly Asn Tyr Val Asp
            260                 265                 270

Pro Glu Asn Met Lys Asp Pro Thr Phe Lys Ser Leu Val Tyr Phe Met
        275                 280                 285

Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Thr Tyr Pro Gln Thr Thr Cys
    290                 295                 300

Ile Arg Lys Gly Trp Val Thr Gln Gln Leu Ile Lys Cys Val Val Phe
305                 310                 315                 320

Thr Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val
                325                 330                 335

Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe Leu Asn Ala Ile Glu
            340                 345                 350

Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Thr Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met
        355                 360                 365

Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Val Ala Glu Leu Leu
    370                 375                 380

Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr
385                 390                 395                 400

Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Ile
                405                 410                 415

Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Lys Gly Phe Ser Arg Gly
            420                 425                 430
```

```
Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu Ile
        435                 440                 445

Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe Trp Ala Phe Ser Gly
    450                 455                 460

Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr Arg Tyr Leu His Ala
465                 470                 475                 480

Thr Phe Lys His Val Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe
                485                 490                 495

Ser Ile Val Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val
            500                 505                 510

Met Asn Arg Gln Ala Gln Ala Ser Arg Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly
        515                 520                 525

His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp
    530                 535                 540

Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
545                 550                 555
```

<210> 94
<211> 554
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> T. majus

<400> 94

```
Met Ala Val Ala Glu Ser Ser Gln Asn Thr Thr Thr Met Ser Gly His
1               5                  10                  15

Gly Asp Ser Asp Leu Asn Asn Phe Arg Arg Arg Lys Pro Ser Ser Ser
            20                  25                  30

Val Ile Glu Pro Ser Ser Ser Gly Phe Thr Ser Thr Asn Gly Val Pro
        35                  40                  45

Ala Thr Gly His Val Ala Glu Asn Arg Asp Gln Asp Arg Val Gly Ala
    50                  55                  60

Met Glu Asn Ala Thr Gly Ser Val Asn Leu Ile Gly Asn Gly Gly Gly
65                  70                  75                  80

Val Val Ile Gly Asn Glu Glu Lys Gln Val Gly Glu Thr Asp Ile Arg
```

```
                85                  90                  95

Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Ala His Arg Arg Val Arg Glu Ser
            100                 105                 110

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe
        115                 120                 125

Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
    130                 135                 140

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ser Gly Phe Trp Phe
145                 150                 155                 160

Asn Ala Thr Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Ser
                165                 170                 175

Leu Pro Ile Phe Pro Leu Gly Ala Phe Ala Val Glu Lys Leu Ala Phe
            180                 185                 190

Asn Asn Leu Ile Ser Asp Pro Ala Thr Thr Cys Phe His Ile Leu Phe
        195                 200                 205

Thr Thr Phe Glu Ile Val Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu Lys Cys Asp
    210                 215                 220

Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe Ile Ala Cys Ile Val
225                 230                 235                 240

Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn His Asp Ile Arg Lys
                245                 250                 255

Leu Ile Thr Ser Gly Lys Lys Val Asp Asn Glu Leu Thr Ala Ala Gly
            260                 265                 270

Ile Asp Asn Leu Gln Ala Pro Thr Leu Gly Ser Leu Thr Tyr Phe Met
        275                 280                 285

Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Pro Tyr
    290                 295                 300

Val Arg Lys Gly Trp Leu Val Arg Gln Val Ile Leu Tyr Leu Ile Phe
305                 310                 315                 320

Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val
                325                 330                 335
```

```
Val Asn Ser Gln His Pro Leu Met Gly Gly Leu Leu Asn Ala Val Glu
            340                 345                 350

Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro Asn Val Tyr Leu Trp Leu Cys Met
        355                 360                 365

Phe Tyr Cys Leu Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Ile Leu
    370                 375                 380

Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr
385                 390                 395                 400

Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Ile
                405                 410                 415

Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Met Arg Asn Gly Ile Ser Lys Glu
            420                 425                 430

Val Ala Val Phe Ile Ser Phe Phe Val Ser Ala Val Leu His Glu Leu
        435                 440                 445

Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile Leu Lys Phe Trp Ala Phe Leu Gly
    450                 455                 460

Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile Ile Leu Thr Ser Tyr Leu Lys Asn
465                 470                 475                 480

Lys Phe Ser Asp Thr Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe
                485                 490                 495

Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val
            500                 505                 510

Met Asn Arg Thr Glu Lys Ala Lys Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His
        515                 520                 525

Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser
    530                 535                 540

Thr Arg Thr Gly His His His His His His
545                 550
```

<210> 95
<211> 1812
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> T. majus

<400> 95

```
ggatccacaa gtttgtacaa aaaagcaggc ttctagattt ctagttttct ccatataaaa      60
aaaatattct ctgagcttct cgattctcta aaaagacaag gccaaaaaaa acaccatggc     120
tgttgctgaa tcttctcaga acaccactac tatgtctgga cacggtgatt ctgacctcaa     180
cgtaaaagaa gatgtttttt atttccagca atgttacatt gttatacgta taatgatgag     240
tttagtgatc aagttcctct ttgattcttc tttcttgttg cagaacttca gacgtagaaa     300
gccttctagc tctgttatcg agccttcttc ttctggattc acctctacta acggtgttcc     360
tgctactgga catgttgctg agaacagaga tcaggataga gttggagcta tggaaaacgc     420
taccggatct gttaacctta tcggaaacgg tggaggtgtt gttatcggta acgaggaaaa     480
gcaagttgga gagactgata tcagattcac ctacagacca tctttcccag ctcacagaag     540
agttagggag tctccactct cgagtgatgc tatcttcaag cagtctcacg ctggactttt     600
caacctctgc atcgttgttc ttatcgctgt taatagcaga cttatcatcg agaacctcat     660
gaagtacgga tggcttatcg atactggatt ctggttctct tctcgttctc ttggtgactg     720
gtctatcttc atgtgctgtc ttactctccc tatcttccct cttgctgctt tcatcgttga     780
gaagcttgtt cagaggaacc atatcgctga gcttgttgct gttcttctcc acgttatcgt     840
ttctactgct gctgttctct accctgttat cgttatcctt acctgcgatt ctgtttacat     900
gtctggtgtt gtgcttatgc ttttcggatg catcatgtgg cttaagctcg tttcttacgc     960
tcacacctct tcagatatca gaaccctcgc taagtctgga tacaaaggtg atgctcaccc    1020
taactctact atcgtgtctt gctcttacga tgtgtctctt aagtctctcg cttacttcat    1080
ggttgctcct acccttttgtt accaaccttc ttaccctaga tctagctgca tcagaaaggg    1140
atgggttgtg agacaattcg ttaagctcat cgtgttcatc ggacttatgg gattcatcat    1200
cgagcagtac atcaacccta tcgtgagaaa ctctaagcac cctctcaagg gagatttcct    1260
ttacgctatc gagagagtgc ttaagctttc tgtgcctaac ctttacgttt ggctctgcat    1320
gttctactca ttcttccacc tttggcttaa catccttgct gagttgctta gattcggaga    1380
cagagagttc tacaaggatt ggtggaacgc taagactgtt gctgagtact ggaagatgtg    1440
gaacatgcct gttcatagat ggatggttag gcacctttac ttcccttgtc tcagaaacgg    1500
aatccctaaa gagggtgcta tcatcattgc tttcttggtg tctggtgctt tccatgagtt    1560
gtgtatcgct gttccttgtc acgttttcaa gctctgggct ttcatcggaa tcatgttcca    1620
agttcctctc gttcttatca ctaactacct ccaagagaag ttctctaaca gcatggtggg    1680
aaacatgatt ttctggttca ttttctgcat ccttggacag cctatgtgtg ttcttctcta    1740
ctaccacgat ctcatcaacc tcaaagagaa gtgaaggtac cacccagctt tcttgtacaa    1800
agtggtgagc tc                                                       1812
```

<210> 96
<211> 1740
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-S

<400> 96

gaattcacaa gtttgtacaa aaaagcaggc ttctagattt ctagttttct ccatataaaa 60

aaaatattct ctgagcttct cgattctcta aaaagacaag gccaaaaaaa acaccatggc 120

tcctccacct tctatgcctg ctgcttctga tagagctgga cctggaagag atgctggcga 180

ttctgtaaaa gaagatgttt tttatttcca gcaatgttac attgttatac gtataatgat 240

gagtttagtg atcaagttcc tctttgattc ttctttcttg ttgcagtcat ctctcagact 300

tagaagggct ccatctgctg acgctggtga ccttgctggt gatagctctg gtggacttag 360

agaaaacggt gagcctcaat ctcctactaa ccctccacct caagagcaac aacagcacga 420

gatgctttac tacagagctt ctgctcctgc tcatagaaga gtgaaagaat ctccactctc 480

gagtgatgct atcttcagac agtctcatgc tggacttctc aacctctgca tcgttgttct 540

tatcgctgtg aacagcagac ttatcatcga gaacctcatg aagtacggac ttctcatcag 600

agctggattc tggttctctg ctagatctct tggagattgg cctcttctta tgtgctgtct 660

taccttcct gttttccctc ttgttgctct tatggccgag aagcttatca ctagaaagct 720

catcggagag catgttgtta tccttctcca catcatcatc actacctctg ctatcgttta 780

ccctgttgtt gttaccctta agtgcgattc tgctgttctt tctggattcg tgcttatgtt 840

cctcgcttct atcatgtgga tgaagctcgt ttcttacgct cacaccaact acgatatcag 900

agtgctctct aagtctactg agaagggtgc tgcttacgga aactatgtgg accctgagaa 960

catgaaggat cctaccttca agtctctcgt gtacttcatg cttgctccta ccctttgtta 1020

ccaacctact taccctcaga ctacctgtat cagaaaggga tgggttaccc aacaactcat 1080

caagtgcgtt gtgttcactg gacttatggg attcatcatc gagcagtaca tcaaccctat 1140

cgtgaagaac tctaagcacc ctcttaaggg aaacttcctc aacgctatcg agagagttct 1200

caagctttct gttcctactc tttacgtttg gctctgcatg ttctactgtt tcttccacct 1260

ttggctcaac atcgttgctg agcttctctg tttcggagat cgtgagttct acaaggattg 1320

gtggaacgct aagactgttg aggaatactg gcgtatgtgg aacatgcctg ttcataagtg 1380

gatcatcagg cacatctact tcccttgcat caggaaggga ttctctaggg gagttgctat 1440

ccttatctct ttcctcgttt ctgctgtttt ccatgagatc tgtatcgctg ttccttgtca 1500

catcttcaag ttctgggctt tctctggtat catgttccag atccctcttg ttttccttac 1560

cagatacctt cacgctactt tcaagcacgt tatggtggga aacatgattt tctggttctt 1620

tttcagcatc gttggacagc ctatgtgtgt tcttctctac taccacgatg ttatgaacag 1680

acaagctcag gcttctaggt gaaggtacca cccagctttc ttgtacaaag tggtgagctc 1740

<210> 97
<211> 1794
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-L

<400> 97

ggatccacaa gtttgtacaa aaaagcaggc ttctagattt ctagttttct ccatataaaa 60

aaaatattct ctgagcttct cgattctcta aaaagacaag gccaaaaaaa acaccatggc 120

tgattctgag gatgctcctc ctgctgttca tagaaggcct ccaagacctg ctagaggtgc 180

tgctgctgct gtaaaagaag atgtttttta tttccagcaa tgttacattg ttatacgtat 240

aatgatgagt ttagtgatca agttcctctt tgattcttct ttcttgttgc agcaaggatt 300

cgctgctgct cttagaagaa ggcttagaag cggagctgct gttgctgcta gagcttcttt 360

cgctgctgat tctggtgatg agtctggacc tggtgagcct tcttcatcta ggcgtagaga 420

taactctggt ggagcttctt ctgctgctgg tggtagagct ggtgctggtg atttctctgc 480

tttcaccttc agagctgctg ctcctgttca cagaaaggct aaagaatctc cactctcgag 540

tgatgctatc ttcaagcagt ctcacgctgg acttttcaac ctctgcatcg ttgttcttgt 600

tgctgtgaac agcagactca tcatcgagaa cctcatgaag tacggacttc tcatcagatc 660

tggattctgg ttcaacgcta cctctcttag agattggcct cttcttatgt gctgtctctc 720

tcttccaatc ttccctcttg gtgctttcgc tgttgagaag cttgctttca acaacctcat 780

ctctgatcct gctactactt gcttccacat ccttttcact accttcgaga tcgtttaccc 840

tgttctcgtt atccttaaat gcgattctgc tgttctttct ggattcgtgc tcatgttcat 900

tgcttgcatc gtttggctta agctcgtttc tttcgctcac actaaccacg atatcagaaa 960

gctcatcacc tctggaaaga aggttgacaa cgagcttact gctgctggaa tcgataacct 1020

tcaggctcct actcttggat ctctcaccta cttcatgatg gctcctaccc tttgttacca 1080

accttcttac cctagaaccc cttacgttag aaagggatgg cttgttagac aggttatcct 1140

ctaccttatc ttcactggac ttcagggatt catcatcgag cagtacatca accctatcgt 1200

tgttaactct cagcatcctc ttatgggagg acttcttaac gctgttgaga ctgtgcttaa 1260

gctttctctc cctaacgttt acctttggct ctgtatgttc tactgccttt tccacctttg 1320

gcttaacatc cttgctgaga tccttagatt cggagacaga gagttctaca aggattggtg 1380

gaacgctaag actatcgatg agtactggcg taagtggaac atgcctgttc ataagtggat 1440

cgtgaggcat atctacttcc cttgcatgag aaacggaatc tctaaagagg ttgccgtttt 1500

catctctttc ttcgtgtctg ctgttctcca tgagctttgt gttgctgttc cttgccacat 1560

ccttaagttc tgggctttcc ttggaatcat gcttcagatc cctcttatca tccttaccag 1620

ctacctcaag aacaagttct ctgataccat ggtgggaaac atgattttct ggttcttttt 1680

ctgcatctac ggacaaccta tgtgtgttct tctctactac cacgatgtta tgaacagaac 1740

cgagaaggcc aagtgaaggt accacccagc tttcttgtac aaagtggtga gctc 1794

<210> 98
<211> 518
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> T. majus

<400> 98

```
Met Ala Val Ala Glu Ser Ser Gln Asn Thr Thr Thr Met Ser Gly His
1               5                  10                  15

Gly Asp Ser Asp Leu Asn Asn Phe Arg Arg Arg Lys Pro Ser Ser Ser
            20                  25                  30

Val Ile Glu Pro Ser Ser Ser Gly Phe Thr Ser Thr Asn Gly Val Pro
        35                  40                  45

Ala Thr Gly His Val Ala Glu Asn Arg Asp Gln Asp Arg Val Gly Ala
    50                  55                  60

Met Glu Asn Ala Thr Gly Ser Val Asn Leu Ile Gly Asn Gly Gly Gly
65                  70                  75                  80

Val Val Ile Gly Asn Glu Glu Lys Gln Val Gly Glu Thr Asp Ile Arg
                85                  90                  95

Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Ala His Arg Arg Val Arg Glu Ser
            100                 105                 110

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe
        115                 120                 125

Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
    130                 135                 140

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Asp Thr Gly Phe Trp Phe
145                 150                 155                 160
```

```
Ser Ser Arg Ser Leu Gly Asp Trp Ser Ile Phe Met Cys Cys Leu Thr
                165                 170                 175

Leu Pro Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe Ile Val Glu Lys Leu Val Gln
            180                 185                 190

Arg Asn His Ile Ala Glu Leu Val Ala Val Leu Leu His Val Ile Val
        195                 200                 205

Ser Thr Ala Ala Val Leu Tyr Pro Val Ile Val Ile Leu Thr Cys Asp
    210                 215                 220

Ser Val Tyr Met Ser Gly Val Val Leu Met Leu Phe Gly Cys Ile Met
225                 230                 235                 240

Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Ser Ser Asp Ile Arg Thr
                245                 250                 255

Leu Ala Lys Ser Gly Tyr Lys Gly Asp Ala His Pro Asn Ser Thr Ile
            260                 265                 270

Val Ser Cys Ser Tyr Asp Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met
        275                 280                 285

Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Ser Cys
    290                 295                 300

Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Phe Val Lys Leu Ile Val Phe
305                 310                 315                 320

Ile Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val
                325                 330                 335

Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Phe Leu Tyr Ala Ile Glu
            340                 345                 350

Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met
        355                 360                 365

Phe Tyr Ser Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu
    370                 375                 380

Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr
385                 390                 395                 400

Val Ala Glu Tyr Trp Lys Met Trp Asn Met Pro Val His Arg Trp Met
                405                 410                 415
```

```
Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn Gly Ile Pro Lys Glu
            420                 425                 430

Gly Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Gly Ala Phe His Glu Leu
        435                 440                 445

Cys Ile Ala Val Pro Cys His Val Phe Lys Leu Trp Ala Phe Ile Gly
    450                 455                 460

Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Leu Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Glu
465                 470                 475                 480

Lys Phe Ser Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe
                485                 490                 495

Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu
            500                 505                 510

Ile Asn Leu Lys Glu Lys
        515
```

<210> 99
<211> 494
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-S

<400> 99

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Met Pro Ala Ala Ser Asp Arg Ala Gly Pro
1               5                   10                  15

Gly Arg Asp Ala Gly Asp Ser Ser Ser Leu Arg Leu Arg Arg Ala Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ala Gly Asp Ser Ser Gly Gly Leu Arg
        35                  40                  45

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

Gln Gln His Glu Met Leu Tyr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg
65                  70                  75                  80

Arg Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser
                85                  90                  95
```

```
His Ala Gly Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn
            100                 105                 110

Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg
        115                 120                 125

Ala Gly Phe Trp Phe Ser Ala Arg Ser Leu Gly Asp Trp Pro Leu Leu
    130                 135                 140

Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Val Phe Pro Leu Val Ala Leu Met Ala
145                 150                 155                 160

Glu Lys Leu Ile Thr Arg Lys Leu Ile Gly Glu His Val Val Ile Leu
                165                 170                 175

Leu His Ile Ile Ile Thr Thr Ser Ala Ile Val Tyr Pro Val Val Val
            180                 185                 190

Thr Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe
        195                 200                 205

Leu Ala Ser Ile Met Trp Met Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn
    210                 215                 220

Tyr Asp Ile Arg Val Leu Ser Lys Ser Thr Glu Lys Gly Ala Ala Tyr
225                 230                 235                 240

Gly Asn Tyr Val Asp Pro Glu Asn Met Lys Asp Pro Thr Phe Lys Ser
                245                 250                 255

Leu Val Tyr Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Thr Tyr
            260                 265                 270

Pro Gln Thr Thr Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Thr Gln Gln Leu Ile
        275                 280                 285

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

Ile Asn Pro Ile Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe
305                 310                 315                 320

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

Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile
            340                 345                 350
```

```
Val Ala Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp
        355                 360                 365

Trp Asn Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro
    370                 375                 380

Val His Lys Trp Ile Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Lys
385                 390                 395                 400

Gly Phe Ser Arg Gly Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala
                405                 410                 415

Val Phe His Glu Ile Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe
            420                 425                 430

Trp Ala Phe Ser Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr
        435                 440                 445

Arg Tyr Leu His Ala Thr Phe Lys His Val Met Val Gly Asn Met Ile
    450                 455                 460

Phe Trp Phe Phe Phe Ser Ile Val Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu
465                 470                 475                 480

Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Gln Ala Gln Ala Ser Arg
                485                 490
```

<210> 100
<211> 512
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-L

<400> 100

```
Met Ala Asp Ser Glu Asp Ala Pro Pro Ala Val His Arg Arg Pro Pro
1               5                   10                  15

Arg Pro Ala Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Leu Arg Ser Gly Ala Ala Val Ala Ala Arg Ala Ser Phe
        35                  40                  45

Ala Ala Asp Ser Gly Asp Glu Ser Gly Pro Gly Glu Pro Ser Ser Ser
    50                  55                  60
```

```
Arg Arg Arg Asp Asn Ser Gly Gly Ala Ser Ser Ala Ala Gly Gly Arg
65                  70                  75                  80

Ala Gly Ala Gly Asp Phe Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro
                85                  90                  95

Val His Arg Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
            100                 105                 110

Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val
        115                 120                 125

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

Leu Ile Arg Ser Gly Phe Trp Phe Asn Ala Thr Ser Leu Arg Asp Trp
145                 150                 155                 160

Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Ser Leu Pro Ile Phe Pro Leu Gly Ala
                165                 170                 175

Phe Ala Val Glu Lys Leu Ala Phe Asn Asn Leu Ile Ser Asp Pro Ala
            180                 185                 190

Thr Thr Cys Phe His Ile Leu Phe Thr Thr Phe Glu Ile Val Tyr Pro
        195                 200                 205

Val Leu Val Ile Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val
    210                 215                 220

Leu Met Phe Ile Ala Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala
225                 230                 235                 240

His Thr Asn His Asp Ile Arg Lys Leu Ile Thr Ser Gly Lys Lys Val
                245                 250                 255

Asp Asn Glu Leu Thr Ala Ala Gly Ile Asp Asn Leu Gln Ala Pro Thr
            260                 265                 270

Leu Gly Ser Leu Thr Tyr Phe Met Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
        275                 280                 285

Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Pro Tyr Val Arg Lys Gly Trp Leu Val Arg
    290                 295                 300

Gln Val Ile Leu Tyr Leu Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile
305                 310                 315                 320
```

```
Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Val Asn Ser Gln His Pro Leu Met
                325                 330                 335

Gly Gly Leu Leu Asn Ala Val Glu Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro
            340                 345                 350

Asn Val Tyr Leu Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Leu Phe His Leu Trp
        355                 360                 365

Leu Asn Ile Leu Ala Glu Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
    370                 375                 380

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp
385                 390                 395                 400

Asn Met Pro Val His Lys Trp Ile Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys
                405                 410                 415

Met Arg Asn Gly Ile Ser Lys Glu Val Ala Val Phe Ile Ser Phe Phe
            420                 425                 430

Val Ser Ala Val Leu His Glu Leu Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile
        435                 440                 445

Leu Lys Phe Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile
    450                 455                 460

Ile Leu Thr Ser Tyr Leu Lys Asn Lys Phe Ser Asp Thr Met Val Gly
465                 470                 475                 480

Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys
                485                 490                 495

Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Thr Glu Lys Ala Lys
            500                 505                 510
```

<210> 101
<211> 521
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> T. majus

<400> 101

```
Met Ala Val Ala Glu Ser Ser Gln Asn Thr Thr Thr Met Ser Gly His
1               5                  10                  15
```

```
Gly Asp Ser Asp Leu Asn Asn Phe Arg Arg Arg Lys Pro Ser Ser Ser
            20                  25                  30

Val Ile Glu Pro Ser Ser Ser Gly Phe Thr Ser Thr Asn Gly Val Pro
        35                  40                  45

Ala Thr Gly His Val Ala Glu Asn Arg Asp Gln Asp Arg Val Gly Ala
    50                  55                  60

Met Glu Asn Ala Thr Gly Ser Val Asn Leu Ile Gly Asn Gly Gly Gly
65                  70                  75                  80

Val Val Ile Gly Asn Glu Glu Lys Gln Val Gly Glu Thr Asp Ile Arg
                85                  90                  95

Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Ala His Arg Arg Val Arg Glu Ser
            100                 105                 110

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly Leu Leu
        115                 120                 125

Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
    130                 135                 140

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly Phe Trp Phe
145                 150                 155                 160

Ser Ala Arg Ser Leu Gly Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Thr
                165                 170                 175

Leu Pro Val Phe Pro Leu Val Ala Leu Met Ala Glu Lys Leu Ile Thr
            180                 185                 190

Arg Lys Leu Ile Gly Glu His Val Val Ile Leu Leu His Ile Ile Ile
        195                 200                 205

Thr Thr Ser Ala Ile Val Tyr Pro Val Val Val Thr Leu Lys Cys Asp
    210                 215                 220

Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe Leu Ala Ser Ile Met
225                 230                 235                 240

Trp Met Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Tyr Asp Ile Arg Val
                245                 250                 255

Leu Ser Lys Ser Thr Glu Lys Gly Ala Ala Tyr Gly Asn Tyr Val Asp
            260                 265                 270
```

```
Pro Glu Asn Met Lys Asp Pro Thr Phe Lys Ser Leu Val Tyr Phe Met
        275                 280                 285

Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Thr Tyr Pro Gln Thr Thr Cys
    290                 295                 300

Ile Arg Lys Gly Trp Val Thr Gln Gln Leu Ile Lys Cys Val Val Phe
305                 310                 315                 320

Thr Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val
                325                 330                 335

Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe Leu Asn Ala Ile Glu
            340                 345                 350

Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Thr Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met
        355                 360                 365

Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Val Ala Glu Leu Leu
    370                 375                 380

Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr
385                 390                 395                 400

Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Ile
                405                 410                 415

Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Lys Gly Phe Ser Arg Gly
            420                 425                 430

Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu Ile
        435                 440                 445

Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe Trp Ala Phe Ser Gly
    450                 455                 460

Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr Arg Tyr Leu His Ala
465                 470                 475                 480

Thr Phe Lys His Val Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe
                485                 490                 495

Ser Ile Val Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val
            500                 505                 510

Met Asn Arg Gln Ala Gln Ala Ser Arg
```

515 520

<210> 102
<211> 520
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> T. majus

<400> 102

```
Met Ala Val Ala Glu Ser Ser Gln Asn Thr Thr Thr Met Ser Gly His
1               5                  10                  15

Gly Asp Ser Asp Leu Asn Asn Phe Arg Arg Arg Lys Pro Ser Ser Ser
            20                  25                  30

Val Ile Glu Pro Ser Ser Ser Gly Phe Thr Ser Thr Asn Gly Val Pro
        35                  40                  45

Ala Thr Gly His Val Ala Glu Asn Arg Asp Gln Asp Arg Val Gly Ala
    50                  55                  60

Met Glu Asn Ala Thr Gly Ser Val Asn Leu Ile Gly Asn Gly Gly Gly
65                  70                  75                  80

Val Val Ile Gly Asn Glu Glu Lys Gln Val Gly Glu Thr Asp Ile Arg
                85                  90                  95

Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Ala His Arg Arg Val Arg Glu Ser
            100                 105                 110

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe
        115                 120                 125

Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
    130                 135                 140

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ser Gly Phe Trp Phe
145                 150                 155                 160

Asn Ala Thr Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Ser
                165                 170                 175

Leu Pro Ile Phe Pro Leu Gly Ala Phe Ala Val Glu Lys Leu Ala Phe
            180                 185                 190

Asn Asn Leu Ile Ser Asp Pro Ala Thr Thr Cys Phe His Ile Leu Phe
        195                 200                 205
```

```
Thr Thr Phe Glu Ile Val Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu Lys Cys Asp
    210                 215                 220

Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe Ile Ala Cys Ile Val
225                 230                 235                 240

Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn His Asp Ile Arg Lys
                245                 250                 255

Leu Ile Thr Ser Gly Lys Lys Val Asp Asn Glu Leu Thr Ala Ala Gly
            260                 265                 270

Ile Asp Asn Leu Gln Ala Pro Thr Leu Gly Ser Leu Thr Tyr Phe Met
        275                 280                 285

Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Pro Tyr
    290                 295                 300

Val Arg Lys Gly Trp Leu Val Arg Gln Val Ile Leu Tyr Leu Ile Phe
305                 310                 315                 320

Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val
                325                 330                 335

Val Asn Ser Gln His Pro Leu Met Gly Gly Leu Leu Asn Ala Val Glu
            340                 345                 350

Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro Asn Val Tyr Leu Trp Leu Cys Met
        355                 360                 365

Phe Tyr Cys Leu Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Ile Leu
    370                 375                 380

Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr
385                 390                 395                 400

Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Ile
                405                 410                 415

Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Met Arg Asn Gly Ile Ser Lys Glu
            420                 425                 430

Val Ala Val Phe Ile Ser Phe Phe Val Ser Ala Val Leu His Glu Leu
        435                 440                 445

Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile Leu Lys Phe Trp Ala Phe Leu Gly
```

```
     450                 455                 460

Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile Ile Leu Thr Ser Tyr Leu Lys Asn
465                 470                 475                 480

Lys Phe Ser Asp Thr Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe
                485                 490                 495

Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val
            500                 505                 510

Met Asn Arg Thr Glu Lys Ala Lys
        515                 520
```

<210> 103
<211> 491
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-S

<400> 103

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Met Pro Ala Ala Ser Asp Arg Ala Gly Pro
1               5                   10                  15

Gly Arg Asp Ala Gly Asp Ser Ser Ser Leu Arg Leu Arg Arg Ala Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ala Gly Asp Ser Ser Gly Gly Leu Arg
        35                  40                  45

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

Gln Gln His Glu Met Leu Tyr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg
65                  70                  75                  80

Arg Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser
                85                  90                  95

His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn
            100                 105                 110

Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Asp
        115                 120                 125

Thr Gly Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Gly Asp Trp Ser Ile Phe
    130                 135                 140
```

```
Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe Ile Val
145                 150                 155                 160

Glu Lys Leu Val Gln Arg Asn His Ile Ala Glu Leu Val Ala Val Leu
                165                 170                 175

Leu His Val Ile Val Ser Thr Ala Ala Val Leu Tyr Pro Val Ile Val
            180                 185                 190

Ile Leu Thr Cys Asp Ser Val Tyr Met Ser Gly Val Val Leu Met Leu
        195                 200                 205

Phe Gly Cys Ile Met Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Ser
    210                 215                 220

Ser Asp Ile Arg Thr Leu Ala Lys Ser Gly Tyr Lys Gly Asp Ala His
225                 230                 235                 240

Pro Asn Ser Thr Ile Val Ser Cys Ser Tyr Asp Val Ser Leu Lys Ser
                245                 250                 255

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

Pro Arg Ser Ser Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Phe Val
        275                 280                 285

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

Ile Asn Pro Ile Val Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Phe
305                 310                 315                 320

Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr
                325                 330                 335

Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Ser Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile
            340                 345                 350

Leu Ala Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp
        355                 360                 365

Trp Asn Ala Lys Thr Val Ala Glu Tyr Trp Lys Met Trp Asn Met Pro
    370                 375                 380

Val His Arg Trp Met Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn
```

```
385                 390                 395                 400

Gly Ile Pro Lys Glu Gly Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Gly
                405                 410                 415

Ala Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Val Phe Lys Leu
            420                 425                 430

Trp Ala Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Leu Ile Thr
        435                 440                 445

Asn Tyr Leu Gln Glu Lys Phe Ser Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile
    450                 455                 460

Phe Trp Phe Ile Phe Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu
465                 470                 475                 480

Tyr Tyr His Asp Leu Ile Asn Leu Lys Glu Lys
                485                 490
```

<210> 104
<211> 510
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Z. mays-L

<400> 104

```
Met Ala Asp Ser Glu Asp Ala Pro Pro Ala Val His Arg Arg Pro Pro
1               5                  10                  15

Arg Pro Ala Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Leu Arg Ser Gly Ala Ala Val Ala Ala Arg Ala Ser Phe
        35                  40                  45

Ala Ala Asp Ser Gly Asp Glu Ser Gly Pro Gly Glu Pro Ser Ser Ser
    50                  55                  60

Arg Arg Arg Asp Asn Ser Gly Gly Ala Ser Ser Ala Ala Gly Gly Arg
65                  70                  75                  80

Ala Gly Ala Gly Asp Phe Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro
                85                  90                  95

Val His Arg Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
            100                 105                 110
```

```
Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile
        115                 120                 125

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

Leu Ile Asp Thr Gly Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Gly Asp Trp
145                 150                 155                 160

Ser Ile Phe Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Ile Phe Pro Leu Ala Ala
                165                 170                 175

Phe Ile Val Glu Lys Leu Val Gln Arg Asn His Ile Ala Glu Leu Val
            180                 185                 190

Ala Val Leu Leu His Val Ile Val Ser Thr Ala Ala Val Leu Tyr Pro
        195                 200                 205

Val Ile Val Ile Leu Thr Cys Asp Ser Val Tyr Met Ser Gly Val Val
    210                 215                 220

Leu Met Leu Phe Gly Cys Ile Met Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala
225                 230                 235                 240

His Thr Ser Ser Asp Ile Arg Thr Leu Ala Lys Ser Gly Tyr Lys Gly
                245                 250                 255

Asp Ala His Pro Asn Ser Thr Ile Val Ser Cys Ser Tyr Asp Val Ser
            260                 265                 270

Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
        275                 280                 285

Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Ser Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg
    290                 295                 300

Gln Phe Val Lys Leu Ile Val Phe Ile Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile
305                 310                 315                 320

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys
                325                 330                 335

Gly Asp Phe Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro
            340                 345                 350

Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Ser Phe Phe His Leu Trp
```

```
          355                 360                 365

Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
    370                 375                 380

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Val Ala Glu Tyr Trp Lys Met Trp
385                 390                 395                 400

Asn Met Pro Val His Arg Trp Met Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys
                405                 410                 415

Leu Arg Asn Gly Ile Pro Lys Glu Gly Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu
            420                 425                 430

Val Ser Gly Ala Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Val
        435                 440                 445

Phe Lys Leu Trp Ala Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val
    450                 455                 460

Leu Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Glu Lys Phe Ser Asn Ser Met Val Gly
465                 470                 475                 480

Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys
                485                 490                 495

Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Ile Asn Leu Lys Glu Lys
            500                 505                 510
```

<210> 105
<211> 102
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 105

```
gtaaaagaag atgtttttta tttccagcaa tgttacattg ttatacgtat aatgatgagt       60

ttagtgatca agttcctctt tgattcttct ttcttgttgc ag                         102
```

<210> 106
<211> 1761
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 106

atggctgttg ctgaatcttc tcagaacacc actactatgt ctggacacgg tgattctgac 60

ctcaacgtaa aagaagatgt tttttatttc cagcaatgtt acattgttat acgtataatg 120

atgagtttag tgatcaagtt cctctttgat tcttctttct tgttgcagaa cttcagacgt 180

agaaagcctt ctagctctgt tatcgagcct tcttcttctg gattcacctc tactaacggt 240

gttcctgcta ctggacatgt tgctgagaac agagatcagg atagagttgg agctatggaa 300

aacgctaccg gatctgttaa ccttatcgga aacggtggag gtgttgttat cggtaacgag 360

gaaaagcaag ttggagagac tgatatcaga ttcacctaca gaccatcttt cccagctcac 420

agaagagtta gggagtctcc actctcgagt gatgctatct tcaagcagtc tcacgctgga 480

cttttcaacc tctgcatcgt tgttcttatc gctgttaata gcagacttat catcgagaac 540

ctcatgaagt acggatggct tatcgatact ggattctggt tctcttctcg ttctcttggt 600

gactggtcta tcttcatgtg ctgtcttact ctccctatct tccctcttgc tgctttcatc 660

gttgagaagc ttgttcagag gaaccatatc gctgagcttg ttgctgttct tctccacgtt 720

atcgtttcta ctgctgctgt tctctaccct gttatcgtta tccttacctg cgattctgtt 780

tacatgtctg gtgttgtgct tatgcttttc ggatgcatca tgtggcttaa gctcgtttct 840

tacgctcaca cctcttcaga tatcagaacc ctcgctaagt ctggatacaa aggtgatgct 900

caccctaact ctactatcgt gtcttgctct tacgatgtgt ctcttaagtc tctcgcttac 960

ttcatggttg ctcctaccct ttgttaccaa ccttcttacc ctagatctag ctgcatcaga 1020

aagggatggg ttgtgagaca attcgttaag ctcatcgtgt tcatcggact tatgggattc 1080

atcatcgagc agtacatcaa ccctatcgtg agaaactcta agcaccctct caagggagat 1140

ttcctttacg ctatcgagag agtgcttaag ctttctgtgc ctaaccttta cgtttggctc 1200

tgcatgttct actcattctt ccacctttgg cttaacatcc ttgctgagtt gcttagattc 1260

ggagacagag agttctacaa ggattggtgg aacgctaaga ctgttgctga gtactggaag 1320

atgtggaaca tgcctgttca tagatggatg gttaggcacc tttacttccc ttgtctcaga 1380

aacggaatcc ctaaagaggg tgctatcatc attgctttct tggtgtctgg tgctttccat 1440

gagttgtgta tcgctgttcc ttgtcacgtt ttcaagctct gggctttcat cggaatcatg 1500

ttccaagttc ctctcgttct tatcactaac tacctccaag agaagttctc taacagcatg 1560

gtgggaaaca tgattttctg gttcattttc tgcatccttg gacagcctat gtgtgttctt 1620

ctctactacc acgatctcat caacctcaaa gagaaggcta agggtgagct tagaggtcat 1680

cctttcgagg gtaagcctat ccctaaccct cttctcggtc tcgattctac tagaactggt 1740

catcatcatc accatcactg a 1761

<210> 107
<211> 1659
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 107

atggctgttg ctgaatcttc tcagaacacc actactatgt ctggacacgg tgattctgac 60

ctcaacaact tcagacgtag aaagccttct agctctgtta tcgagccttc ttcttctgga 120

ttcacctcta ctaacggtgt tcctgctact ggacatgttg ctgagaacag agatcaggat 180

agagttggag ctatggaaaa cgctaccgga tctgttaacc ttatcggaaa cggtggaggt 240

gttgttatcg gtaacgagga aaagcaagtt ggagagactg atatcagatt cacctacaga 300

ccatctttcc cagctcacag aagagttagg gagtctccac tctcgagtga tgctatcttc 360

aagcagtctc acgctggact tttcaacctc tgcatcgttg ttcttatcgc tgttaatagc 420

agacttatca tcgagaacct catgaagtac ggatggctta tcgatactgg attctggttc 480

tcttctcgtt ctcttggtga ctggtctatc ttcatgtgct gtcttactct ccctatcttc 540

cctcttgctg ctttcatcgt tgagaagctt gttcagagga accatatcgc tgagcttgtt 600

gctgttcttc tccacgttat cgtttctact gctgctgttc tctaccctgt tatcgttatc 660

cttacctgcg attctgttta catgtctggt gttgtgctta tgcttttcgg atgcatcatg 720

tggcttaagc tcgtttctta cgctcacacc tcttcagata tcagaaccct cgctaagtct 780

ggatacaaag gtgatgctca ccctaactct actatcgtgt cttgctctta cgatgtgtct 840

cttaagtctc tcgcttactt catggttgct cctacccttt gttaccaacc ttcttaccct 900

agatctagct gcatcagaaa gggatgggtt gtgagacaat tcgttaagct catcgtgttc 960

atcggactta tgggattcat catcgagcag tacatcaacc ctatcgtgag aaactctaag 1020

caccctctca agggagattt cctttacgct atcgagagag tgcttaagct ttctgtgcct 1080

aacctttacg tttggctctg catgttctac tcattcttcc acctttggct taacatcctt 1140

gctgagttgc ttagattcgg agacagagag ttctacaagg attggtggaa cgctaagact 1200

gttgctgagt actggaagat gtggaacatg cctgttcata gatggatggt taggcacctt 1260

tacttccctt gtctcagaaa cggaatccct aaagagggtg ctatcatcat tgctttcttg 1320

gtgtctggtg ctttccatga gttgtgtatc gctgttcctt gtcacgtttt caagctctgg 1380

gctttcatcg gaatcatgtt ccaagttcct ctcgttctta tcactaacta cctccaagag 1440

aagttctcta acagcatggt gggaaacatg attttctggt tcattttctg catccttgga 1500

cagcctatgt gtgttcttct ctactaccac gatctcatca acctcaaaga gaaggctaag 1560

ggtgagctta gaggtcatcc tttcgagggt aagcctatcc ctaaccctct tctcggtctc 1620

gattctacta gaactggtca tcatcatcac catcactga 1659

<210> 108
<211> 552
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 108

```
Met Ala Val Ala Glu Ser Ser Gln Asn Thr Thr Thr Met Ser Gly His
1               5                  10                  15

Gly Asp Ser Asp Leu Asn Asn Phe Arg Arg Arg Lys Pro Ser Ser Ser
            20                  25                  30

Val Ile Glu Pro Ser Ser Ser Gly Phe Thr Ser Thr Asn Gly Val Pro
        35                  40                  45

Ala Thr Gly His Val Ala Glu Asn Arg Asp Gln Asp Arg Val Gly Ala
    50                  55                  60

Met Glu Asn Ala Thr Gly Ser Val Asn Leu Ile Gly Asn Gly Gly Gly
65                  70                  75                  80

Val Val Ile Gly Asn Glu Glu Lys Gln Val Gly Glu Thr Asp Ile Arg
                85                  90                  95

Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Ala His Arg Arg Val Arg Glu Ser
            100                 105                 110

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe
        115                 120                 125

Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
    130                 135                 140

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Asp Thr Gly Phe Trp Phe
145                 150                 155                 160

Ser Ser Arg Ser Leu Gly Asp Trp Ser Ile Phe Met Cys Cys Leu Thr
                165                 170                 175

Leu Pro Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe Ile Val Glu Lys Leu Val Gln
            180                 185                 190

Arg Asn His Ile Ala Glu Leu Val Ala Val Leu Leu His Val Ile Val
        195                 200                 205

Ser Thr Ala Ala Val Leu Tyr Pro Val Ile Val Ile Leu Thr Cys Asp
    210                 215                 220
```

```
Ser Val Tyr Met Ser Gly Val Val Leu Met Leu Phe Gly Cys Ile Met
225                 230                 235                 240

Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Ser Ser Asp Ile Arg Thr
                245                 250                 255

Leu Ala Lys Ser Gly Tyr Lys Gly Asp Ala His Pro Asn Ser Thr Ile
            260                 265                 270

Val Ser Cys Ser Tyr Asp Val Ser Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met
        275                 280                 285

Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Ser Cys
    290                 295                 300

Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Phe Val Lys Leu Ile Val Phe
305                 310                 315                 320

Ile Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val
                325                 330                 335

Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Phe Leu Tyr Ala Ile Glu
            340                 345                 350

Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met
        355                 360                 365

Phe Tyr Ser Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu
    370                 375                 380

Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr
385                 390                 395                 400

Val Ala Glu Tyr Trp Lys Met Trp Asn Met Pro Val His Arg Trp Met
                405                 410                 415

Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn Gly Ile Pro Lys Glu
            420                 425                 430

Gly Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Gly Ala Phe His Glu Leu
        435                 440                 445

Cys Ile Ala Val Pro Cys His Val Phe Lys Leu Trp Ala Phe Ile Gly
    450                 455                 460

Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Leu Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Glu
465                 470                 475                 480
```

```
Lys Phe Ser Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe
                485                 490                 495

Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu
            500                 505                 510

Ile Asn Leu Lys Glu Lys Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe
        515                 520                 525

Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg
    530                 535                 540

Thr Gly His His His His His His
545                 550
```

<210> 109
<211> 1743
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 109

atggctgatt ctgaggatgc tcctcctgct gttcatagaa ggcctccaag acctgctaga 60

ggtgctgctg ctgctgtaaa agaagatgtt ttttatttcc agcaatgtta cattgttata 120

cgtataatga tgagtttagt gatcaagttc ctctttgatt cttctttctt gttgcagcaa 180

ggattcgctg ctgctcttag aagaaggctt agaagcggag ctgctgttgc tgctagagct 240

tctttcgctg ctgattctgg tgatgagtct ggacctggtg agccttcttc atctaggcgt 300

agagataact ctggtggagc ttcttctgct gctggtggta gagctggtgc tggtgatttc 360

tctgctttca ccttcagagc tgctgctcct gttcacagaa aggctaaaga atctccactc 420

tcgagtgatg ctatcttcaa gcagtctcac gctggacttt tcaacctctg catcgttgtt 480

cttgttgctg tgaacagcag actcatcatc gagaacctca tgaagtacgg acttctcatc 540

agatctggat tctggttcaa cgctacctct cttagagatt ggcctcttct tatgtgctgt 600

ctctctcttc caatcttccc tcttggtgct ttcgctgttg agaagcttgc tttcaacaac 660

ctcatctctg atcctgctac tacttgcttc cacatccttt tcactacctt cgagatcgtt 720

taccctgttc tcgttatcct taaatgcgat tctgctgttc tttctggatt cgtgctcatg 780

ttcattgctt gcatcgtttg gcttaagctc gtttctttcg ctcacactaa ccacgatatc 840

agaaagctca tcacctctgg aaagaaggtt gacaacgagc ttactgctgc tggaatcgat 900

aaccttcagg ctcctactct tggatctctc acctacttca tgatggctcc tacccttttgt 960

taccaacctt cttaccctag aacccccttac gttagaaagg gatggcttgt tagacaggtt 1020

atcctctacc ttatcttcac tggacttcag ggattcatca tcgagcagta catcaaccct 1080

atcgttgtta actctcagca tcctcttatg ggaggacttc ttaacgctgt tgagactgtg 1140

cttaagcttt ctctccctaa cgtttacctt tggctctgta tgttctactg ccttttccac 1200

ctttggctta acatccttgc tgagatcctt agattcggag acagagagtt ctacaaggat 1260

tggtggaacg ctaagactat cgatgagtac tggcgtaagt ggaacatgcc tgttcataag 1320

tggatcgtga ggcatatcta cttcccttgc atgagaaacg gaatctctaa agaggttgcc 1380

gttttcatct ctttcttcgt gtctgctgtt ctccatgagc tttgtgttgc tgttccttgc 1440

cacatcctta agttctgggc tttccttgga atcatgcttc agatccctct tatcatcctt 1500

accagctacc tcaagaacaa gttctctgat accatggtgg gaaacatgat tttctggttc 1560

tttttctgca tctacggaca acctatgtgt gttcttctct actaccacga tgttatgaac 1620

agaaccgaga aggccaaggc taagggtgag cttagaggtc atcctttcga gggtaagcct 1680

atccctaacc ctcttctcgg tctcgattct actagaactg gtcatcatca tcaccatcac 1740

tga 1743

<210> 110
<211> 1641
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 110

atggctgatt ctgaggatgc tcctcctgct gttcatagaa ggcctccaag acctgctaga 60

ggtgctgctg ctgctcaagg attcgctgct gctcttagaa gaaggcttag aagcggagct 120

gctgttgctg ctagagcttc tttcgctgct gattctggtg atgagtctgg acctggtgag 180

ccttcttcat ctaggcgtag agataactct ggtggagctt cttctgctgc tggtggtaga 240

gctggtgctg gtgatttctc tgctttcacc ttcagagctg ctgctcctgt tcacagaaag 300

gctaaagaat ctccactctc gagtgatgct atcttcaagc agtctcacgc tggacttttc 360

aacctctgca tcgttgttct tgttgctgtg aacagcagac tcatcatcga gaacctcatg 420

aagtacggac ttctcatcag atctggattc tggttcaacg ctacctctct tagagattgg 480

cctcttctta tgtgctgtct ctctcttcca atcttccctc ttggtgcttt cgctgttgag 540

aagcttgctt tcaacaacct catctctgat cctgctacta cttgcttcca catccttttc 600

actaccttcg agatcgttta ccctgttctc gttatcctta aatgcgattc tgctgttctt 660

tctggattcg tgctcatgtt cattgcttgc atcgtttggc ttaagctcgt ttctttcgct 720

cacactaacc acgatatcag aaagctcatc acctctggaa agaaggttga caacgagctt 780

actgctgctg gaatcgataa ccttcaggct cctactcttg gatctctcac ctacttcatg 840

atggctccta ccctttgtta ccaaccttct taccctagaa ccccttacgt tagaaaggga 900

tggcttgtta gacaggttat cctctacctt atcttcactg gacttcaggg attcatcatc 960

gagcagtaca tcaaccctat cgttgttaac tctcagcatc ctcttatggg aggacttctt 1020

aacgctgttg agactgtgct taagctttct ctccctaacg tttacctttg gctctgtatg 1080

ttctactgcc ttttccacct ttggcttaac atccttgctg agatccttag attcggagac 1140

agagagttct acaaggattg gtggaacgct aagactatcg atgagtactg gcgtaagtgg 1200

aacatgcctg ttcataagtg gatcgtgagg catatctact tcccttgcat gagaaacgga 1260

atctctaaag aggttgccgt tttcatctct ttcttcgtgt ctgctgttct ccatgagctt 1320

tgtgttgctg ttccttgcca catccttaag ttctgggctt tccttggaat catgcttcag 1380

atccctctta tcatccttac cagctacctc aagaacaagt tctctgatac catggtggga 1440

aacatgattt tctggttctt tttctgcatc tacggacaac ctatgtgtgt tcttctctac 1500

taccacgatg ttatgaacag aaccgagaag gccaaggcta agggtgagct tagaggtcat 1560

cctttcgagg gtaagcctat ccctaaccct cttctcggtc tcgattctac tagaactggt 1620

catcatcatc accatcactg a 1641

<210> 111
<211> 546
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 111

```
Met Ala Asp Ser Glu Asp Ala Pro Pro Ala Val His Arg Arg Pro Pro
1               5                  10                  15

Arg Pro Ala Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Leu Arg Ser Gly Ala Ala Val Ala Ala Arg Ala Ser Phe
        35                  40                  45

Ala Ala Asp Ser Gly Asp Glu Ser Gly Pro Gly Glu Pro Ser Ser Ser
    50                  55                  60

Arg Arg Arg Asp Asn Ser Gly Gly Ala Ser Ser Ala Ala Gly Gly Arg
65                  70                  75                  80

Ala Gly Ala Gly Asp Phe Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro
                85                  90                  95
```

```
Val His Arg Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
            100                 105                 110

Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val
        115                 120                 125

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

Leu Ile Arg Ser Gly Phe Trp Phe Asn Ala Thr Ser Leu Arg Asp Trp
145                 150                 155                 160

Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Ser Leu Pro Ile Phe Pro Leu Gly Ala
                165                 170                 175

Phe Ala Val Glu Lys Leu Ala Phe Asn Asn Leu Ile Ser Asp Pro Ala
            180                 185                 190

Thr Thr Cys Phe His Ile Leu Phe Thr Thr Phe Glu Ile Val Tyr Pro
        195                 200                 205

Val Leu Val Ile Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val
    210                 215                 220

Leu Met Phe Ile Ala Cys Ile Val Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala
225                 230                 235                 240

His Thr Asn His Asp Ile Arg Lys Leu Ile Thr Ser Gly Lys Lys Val
                245                 250                 255

Asp Asn Glu Leu Thr Ala Ala Gly Ile Asp Asn Leu Gln Ala Pro Thr
            260                 265                 270

Leu Gly Ser Leu Thr Tyr Phe Met Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
        275                 280                 285

Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Pro Tyr Val Arg Lys Gly Trp Leu Val Arg
    290                 295                 300

Gln Val Ile Leu Tyr Leu Ile Phe Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile
305                 310                 315                 320

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Val Asn Ser Gln His Pro Leu Met
                325                 330                 335

Gly Gly Leu Leu Asn Ala Val Glu Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro
```

```
                340                 345                 350

Asn Val Tyr Leu Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Leu Phe His Leu Trp
        355                 360                 365

Leu Asn Ile Leu Ala Glu Ile Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
    370                 375                 380

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp
385                 390                 395                 400

Asn Met Pro Val His Lys Trp Ile Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys
                405                 410                 415

Met Arg Asn Gly Ile Ser Lys Glu Val Ala Val Phe Ile Ser Phe Phe
            420                 425                 430

Val Ser Ala Val Leu His Glu Leu Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile
        435                 440                 445

Leu Lys Phe Trp Ala Phe Leu Gly Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile
    450                 455                 460

Ile Leu Thr Ser Tyr Leu Lys Asn Lys Phe Ser Asp Thr Met Val Gly
465                 470                 475                 480

Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys
                485                 490                 495

Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Thr Glu Lys Ala Lys
            500                 505                 510

Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro
        515                 520                 525

Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His
    530                 535                 540

His His
545
```

<210> 112
<211> 1767
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 112

atggctgttg ctgaatcttc tcagaacacc actactatgt ctggacacgg tgattctgac 60

ctcaacgtaa aagaagatgt tttttatttc cagcaatgtt acattgttat acgtataatg 120

atgagtttag tgatcaagtt cctctttgat tcttctttct tgttgcagaa cttcagacgt 180

agaaagcctt ctagctctgt tatcgagcct tcttcttctg gattcacctc tactaacggt 240

gttcctgcta ctggacatgt tgctgagaac agagatcagg atagagttgg agctatggaa 300

aacgctaccg gatctgttaa ccttatcgga aacggtggag gtgttgttat cggtaacgag 360

gaaaagcaag ttggagagac tgatatcaga ttcacctaca gaccatcttt cccagctcac 420

agaagagtta gggagtctcc actctcgagt gatgctatct tcaagcagtc tcacgctgga 480

cttttcaacc tctgcatcgt tgttcttgtt gctgtgaaca gcagactcat catcgagaac 540

ctcatgaagt acggacttct catcagatct ggattctggt tcaacgctac ctctcttaga 600

gattggcctc ttcttatgtg ctgtctctct cttccaatct tccctcttgg tgctttcgct 660

gttgagaagc ttgctttcaa caacctcatc tctgatcctg ctactacttg cttccacatc 720

cttttcacta ccttcgagat cgtttaccct gttctcgtta tccttaaatg cgattctgct 780

gttctttctg gattcgtgct catgttcatt gcttgcatcg tttggcttaa gctcgtttct 840

ttcgctcaca ctaaccacga tatcagaaag ctcatcacct ctggaaagaa ggttgacaac 900

gagcttactg ctgctggaat cgataacctt caggctccta ctcttggatc tctcacctac 960

ttcatgatgg ctcctaccct ttgttaccaa ccttcttacc ctagaacccc ttacgttaga 1020

aagggatggc ttgttagaca ggttatcctc taccttatct tcactggact tcagggattc 1080

atcatcgagc agtacatcaa ccctatcgtt gttaactctc agcatcctct tatgggagga 1140

cttcttaacg ctgttgagac tgtgcttaag ctttctctcc ctaacgttta cctttggctc 1200

tgtatgttct actgcctttt ccacctttgg cttaacatcc ttgctgagat ccttagattc 1260

ggagacagag agttctacaa ggattggtgg aacgctaaga ctatcgatga gtactggcgt 1320

aagtggaaca tgcctgttca taagtggatc gtgaggcata tctacttccc ttgcatgaga 1380

aacggaatct ctaaagaggt tgccgttttc atctctttct tcgtgtctgc tgttctccat 1440

gagctttgtg ttgctgttcc ttgccacatc cttaagttct gggctttcct tggaatcatg 1500

cttcagatcc ctcttatcat ccttaccagc tacctcaaga acaagttctc tgataccatg 1560

gtgggaaaca tgattttctg gttctttttc tgcatctacg gacaacctat gtgtgttctt 1620

ctctactacc acgatgttat gaacagaacc gagaaggcca aggctaaggg tgagcttaga 1680

ggtcatcctt tcgagggtaa gcctatccct aaccctcttc tcggtctcga ttctactaga 1740

actggtcatc atcatcacca tcactga 1767

<210> 113
<211> 1665
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 113

atggctgttg ctgaatcttc tcagaacacc actactatgt ctggacacgg tgattctgac 60

ctcaacaact tcagacgtag aaagccttct agctctgtta tcgagccttc ttcttctgga 120

ttcacctcta ctaacggtgt tcctgctact ggacatgttg ctgagaacag agatcaggat 180

agagttggag ctatggaaaa cgctaccgga tctgttaacc ttatcggaaa cggtggaggt 240

gttgttatcg gtaacgagga aaagcaagtt ggagagactg atatcagatt cacctacaga 300

ccatctttcc cagctcacag aagagttagg gagtctccac tctcgagtga tgctatcttc 360

aagcagtctc acgctggact tttcaacctc tgcatcgttg ttcttgttgc tgtgaacagc 420

agactcatca tcgagaacct catgaagtac ggacttctca tcagatctgg attctggttc 480

aacgctacct ctcttagaga ttggcctctt cttatgtgct gtctctctct tccaatcttc 540

cctcttggtg ctttcgctgt tgagaagctt gctttcaaca acctcatctc tgatcctgct 600

actacttgct tccacatcct tttcactacc ttcgagatcg tttaccctgt tctcgttatc 660

cttaaatgcg attctgctgt tctttctgga ttcgtgctca tgttcattgc ttgcatcgtt 720

tggcttaagc tcgtttcttt cgctcacact aaccacgata tcagaaagct catcacctct 780

ggaaagaagg ttgacaacga gcttactgct gctggaatcg ataaccttca ggctcctact 840

cttggatctc tcacctactt catgatggct cctacccttt gttaccaacc ttcttaccct 900

agaaccccct acgttagaaa gggatggctt gttagacagg ttatcctcta ccttatcttc 960

actggacttc agggattcat catcgagcag tacatcaacc ctatcgttgt taactctcag 1020

catcctctta tgggaggact tcttaacgct gttgagactg tgcttaagct ttctctccct 1080

aacgtttacc tttggctctg tatgttctac tgccttttcc acctttggct taacatcctt 1140

gctgagatcc ttagattcgg agacagagag ttctacaagg attggtggaa cgctaagact 1200

atcgatgagt actggcgtaa gtggaacatg cctgttcata agtggatcgt gaggcatatc 1260

tacttccctt gcatgagaaa cggaatctct aaagaggttg ccgttttcat ctctttcttc 1320

gtgtctgctg ttctccatga gctttgtgtt gctgttcctt gccacatcct taagttctgg 1380

gctttccttg gaatcatgct tcagatccct cttatcatcc ttaccagcta cctcaagaac 1440

aagttctctg ataccatggt gggaaacatg attttctggt tctttttctg catctacgga 1500

caacctatgt gtgttcttct ctactaccac gatgttatga acagaaccga gaaggccaag 1560

gctaagggtg agcttagagg tcatcctttc gagggtaagc ctatccctaa ccctcttctc 1620

ggtctcgatt ctactagaac tggtcatcat catcaccatc actga 1665

<210> 114
<211> 554
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 114

```
Met Ala Val Ala Glu Ser Ser Gln Asn Thr Thr Thr Met Ser Gly His
1               5                  10                  15

Gly Asp Ser Asp Leu Asn Asn Phe Arg Arg Arg Lys Pro Ser Ser Ser
            20                  25                  30

Val Ile Glu Pro Ser Ser Ser Gly Phe Thr Ser Thr Asn Gly Val Pro
        35                  40                  45

Ala Thr Gly His Val Ala Glu Asn Arg Asp Gln Asp Arg Val Gly Ala
    50                  55                  60

Met Glu Asn Ala Thr Gly Ser Val Asn Leu Ile Gly Asn Gly Gly Gly
65                  70                  75                  80

Val Val Ile Gly Asn Glu Glu Lys Gln Val Gly Glu Thr Asp Ile Arg
                85                  90                  95

Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Ala His Arg Arg Val Arg Glu Ser
            100                 105                 110

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe
        115                 120                 125

Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
    130                 135                 140

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ser Gly Phe Trp Phe
145                 150                 155                 160

Asn Ala Thr Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Ser
                165                 170                 175

Leu Pro Ile Phe Pro Leu Gly Ala Phe Ala Val Glu Lys Leu Ala Phe
            180                 185                 190

Asn Asn Leu Ile Ser Asp Pro Ala Thr Thr Cys Phe His Ile Leu Phe
        195                 200                 205
```

```
Thr Thr Phe Glu Ile Val Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu Lys Cys Asp
    210                 215                 220

Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe Ile Ala Cys Ile Val
225                 230                 235                 240

Trp Leu Lys Leu Val Ser Phe Ala His Thr Asn His Asp Ile Arg Lys
                245                 250                 255

Leu Ile Thr Ser Gly Lys Lys Val Asp Asn Glu Leu Thr Ala Ala Gly
            260                 265                 270

Ile Asp Asn Leu Gln Ala Pro Thr Leu Gly Ser Leu Thr Tyr Phe Met
        275                 280                 285

Met Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser Tyr Pro Arg Thr Pro Tyr
    290                 295                 300

Val Arg Lys Gly Trp Leu Val Arg Gln Val Ile Leu Tyr Leu Ile Phe
305                 310                 315                 320

Thr Gly Leu Gln Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val
                325                 330                 335

Val Asn Ser Gln His Pro Leu Met Gly Gly Leu Leu Asn Ala Val Glu
            340                 345                 350

Thr Val Leu Lys Leu Ser Leu Pro Asn Val Tyr Leu Trp Leu Cys Met
        355                 360                 365

Phe Tyr Cys Leu Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Ile Leu
    370                 375                 380

Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr
385                 390                 395                 400

Ile Asp Glu Tyr Trp Arg Lys Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Ile
                405                 410                 415

Val Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Met Arg Asn Gly Ile Ser Lys Glu
            420                 425                 430

Val Ala Val Phe Ile Ser Phe Phe Val Ser Ala Val Leu His Glu Leu
        435                 440                 445

Cys Val Ala Val Pro Cys His Ile Leu Lys Phe Trp Ala Phe Leu Gly
    450                 455                 460
```

```
Ile Met Leu Gln Ile Pro Leu Ile Ile Leu Thr Ser Tyr Leu Lys Asn
465                 470                 475                 480

Lys Phe Ser Asp Thr Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe
                485                 490                 495

Cys Ile Tyr Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val
            500                 505                 510

Met Asn Arg Thr Glu Lys Ala Lys Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly His
        515                 520                 525

Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser
    530                 535                 540

Thr Arg Thr Gly His His His His His His
545                 550
```

<210> 115
<211> 1737
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 115

```
atggctgatt ctgaggatgc tcctcctgct gttcatagaa ggcctccaag acctgctaga       60

ggtgctgctg ctgctgtaaa agaagatgtt ttttatttcc agcaatgtta cattgttata      120

cgtataatga tgagtttagt gatcaagttc ctctttgatt cttctttctt gttgcagcaa      180

ggattcgctg ctgctcttag aagaaggctt agaagcggag ctgctgttgc tgctagagct      240

tctttcgctg ctgattctgg tgatgagtct ggacctggtg agccttcttc atctaggcgt      300

agagataact ctggtggagc ttcttctgct gctggtggta gagctggtgc tggtgatttc      360

tctgctttca ccttcagagc tgctgctcct gttcacagaa aggctaaaga atctccactc      420

tcgagtgatg ctatcttcaa gcagtctcac gctggacttt tcaacctctg catcgttgtt      480

cttatcgctg ttaatagcag acttatcatc gagaacctca tgaagtacgg atggcttatc      540

gatactggat tctggttctc ttctcgttct cttggtgact ggtctatctt catgtgctgt      600

cttactctcc ctatcttccc tcttgctgct ttcatcgttg agaagcttgt tcagaggaac      660

catatcgctg agcttgttgc tgttcttctc cacgttatcg tttctactgc tgctgttctc      720

taccctgtta tcgttatcct tacctgcgat tctgtttaca tgtctggtgt tgtgcttatg      780

cttttcggat gcatcatgtg gcttaagctc gtttcttacg ctcacacctc ttcagatatc      840
```

agaaccctcg ctaagtctgg atacaaaggt gatgctcacc ctaactctac tatcgtgtct 900

tgctcttacg atgtgtctct taagtctctc gcttacttca tggttgctcc tacccttttgt 960

taccaacctt cttaccctag atctagctgc atcagaaagg gatgggttgt gagacaattc 1020

gttaagctca tcgtgttcat cggacttatg ggattcatca tcgagcagta catcaaccct 1080

atcgtgagaa actctaagca ccctctcaag ggagatttcc tttacgctat cgagagagtg 1140

cttaagcttt ctgtgcctaa cctttacgtt tggctctgca tgttctactc attcttccac 1200

ctttggctta acatccttgc tgagttgctt agattcggag acagagagtt ctacaaggat 1260

tggtggaacg ctaagactgt tgctgagtac tggaagatgt ggaacatgcc tgttcataga 1320

tggatggtta ggcaccttta cttcccttgt ctcagaaacg gaatccctaa agagggtgct 1380

atcatcattg ctttcttggt gtctggtgct ttccatgagt tgtgtatcgc tgttccttgt 1440

cacgttttca agctctgggc tttcatcgga atcatgttcc aagttcctct cgttcttatc 1500

actaactacc tccaagagaa gttctctaac agcatggtgg gaaacatgat tttctggttc 1560

attttctgca tccttggaca gcctatgtgt gttcttctct actaccacga tctcatcaac 1620

ctcaaagaga aggctaaggg tgagcttaga ggtcatcctt tcgagggtaa gcctatccct 1680

aaccctcttc tcggtctcga ttctactaga actggtcatc atcatcacca tcactga 1737

<210> 116
<211> 1635
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 116

atggctgatt ctgaggatgc tcctcctgct gttcatagaa ggcctccaag acctgctaga 60

ggtgctgctg ctgctcaagg attcgctgct gctcttagaa gaaggcttag aagcggagct 120

gctgttgctg ctagagcttc tttcgctgct gattctggtg atgagtctgg acctggtgag 180

ccttcttcat ctaggcgtag agataactct ggtggagctt cttctgctgc tggtggtaga 240

gctggtgctg gtgatttctc tgctttcacc ttcagagctg ctgctcctgt tcacagaaag 300

gctaaagaat ctccactctc gagtgatgct atcttcaagc agtctcacgc tggacttttc 360

aacctctgca tcgttgttct tatcgctgtt aatagcagac ttatcatcga gaacctcatg 420

aagtacggat ggcttatcga tactggattc tggttctctt ctcgttctct tggtgactgg 480

tctatcttca tgtgctgtct tactctccct atcttccctc ttgctgcttt catcgttgag 540

aagcttgttc agaggaacca tatcgctgag cttgttgctg ttcttctcca cgttatcgtt 600

tctactgctg ctgttctcta ccctgttatc gttatcctta cctgcgattc tgtttacatg 660

tctggtgttg tgcttatgct tttcggatgc atcatgtggc ttaagctcgt ttcttacgct 720

cacacctctt cagatatcag aaccctcgct aagtctggat acaaaggtga tgctcaccct 780

aactctacta tcgtgtcttg ctcttacgat gtgtctctta agtctctcgc ttacttcatg 840

gttgctccta ccctttgtta ccaaccttct taccctagat ctagctgcat cagaaaggga 900

tgggttgtga gacaattcgt taagctcatc gtgttcatcg gacttatggg attcatcatc 960

gagcagtaca tcaaccctat cgtgagaaac tctaagcacc ctctcaaggg agatttcctt 1020

tacgctatcg agagagtgct taagctttct gtgcctaacc tttacgtttg gctctgcatg 1080

ttctactcat tcttccacct ttggcttaac atccttgctg agttgcttag attcggagac 1140

agagagttct acaaggattg gtggaacgct aagactgttg ctgagtactg gaagatgtgg 1200

aacatgcctg ttcatagatg gatggttagg caccttttact tcccttgtct cagaaacgga 1260

atccctaaag agggtgctat catcattgct ttcttggtgt ctggtgcttt ccatgagttg 1320

tgtatcgctg ttccttgtca cgttttcaag ctctgggctt tcatcggaat catgttccaa 1380

gttcctctcg ttcttatcac taactacctc caagagaagt tctctaacag catggtggga 1440

aacatgattt tctggttcat tttctgcatc cttggacagc ctatgtgtgt tcttctctac 1500

taccacgatc tcatcaacct caaagagaag gctaagggtg agcttagagg tcatcctttc 1560

gagggtaagc ctatccctaa ccctcttctc ggtctcgatt ctactagaac tggtcatcat 1620

catcaccatc actga 1635

<210> 117
<211> 544
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 117

```
Met Ala Asp Ser Glu Asp Ala Pro Pro Ala Val His Arg Arg Pro Pro
1               5                  10                  15

Arg Pro Ala Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Leu Arg Ser Gly Ala Ala Val Ala Ala Arg Ala Ser Phe
        35                  40                  45

Ala Ala Asp Ser Gly Asp Glu Ser Gly Pro Gly Glu Pro Ser Ser Ser
    50                  55                  60

Arg Arg Arg Asp Asn Ser Gly Gly Ala Ser Ser Ala Ala Gly Gly Arg
65                  70                  75                  80
```

```
Ala Gly Ala Gly Asp Phe Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro
                85                  90                  95

Val His Arg Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
            100                 105                 110

Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile
        115                 120                 125

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

Leu Ile Asp Thr Gly Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Gly Asp Trp
145                 150                 155                 160

Ser Ile Phe Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Ile Phe Pro Leu Ala Ala
                165                 170                 175

Phe Ile Val Glu Lys Leu Val Gln Arg Asn His Ile Ala Glu Leu Val
            180                 185                 190

Ala Val Leu Leu His Val Ile Val Ser Thr Ala Ala Val Leu Tyr Pro
        195                 200                 205

Val Ile Val Ile Leu Thr Cys Asp Ser Val Tyr Met Ser Gly Val Val
    210                 215                 220

Leu Met Leu Phe Gly Cys Ile Met Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala
225                 230                 235                 240

His Thr Ser Ser Asp Ile Arg Thr Leu Ala Lys Ser Gly Tyr Lys Gly
                245                 250                 255

Asp Ala His Pro Asn Ser Thr Ile Val Ser Cys Ser Tyr Asp Val Ser
            260                 265                 270

Leu Lys Ser Leu Ala Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln
        275                 280                 285

Pro Ser Tyr Pro Arg Ser Ser Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg
    290                 295                 300

Gln Phe Val Lys Leu Ile Val Phe Ile Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile
305                 310                 315                 320

Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys
                325                 330                 335
```

```
Gly Asp Phe Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro
            340                 345                 350

Asn Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Ser Phe Phe His Leu Trp
        355                 360                 365

Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr
    370                 375                 380

Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Val Ala Glu Tyr Trp Lys Met Trp
385                 390                 395                 400

Asn Met Pro Val His Arg Trp Met Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys
                405                 410                 415

Leu Arg Asn Gly Ile Pro Lys Glu Gly Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu
            420                 425                 430

Val Ser Gly Ala Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Val
        435                 440                 445

Phe Lys Leu Trp Ala Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val
    450                 455                 460

Leu Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Glu Lys Phe Ser Asn Ser Met Val Gly
465                 470                 475                 480

Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys
                485                 490                 495

Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Ile Asn Leu Lys Glu Lys Ala Lys
            500                 505                 510

Gly Glu Leu Arg Gly His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro
        515                 520                 525

Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
    530                 535                 540
```

<210> 118
<211> 1689
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 118

atggctcctc caccttctat gcctgctgct tctgatagag ctggacctgg aagagatgct 60

ggcgattctg taaaagaaga tgtttttttat ttccagcaat gttacattgt tatacgtata 120

atgatgagtt tagtgatcaa gttcctcttt gattcttctt tcttgttgca gtcatctctc 180

agacttagaa gggctccatc tgctgacgct ggtgaccttg ctggtgatag ctctggtgga 240

cttagagaaa acggtgagcc tcaatctcct actaaccctc cacctcaaga gcaacaacag 300

cacgagatgc tttactacag agcttctgct cctgctcata gaagagtgaa agaatctcca 360

ctctcgagtg atgctatctt cagacagtct catgctggac ttctcaacct ctgcatcgtt 420

gttcttatcg ctgtgaacag cagacttatc atcgagaacc tcatgaagta cggacttctc 480

atcagagctg gattctggtt ctctgctaga tctcttggag attggcctct tcttatgtgc 540

tgtcttaccc ttcctgtttt ccctcttgtt gctcttatgg ccgagaagct tatcactaga 600

aagctcatcg gagagcatgt tgttatcctt ctccacatca tcatcactac ctctgctatc 660

gtttaccctg ttgttgttac ccttaagtgc gattctgctg ttctttctgg attcgtgctt 720

atgttcctcg cttctatcat gtggatgaag ctcgtttctt acgctcacac caactacgat 780

atcagagtgc tctctaagtc tactgagaag ggtgctgctt acggaaacta tgtggaccct 840

gagaacatga aggatcctac cttcaagtct ctcgtgtact tcatgcttgc tcctaccctt 900

tgttaccaac ctacttaccc tcagactacc tgtatcagaa agggatgggt tacccaacaa 960

ctcatcaagt gcgttgtgtt cactggactt atgggattca tcatcgagca gtacatcaac 1020

cctatcgtga agaactctaa gcaccctctt aagggaaact tcctcaacgc tatcgagaga 1080

gttctcaagc tttctgttcc tactctttac gtttggctct gcatgttcta ctgtttcttc 1140

caccttttggc tcaacatcgt tgctgagctt ctctgtttcg gagatcgtga gttctacaag 1200

gattggtgga acgctaagac tgttgaggaa tactggcgta tgtggaacat gcctgttcat 1260

aagtggatca tcaggcacat ctacttccct tgcatcagga agggattctc taggggagtt 1320

gctatcctta tctctttcct cgtttctgct gttttccatg agatctgtat cgctgttcct 1380

tgtcacatct tcaagttctg ggctttctct ggtatcatgt tccagatccc tcttgttttc 1440

cttaccagat accttcacgc tactttcaag cacgttatgg tgggaaacat gattttctgg 1500

ttctttttca gcatcgttgg acagcctatg tgtgttcttc tctactacca cgatgttatg 1560

aacagacaag ctcaggcttc tagggctaag ggtgagctta gaggtcatcc tttcgagggt 1620

aagcctatcc ctaaccctct tctcggtctc gattctacta gaactggtca tcatcatcac 1680

catcactga 1689

<210> 119
<211> 1587
<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 119

atggctcctc caccttctat gcctgctgct tctgatagag ctggacctgg aagagatgct 60

ggcgattctt catctctcag acttagaagg gctccatctg ctgacgctgg tgaccttgct 120

ggtgatagct ctggtggact tagagaaaac ggtgagcctc aatctcctac taaccctcca 180

cctcaagagc aacaacagca cgagatgctt tactacagag cttctgctcc tgctcataga 240

agagtgaaag aatctccact ctcgagtgat gctatcttca gacagtctca tgctggactt 300

ctcaacctct gcatcgttgt tcttatcgct gtgaacagca gacttatcat cgagaacctc 360

atgaagtacg gacttctcat cagagctgga ttctggttct ctgctagatc tcttggagat 420

tggcctcttc ttatgtgctg tcttaccctt cctgttttcc ctcttgttgc tcttatggcc 480

gagaagctta tcactagaaa gctcatcgga gagcatgttg ttatccttct ccacatcatc 540

atcactacct ctgctatcgt ttaccctgtt gttgttaccc ttaagtgcga ttctgctgtt 600

ctttctggat tcgtgcttat gttcctcgct tctatcatgt ggatgaagct cgtttcttac 660

gctcacacca actacgatat cagagtgctc tctaagtcta ctgagaaggg tgctgcttac 720

ggaaactatg tggaccctga gaacatgaag gatcctacct tcaagtctct cgtgtacttc 780

atgcttgctc ctacccttttg ttaccaacct acttaccctc agactacctg tatcagaaag 840

ggatgggtta cccaacaact catcaagtgc gttgtgttca ctggacttat gggattcatc 900

atcgagcagt acatcaaccc tatcgtgaag aactctaagc accctcttaa gggaaacttc 960

ctcaacgcta tcgagagagt tctcaagctt tctgttccta ctctttacgt ttggctctgc 1020

atgttctact gtttcttcca cctttggctc aacatcgttg ctgagcttct ctgtttcgga 1080

gatcgtgagt tctacaagga ttggtggaac gctaagactg ttgaggaata ctggcgtatg 1140

tggaacatgc ctgttcataa gtggatcatc aggcacatct acttcccttg catcaggaag 1200

ggattctcta ggggagttgc tatccttatc tctttcctcg tttctgctgt tttccatgag 1260

atctgtatcg ctgttccttg tcacatcttc aagttctggg ctttctctgg tatcatgttc 1320

cagatccctc ttgttttcct taccagatac cttcacgcta ctttcaagca cgttatggtg 1380

ggaaacatga ttttctggtt ctttttcagc atcgttggac agcctatgtg tgttcttctc 1440

tactaccacg atgttatgaa cagacaagct caggcttcta gggctaaggg tgagcttaga 1500

ggtcatcctt tcgagggtaa gcctatccct aaccctcttc tcggtctcga ttctactaga 1560

actggtcatc atcatcacca tcactga 1587

<210> 120
<211> 528
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 120

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Met Pro Ala Ala Ser Asp Arg Ala Gly Pro
1               5                   10                  15

Gly Arg Asp Ala Gly Asp Ser Ser Ser Leu Arg Leu Arg Arg Ala Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ala Gly Asp Ser Ser Gly Gly Leu Arg
        35                  40                  45

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

Gln Gln His Glu Met Leu Tyr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg
65                  70                  75                  80

Arg Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser
                85                  90                  95

His Ala Gly Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn
            100                 105                 110

Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg
        115                 120                 125

Ala Gly Phe Trp Phe Ser Ala Arg Ser Leu Gly Asp Trp Pro Leu Leu
    130                 135                 140

Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Val Phe Pro Leu Val Ala Leu Met Ala
145                 150                 155                 160

Glu Lys Leu Ile Thr Arg Lys Leu Ile Gly Glu His Val Val Ile Leu
                165                 170                 175

Leu His Ile Ile Ile Thr Thr Ser Ala Ile Val Tyr Pro Val Val Val
            180                 185                 190

Thr Leu Lys Cys Asp Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe
        195                 200                 205

Leu Ala Ser Ile Met Trp Met Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn
    210                 215                 220
```

```
Tyr Asp Ile Arg Val Leu Ser Lys Ser Thr Glu Lys Gly Ala Ala Tyr
225                 230                 235                 240

Gly Asn Tyr Val Asp Pro Glu Asn Met Lys Asp Pro Thr Phe Lys Ser
                245                 250                 255

Leu Val Tyr Phe Met Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Thr Tyr
            260                 265                 270

Pro Gln Thr Thr Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Thr Gln Gln Leu Ile
        275                 280                 285

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

Ile Asn Pro Ile Val Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe
305                 310                 315                 320

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

Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile
            340                 345                 350

Val Ala Glu Leu Leu Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp
        355                 360                 365

Trp Asn Ala Lys Thr Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro
    370                 375                 380

Val His Lys Trp Ile Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Lys
385                 390                 395                 400

Gly Phe Ser Arg Gly Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala
                405                 410                 415

Val Phe His Glu Ile Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe
            420                 425                 430

Trp Ala Phe Ser Gly Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr
        435                 440                 445

Arg Tyr Leu His Ala Thr Phe Lys His Val Met Val Gly Asn Met Ile
    450                 455                 460

Phe Trp Phe Phe Phe Ser Ile Val Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu
465                 470                 475                 480
```

```
Tyr Tyr His Asp Val Met Asn Arg Gln Ala Gln Ala Ser Arg Ala Lys
                485                 490                 495

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

Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
        515                 520                 525
```

<210> 121
<211> 1778
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 121

tctagatttc tagttttctc catataaaaa aaatattctc tgagcttctc gattctctaa 60

aaagacaagg ccaaaaaaaa caccatggct cctccacctt ctatgcctgc tgcttctgat 120

agagctggac ctggaagaga tgctggcgat tctgtaaaag aagatgtttt ttatttccag 180

caatgttaca ttgttatacg tataatgatg agtttagtga tcaagttcct ctttgattct 240

tctttcttgt tgcagtcatc tctcagactt agaagggctc catctgctga cgctggtgac 300

cttgctggtg atagctctgg tggacttaga gaaaacggtg agcctcaatc tcctactaac 360

cctccacctc aagagcaaca acagcacgag atgctttact acagagcttc tgctcctgct 420

catagaagag tgaaagaatc tccactctcg agtgatgcta tcttcaagca gtctcacgct 480

ggacttttca acctctgcat cgttgttctt atcgctgtta atagcagact tatcatcgag 540

aacctcatga agtacggatg gcttatcgat actggattct ggttctcttc tcgttctctt 600

ggtgactggt ctatcttcat gtgctgtctt actctcccta tcttccctct tgctgctttc 660

atcgttgaga agcttgttca gaggaaccat atcgctgagc ttgttgctgt tcttctccac 720

gttatcgttt ctactgctgc tgttctctac cctgttatcg ttatccttac ctgcgattct 780

gtttacatgt ctggtgttgt gcttatgctt ttcggatgca tcatgtggct taagctcgtt 840

tcttacgctc acacctcttc agatatcaga accctcgcta agtctggata caaaggtgat 900

gctcacccta actctactat cgtgtcttgc tcttacgatg tgtctcttaa gtctctcgct 960

tacttcatgg ttgctcctac cctttgttac caaccttctt accctagatc tagctgcatc 1020

agaaagggat gggttgtgag acaattcgtt aagctcatcg tgttcatcgg acttatggga 1080

ttcatcatcg agcagtacat caaccctatc gtgagaaact ctaagcaccc tctcaaggga 1140

gatttccttt acgctatcga gagagtgctt aagctttctg tgcctaacct ttacgtttgg 1200

ctctgcatgt tctactcatt cttccacctt tggcttaaca tccttgctga gttgcttaga 1260

ttcggagaca gagagttcta caaggattgg tggaacgcta agactgttgc tgagtactgg 1320

aagatgtgga acatgcctgt tcatagatgg atggttaggc acctttactt cccttgtctc 1380

agaaacggaa tccctaaaga gggtgctatc atcattgctt tcttggtgtc tggtgctttc 1440

catgagttgt gtatcgctgt tccttgtcac gttttcaagc tctgggcttt catcggaatc 1500

atgttccaag ttcctctcgt tcttatcact aactacctcc aagagaagtt ctctaacagc 1560

atggtgggaa acatgatttt ctggttcatt ttctgcatcc ttggacagcc tatgtgtgtt 1620

cttctctact accacgatct catcaacctc aaagagaagg ctaagggtga gcttagaggt 1680

catcctttcg agggtaagcc tatccctaac cctcttctcg gtctcgattc tactagaact 1740

ggtcatcatc atcaccatca ctgaaggtac cacccagc 1778

<210> 122
<211> 1578
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 122

atggctcctc caccttctat gcctgctgct tctgatagag ctggacctgg aagagatgct 60

ggcgattctt catctctcag acttagaagg gctccatctg ctgacgctgg tgaccttgct 120

ggtgatagct ctggtggact tagagaaaac ggtgagcctc aatctcctac taaccctcca 180

cctcaagagc aacaacagca cgagatgctt tactacagag cttctgctcc tgctcataga 240

agagtgaaag aatctccact ctcgagtgat gctatcttca agcagtctca cgctggactt 300

ttcaacctct gcatcgttgt tcttatcgct gttaatagca gacttatcat cgagaacctc 360

atgaagtacg gatggcttat cgatactgga ttctggttct cttctcgttc tcttggtgac 420

tggtctatct tcatgtgctg tcttactctc cctatcttcc ctcttgctgc tttcatcgtt 480

gagaagcttg ttcagaggaa ccatatcgct gagcttgttg ctgttcttct ccacgttatc 540

gtttctactg ctgctgttct ctaccctgtt atcgttatcc ttacctgcga ttctgtttac 600

atgtctggtg ttgtgcttat gcttttcgga tgcatcatgt ggcttaagct cgtttcttac 660

gctcacacct cttcagatat cagaaccctc gctaagtctg gatacaaagg tgatgctcac 720

cctaactcta ctatcgtgtc ttgctcttac gatgtgtctc ttaagtctct cgcttacttc 780

atggttgctc ctacccttg ttaccaacct tcttacccta gatctagctg catcagaaag 840

ggatgggttg tgagacaatt cgttaagctc atcgtgttca tcggacttat gggattcatc 900

atcgagcagt acatcaaccc tatcgtgaga aactctaagc accctctcaa gggagatttc 960

ctttacgcta tcgagagagt gcttaagctt tctgtgccta acctttacgt ttggctctgc 1020

atgttctact cattcttcca cctttggctt aacatccttg ctgagttgct tagattcgga 1080

gacagagagt tctacaagga ttggtggaac gctaagactg ttgctgagta ctggaagatg 1140

tggaacatgc ctgttcatag atggatggtt aggcaccttt acttcccttg tctcagaaac 1200

ggaatcccta aagagggtgc tatcatcatt gctttcttgg tgtctggtgc tttccatgag 1260

ttgtgtatcg ctgttccttg tcacgttttc aagctctggg ctttcatcgg aatcatgttc 1320

caagttcctc tcgttcttat cactaactac ctccaagaga agttctctaa cagcatggtg 1380

ggaaacatga ttttctggtt cattttctgc atccttggac agcctatgtg tgttcttctc 1440

tactaccacg atctcatcaa cctcaaagag aaggctaagg gtgagcttag aggtcatcct 1500

ttcgagggta agcctatccc taaccctctt ctcggtctcg attctactag aactggtcat 1560

catcatcacc atcactga 1578

<210> 123
<211> 525
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 123

Met Ala Pro Pro Pro Ser Met Pro Ala Ala Ser Asp Arg Ala Gly Pro
1 5 10 15

Gly Arg Asp Ala Gly Asp Ser Ser Ser Leu Arg Leu Arg Arg Ala Pro
20 25 30

Ser Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ala Gly Asp Ser Ser Gly Gly Leu Arg
35 40 45

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

Gln Gln His Glu Met Leu Tyr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg
65 70 75 80

Arg Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser
85 90 95

His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn
100 105 110

Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Asp
115 120 125

```
Thr Gly Phe Trp Phe Ser Ser Arg Ser Leu Gly Asp Trp Ser Ile Phe
    130                 135                 140

Met Cys Cys Leu Thr Leu Pro Ile Phe Pro Leu Ala Ala Phe Ile Val
145                 150                 155                 160

Glu Lys Leu Val Gln Arg Asn His Ile Ala Glu Leu Val Ala Val Leu
                165                 170                 175

Leu His Val Ile Val Ser Thr Ala Ala Val Leu Tyr Pro Val Ile Val
            180                 185                 190

Ile Leu Thr Cys Asp Ser Val Tyr Met Ser Gly Val Val Leu Met Leu
        195                 200                 205

Phe Gly Cys Ile Met Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Ser
    210                 215                 220

Ser Asp Ile Arg Thr Leu Ala Lys Ser Gly Tyr Lys Gly Asp Ala His
225                 230                 235                 240

Pro Asn Ser Thr Ile Val Ser Cys Ser Tyr Asp Val Ser Leu Lys Ser
                245                 250                 255

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

Pro Arg Ser Ser Cys Ile Arg Lys Gly Trp Val Val Arg Gln Phe Val
        275                 280                 285

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

Ile Asn Pro Ile Val Arg Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asp Phe
305                 310                 315                 320

Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Leu Tyr
                325                 330                 335

Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Ser Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile
            340                 345                 350

Leu Ala Glu Leu Leu Arg Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp
        355                 360                 365

Trp Asn Ala Lys Thr Val Ala Glu Tyr Trp Lys Met Trp Asn Met Pro
    370                 375                 380
```

```
Val His Arg Trp Met Val Arg His Leu Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Asn
385                 390                 395                 400

Gly Ile Pro Lys Glu Gly Ala Ile Ile Ile Ala Phe Leu Val Ser Gly
                405                 410                 415

Ala Phe His Glu Leu Cys Ile Ala Val Pro Cys His Val Phe Lys Leu
            420                 425                 430

Trp Ala Phe Ile Gly Ile Met Phe Gln Val Pro Leu Val Leu Ile Thr
        435                 440                 445

Asn Tyr Leu Gln Glu Lys Phe Ser Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile
    450                 455                 460

Phe Trp Phe Ile Phe Cys Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu
465                 470                 475                 480

Tyr Tyr His Asp Leu Ile Asn Leu Lys Glu Lys Ala Lys Gly Glu Leu
                485                 490                 495

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

Leu Asp Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
        515                 520                 525
```

<210> 124
<211> 1770
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 124

atggctgttg ctgaatcttc tcagaacacc actactatgt ctggacacgg tgattctgac 60

ctcaacgtaa aagaagatgt tttttatttc cagcaatgtt acattgttat acgtataatg 120

atgagtttag tgatcaagtt cctctttgat tcttctttct tgttgcagaa cttcagacgt 180

agaaagcctt ctagctctgt tatcgagcct tcttcttctg gattcacctc tactaacggt 240

gttcctgcta ctggacatgt tgctgagaac agagatcagg atagagttgg agctatggaa 300

aacgctaccg gatctgttaa ccttatcgga aacggtggag gtgttgttat cggtaacgag 360

gaaaagcaag ttggagagac tgatatcaga ttcacctaca gaccatcttt cccagctcac 420

agaagagtta gggagtctcc actctcgagt gatgctatct tcagacagtc tcatgctgga 480

cttctcaacc tctgcatcgt tgttcttatc gctgtgaaca gcagacttat catcgagaac 540

ctcatgaagt acggacttct catcagagct ggattctggt tctctgctag atctcttgga 600

gattggcctc ttcttatgtg ctgtcttacc cttcctgttt tccctcttgt tgctcttatg 660

gccgagaagc ttatcactag aaagctcatc ggagagcatg ttgttatcct tctccacatc 720

atcatcacta cctctgctat cgtttaccct gttgttgtta cccttaagtg cgattctgct 780

gttctttctg gattcgtgct tatgttcctc gcttctatca tgtggatgaa gctcgtttct 840

tacgctcaca ccaactacga tatcagagtg ctctctaagt ctactgagaa gggtgctgct 900

tacggaaact atgtggaccc tgagaacatg aaggatccta ccttcaagtc tctcgtgtac 960

ttcatgcttg ctcctaccct ttgttaccaa cctacttacc ctcagactac ctgtatcaga 1020

aagggatggg ttacccaaca actcatcaag tgcgttgtgt tcactggact tatgggattc 1080

atcatcgagc agtacatcaa ccctatcgtg aagaactcta agcaccctct taagggaaac 1140

ttcctcaacg ctatcgagag agttctcaag ctttctgttc ctactcttta cgtttggctc 1200

tgcatgttct actgtttctt ccacctttgg ctcaacatcg ttgctgagct tctctgtttc 1260

ggagatcgtg agttctacaa ggattggtgg aacgctaaga ctgttgagga atactggcgt 1320

atgtggaaca tgcctgttca taagtggatc atcaggcaca tctacttccc ttgcatcagg 1380

aagggattct ctaggggagt tgctatcctt atctctttcc tcgtttctgc tgttttccat 1440

gagatctgta tcgctgttcc ttgtcacatc ttcaagttct gggctttctc tggtatcatg 1500

ttccagatcc ctcttgtttt ccttaccaga taccttcacg ctactttcaa gcacgttatg 1560

gtgggaaaca tgattttctg gttctttttc agcatcgttg gacagcctat gtgtgttctt 1620

ctctactacc acgatgttat gaacagacaa gctcaggctt ctagggctaa gggtgagctt 1680

agaggtcatc ctttcgaggg taagcctatc cctaaccctc ttctcggtct cgattctact 1740

agaactggtc atcatcatca ccatcactga 1770

<210> 125
<211> 1668
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 125

atggctgttg ctgaatcttc tcagaacacc actactatgt ctggacacgg tgattctgac 60

ctcaacaact tcagacgtag aaagccttct agctctgtta tcgagccttc ttcttctgga 120

ttcacctcta ctaacggtgt tcctgctact ggacatgttg ctgagaacag agatcaggat 180

agagttggag ctatggaaaa cgctaccgga tctgttaacc ttatcggaaa cggtggaggt 240

gttgttatcg gtaacgagga aaagcaagtt ggagagactg atatcagatt cacctacaga 300

```
ccatctttcc cagctcacag aagagttagg gagtctccac tctcgagtga tgctatcttc      360
agacagtctc atgctggact tctcaacctc tgcatcgttg ttcttatcgc tgtgaacagc      420
agacttatca tcgagaacct catgaagtac ggacttctca tcagagctgg attctggttc      480
tctgctagat ctcttggaga ttggcctctt cttatgtgct gtcttaccct tcctgttttc      540
cctcttgttg ctcttatggc cgagaagctt atcactagaa agctcatcgg agagcatgtt      600
gttatccttc tccacatcat catcactacc tctgctatcg tttaccctgt tgttgttacc      660
cttaagtgcg attctgctgt tctttctgga ttcgtgctta tgttcctcgc ttctatcatg      720
tggatgaagc tcgtttctta cgctcacacc aactacgata tcagagtgct ctctaagtct      780
actgagaagg gtgctgctta cggaaactat gtggaccctg agaacatgaa ggatcctacc      840
ttcaagtctc tcgtgtactt catgcttgct cctacccttt gttaccaacc tacttaccct      900
cagactacct gtatcagaaa gggatgggtt acccaacaac tcatcaagtg cgttgtgttc      960
actggactta tgggattcat catcgagcag tacatcaacc ctatcgtgaa gaactctaag     1020
caccctctta agggaaactt cctcaacgct atcgagagag ttctcaagct ttctgttcct     1080
actctttacg tttggctctg catgttctac tgtttcttcc acctttggct caacatcgtt     1140
gctgagcttc tctgtttcgg agatcgtgag ttctacaagg attggtggaa cgctaagact     1200
gttgaggaat actggcgtat gtggaacatg cctgttcata agtggatcat caggcacatc     1260
tacttccctt gcatcaggaa gggattctct aggggagttg ctatccttat ctctttcctc     1320
gtttctgctg ttttccatga gatctgtatc gctgttcctt gtcacatctt caagttctgg     1380
gctttctctg gtatcatgtt ccagatccct cttgttttcc ttaccagata ccttcacgct     1440
actttcaagc acgttatggt gggaaacatg attttctggt tctttttcag catcgttgga     1500
cagcctatgt gtgttcttct ctactaccac gatgttatga acagacaagc tcaggcttct     1560
agggctaagg gtgagcttag aggtcatcct ttcgagggta agcctatccc taaccctctt     1620
ctcggtctcg attctactag aactggtcat catcatcacc atcactga                  1668
```

<210> 126
<211> 555
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica optimizada

<400> 126

```
Met Ala Val Ala Glu Ser Ser Gln Asn Thr Thr Thr Met Ser Gly His
1               5                  10                  15

Gly Asp Ser Asp Leu Asn Asn Phe Arg Arg Arg Lys Pro Ser Ser Ser
            20                  25                  30
```

```
Val Ile Glu Pro Ser Ser Ser Gly Phe Thr Ser Thr Asn Gly Val Pro
        35                  40                  45

Ala Thr Gly His Val Ala Glu Asn Arg Asp Gln Asp Arg Val Gly Ala
    50                  55                  60

Met Glu Asn Ala Thr Gly Ser Val Asn Leu Ile Gly Asn Gly Gly Gly
65                  70                  75                  80

Val Val Ile Gly Asn Glu Glu Lys Gln Val Gly Glu Thr Asp Ile Arg
                85                  90                  95

Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Ala His Arg Arg Val Arg Glu Ser
            100                 105                 110

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly Leu Leu
        115                 120                 125

Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
    130                 135                 140

Glu Asn Leu Met Lys Tyr Gly Leu Leu Ile Arg Ala Gly Phe Trp Phe
145                 150                 155                 160

Ser Ala Arg Ser Leu Gly Asp Trp Pro Leu Leu Met Cys Cys Leu Thr
                165                 170                 175

Leu Pro Val Phe Pro Leu Val Ala Leu Met Ala Glu Lys Leu Ile Thr
            180                 185                 190

Arg Lys Leu Ile Gly Glu His Val Val Ile Leu Leu His Ile Ile Ile
        195                 200                 205

Thr Thr Ser Ala Ile Val Tyr Pro Val Val Val Thr Leu Lys Cys Asp
    210                 215                 220

Ser Ala Val Leu Ser Gly Phe Val Leu Met Phe Leu Ala Ser Ile Met
225                 230                 235                 240

Trp Met Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Tyr Asp Ile Arg Val
                245                 250                 255

Leu Ser Lys Ser Thr Glu Lys Gly Ala Ala Tyr Gly Asn Tyr Val Asp
            260                 265                 270

Pro Glu Asn Met Lys Asp Pro Thr Phe Lys Ser Leu Val Tyr Phe Met
```

275 280 285

Leu Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Thr Tyr Pro Gln Thr Thr Cys
290 295 300

Ile Arg Lys Gly Trp Val Thr Gln Gln Leu Ile Lys Cys Val Val Phe
305 310 315 320

Thr Gly Leu Met Gly Phe Ile Ile Glu Gln Tyr Ile Asn Pro Ile Val
325 330 335

Lys Asn Ser Lys His Pro Leu Lys Gly Asn Phe Leu Asn Ala Ile Glu
340 345 350

Arg Val Leu Lys Leu Ser Val Pro Thr Leu Tyr Val Trp Leu Cys Met
355 360 365

Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Val Ala Glu Leu Leu
370 375 380

Cys Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr
385 390 395 400

Val Glu Glu Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Ile
405 410 415

Ile Arg His Ile Tyr Phe Pro Cys Ile Arg Lys Gly Phe Ser Arg Gly
420 425 430

Val Ala Ile Leu Ile Ser Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu Ile
435 440 445

Cys Ile Ala Val Pro Cys His Ile Phe Lys Phe Trp Ala Phe Ser Gly
450 455 460

Ile Met Phe Gln Ile Pro Leu Val Phe Leu Thr Arg Tyr Leu His Ala
465 470 475 480

Thr Phe Lys His Val Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Phe Phe
485 490 495

Ser Ile Val Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Val
500 505 510

Met Asn Arg Gln Ala Gln Ala Ser Arg Ala Lys Gly Glu Leu Arg Gly
515 520 525

```
His Pro Phe Glu Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp
 530                 535                 540

Ser Thr Arg Thr Gly His His His His His His
545                 550                 555
```

<210> 127
<211> 1148
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Brassica napus

<400> 127

```
tttcttcatc ggtgattgat tcctttaaag acttatgttt cttatcttgc ttctgaggca   60
agtattcagt taccagttac cacttatatt ctggactttc tgactgcatc ctcatttttc  120
caacatttta aatttcacta ttggctgaat gcttcttctt tgaggaagaa acaattcaga  180
tggcagaaat gtatcaacca atgcatatat acaaatgtac ctcttgttct caaaacatct  240
atcggatggt tccatttgct ttgtcatcca attagtgact actttatatt attcactcct  300
ctttattact attttcatgc gaggttgcca tgtacattat atttgtaagg attgacgcta  360
ttgagcgttt ttcttcaatt ttctttattt tagacatggg tatgaaatgt gtgttagagt  420
tgggttgaat gagatatacg ttcaagtgaa gtggcatacc gttctcgagt aaggatgacc  480
tacccattct tgagacaaat gttacatttt agtatcagag taaaatgtgt acctataact  540
caaattcgat tgacatgtat ccattcaaca taaaattaaa ccagcctgca cctgcatcca  600
catttcaagt attttcaaac cgttcggctc ctatccaccg ggtgtaacaa gacggattcc  660
gaatttggaa gattttgact caaattccca atttatattg accgtgacta aatcaacttt  720
aacttctata attctgatta agctcccaat ttatattccc aacggcacta cctccaaaat  780
ttatagactc tcatcccctt ttaaaccaac ttagtaaacg ttttttttct taattttatg  840
aagttaagtt tttaccttgt ttttaaaaag aatcgttcat aagatgccat gccagaacat  900
tagctacacg ttacacatag catgcagccg cggagaattg tttttcttcg ccacttgtca  960
ctcccttcaa acacctaaga gcttctctct cacagcacac acatacaatc acatgcgtgc 1020
atgcattatt acacgtgatc gccatgcaaa tctcctttat agcctataaa ttaactcatc 1080
cgcttcactc tttactcaaa ccaaaactca tcaatacaaa caagattaaa aacatacacg 1140
gactctag                                                         1148
```

<210> 128
<211> 3531
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 128

```
tgaatccttt ttcctttctt cttcttcttc tcttcagaga aaactttgct tctctttcta      60
taaggaacca gacacgaatc ccattcccac cgatttctta gcttcttcct tcaatccgct     120
ctttccctct ccattagatt ctgtttcctc tttcaatttc ttctgcatgc ttctcgattc     180
tctctgacgc ctcttttctc ccgacgctgt ttcgtcaaac gcttttcgaa atggcgattt     240
tggattctgc tggcgttact acggtgacgg agaacggtgg cggagagttc gtcgatcttg     300
ataggcttcg tcgacggaaa tcgagatcgg attcttctaa cggacttctt ctctctggtt     360
ccgataataa ttctccttcg gatgatgttg gagctcccgc cgacgttagg gatcggattg     420
attccgttgt taacgatgac gctcagggaa cagccaattt ggccggagat aataacggtg     480
gtggcgataa taacggtggt ggaagaggcg gcggagaagg aagaggaaac gccgatgcta     540
cgtttacgta tcgaccgtcg gttccagctc atcggagggc gagagagagt ccacttagct     600
ccgacgcaat cttcaaacag gtttaaaatc tcagaaatct tcgaatttgg tgtttgcttg     660
ttgttttata tggaattgag tttggtgatt gttttgcatt gcagagccat gccggattat     720
tcaacctctg tgtagtagtt cttattgctg taaacagtag actcatcatc gaaaatctta     780
tgaaggtttg ctgttacttg tttctccttt taggaattga attgcttgaa aatttatcag     840
agacgaataa ctttgttgtt gctatcattc atgtagtatg gttggttgat cagaacggat     900
ttctggttta gttcaagatc gctgcgagat tggccgcttt tcatgtgttg gtaaaagaag     960
atgtttttta tttccagcaa tgttacattg ttatacgtat aatgatgagt ttagtgatca    1020
agttcctctt tgattcttct ttcttgttgc agtatatccc tttcgatctt tcctttggct    1080
gcctttacgg ttgagaaatt ggtacttcag aaatacatat cagaacctgt gagtaattac    1140
tattctccag ccattactgt aatttttatt gaagacaagt ttgtatcatg aagaacttac    1200
aagttctgtt ttgaaaatgc tcaaggttgt catctttctt catattatta tcaccatgac    1260
agaggttttg tatccagttt acgtcaccct aaggtgatac tgtttttctg gtctcagttt    1320
gtgatactgt ttttaagttt agttgtctga cccggtgatc ttgaaaatgg acaggtgtga    1380
ttctgctttt ttatcaggtg tcactttgat gctcctcact tgcattgtgt ggctaaagtt    1440
ggtttcttat gctcatacta gctatgacat aagatcccta gccaatgcag ctgataaggt    1500
aaaatacgaa aaagaagcgt atgtattagt cacttgcact gtgttactgt tttaaccaaa    1560
cactgttatg aactttaggc caatcctgaa gtctcctact acgttagctt gaagagcttg    1620
gcatatttca tggtcgctcc cacattgtgt tatcaggtaa ctgcaaagtg catcaaccat    1680
tcttatactt gcaagagttt cttgtctaaa cctcggatct ttgcttttcc ccagccaagt    1740
tatccacgtt ctgcatgtat acggaagggt tgggtggctc gtcaatttgc aaaactggtc    1800
atattcaccg gattcatggg atttataata gaacaagtac gttttcacat cttgctttat    1860
```

tagttttcct tggtgaaaat catcatccct gcgttgtcac cacttgactt catgttcttt 1920

tgttacattt tggcagtata taaatcctat tgtcaggaac tcaaagcatc ctttgaaagg 1980

cgatcttcta tatgctattg aaagagtgtt gaagctttca gttccaaatt tatatgtgtg 2040

gctctgcatg ttctactgct tcttccacct ttggtatgct gtgatcccat ctctttcaaa 2100

ataatttgca aattcgaaaa accgaaaaag gctaaatctc atacgaattt gatattttta 2160

gtttcttaga gtcggtgatg taatttcagt tactgaacgc aaatctcttg tccaaaggtt 2220

aaacatattg gcagagcttc tctgcttcgg ggatcgtgaa ttctacaaag attggtggaa 2280

tgcaaaaagt gtgggagatg tgagctattt tactcaaaag aaaacttatg atttttaatg 2340

ttgtcgttgt ttttgggtca tctaactaac caaattcatg tattcactgt cttcctttat 2400

cagtactgga gaatgtggaa tatggtatgg ttctcttcct aaacatcacc ttcttttgta 2460

cacaaaatag aagaagagag ctaattaaga tcttgttttc cttgacagcc tgttcataaa 2520

tggatggttc gacatatata cttcccgtgc ttgcgcagca agataccaaa ggtgagtgag 2580

atatataccg atatgcaatt gtcgagattt gtttctgtga tataaattta accctccaca 2640

cacttgtttt tcagacactc gccattatca ttgctttcct agtctctgca gtctttcatg 2700

aggtatacat actttctaca ttgccctgtc tctagacgca tgaacacacg ctagtgaaag 2760

aaatgctaat attcaaagca ttgtttttac ttaacgatct tgtgttacaa atttcctttt 2820

gacagctatg catcgcagtt ccttgtcgtc tcttcaagct atgggctttt cttgggatta 2880

tgtttcaggt taaaaaatta ctaaactgct gcagtcgatt tttactaaac tctaatctca 2940

tattctgacc aaccaatttg tttgagtagg tgcctttggt cttcatcaca aactatctac 3000

aggaaaggtt tggctcaacg gtatgctctc aaaacccgag aaaatagaac gaataactct 3060

ttctttcata gcctagccat ttaaatcgca atgctgaaac ttaataataa aggtgatctg 3120

ttttggaatg ggatcatatt attaggtggg gaacatgatc ttctggttca tcttctgcat 3180

tttcggacaa ccgatgtgtg tgcttcttta ttaccacgac ctgatgaacc gaaaaggatc 3240

gatgtcatga aacaactgtt caaaaaatga ctttcttcaa acatctatgg cctcgttgga 3300

tctccgttga tgttgtggtg gttctgatgc taaaacgaca aatagtgtta taaccattga 3360

agaagaaaag aaaattagag ttgttgtatc tgcaaaaatt ttggtagaga cacgcgaacc 3420

cgtttggatt ttgttatggt gtaaagaaat ttcaatcaaa aaactgttgt aataattgtt 3480

accaaaaaga aatgcttttc tggaaacgag gggaaaaata gtagttttgt t 3531

<210> 129
<211> 6346
<212> ADN
<213> Zea mays

<400> 129

atggccccgc ccccctccat gcctgccgcc tccgatcgcg ccggccctgg ccgcgacgcg 60

ggcgactcgt cctcccttcg cctccgccgc gcccccctcag ccgacgccgg cgaccttgcc 120

ggcgattcct cggtaggctt gcgggagaac ggcgagccgc aaccgccgac gaatccgccg 180

ccgcaggagc agcagcagca gcacgagatg ctatactacc gcgcgtcggc gcccgcccac 240

cgccgcgtca aggagagccc cctcagctct gacgccatct tccggcaggt gaggagacgc 300

gaattttagg ctcgctgttt gtaagcgatt gtttgatccc cgcgcttgtg cttcgatcca 360

cgccagttgc aaaatcctgc aaattgtttg ttgcttccag tcaactctgc ctctgttttt 420

ttttggttgg tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg ttcaaatcac actttgtgct atcggtagct 480

taacactgcc ggttgccatc tcgcgcgcac ggatgtttta ttgtgggcct tgggcttcgg 540

aattgtggat agattgtgcg cgtgtactcg aatgggcaca attcgtttcg tgggggggcat 600

atgctgctgc gattgaggtc ggtgtttact tgttttggga tcaggggggac cagtgccggt 660

gcgcgggtgc cagatgcatg ccacgcagaa tttggcatcg gccggctgaa gcagcaaaca 720

acgagcgtaa ccgttaccac tggaggagct ttggcttgtc gaaacggatg actggatgag 780

cgaatgaatc attgaattca ttgttggcgg tactcactat agtgatgtgg acagttgttg 840

ggacagcacc tgcagtgccc ccagtattat taatgctgac ttttctaact acaatgcgtg 900

ttacattgtt tgtacacctt ggctttcctg cttggggcat tgcttcttgt tgaggaccat 960

ataactgtgc acctacatag aactgtattg gaccacttgt aagttttaac tggttagccc 1020

tccatttttt aataggtata ttattagaca atttttattg tcattgacat tatttttgtt 1080

tgctactctc ggagcccttt tcccagtgta atcttaatag ggctcaaatc acagcagaaa 1140

cacgtgagac gtaattttct agtgatactt ttattagact ttgttgtttc tgcacatact 1200

ctaaatctgt tttgaaggta ggagtgctta tttggatgat aaataatcct gggattacac 1260

agtggacaac gctttgataa ttgagtccat gctaacttga ttataatata tcagtattcc 1320

atatatcatt ttatcttgta cttcaactga gatcatcctt atttttgca aaccgtattt 1380

attggttgct ctggagaatt gaagtcttga aactaagcac ttctcctgat tgcagagcca 1440

tgctggtctt ctgaatctat gcattgttgt tctgatcgca gtgaacagca gactcattat 1500

tgagaattta atgaaggttt attactttct ttctttttc attttcctca ccttcattta 1560

cagatccctc aatccatctc cttctgaaat acatctggtc ttcttcctgc gcatttgtct 1620

agtgtaaatc tgacacattc tgtgttttat ttaaattggc tggtgcagta tggcctgttg 1680

ataagagctg gattttggtt tagtgcaaga tcgctgggtg actggcccct tctaatgtgc 1740

tggtagaaat tgttgtcatt tttaattcag atgggtttca aataagaact gtggagtaat 1800

caatctgtca atttcagcct cactctacca gttttcccac tagttgcact catggctgag 1860

aagctgatca caagaaagct cattggtgaa catgtaagtt tgactcacaa gattgcgtag 1920

tattttgtag agaagttctc ttttgttatt tcttaggtat aagtgttgag gattgaatta 1980

gatgtaaaac tagacagtcc tctattctgc atcttccagg tgccatttat cgtttatgac 2040

ttctatacac ctcttgcagg tggttattct actccatatc attattacaa catctgccat 2100

tgtctatcca gttgttgtga ctcttaagta agcatttctt tctgctttgc agtttgtttg 2160

gatgcatctt attttgacat tcgttgagct ctagtatttc atggtatgga atacattcaa 2220

ttaatcttgt tcgtaatttg ctgtacttca tggtatggtg gccaactaca ttattgtgcc 2280

ccaaacattt agtctttccc ttcaagatac gtactatact atgcaaattg ggtggataaa 2340

aaggtagcta cataacactt ttatttaatt gtatctggtg actccacact ataatacaaa 2400

gaaacgcaac tctccagcat attcaagaaa aaaatgtatc tggtgataaa aatctattgc 2460

aaatgttcat ttatctctag tagaagaaat ccttactatc ttactctgtc ttgatctgtt 2520

cactgactgc atctaatagg gaagatttgt tagtccatca atattgatac acattttatt 2580

atgcagatat tttgtttctt tcatgtagct tctagcttgt aacccctttc ctaacatgaa 2640

gctgatcttt ccattgtaca agaaaaattg gatatatttg ttcacatgct tggaaattga 2700

ataaacaaac tgtagtattt ctgatgttga tgtgcaagta gtagactttg gttgagtcaa 2760

ttgttatctc tcaaaaagag ccattaggag caagttacct tttcattgat tatattttct 2820

gtgagactgc aagagttaag aatgttgtat ggttgatgcc ttatgctgtt tagtttaagt 2880

ttgttataat tgccaagaaa tgttacttga aaagatattg tcccatgcat caattatgga 2940

ttatcagttc agtcatattc cgaaaaattt caggtgtgac tcagcagtac tatctggatt 3000

tgtgctaatg tttcttgcga gcatcatgtg gatgaagctt gtctcttatg cacatacaaa 3060

ttatgatata agggtattgt ccaaaagtac tgagaaggta atgcattgac atgttaatct 3120

gaatcagttc aaatattttg ttaacatgtt gcccatttct caaaattgat ttgttgacgt 3180

tcaaactttt cttaaaactc cttttggtgg ccaaattttt ctgaagctag aatatctccc 3240

acttgtttaa acttcttttc cagtttcatt tcatgaatgt cttatatcta gtttcaattt 3300

ttgcatagga tgaaatgtgg tgccaatcaa tatacgttac catcaagaga gtaaaaaaat 3360

tgttcttaac ttctcataca gtgtttttgt tacatgggct gatcatatat actctcatgt 3420

gttagcttaa ctgttagtgt atacctctat tgtaatgggc cttggtccac ctaaccctgt 3480

tatatcaatg cattcccaac cctaattagg gttagggttt ccctcattct aacttcaggc 3540

aacggtagca tatgattata tcccttcatt ttcatttttc atgcaaataa ccactattgc 3600

tatattctta tttttagggt gctgcatatg gaaattatgt cgatcctgag aatatgaaag 3660

atccaacctt taaaagtcta gtgtacttca tgttggcccc aacactttgt taccaggtac 3720

tattattgga ccaatgcccc gtttttgttt ttaatgtcta cactctgctt ttcttcatcg 3780

cgtctatcta gttatgccag tgacaacatg aatttcctga tgtcactttg gcatgttatg 3840

cagccaactt atcctcaaac tacatgtatt agaaagggtt gggtgaccca gcaactcata 3900

aagtgcgtgg tttttacagg cttgatgggc ttcataattg agcaagtgag cctcctatat 3960

tccttaagta acttgtattt atacataact ttggattaaa ttaccaattt ttcttctatt 4020

ttgcagtata taaacccaat tgtgaagaat tccaaacatc cactgaaagg gaatttttg 4080

aatgctatag aaagagtctt aaaactctca gtgccaacat tatatgtatg gctttgcatg 4140

ttctattgct tttttcattt atggttagta tcttgcttca gttcaacagt accttaaatt 4200

tgtgcggcag tgattggttt atataacagg ttaattgggt tttgacctgc atgggacttt 4260

gatttccatt ttccatggca ttcttgtttg ctcttttggt tggtttcagg ctgaacattg 4320

tagctgaact cctctgtttc ggtgaccgtg aattctataa ggactggtgg aatgccaaaa 4380

ctgttgaaga ggtgagatgc ctgttaaaat tgagttcgtt tcttttgaag tgagaacttt 4440

aaataggact gacatcaatt atattctcat gtacttaaat gtgatggtat tttggggctt 4500

tacctcagta ctggaggatg tggaacatgg taatcttttt gttacttcta tattcagatt 4560

ctataccctt ttatttagtt gagactttgt tacttaacta aggacagttg tgatggtagt 4620

ggtactcttc tatttagtta agacttcctt aacttctgtc actgagcttg agatatttgt 4680

ctaataatat ctttcaaata actgacaatt agtctatttt ttgtcagcct gttcataagt 4740

ggatcatcag acacatatat tttccatgta taaggaaagg cttttccagg gtaattgctt 4800

ctatatgtgt acaaaactct acatttgttc tttgcttttg aattctccaa atgcagttta 4860

gtttggaaca tcgatgcaat atagaattca caatatacaa atgatgttct ttagaaaatg 4920

gggaagcaga gctggacaga gtgttagcac tcaattgtca atttgtcata ataataatga 4980

atacaactga acaagtggct gaaactgttg tgagaaaatc agaacactag tggtcaatat 5040

tatttgcata gtaaatcaat ttggtaatgt aaattaagat atgaagttct tacttcttat 5100

ataaagattt actatgcttg aattttatag tggctgaaac tttactgttc ttggataaag 5160

attttaaata aaaacaaagg atatctagac ttggcaacaa aatgctgcct tctgctgact 5220

ggcaaaagta aattagacaa tgtgaataca tggacataca taaaattttg ttggtccttt 5280

catttttgca gaactgacat gattttcact gcctacttct caaattcgta ttgtatctac 5340

actgcagggt gtagctattc taatctcgtt tctggtttca gctgtattcc atgaggtact 5400

ttaagttctt cagaagcctt tttcatgatc ggttcaattt ctgtttttcc taagacatgc 5460

tattgttcga attccactca gcacattact aacaatacgt ttgaccttac gtaccaatat 5520

atcatcacca catctctttt tacattgtga attcacagat atgtattgcg gtgccgtgcc 5580

acattttcaa attctgggca ttttctggga tcatgtttca ggtatagaaa taacactaat 5640

atataactac tacctccatt ccgaattata agtctttctg gcttggcttt tctagttaca 5700

```
ttatactagg tatatatcta gattataata gttatatatc tagacattgt gtatatctag     5760

atgcatacca aatgttacct atctagaaaa taggatcatg gtttcaggta tagaagtagt     5820

aataatataa taactactac ctccatttcg aactgtaagt cattatgact tggcttttat     5880

agataatgct aagagttata tatctggaca ttatctagat gcgtagctac gaatctagga     5940

aaactagaac gacttgtaat tatccctgcc ttttcttttg agtccatcag tgtctattct     6000

cttacgtttt gattccatca ttacatccat aagaacaata ctacatcttg gatacaatgt     6060

accttccact gttttcacat aggctgacac tggttgatgt ctgactcaca gataccgttg     6120

gtattcttga caagatatct ccatgctacg ttcaagcatg taatggtacg ctgtgtcaat     6180

tatgtccttt ttttcccatt acctcttgcc actacctaac catcatcttc ttatttggca     6240

ggtgggcaac atgatatttt ggttcttcag tatagtcgga cagccgatgt gtgtccttct     6300

atactaccat gacgtcatga acaggcaggc ccaggcaagt agatag                    6346
```

<210> 130
<211> 157
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 130

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Ala Gly Val Thr Thr Val Thr Glu Asn Gly
1               5                   10                  15

Gly Gly Glu Phe Val Asp Leu Asp Arg Leu Arg Arg Arg Lys Ser Arg
            20                  25                  30

Ser Asp Ser Ser Asn Gly Leu Leu Leu Ser Gly Ser Asp Asn Asn Ser
        35                  40                  45

Pro Ser Asp Asp Val Gly Ala Pro Ala Asp Val Arg Asp Arg Ile Asp
    50                  55                  60

Ser Val Val Asn Asp Asp Ala Gln Gly Thr Ala Asn Leu Ala Gly Asp
65                  70                  75                  80

Asn Asn Gly Gly Gly Asp Asn Asn Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Glu
                85                  90                  95

Gly Arg Gly Asn Ala Asp Ala Thr Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro
            100                 105                 110

Ala His Arg Arg Ala Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
        115                 120                 125
```

```
Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Val Val Val Leu Ile
    130                 135                 140

Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Asn Lys
145                 150                 155
```

<210> 131
<211> 140
<212> PRT
<213> Brassica juncea

<400> 131

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Gly Gly Val Ala Val Pro Pro Thr Glu Asn
1               5                   10                  15

Gly Val Ala Asp Leu Asp Arg Leu His Arg Arg Lys Ser Arg Ser Asp
            20                  25                  30

Ser Ser Asn Gly Leu Leu Ser Asp Thr Ser Pro Ser Asp Asp Val Gly
        35                  40                  45

Ala Ala Ala Ala Glu Arg Asp Arg Val Asp Ser Ala Ala Glu Glu Glu
    50                  55                  60

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

Ser Ala Gly Gly Asp Val Arg Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala
                85                  90                  95

His Arg Arg Thr Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys
            100                 105                 110

Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Val Val Val Leu Val Ala
        115                 120                 125

Val Asn Ser Arg Pro Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys
    130                 135                 140
```

<210> 132
<211> 140
<212> PRT
<213> Brassica napus

<400> 132

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Gly Gly Val Ala Val Pro Pro Thr Glu Asn
1               5                  10                  15

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

            20                  25                  30

Ser Ser Asn Gly Leu Leu Ser Asp Thr Ser Pro Ser Asp Asp Val Gly
        35                  40                  45

Ala Ala Ala Ala Glu Arg Asp Arg Val Asp Ser Ala Ala Glu Glu Glu
    50                  55                  60

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

Ser Ala Gly Gly Asp Val Arg Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala
                85                  90                  95

His Arg Arg Thr Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys
            100                 105                 110

Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Val Val Val Leu Val Ala
        115                 120                 125

Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys
    130                 135                 140
```

<210> 133
<211> 140
<212> PRT
<213> Brassica juncea

<400> 133

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Gly Thr Val Thr Met Ala Thr Glu Asn Gly
1               5                  10                  15

Val Ala Asp Leu Asp Met Leu Arg Arg Arg Lys Ser Arg Ser Asp Ser
            20                  25                  30

Ser Asn Gly Leu Leu Ser Glu Thr Ser Pro Ser Asp Asp Ala Gly Ala
        35                  40                  45

Pro Ala Asp Val Glu Asp Arg Val Asp Ser Ala Ala Gln Gly Thr Ala
    50                  55                  60

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

Gly Gly Asn Gly Glu Val Arg Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala
                85                  90                  95

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

            100                 105                 110

Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Val Val Val Leu Val Ala
        115                 120                 125

Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys
    130                 135                 140
```

<210> 134
<211> 149
<212> PRT
<213> Tropaeolum majus

<400> 134

```
Met Ala Val Ala Glu Ser Ser Gln Asn Thr Thr Thr Met Ser Gly His
1               5                  10                  15

Gly Asp Ser Asp Leu Asn Asn Phe Arg Arg Arg Lys Pro Ser Ser Ser
            20                  25                  30

Val Ile Glu Pro Ser Ser Ser Gly Phe Thr Ser Thr Asn Gly Val Pro
        35                  40                  45

Ala Thr Gly His Val Ala Glu Asn Arg Asp Gln Asp Arg Val Gly Ala
    50                  55                  60

Met Glu Asn Ala Thr Gly Ser Val Asn Leu Ile Gly Asn Gly Gly Gly
65                  70                  75                  80

Val Val Ile Gly Asn Glu Glu Lys Gln Val Gly Glu Thr Asp Ile Arg
                85                  90                  95

Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Ala His Arg Arg Val Arg Glu Ser
            100                 105                 110

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe
        115                 120                 125

Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
    130                 135                 140

Glu Asn Leu Asn Lys
145
```

<210> 135
<211> 103
<212> PRT
<213> Echium pitardii

<400> 135

```
Met Thr Ile Trp Glu Ser Pro Glu Ile Ile Ser Ser Asp Glu Ala Ala
1               5                  10                  15

Ala Ala Leu Arg Arg Arg Gly Gly Ala Lys Glu Val Ala Glu Gln Arg
            20                  25                  30

Leu Asp Ser Glu Glu Glu Lys Lys Lys Glu Glu Glu Asn Gly Lys Leu
        35                  40                  45

Lys Tyr Thr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg Arg Ile Lys Glu
    50                  55                  60

Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu
65                  70                  75                  80

Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile
                85                  90                  95

Ile Glu Asn Leu Pro Met Lys
            100
```

<210> 136
<211> 152
<212> PRT
<213> Vernonia galamensis

<400> 136

```
Met Ala Leu Leu Asp Thr Pro Gln Ile Gly Glu Ile Thr Thr Thr Ala
1               5                  10                  15

Thr Thr Thr Ile Arg Arg Arg Thr Thr Val Lys Pro Asp Ala Gly Ile
            20                  25                  30

Gly Asp Gly Leu Phe Asp Ser Ser Ser Ser Ser Lys Thr Asn Ser Ser
        35                  40                  45

Phe Glu Asp Gly Asp Ser Leu Asn Gly Asp Phe Asn Asp Lys Phe Lys
    50                  55                  60

Glu Gln Ile Gly Ala Gly Asp Glu Ser Lys Asp Asp Ser Lys Gly Asn
65                  70                  75                  80

Gly Gln Lys Ile Asp His Gly Gly Val Lys Lys Gly Arg Glu Thr Thr
                85                  90                  95

Val Val His Tyr Ala Tyr Arg Pro Ser Ser Pro Ala His Arg Arg Ile
            100                 105                 110
```

```
Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala
        115                 120                 125

Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Gly Arg
    130                 135                 140

Leu Ile Ile Glu Asn Leu Asn Lys
145                 150
```

<210> 137
<211> 165
<212> PRT
<213> Nicotiana tabacum

<400> 137

```
Met Val Ile Met Glu Leu Pro Glu Ser Val Glu Met Thr Thr Thr Thr
1               5                   10                  15

Thr Thr Ser Gly Ile Glu Asn Leu Asn Ser Asp Leu Asn His Ser Val
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Arg Cys Ser Asn Gly Phe Glu Ala Ala Ser Ala Ile Asn
        35                  40                  45

Ser Ser Asp Ala Asn Met Ser Glu Asp Arg Arg Asp Val Cys Gly Ser
    50                  55                  60

Gly Ala Gly Leu Glu Thr Val Asn Glu Arg Ser Lys Ser Val Gly Glu
65                  70                  75                  80

Ser Ser Asp Val Ile Arg Lys Glu Asp Asp Arg Asn Asp Asn Val Ala
                85                  90                  95

Asn Gly Glu Glu Ser Lys Ser Thr Glu Thr Thr Thr Thr Pro Phe Lys
            100                 105                 110

Phe Ala Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg Arg Ile Lys Glu Ser
        115                 120                 125

Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe
    130                 135                 140

Asn Leu Cys Val Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
145                 150                 155                 160

Glu Asn Leu Asn Lys
                165
```

<210> 138
<211> 163
<212> PRT
<213> Perilla frutescens

<400> 138

```
Met Ala Ile Leu Asp Ser Pro Glu Ile Leu Asp Thr Thr Ser Ser Ser
1               5                   10                  15

Ala Asp Asn Gly Ala Ala His His Thr Thr Leu Arg Arg Arg Arg Ser
            20                  25                  30

Ala Arg Ser Val Pro Pro Leu Leu Asp Ser Asp Ser Asn Ser Leu Glu
        35                  40                  45

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

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

Gln Glu Ser Tyr Gly Lys Glu Glu Gly Ala Lys Val Lys Glu Asn Gly
                85                  90                  95

Glu Thr Ser Asn Gly Asn Gly Thr Asp Val Met Ala Val Lys Phe Thr
            100                 105                 110

Phe Arg Pro Ala Ala Pro Ala His Arg Lys Asn Lys Glu Ser Pro Leu
        115                 120                 125

Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu
    130                 135                 140

Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn
145                 150                 155                 160

Leu Asn Lys
```

<210> 139
<211> 141
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 139

```
Met Ala Asp Ser Glu Asp Ala Pro Pro Ala Val His Arg Arg Pro Pro
1               5                   10                  15
```

```
Arg Pro Ala Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Leu Arg Ser Gly Ala Ala Val Ala Ala Arg Ala Ser Phe
        35                  40                  45

Ala Ala Asp Ser Gly Asp Glu Ser Gly Pro Gly Glu Pro Ser Ser Ser
    50                  55                  60

Arg Arg Arg Asp Asn Ser Gly Gly Ala Ser Ser Ala Ala Gly Gly Arg
65                  70                  75                  80

Ala Gly Ala Gly Asp Phe Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro
                85                  90                  95

Val His Arg Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe
            100                 105                 110

Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val
        115                 120                 125

Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys
    130                 135                 140
```

<210> 140
<211> 141
<212> PRT
<213> Sorghum bicolor

<400> 140

```
Met Ala Asp Thr Asp Asp Ala Pro Pro Ala Pro Ala Val His Arg Arg
1               5                   10                  15

Pro Pro Arg Pro Ala Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gln Ala Ala Glu Leu
            20                  25                  30

Arg Arg Arg Leu Ser Ser Gly Ala Ala Ala Ala Ala Arg Ala Ser Phe
        35                  40                  45

Ala Ala Asp Ser Gly Asp Glu Ser Gly Pro Gly Glu Pro Ser Ser Ser
    50                  55                  60

Arg Arg Arg Asp Asn Gly Gly Asp Ala Ser Ser Ala Ala Asp Gly Gly
65                  70                  75                  80

Arg Gly Gly Ala Gly Asp Phe Ser Ala Phe Ile Phe Arg Ala Ala Ala
                85                  90                  95
```

```
Pro Val His Phe Glu Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile
            100                 105                 110

Phe Glu Gln Ser His Ala Leu Glu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val
        115                 120                 125

Ala Val Asn Ser Pro Leu Ile Ile Glu Asn Leu Asn Lys
    130                 135                 140
```

<210> 141
<211> 167
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 141

```
Met Val Gly Ser Asp Gly Asp Gly Asp Gly Gly Gly Gly Glu Ala His
1               5                   10                  15

Ala Pro Ala Ala Pro Ala His His His Arg Arg Pro Pro Arg Pro Arg
            20                  25                  30

Gly Gly Ser Gly Ala Thr Val Glu Gly Phe Ala Ala Ala Leu Arg Arg
        35                  40                  45

Pro Ile Arg Ser Gly Ala Ala Ala Ala Ala Arg Ala Ser Phe Gly Gly
    50                  55                  60

Asp Ser Gly Asp Glu Ala Ala Ser Gly Glu Pro Ser Ser Ser Ser Ser
65                  70                  75                  80

Ser Ser Pro Ser Arg Arg Arg Gly Gly Asp Ser Asn Gly Ala Glu Ala
                85                  90                  95

Ser Ser Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Gly Asp Phe
            100                 105                 110

Ser Ala Phe Thr Phe Arg Ala Ala Ala Pro Val His Arg Lys Ala Lys
        115                 120                 125

Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly
    130                 135                 140

Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu
145                 150                 155                 160

Ile Ile Glu Asn Leu Asn Lys
                165
```

<210> 142
<211> 104
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 142

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Leu Ala Pro Asp Arg Gly Gly Gly Glu Pro
1               5                  10                  15

Asp Asp Ala Leu Arg Leu Arg Ala Arg Ala Ala Ala Ala Ala Gly Asp
            20                  25                  30

Ala Pro Ala Pro Gln Gln Gln Gln Glu Gln Arg His Gln Glu Gln Gln
        35                  40                  45

Gln Gln Leu Leu Trp Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg Arg Val
    50                  55                  60

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

Gly Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg
                85                  90                  95

Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys
            100
```

<210> 143
<211> 118
<212> PRT
<213> Sorghum bicolor

<400> 143

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Met Ala Ala Ala Ser Asp Arg Ala Val Pro
1               5                  10                  15

Gly Ala Asp Ala Thr Glu Ala Ser Ser Leu Arg Leu Arg Arg Ala Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ala Asp Asp Ser Ser Gly Asp Arg Arg
        35                  40                  45

Glu Asn Gly Glu Pro Gln Pro Pro Gln Glu Gln Gln Gln Gln His Glu
    50                  55                  60

Met Leu Tyr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg Arg Val Lys Glu
65                  70                  75                  80
```

```
Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly Leu
                  85                  90                  95

Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile
             100                 105                 110

Ile Glu Asn Leu Met Lys
         115
```

<210> 144
<211> 122
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 144

```
Met Ala Pro Pro Pro Ser Met Pro Ala Ala Ser Asp Arg Ala Gly Pro
1               5                   10                  15

Gly Arg Asp Ala Gly Asp Ser Ser Ser Leu Arg Leu Arg Arg Ala Pro
            20                  25                  30

Ser Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ala Gly Asp Ser Ser Gly Gly Leu Arg
        35                  40                  45

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

Gln Gln His Glu Met Leu Tyr Tyr Arg Ala Ser Ala Pro Ala His Arg
65                  70                  75                  80

Arg Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Arg Gln Ser
                85                  90                  95

His Ala Gly Leu Leu Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala Val Asn
            100                 105                 110

Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys
        115                 120
```

<210> 145
<211> 76
<212> PRT
<213> Physcomitrella patens

<400> 145

```
Met Pro Val Lys Ser Ser Asn Leu Ala Gly Glu Arg Ala Ala Thr Ser
1               5                  10                  15

His Ile Asn Ala Asn Thr Lys Phe Asp Leu Arg Gly Cys Thr Pro Ala

            20                  25                  30

His Arg Val Arg Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe His
        35                  40                  45

Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Ile Ala
    50                  55                  60

Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys
65                  70                  75
```

<210> 146
<211> 51
<212> PRT
<213> Selaginella moellendorffii

<400> 146

```
Met Arg Pro Ser Leu Pro Ala His Arg Arg Ser Lys Glu Ser Pro Leu
1               5                  10                  15

Ser Ser Asp Ala Ile Phe Thr Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu
            20                  25                  30

Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn
        35                  40                  45

Leu Met Lys
    50
```

<210> 147
<211> 136
<212> PRT
<213> Euonymus alatus

<400> 147

```
Met Ala Ala Asn Leu Asn Glu Ala Ser Asp Leu Asn Phe Ser Leu Arg
1               5                  10                  15

Arg Arg Thr Gly Gly Ile Ser Ser Thr Thr Val Pro Asp Ser Ser Ser
            20                  25                  30

Glu Thr Ser Ser Ser Glu Ala Asp Phe Leu Asp Gly Gly Lys Gly Ala
        35                  40                  45

Ala Asp Val Lys Asp Arg Gly Asp Gly Ala Val Glu Phe Gln Asn Ser
    50                  55                  60

Met Lys Asn Val Glu Arg Ile Glu Lys His Glu Ser Arg Val Gly Leu
65                  70                  75                  80

Asp Ser Arg Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala His Arg Thr Ile
                85                  90                  95

Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala
            100                 105                 110

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

Leu Ile Ile Glu Asn Leu Asn Lys
    130                 135
```

<210> 148
<211> 146
<212> PRT
<213> Vitis vinifera

<400> 148

```
Met Ala Ile Cys Asn Ser Phe Pro Ser Val Thr Thr Ser Ser Ser Ser
1               5                  10                  15

Ser His Ala Asp Ser Asp Leu Asp Phe Ser Ile Arg Lys Arg Phe Gly
            20                  25                  30

Gly Lys Gly Lys Ala Val Ala Asp Ser Ser Leu Glu Thr Glu Thr Glu
        35                  40                  45

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

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

Gly Glu Asn Gly Val Ala Glu Val Ala Ala Lys Phe Ala Tyr Arg Pro
                85                  90                  95

Cys Ala Pro Ala His Arg Lys Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp
            100                 105                 110

Ala Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Cys Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile
        115                 120                 125

Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Asn
    130                 135                 140

Asn Lys
145
```

<210> 149
<211> 128
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 149

```
Met Ala Ile Ser Asp Glu Pro Glu Thr Val Ala Thr Ala Leu Asn His
1               5                   10                  15

Ser Ser Leu Arg Arg Arg Pro Thr Ala Ala Gly Leu Phe Asn Ser Pro
            20                  25                  30

Glu Thr Thr Thr Asp Ser Ser Gly Asp Asp Leu Ala Lys Asp Ser Gly
        35                  40                  45

Ser Asp Asp Ser Ile Ser Ser Asp Ala Ala Asn Ser Gln Pro Gln Gln
    50                  55                  60

Lys Lys Gln Asp Thr Asp Phe Ser Val Leu Lys Phe Ala Tyr Arg Pro
65                  70                  75                  80

Ser Val Pro Ala His Arg Glu Val Glu Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp
                85                  90                  95

Thr Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val
            100                 105                 110

Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Met Lys
        115                 120                 125
```

<210> 150
<211> 133
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 150

```
Met Ala Ile Ser Asp Glu Pro Glu Ser Val Ala Thr Ala Leu Asn His
1               5                   10                  15

Ser Ser Leu Arg Arg Arg Pro Ser Ala Thr Ser Thr Ala Gly Leu Phe
            20                  25                  30

Asn Ser Pro Glu Thr Thr Thr Asp Ser Ser Gly Asp Asp Leu Ala Lys
        35                  40                  45

Asp Ser Gly Ser Asp Asp Ser Ile Asn Ser Asp Asp Ala Ala Val Asn
    50                  55                  60
```

```
Ser Gln Gln Gln Asn Glu Lys Gln Asp Thr Asp Phe Ser Val Leu Lys
65                  70                  75                  80

Phe Ala Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala His Arg Lys Val Lys Glu Ser
                85                  90                  95

Pro Leu Ser Ser Asp Thr Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly Leu Phe
            100                 105                 110

Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile
        115                 120                 125

Glu Asn Leu Met Lys
    130
```

<210> 151
<211> 139
<212> PRT
<213> Lotus japonicus

<400> 151

```
Met Ala Ile Ser Glu Asp Ser Glu Ser Leu Phe Ala Ala Ala Ala Ala
1               5                   10                  15

Ser Ser Val Ile Gln Ser Gly Ser Ser Val Arg Arg Arg Pro Ser Ala
            20                  25                  30

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

Val Pro Val Arg Asp Ser Gly Ser Asp Val Asp Asp Ser Val Ser Ser
    50                  55                  60

Glu Gln His Val Ser Pro Ala Thr Ala Asn Arg Glu Lys Asn Gln Val
65                  70                  75                  80

His Asp Ile Ser Ala Thr Lys Phe Ala Tyr Arg Pro Ser Ala Pro Ala
                85                  90                  95

His Arg Arg Val Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Asn Ile Phe Arg
            100                 105                 110

His His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val
        115                 120                 125

Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Asn Lys
    130                 135
```

<210> 152
<211> 167
<212> PRT
<213> Medicago truncatula

<400> 152

```
Met Ala Ile Ser Asp Thr Pro Glu Thr Thr Ala Thr Ala Thr Ala Thr
1               5                  10                  15

Val Thr Thr Ile Glu Thr Asp Thr Asp Leu Lys Arg Ser Ser Leu Arg
            20                  25                  30

Arg Arg Pro Ser Ala Thr Ser Thr Ala Gly Gly Leu Phe Asp Ala Glu
        35                  40                  45

Ser Ala Ala Ala Asp Ala Val Arg Asp Ser Gly Ser Asp Asp Ser Leu
    50                  55                  60

Asn Gly Lys Ile Asn Asn Glu Glu Glu Val Lys Asp Arg Lys Thr Asp
65                  70                  75                  80

His Ala Glu Gly Ile Val Asp Asp Asp Asp Asp Asn Ala Val Lys Lys
                85                  90                  95

Asn Gly Gly Asn Asp Val Ile Asn Asp Arg Glu Asn Val Ala Val Asp
            100                 105                 110

Phe Lys Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala His Arg Arg Ser Lys
        115                 120                 125

Glu Ser Pro Leu Ser Ser Gly Asn Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly
    130                 135                 140

Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu
145                 150                 155                 160

Ile Ile Glu Asn Leu Asn Lys
                165
```

<210> 153
<211> 148
<212> PRT
<213> Jatropha curcas

<400> 153

```
Met Thr Ile Leu Glu Thr Thr Thr Ser Gly Gly Asp Gly Val Ala Glu
1               5                  10                  15
```

```
Ser Ser Ser Asp Leu Asn Val Ser Leu Arg Arg Arg Arg Lys Gly Thr
            20                  25                  30

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

Glu Ser Glu Ser Gly Gly Gln Val Met Met Asp Pro Gly Met Val Thr
    50                  55                  60

Glu Pro Glu Thr Glu Lys Ile Asn Gly Lys Asp Cys Gly Gly Asp Lys
65                  70                  75                  80

Asp Lys Ile Asp Asn Arg Glu Asn Arg Gly Arg Ser Asp Ile Lys Phe
                85                  90                  95

Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala His Arg Ala Leu Arg Glu Ser Pro
            100                 105                 110

Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn
        115                 120                 125

Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu
    130                 135                 140

Asn Leu Asn Lys
145
```

<210> 154
<211> 153
<212> PRT
<213> Vernicia fordii

<400> 154

```
Met Thr Ile Pro Glu Thr Pro Asp Asn Ser Thr Asp Ala Thr Thr Ser
1               5                   10                  15

Gly Gly Ala Glu Ser Ser Ser Asp Leu Asn Leu Ser Leu Arg Arg Arg
            20                  25                  30

Arg Thr Ala Ser Asn Ser Asp Gly Ala Val Ala Glu Leu Ala Ser Lys
        35                  40                  45

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

Pro Gly Ala Glu Met Asp Ser Gly Thr Leu Lys Ser Asn Gly Lys Asp
65                  70                  75                  80
```

```
Cys Gly Thr Val Lys Asp Arg Ile Glu Asn Arg Glu Asn Arg Gly Gly
                85                  90                  95

Ser Asp Val Lys Phe Thr Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala His Arg Ala
            100                 105                 110

Leu Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Asn Ile Phe Lys Gln Ser His
        115                 120                 125

Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser
    130                 135                 140

Arg Leu Ile Ile Glu Asn Ile Asn Lys
145                 150
```

<210> 155
<211> 153
<212> PRT
<213> Vernonia galamensis

<400> 155

```
Met Thr Ile Leu Glu Thr Pro Glu Thr Leu Gly Val Ile Ser Ser Ser
1               5                   10                  15

Ala Thr Ser Asp Leu Asn Leu Ser Leu Arg Arg Arg Arg Thr Ser Asn
            20                  25                  30

Asp Ser Asp Gly Ala Leu Ala Asp Leu Ala Ser Lys Phe Asp Asp Asp
        35                  40                  45

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

Val Ala Ala Val Thr Glu Leu Ala Thr Ala Lys Ser Asn Gly Lys Asp
65                  70                  75                  80

Cys Val Ala Asn Ser Asn Lys Asp Lys Ile Asp Ser His Gly Gly Ser
                85                  90                  95

Ser Asp Phe Lys Leu Ala Tyr Arg Pro Ser Val Pro Ala His Arg Ser
            100                 105                 110

Leu Lys Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Leu Ile Phe Lys Gln Ser His
        115                 120                 125

Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser
    130                 135                 140
```

```
Arg Leu Ile Ile Glu Asn Leu Asn Lys
145                 150
```

<210> 156
<211> 79
<212> PRT
<213> Ricinus communis

<400> 156

```
Met Met Glu Ser Glu Asp Leu Lys Ser Asn Gly Lys Glu Cys Asp Lys
1               5                  10                  15

Val Thr Asn Glu Asn Arg Ser Asp Ile Lys Phe Asn Tyr Arg Pro Ser
            20                  25                  30

Met Pro Ala His Arg Gly Val Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala
        35                  40                  45

Ile Phe Lys Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val
    50                  55                  60

Leu Val Ala Ile Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Ile Ile Lys
65                  70                  75
```

<210> 157
<211> 120
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 157

```
Met Ala Glu Ser Glu Ser Pro Glu Asn Arg Ile Ala Ala Met Glu Ser
1               5                  10                  15

Thr Ser Ser Ser Thr Ser Asp Leu Asn Phe Ser Ile Arg Arg Arg Ser
            20                  25                  30

Thr Val Met Asp Ser Ala Ser Thr Glu Met Met Gly Ser Glu Gly Leu
        35                  40                  45

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

Asp Met Lys Phe Asn Tyr Arg Pro Ser Met Pro Ala His Ser Gly Val
65                  70                  75                  80

Arg Glu Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Ile Phe Lys Gln Ser His Ala
                85                  90                  95

Gly Leu Phe Asn Leu Cys Ile Val Val Leu Val Ala Val Asn Ser Arg

                100                 105                 110

    Leu Ile Ile Glu Asn Leu Ile Lys
            115                 120
```

REIVINDICACIONES

1. Una célula, célula vegetal o planta que comprende un polinucleótido que codifica una proteína DGAT1 quimérica que comprende:

a) en su extremo N-terminal, una parte N-terminal de una primera proteína DGAT1 vegetal, y
b) en su extremo C-terminal, una parte C-terminal de una segunda proteína DGAT1 vegetal,

en donde la unión entre la parte N-terminal de la primera proteína DGAT1 y la parte C-terminal de la segunda proteína DGAT1 está cadena arriba del primer dominio transmembrana en la segunda proteína DGAT1 vegetal, y en donde la célula, la célula vegetal o la planta producen más triacilglicérido (TAG) que una célula, célula vegetal o planta de control.

2. La célula, célula vegetal o planta de la reivindicación 1, en donde la unión entre la parte N-terminal de la primera proteína DGAT1 y la parte C-terminal de la segunda proteína DGAT1 está en el sitio de unión a acil-CoA de la primera y la segunda proteínas DGAT1.

3. La célula, célula vegetal o planta de la reivindicación 1, en donde la unión entre la parte N-terminal de la primera proteína DGAT1 y la parte C-terminal de la segunda proteína DGAT1 está en una posición correspondiente en el sitio de unión a acil-CoA de la primera y la segunda proteínas DGAT1.

4. La célula, célula vegetal o planta de la reivindicación 2 o 3, en donde el sitio de unión a acil-CoA en la DGAT1 quimérica es de la misma longitud que el sitio de unión a acil-CoA de las primera y segunda proteínas DGAT1.

5. La célula, célula vegetal o planta de cualquier reivindicación anterior, en donde la primera proteína DGAT1 y la segunda proteína DGAT1 tienen una secuencia con al menos un 70 % de identidad con cualquiera de las SEQ ID NO:30 a 58.

6. La célula, célula vegetal o planta de cualquier reivindicación anterior, en donde la proteína DGAT1 quimérica tiene al menos uno de:

i) actividad DGAT1 aumentada
ii) estabilidad aumentada
iii) propiedades de oligomerización alteradas
iv) propiedades de acumulación de proteínas celulares sustancialmente normales
v) propiedades de direccionamiento celular sustancialmente normales con respecto a la primera DGAT1 vegetal, la segunda DGAT1 vegetal o tanto la primera DGAT1 vegetal como la segunda DGAT1 vegetal.

7. La célula, célula vegetal o planta de cualquier reivindicación anterior, en donde se aplica al menos uno de los siguientes:

• la célula, o célula vegetal, tiene un perfil lipídico alterado con respecto a una célula, o célula vegetal, de control, y
• la planta tiene un perfil lipídico alterado, en al menos uno de sus tejidos o partes, o en su totalidad, con respecto a una planta de control.

8. La célula, célula vegetal o planta de cualquier reivindicación anterior, en donde la célula, célula vegetal o planta de control está transformada para expresar un polinucleótido que codifica una de la primera proteína DGAT1 vegetal y la segunda proteína DGAT1 vegetal.

9. Una proteína DGAT1 quimérica producida mediante la expresión del polinucleótido en la célula, célula vegetal o planta de cualquier reivindicación anterior, en donde la proteína DGAT1 quimérica es capaz de aumentar la producción de TAG en la célula, célula vegetal o planta, con respecto a la de la célula, célula vegetal o planta de control.

10. Una parte, propágulo o progenie de la planta de cualquier reivindicación anterior, en donde la parte, propágulo o progenie comprende al menos uno del polinucleótido y la proteína DGAT1 quimérica, en donde la parte, propágulo o progenie produce más TAG que una parte, propágulo o progenie de control.

11. Un pienso para animales o una materia prima de biocombustible que comprende al menos una de: la célula, célula vegetal o planta de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 8, la proteína DGAT1 quimérica de la reivindicación 9 y la parte, propágulo y progenie de planta de la reivindicación 10, en donde la célula, célula vegetal, planta, parte, propágulo o progenie de planta produce más TAG que una célula, célula vegetal, planta, parte, propágulo o progenie de planta de control.

12. Un método para producir triacilglicérido (TAG), comprendiendo el método expresar la proteína DGAT1 quimérica en la célula, célula vegetal o planta de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 8, en donde el TAG se produce como resultado de la expresión de la proteína DGAT1 quimérica.

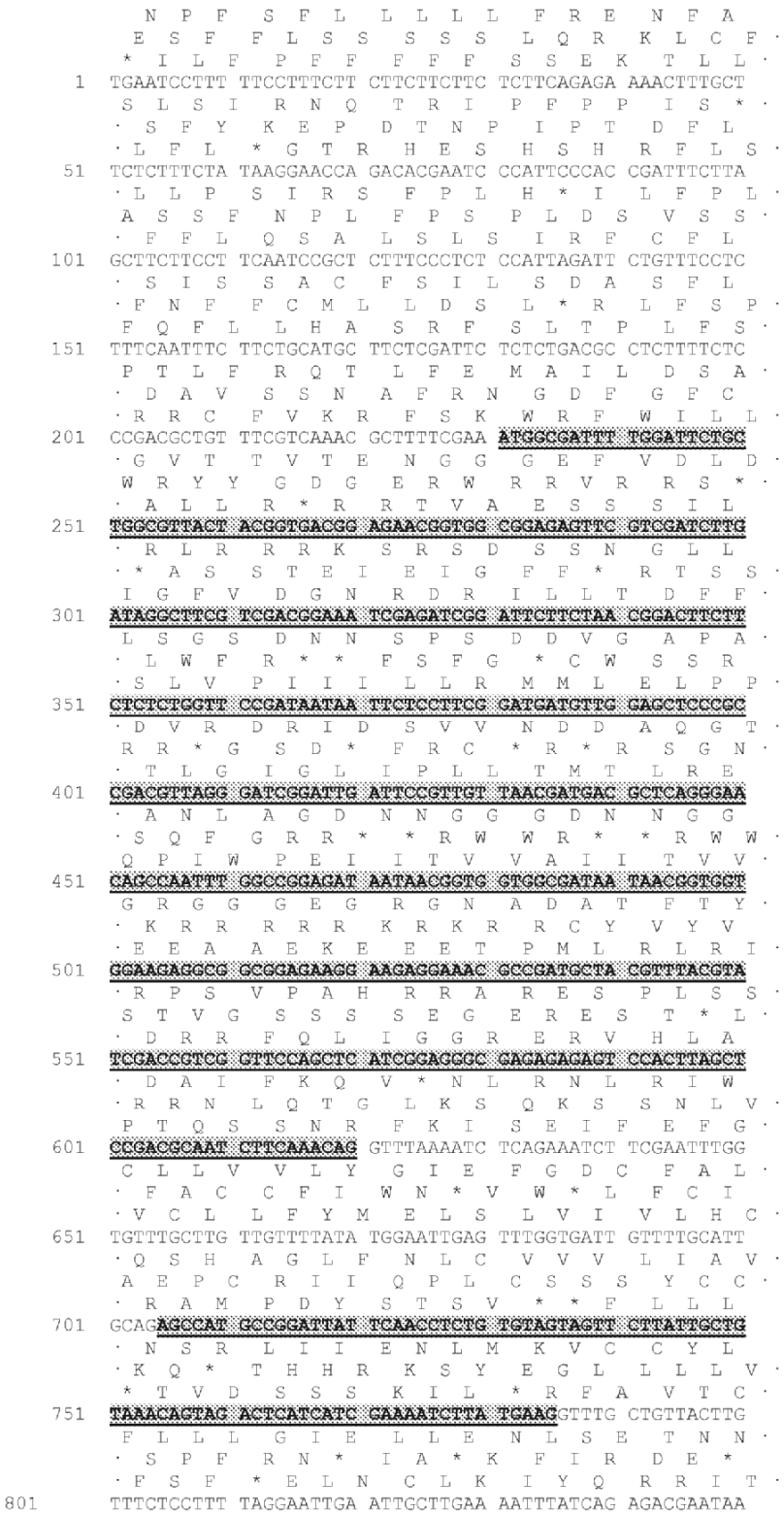
13. El método de la reivindicación 12, que incluye la etapa de extraer el TAG de la célula, célula vegetal o planta.

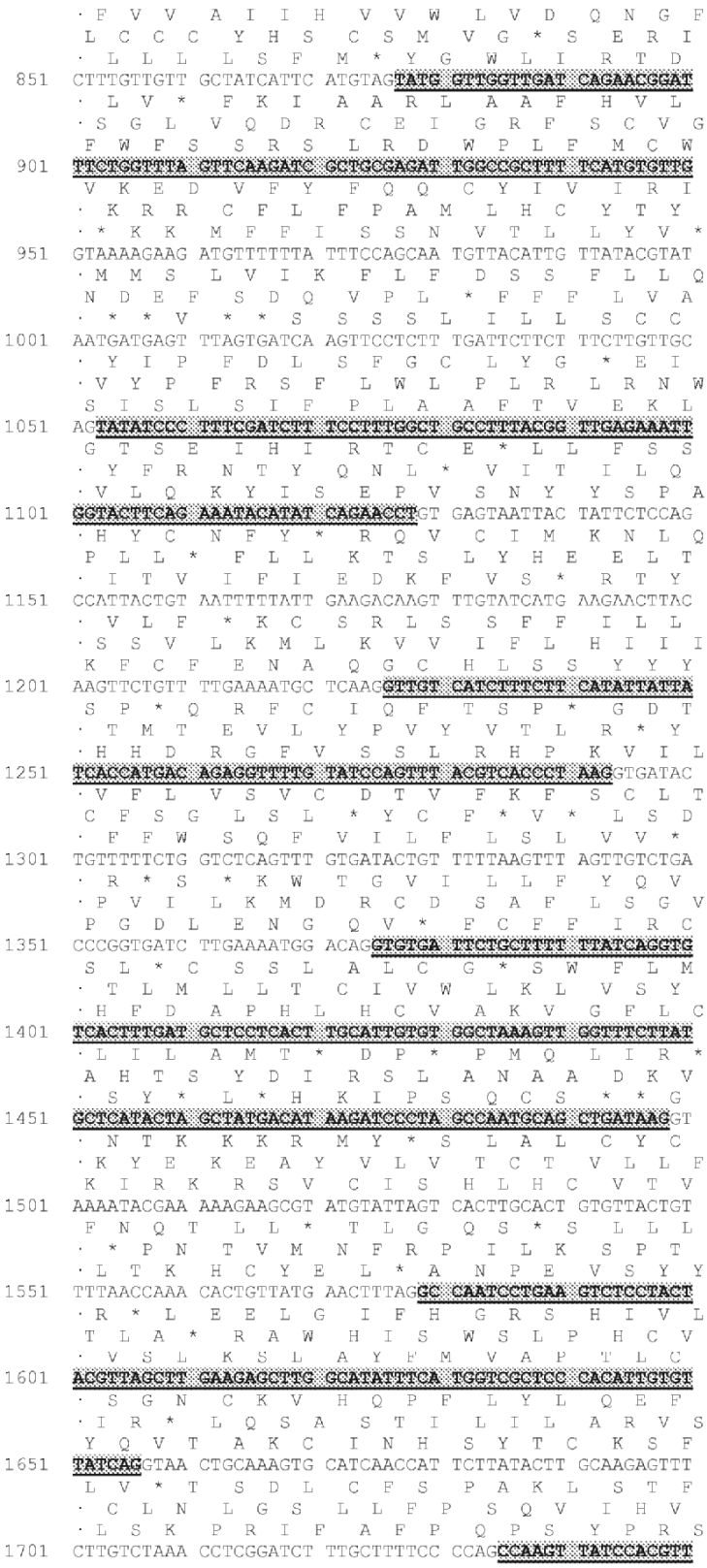
14. Un método para producir triacilglicérido (TAG), comprendiendo el método extraer TAG de al menos una de: una célula, célula vegetal o planta de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 8, y la parte, propágulo y progenie de planta de la reivindicación 10, en donde el TAG se produce como resultado de la expresión de la proteína quimérica DGAT1 en la célula, célula vegetal, planta, parte, propágulo o progenie de planta.

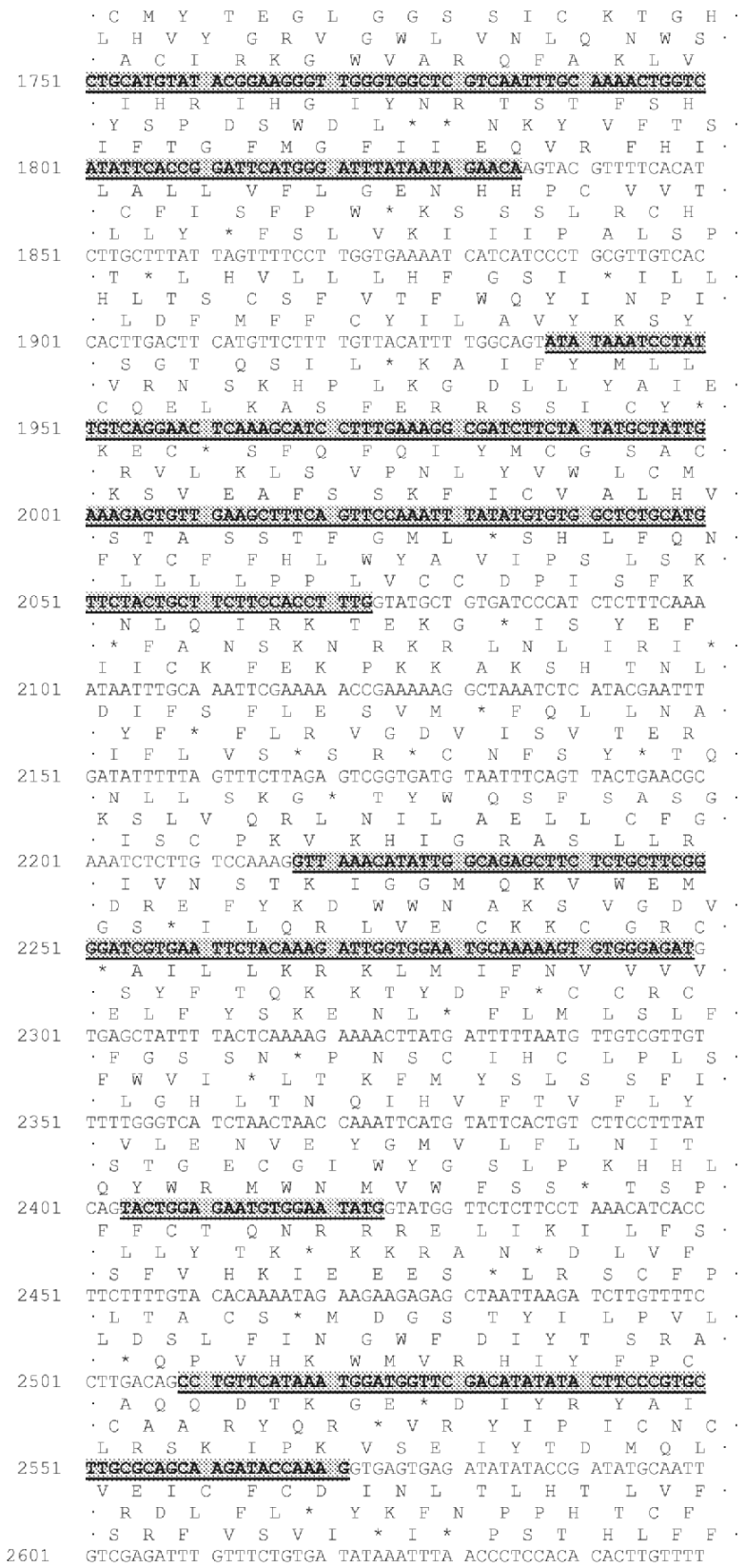
15. El método de la reivindicación 14, en el que el TAG se procesa a al menos uno de:

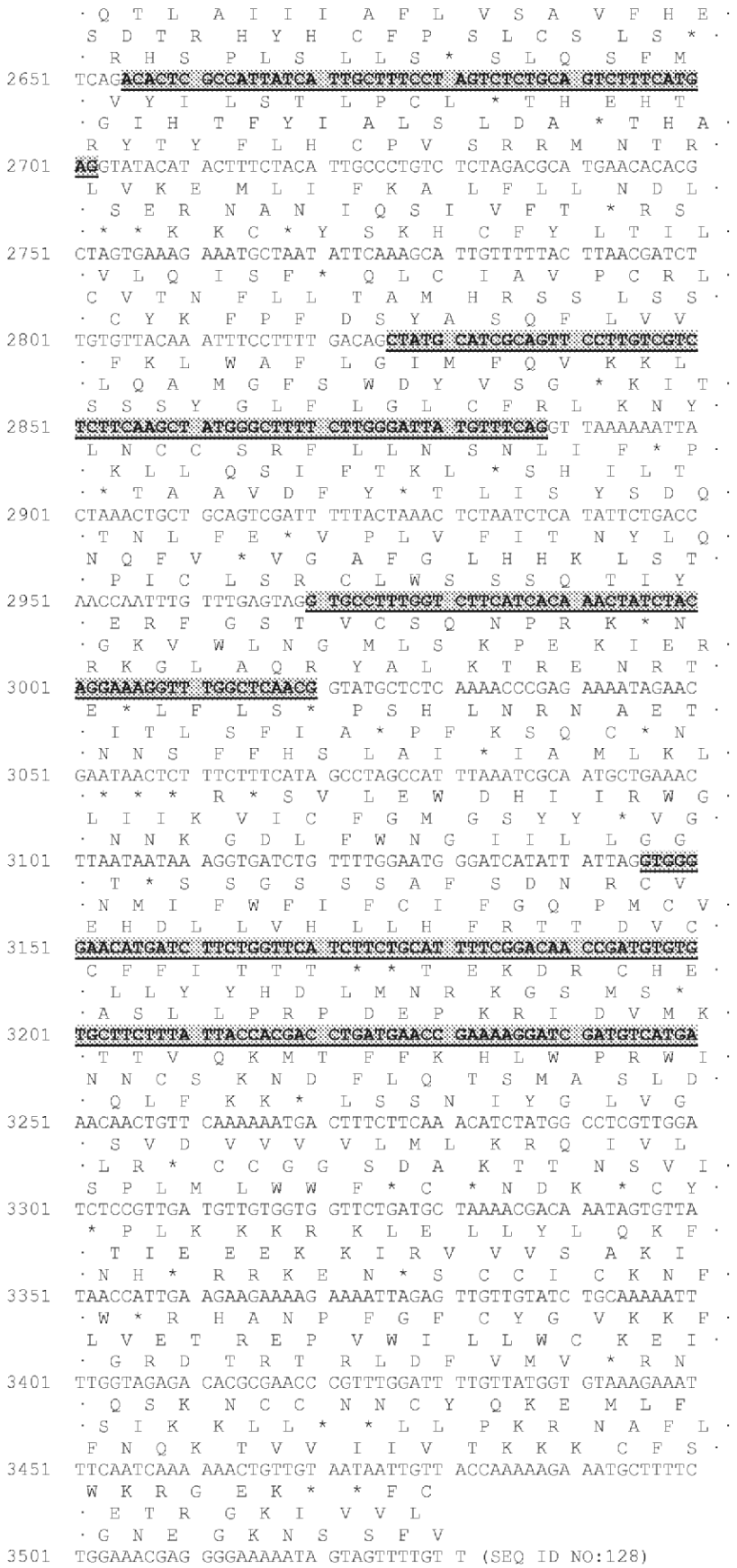
a) un combustible,
b) un producto oleoquímico,
c) un aceite nutricional,
d) un aceite cosmético,
e) un ácido graso poliinsaturado (PUFA), y
f) una combinación de cualquiera de a) a e).

Figura 1


N P F S F L L L L F R E N F A
E S F F L S S S S S L Q R K L C F
* I L F P F F F F F S S E K T L L
1 TGAATCCTTT TTCCTTTCTT CTTCTTCTTC TCTTCAGAGA AAACTTTGCT
S L S I R N Q T R I P F P P I S * ·
· S F Y K E P D T N P I P T D F L
· L F L * G T R H E S H S H R F L S ·
51 TCTCTTTCTA TAAGGAACCA GACACGAATC CCATTCCCAC CGATTTCTTA
· L L P S I R S F P L H * I L F P L ·
A S S F N P L F P S P L D S V S S ·
· F F L Q S A L S L S I R F C F L
101 GCTTCTTCCT TCAATCCGGT CTTTCCCTCT CCATTAGATT CTGTTCCTC
· S I S S A C F S I L S D A S F L
· F N F F C M L L D S L * R L F S P ·
F Q F L L H A S R F S L T P L F S ·
151 TTTCAATTTC TTCTGCATGC TTCTCGATTC TCTCTGACGC CTCTTTTCTC
P T L F R Q T L F E M A I L D S A ·
· D A V S S N A F R N G D F G F C
· R R C F V K R F S K W R F W I L L ·
201 CCGACGCTGT TTCGTCAAAC GCTTTTCGAA ATGGCGATTT TGGATTCTGC
· G V T T V T E N G G G E F V D L D ·
W R Y Y G D G E R W R R V R R S * ·
· A L L R * R R T V A E S S S I L
251 TGGCGTTACT ACGGTGACGG AGAACGGTGG CGGAGAGTTC GTCGATCTTG
· R L R R R K S R S D S S N G L L
· * A S S T E I E I G F F * R T S S ·
I G F V D G N R D R I L L T D F F ·
301 ATAGGCTTCG TCGACGGAAA TCGAGATCGG ATTCTTCTAA CGGACTTCTT
L S G S D N N S P S D D V G A P A ·
· L W F R * * F S F G * C W S S R
· S L V P I I I L L R M M L E L P P ·
351 CTCTCTGGTT CCGATAATAA TTCTCCTTCG GATGATGTTG GAGCTCCCGC
· D V R D R I D S V V N D D A Q G T ·
R R * G S D * F R C * R * R S G N ·
· T L G I G L I P L L T M T L R E
401 CGACGTTAGG GATCGGATTG ATTCCGTTGT TAACGATGAC GCTCAGGGAA
· A N L A G D N N G G G D N N G G
· S Q F G R R * * R W W R * * R W W ·
Q P I W P E I I T V V A I I T V V ·
451 CAGCCAATTT GGCCGGAGAT AATAACGGTG GTGGCGATAA TAACGGTGGT
G R G G G E G R G N A D A T F T Y ·
· K R R R R R K R K R R C Y V Y V
· E E A A E K E E E T P M L R L R I ·
501 GGAAGAGGCG GCGGAGAAGG AAGACGGAAAC GCCGATGCTA CGTTTACGTA
· R P S V P A H R R A R E S P L S S ·
S T V G S S S S E G E R E S T * L ·
· D R R F Q L I G G R E R V H L A
551 TCGACCGTCG GTTCCAGCTC ATCGGAGGGC GAGAGACAGT CCACTTAGCT
· D A I F K Q V * N L R N L R I W
· R R N L Q T G L K S Q K S S N L V ·
P T Q S S N R F K I S E I F E F G ·
601 CCGACGCAAT CTTCAAACAG GTTTAAAATC TCAGAAATCT TCGAATTTGG
C L L V V L Y G I E F G D C F A L ·
· F A C C F I W N * V W * L F C I
· V C L L F Y M E L S L V I V L H C ·
651 TGTTTGCTTG TTGTTTTATA TGGAATTGAG TTTGGTGATT GTTTTGCATT
· Q S H A G L F N L C V V V L I A V ·
A E P C R I I Q P L C S S S Y C C ·
· R A M P D Y S T S V * * F L L L
701 GCAGAGCCAT GCCGGATTAT TCAACCTCTG TGTAGTAGTT CTTATTGCTG
· N S R L I I E N L M K V C C Y L
· K Q * T H H R K S Y E G L L L L V ·
* T V D S S S K I L * R F A V T C ·
751 TAAACAGTAG ACTCATCATC GAAAATCTTA TCAAGGTTTG CTGTTACTTG
F L L L G I E L L E N L S E T N N ·
· S P F R N * I A * K F I R D E *
· F S F * E L N C L K I Y Q R R I T ·
801 TTTCTCCTTT TAGGAATTGA ATTGCTTGAA AATTTATCAG AGACGAATAA

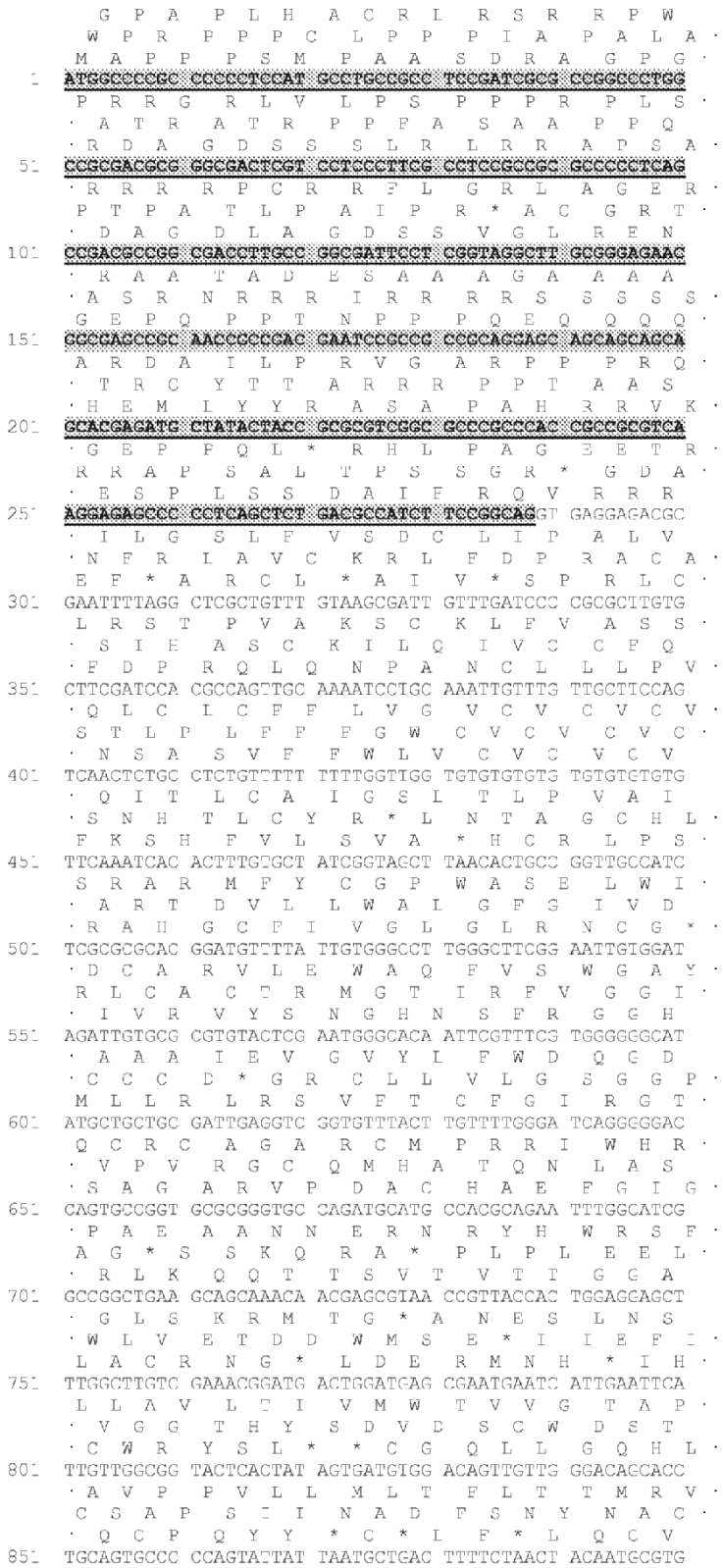


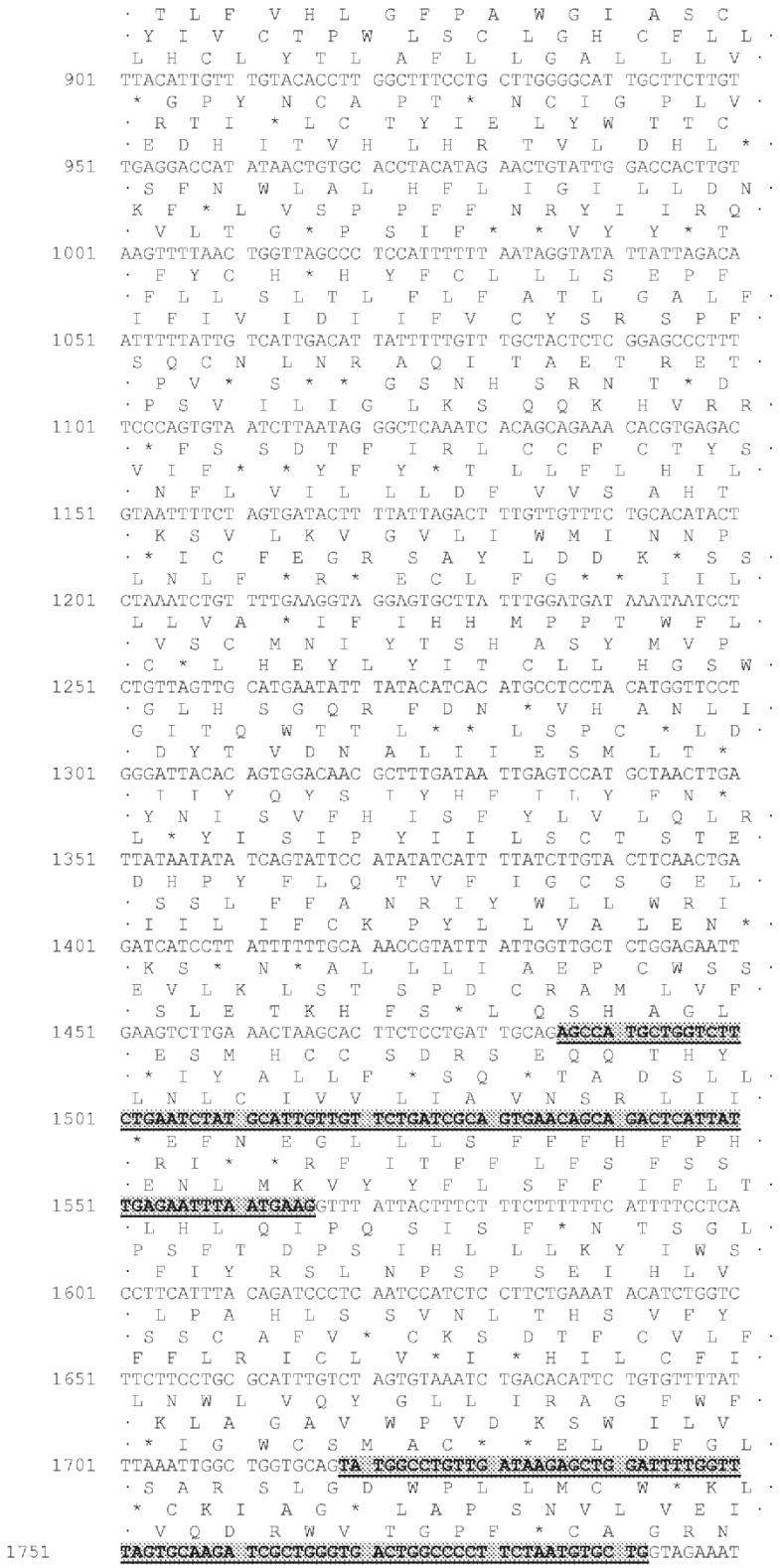


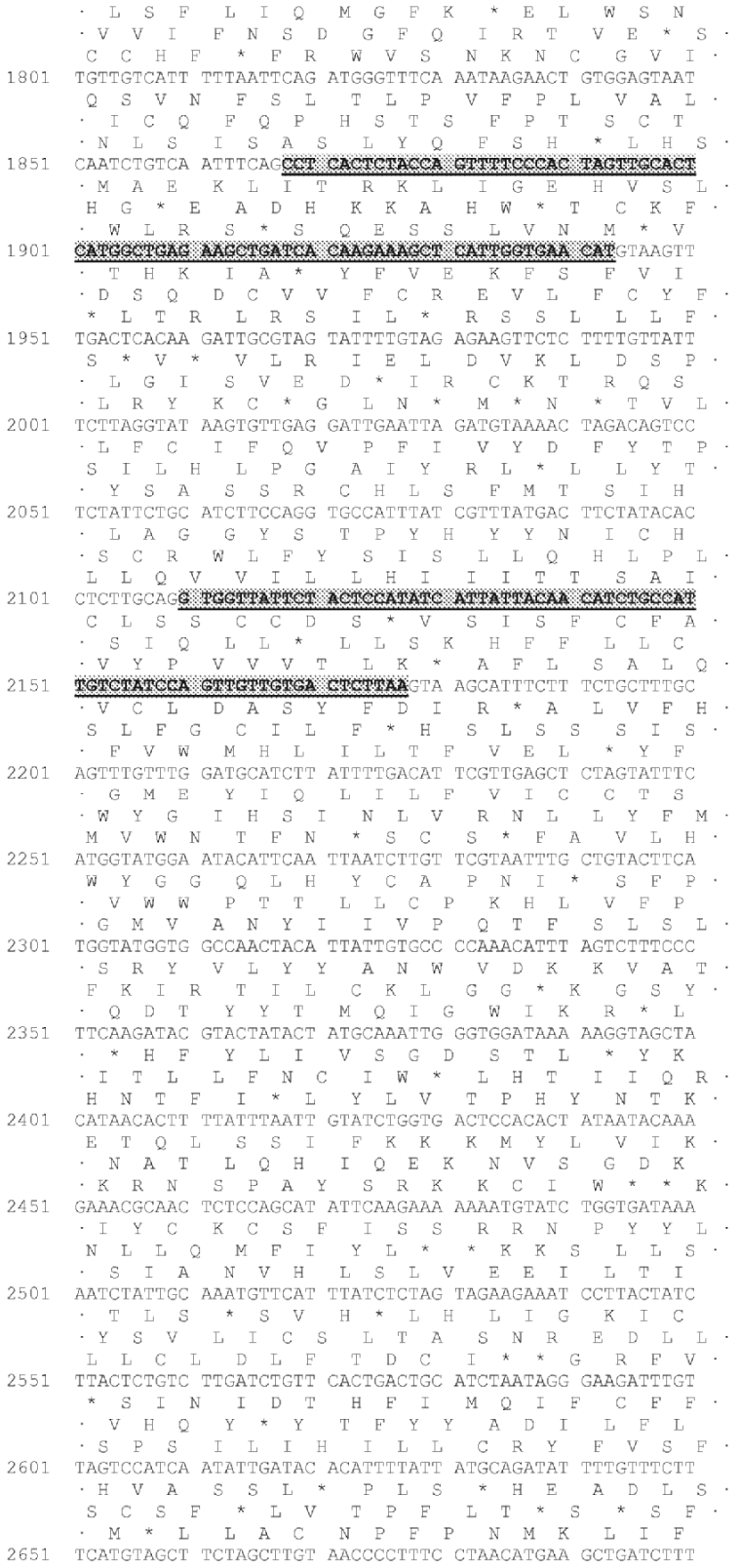


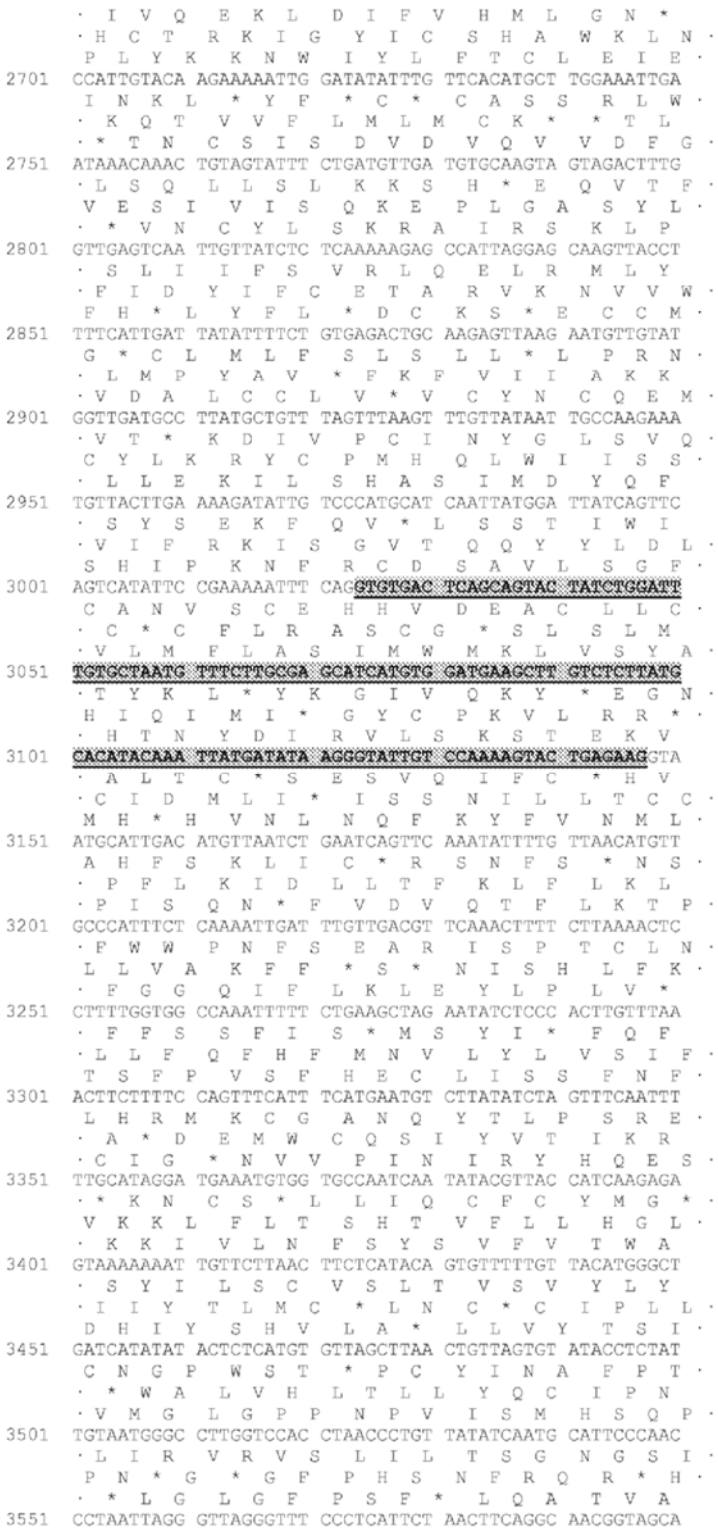
354

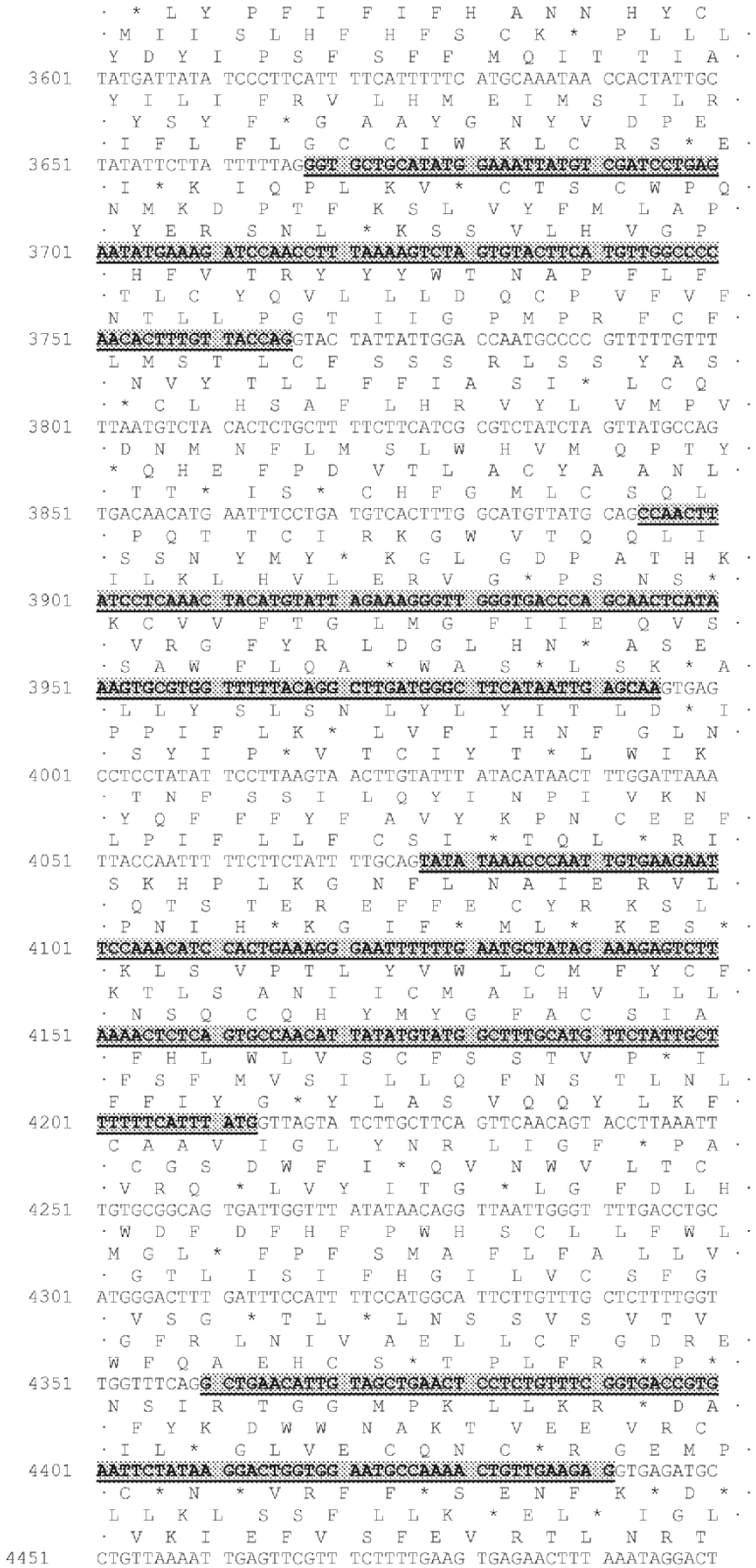
Figura 2

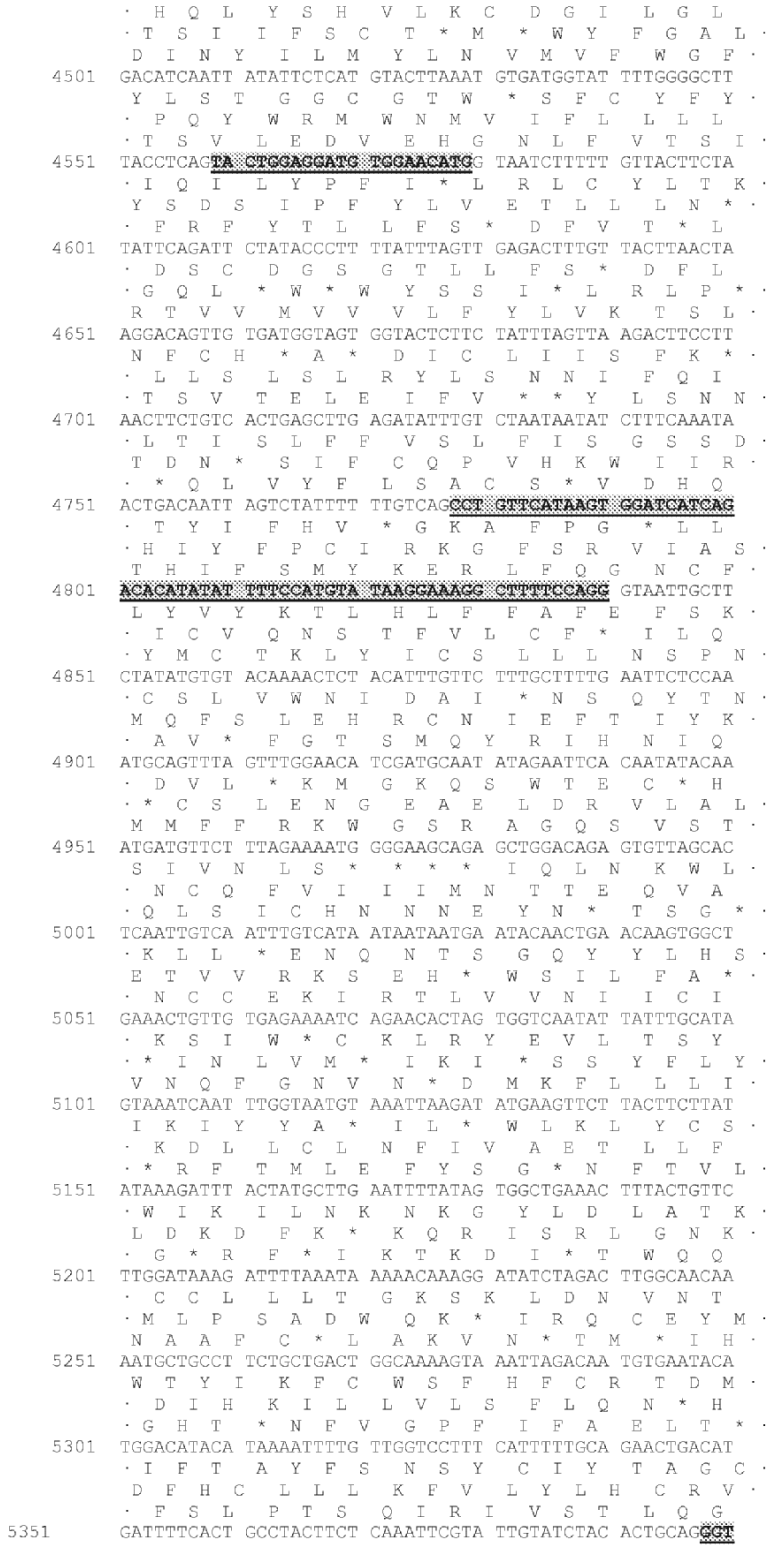


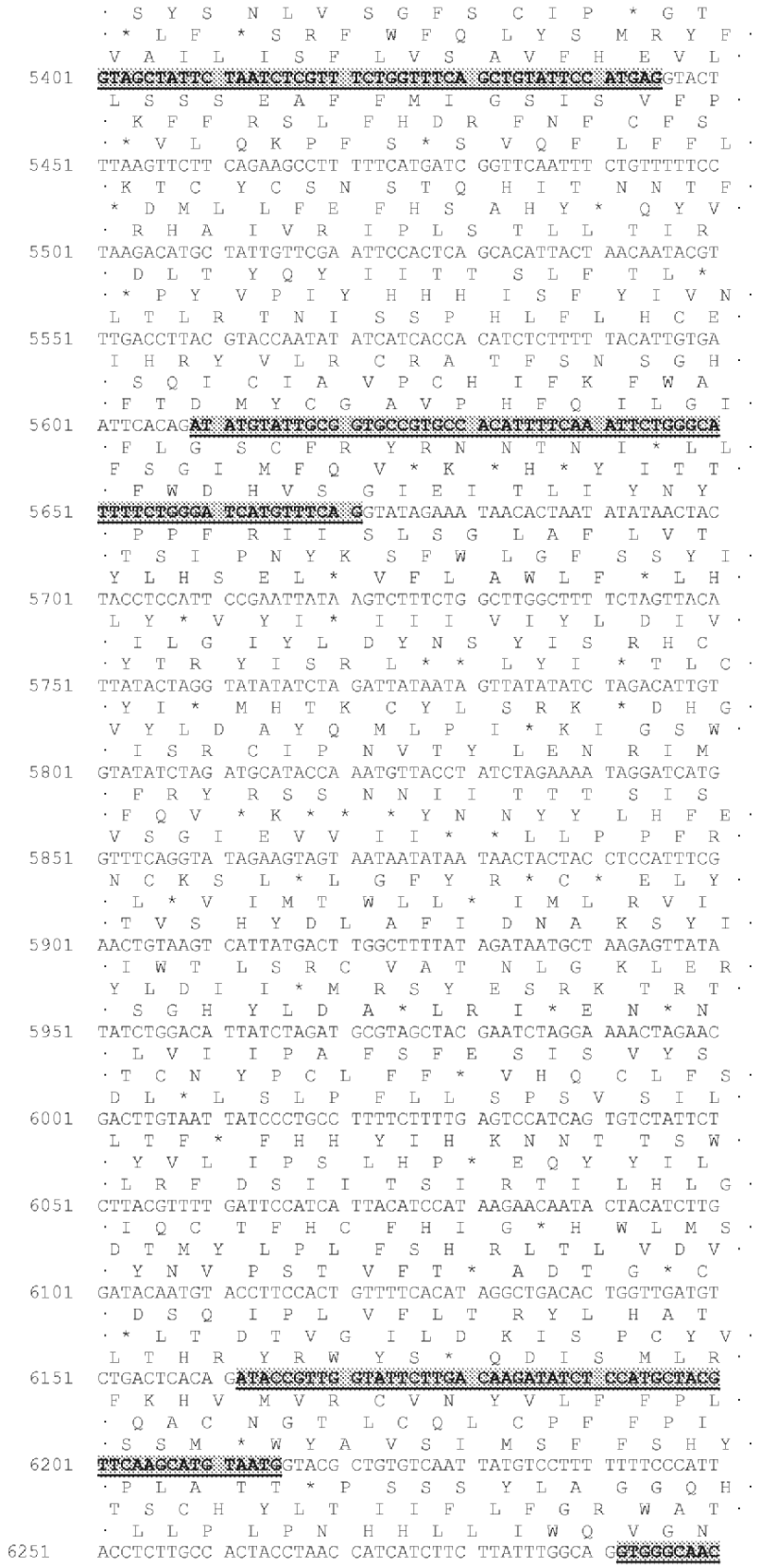












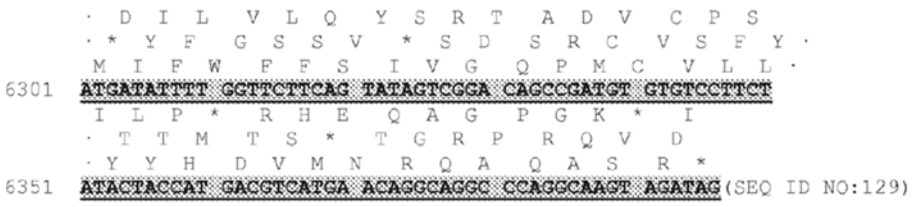

· D I L V L Q Y S R T A D V C P S
·* Y F G S S V * S D S R C V S F Y ·
M I F W F F S I V G Q P M C V L L ·
6301 ATGATATTTT GGTTCTTCAG TATAGTCGGA CAGCCGATGT GTGTCCTTCT
I L P * R H E Q A G P G K * I
· T T M T S * T G R P R Q V D
·Y Y H D V M N R Q A Q A S R *
6351 ATACTACCAT GACGTCATGA ACAGGCAGGC CCAGGCAAGT AGATAG(SEQ ID NO:129)

Figura 3

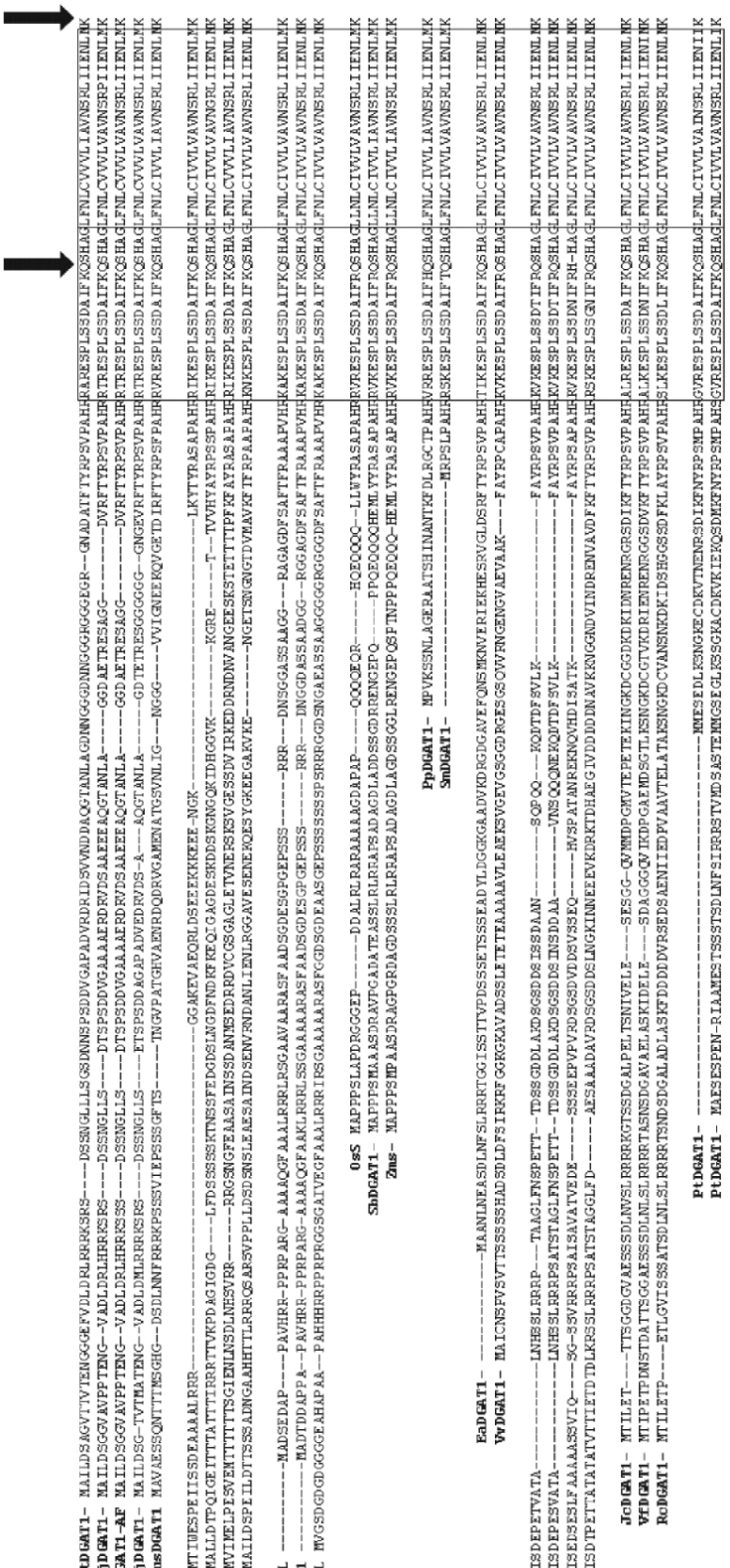


Figura 4



lisina (K)



arginina (R)