



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2022-0114274
(43) 공개일자 2022년08월17일

- | | |
|--|---|
| <p>(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
 <i>C12N 15/82</i> (2006.01) <i>A01H 5/10</i> (2018.01)
 <i>C12N 15/10</i> (2017.01) <i>C12N 15/113</i> (2010.01)
 <i>C12N 9/10</i> (2006.01) <i>C12N 9/22</i> (2006.01)</p> <p>(52) CPC특허분류
 <i>C12N 15/8247</i> (2013.01)
 <i>A01H 5/10</i> (2022.05)</p> <p>(21) 출원번호 10-2021-0017565
 (22) 출원일자 2021년02월08일
 심사청구일자 2021년02월08일</p> | <p>(71) 출원인
 세종대학교산학협력단
 서울특별시 광진구 능동로 209 (군자동, 세종대학교)</p> <p>(72) 발명자
 김현욱
 서울특별시 중랑구 용마산로129가길 41, 102동 901호(신내동, 영풍마르레빌)</p> <p>김원녕
 서울특별시 광진구 면목로 7, 401호(군자동)</p> <p>(74) 대리인
 특허법인리체</p> |
|--|---|

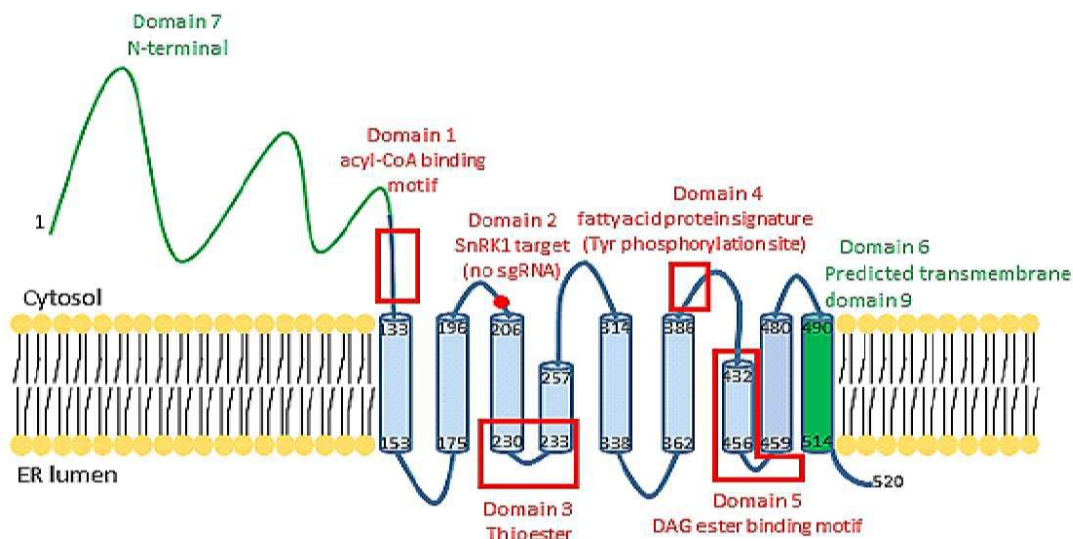
전체 청구항 수 : 총 4 항

(54) 발명의 명칭 식물체의 오메가 3 지방산 함량 증가 방법

(57) 요약

본 발명은 식물체의 오메가 3 지방산의 함량을 증가시키는 방법에 관한 것으로, 대상 식물체의 DGAT1 단백질의 아미노산 서열에서 서열번호 1의 서열에서 123번 및 124번 위치에 대응되는 위치의 세린이 각각 아르기닌 및 류신으로 치환되거나, 서열번호 1의 서열에서 416번 위치에 대응되는 위치의 트립토판이 시스테인으로 치환되고 419번 위치에 대응되는 위치의 아르기닌이 글루타민으로 치환된 단백질을 형성하도록 DGAT1 유전자의 염기를 치환하는 단계; 또는 대상 식물체의 DGAT1 유전자에서 서열번호 2의 서열에서 146번 내지 226번 위치에 대응되는 위치의 염기를 결실시키거나; 서열번호 2의 서열에서 147번 내지 212번 위치 또는 156번 내지 212번 위치에 대응되는 위치의 염기를 결실시키고, 그 위치에 임의의 염기 한 개를 추가하는 단계를 포함하여 오메가 3 지방산의 함량을 증가시킬 수 있을 것으로 기대된다.

대표도 - 도1



(52) CPC특허분류

C12N 15/102 (2013.01)

C12N 15/113 (2013.01)

C12N 9/1029 (2013.01)

C12N 9/22 (2013.01)

C12N 2310/20 (2017.05)

이 발명을 지원한 국가연구개발사업

과제고유번호	1395066875
과제번호	PJ015324012020
부처명	농촌진흥청
과제관리(전문)기관명	농촌진흥청
연구사업명	차세대농작물신육종기술개발(R&D)
연구과제명	지방산대사 유전자교정에 의한 기능성오일 생산 콩 육종소재 개발
기 여 율	1/2
과제수행기관명	세종대학교
연구기간	2020.05.01 ~ 2021.12.31

이 발명을 지원한 국가연구개발사업

과제고유번호	1395072190
과제번호	PJ016533012022
부처명	농촌진흥청
과제관리(전문)기관명	농촌진흥청
연구사업명	차세대농작물신육종기술개발
연구과제명	유용소재 및 농업형질 개선 유전자교정 콩 개발 및 시장경쟁력 확보(1주관)
기 여 율	1/2
과제수행기관명	세종대학교
연구기간	2022.01.01 ~ 2023.12.31

명세서

청구범위

청구항 1

대상 식물체의 DGAT1 단백질의 아미노산 서열에서 서열번호 1의 서열에서 123번 및 124번 위치에 대응되는 위치의 세린이 각각 아르기닌 및 류신으로 치환되거나, 서열번호 1의 서열에서 416번 위치에 대응되는 위치의 트립토판이 시스테인으로 치환되고 419번 위치에 대응되는 위치의 아르기닌이 글루타민으로 치환된 단백질을 형성하도록 DGAT1 유전자의 염기를 치환하는 단계; 또는

대상 식물체의 DGAT1 유전자에서 서열번호 2의 서열에서 146번 내지 226번 위치에 대응되는 위치의 염기를 결실시키거나; 서열번호 2의 서열에서 147번 내지 212번 위치 또는 156번 내지 212번 위치에 대응되는 위치의 염기를 결실시키고, 그 위치에 임의의 염기 한 개를 추가하는 단계; 를 포함하는,

식물체의 오메가 3 지방산의 함량을 증가시키는 방법.

청구항 2

청구항 1에 있어서, 상기 치환은 유전자 가위를 사용하여 수행되는 식물체의 오메가 3 지방산의 함량을 증가시키는 방법.

청구항 3

청구항 1에 있어서, 상기 결실은 유전자 가위를 사용하여 수행되는 식물체의 오메가 3 지방산의 함량을 증가시키는 방법.

청구항 4

청구항 1의 식물체의 형질전환된 종자.

발명의 설명

기술 분야

[0001] 본 발명은 식물체의 오메가 3 지방산 함량 증가 방법에 관한 것이다.

배경 기술

[0003] 오메가 3 지방산은 탄소 사슬 끝에서 세 번째 탄소 원자에 이중 결합을 갖는 다중 불포화지방산 (polyunsaturated fatty acid)으로, 주로 생선류의 기름에 존재하고 들깨 등의 식물에도 존재하는 것으로 알려져 있다. 인간 생리에 관여하는 주요 오메가 3 지방산은 알파-리놀레산 (α -linoleic acid), 에이코사펜타엔산 (eicosapentaenoic acid ; EPA), 도코사헥사엔산 (docosahexaenoic acid ; DHA)이며, 지단백질 대사 개선 (혈중 지질 수치 개선), 심혈관 질환 억제 및 개선, 고혈압 개선, 면역계 조절, 안구·생식기 및 신경계 발달 및 기능에 작용 등의 생리활성을 갖고 있는 것으로 알려져 있다.

[0004] Diacylglycerol acyltransferase 1 (DGAT1)은 식물 종자 내 endoplasmic reticulum membrane 에서 TAG 합성을 담당하는 마지막 효소로, diacylglycerol (DAG)에 Acyl기를 하나 추가하여 TAG를 합성한다. 기존에는 DGAT1를 식물에 과발현시켜 종자 지방함량을 증진시켜 왔다.

[0005] 지구 온난화에 대항하여 대체에너지와 탄소 배출량 감소가 동시에 요구되는 현대 사회의 특성에 따라서 농경지

증가가 아닌 식물 지방생성 효율 증대가 필요하다. 이에 따라 효율이 증대된 DGAT1과 관련된 연구 개발이 요구된다.

선행기술문헌

특허문헌

[0007] (특허문헌 0001) 한국공개특허 제 10-1701129호

발명의 내용

해결하려는 과제

[0008] 본 발명의 목적은 DGAT1은 식물 종자 지방 합성에 관여하는 마지막 단계의 효소라고 할 수 있는 것으로, 식물간에 보존된 영역이 존재하는 DGAT1의 특성상 다른 식물, 특히 유지 작물에서도 동일하게 적용하여 종자 지방의 지방산 조성을 변화시키거나 지방 함량 증진에 활용하기 위함에 있다.

과제의 해결 수단

- [0010] 1. 대상 식물체의 DGAT1 단백질의 아미노산 서열에서 서열번호 1의 서열에서 123번 및 124번 위치에 대응되는 위치의 세린이 각각 아르기닌 및 류신으로 치환되거나, 서열번호 1의 서열에서 416번 위치에 대응되는 위치의 트립토판이 시스테인으로 치환되고 419번 위치에 대응되는 위치의 아르기닌이 글루타민으로 치환된 단백질을 형성하도록 DGAT1 유전자의 염기를 치환하는 단계; 또는
- [0011] 대상 식물체의 DGAT1 유전자에서 서열번호 2의 서열에서 146번 내지 226번 위치에 대응되는 위치의 염기를 결실시키거나; 서열번호 2의 서열에서 147번 내지 212번 위치 또는 156번 내지 212번 위치에 대응되는 위치의 염기를 결실시키고, 그 위치에 임의의 염기 한 개를 추가하는 단계;를 포함하는,
- [0012] 식물체의 오메가 3 지방산의 함량을 증가시키는 방법.
- [0013] 2. 위 1에 있어서, 상기 치환은 유전자 가위를 사용하여 수행되는 식물체의 오메가 3 지방산의 함량을 증가시키는 방법.
- [0014] 3. 위 1에 있어서, 상기 결실은 유전자 가위를 사용하여 수행되는 식물체의 오메가 3 지방산의 함량을 증가시키는 방법.
- [0015] 4. 위 1의 식물체의 형질전환된 종자.

발명의 효과

- [0017] 본 발명의 식물체의 오메가 3 지방산 함량을 증가시키는 방법을 통해, 기존의 오메가 3 지방산 함량보다 더 높은 함량으로 오메가 3 지방산을 포함하도록 하는 식물을 개발할 수 있다.
- [0018] 또한, 본 발명의 방법을 통해 오메가 3 지방산 함량이 증가된 식물체의 형질전환된 종자를 얻을 수 있다.

도면의 간단한 설명

- [0020] 도 1은 애기장대 DGAT1의 단백질 서열을 이용하여 구조를 예측하고, 7개의 주요 Domain들을 표시한 것이다. 빨간 박스는 효소의 기능적 측면을 담당하는 것이고, 녹색으로 표시된 부분은 효소의 조절을 담당하는 것이다.
- 도 2A는 sgRNA insert를 만드는데 사용한 Annealing method와 CBE, ABE 벡터에 Ligation하기까지 과정을 간략하게 나타낸 것이고, 도 2B는 클로닝이 완료된 52개의 콜로니를 PCR로 확인한 결과를 나타낸 것이다.

도 3은 Cas9 매개 DGAT1 N-terminal in-frame deletion의 과정을 간략하게 그림으로 나타낸 것이다. 사용된 벡터는 pHEE401E_UBQ_Bar로 단일 Cas9 벡터에서 두 개의 서로 다른 sgRNA를 클로닝하고, 두 개의 sgRNA-scaffold 복합체를 식물체 내에서 적용하였다.

도 4A는 DGAT1 염기교정(BE) 및 N-terminal in-frame deletion 개체의 선별과정을 그림으로 나타낸 것이고, 도 4B는 세대 진전에 따른 DNA 시퀀싱 결과를 나타낸 것이다. 도 4A의 마지막 단계인 가스 크로마토그래피는 homozygous line이 출현한 마지막 세대에서만 진행되었다.

도 5A는 애기장대 DGAT1과 염기가 치환된 돌연변이 DGAT1의 아미노산 서열을 비교한 것이다. 순서대로 AtDGAT1 (야생형 애기장대), D1-1 개체, D1-2 개체, D3-1 개체, D5-1 개체, D5-2 개체, CsDGAT1-A(양구슬냉이), CsDGAT1-B(양구슬냉이), CsDGAT1-C(양구슬냉이), BnDGAT1(유채), GmDGAT1C(대두), AhDGAT1(땅콩), RcDGAT1(피마자) 개체의 DGAT1 아미노산 서열을 나타낸 것이다. 이를 통해, 돌연변이에서 치환된 모든 부위의 아미노산 서열이 식물 DGAT1에서 모두 보존되어 있음을 알 수 있다. 도 5B는 정성적 분석 결과를 지방산 조성의 비교 그래프로 나타낸 것이고, 도 5C는 정량적 분석 결과를 지방(Fatty acid methyl esters (FAME)) 함량 비교 그래프로 나타낸 것이다.

도 6A는 야생형(WT) 염기서열과 D5-1 염기 치환 부위를 비교한 것이고, 도 6B는 야생형(WT) 염기서열과 D5-2 염기 치환 부위를 비교한 것이다. 도 6C는 야생형 애기장대 DGAT1의 DAG binding motif를 포함하는 일부 아미노산 서열을 비교한 것이다. D5-1 및 D5-2는 염기치환으로 아미노산 치환된 라인이고, CsDGAT1-A-C은 양구슬냉이 DGAT1, BnDGAT1은 유채 DGAT1, GmDGAT1C은 대두 DGAT1, AhDGAT1은 땅콩 DGAT1, RcDGAT1은 피마자 DGAT1 서열을 나타낸 것이다.

도 7은 각 개체 별 DGAT1의 유전자의 일부 서열을 비교한 것으로, 왼쪽과 오른쪽에 쓰여진 숫자는 각 개체 DGAT1 유전자 서열의 전체 길이에서 표시된 부분 서열의 양 끝을 나타내는 것이다. D5-1 및 D5-2는 염기치환 라인이고, CsDGAT1-A-C은 양구슬냉이 DGAT1, BnDGAT1은 유채 DGAT1, GmDGAT1C은 대두 DGAT1, AhDGAT1은 땅콩 DGAT1, RcDGAT1은 피마자 DGAT1 염기서열을 나타낸 것이다. 또한, CBE6은 해당 부위를 치환하는데 사용한 sgRNA의 이름을 의미한다 (표1 참고).

도 8A는 야생형(WT) 염기서열과 D1-1 염기 치환 부위를 비교한 것이고, 도 8B는 야생형(WT) 염기서열과 D1-2 염기 치환 부위를 비교한 것이다. 도 8C는 야생형 애기장대 DGAT1의 Acyl-CoA motif를 포함하는 일부 아미노산 서열을 비교한 것이다. D5-1 및 D5-2는 염기치환으로 아미노산 치환된 라인이고, CsDGAT1-A-C은 양구슬냉이 DGAT1, BnDGAT1은 유채 DGAT1, GmDGAT1C은 대두 DGAT1, AhDGAT1은 땅콩 DGAT1, RcDGAT1은 피마자 DGAT1 서열을 나타낸 것이다.

도 9는 각 개체 별 DGAT1의 유전자의 일부 서열을 비교한 것으로, 왼쪽과 오른쪽에 쓰여진 숫자는 각 개체 DGAT1 유전자 서열의 전체 길이에서 표시된 부분 서열의 양 끝 위치를 의미한다. D1-1 및 D1-2는 염기치환 라인이고, CsDGAT1-A-C은 양구슬냉이 DGAT1, BnDGAT1은 유채 DGAT1, GmDGAT1C은 대두 DGAT1, AhDGAT1은 땅콩 DGAT1, RcDGAT1은 피마자 DGAT1 염기서열을 나타낸 것이다. 또한, CBE2은 해당 부위를 치환하는데 사용한 sgRNA의 이름을 의미한다 (표 1 참고).

도 10A는 야생형(WT) 염기서열과 D3-1 염기 치환 부위를 비교한 것이고, 도 10B는 야생형 애기장대 DGAT1의 thioesterase 부위를 포함하는 일부 아미노산 서열을 비교한 것이다. D3-1은 염기치환으로 아미노산 치환된 라인이고, CsDGAT1-A-C은 양구슬냉이 DGAT1, BnDGAT1은 유채 DGAT1, GmDGAT1C은 대두 DGAT1, AhDGAT1은 땅콩 DGAT1, RcDGAT1은 피마자 DGAT1 서열을 나타낸 것이다.

도 11은 각 개체 별 DGAT1의 유전자의 일부 서열을 비교한 것으로, 왼쪽과 오른쪽에 쓰여진 숫자는 각 개체 DGAT1 유전자 서열의 전체 길이에서 표시된 부분 서열의 양 끝 위치를 의미한다. D3-1은 염기치환 라인이고, CsDGAT1-A-C은 양구슬냉이 DGAT1, BnDGAT1은 유채 DGAT1, GmDGAT1C은 대두 DGAT1, AhDGAT1은 땅콩 DGAT1, RcDGAT1은 피마자 DGAT1 염기서열을 나타낸 것이다. 또한, ABE3은 해당 부위를 치환하는데 사용한 sgRNA의 이름을 의미한다 (표 1 참고).

도 12는 야생형 애기장대, D7c-1 개체, D7c-2h 개체에서 결실되는 부분 및 sgRNA가 작용하는 부분을 표시한 것이다. D7c-1 개체의 경우 서열번호 2의 146번 내지 226번에 해당하는 위치의 염기서열이 제거되었다. 이 제거는 해당 유전자의 번역 프레임에 영향을 주지 않아서 이후의 서열이 야생형 애기장대와 같다. 반면, D7c-2h 개체의 경우 이형 접합체로, 상동유전체 한 쌍에 포함된 각각의 DGAT1 유전자가 서열번호 2의 156번에 대응되는 위치와 147번에 대응되는 위치부터 결실되어 형태가 다르게 나타난다. 추가로 임의의 염기서열이 한 개 삽입되어 프레

임에 변화가 일어나 얼리스탑되었다.

도 13는 D7c 개체들의 치환된 지방산 조성을 분석하여 비교 그래프로 나타낸 것이다.

도 14는 D7c 개체들의 지방 함량을 비교하여 나타낸 것이다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0021]

이하 본 발명을 상세히 설명한다.

[0023]

본 발명은 대상 식물체의 DGAT1 단백질의 아미노산 서열에서 서열번호 1의 서열에서 123번 및 124번 위치에 대응되는 위치의 세린이 각각 아르기닌 및 류신으로 치환되거나, 서열번호 1의 서열에서 416번 위치에 대응되는 위치의 트립토판이 시스테인으로 치환되고 419번 위치에 대응되는 위치의 아르기닌이 글루타민으로 치환된 단백질을 형성하도록 DGAT1 유전자의 염기를 치환하는 단계; 또는 대상 식물체의 DGAT1 유전자에서 서열번호 2의 서열에서 146번 내지 226번 위치에 대응되는 위치의 염기를 결실시키거나; 서열번호 2의 서열에서 147번 내지 212번 위치 또는 156번 내지 212번 위치에 대응되는 위치의 염기를 결실시키고, 그 위치에 임의의 염기 한 개를 추가하는 단계;를 포함하는 식물체의 오메가 3 지방산의 함량을 증가시키는 방법에 관한 것이다.

[0024]

본 발명에서 대상 식물체는 DGAT1을 포함하는 식물체면 모두 해당되는 것이고, 예를 들어, 애기장대, 양구슬냉이, 유채, 카멜리나, 대두, 콩, 땅콩, 피마자 등의 오일 작물일 수 있으나, 이에 제한되는 것은 아니다.

[0025]

본 발명에서 서열번호 1의 서열은 애기장대의 DGAT1 효소의 아미노산 염기 서열을 나타낸 것이고, 서열번호 2의 서열은 애기장대의 DGAT1 효소의 유전자 서열을 나타낸 것이다.

[0026]

본 발명에서 서열번호 3는 AtDGAT1의 CDS sequence를, 서열번호 4은 D5-2의 CDS sequence를, 서열번호 5는 BnDGAT1의 CDS sequence를, 서열번호 6는 GmDGAT1C의 CDS sequence를, 서열번호 7은 RcDGAT1의 CDS sequence를, 서열번호 8은 AhDGAT1의 CDS sequence를, 서열번호 9은 CsDGAT1-A의 CDS sequence를, 서열번호 10는 CsDGAT1-B의 CDS sequence를, 서열번호 11은 CsDGAT1-C의 CDS sequence를 나타낸 것이다.

[0027]

또한, 본 발명에서 서열번호 176은 AtDGAT1의 DGAT1를 align한 서열을 나타낸 것, 서열번호 177은 D1-1의 DGAT1를 align한 서열을 나타낸 것, 서열번호 178은 D1-2의 DGAT1를 align한 서열을 나타낸 것, 서열번호 179는 D3-1의 DGAT1를 align한 서열을 나타낸 것, 서열번호 180은 D5-1의 DGAT1를 align한 서열을 나타낸 것, 서열번호 181은 D5-2의 DGAT1를 align한 서열을 나타낸 것, 서열번호 182는 CsDGAT1-A의 DGAT1를 align한 서열을 나타낸 것, 서열번호 183은 CsDGAT1-B의 DGAT1를 align한 서열을 나타낸 것, 서열번호 184는 CsDGAT1-C의 DGAT1를 align한 서열을 나타낸 것, 서열번호 185는 BnDGAT1의 DGAT1를 align한 서열을 나타낸 것, 서열번호 186은 GmDGAT1C의 DGAT1를 align한 서열을 나타낸 것, 서열번호 187은 AhDGAT1의 DGAT1를 align한 서열을 나타낸 것, 서열번호 188은 RcDGAT1의 DGAT1를 align한 서열을 나타낸 것이다.

[0028]

본 발명은 대상 식물체의 DGAT1 단백질의 아미노산 서열에서 서열번호 1의 서열에서 123번 및 124번 위치에 대응되는 위치의 세린이 각각 아르기닌 및 류신으로 치환된 단백질을 형성하도록 DGAT1 유전자의 염기를 치환하는 단계를 포함할 수 있다.

[0029]

또한, 본 발명은 서열번호 1의 서열에서 416번 위치에 대응되는 위치의 트립토판이 시스테인으로 치환되고 419번 위치에 대응되는 위치의 아르기닌이 글루타민으로 치환된 단백질을 형성하도록 DGAT1 유전자의 염기를 치환하는 단계를 포함할 수 있다.

[0030]

본 발명에서 대상 식물체의 DGAT1 단백질의 아미노산 서열과 서열번호 1의 서열을 대응시키는 방법은 유전자를 자동으로 align하여 결과를 확인할 수 있는 컴퓨터 프로그램 등에 의할 수 있으나, 이에 제한되는 것은 아니다.

[0031]

본 발명에서 염기를 치환하는 방법은 예를 들어, 염기 교정(Base Editing, BE)에 의할 수 있으나, 이에 제한되는 것은 아니다. 상기 염기 교정은 타겟 DNA의 염기 하나를 교정하여 결과적으로 단백질 번역 시 Frame-shift 없이 단백질의 아미노산 서열 치환을 유도하는 기술을 의미한다. 염기 교정은 예를 들면 유전자 가위를 사용하여 수행될 수 있고, 유전자 가위는 CRISPR, 구체적으로 CRISPR-Cas9을 사용할 수 있다. 유전자 가위 사용시에는 sgRNA는 대상 식물체의 DGAT1 유전자의 상기 부위를 타겟팅 할 수 있는 서열을 사용할 수 있고, 이는 대상 식물체의 DGAT1 유전자에 맞추어 설계될 수 있다.

[0032]

- [0033] 본 발명은 대상 식물체의 DGAT1 유전자에서 서열번호 2의 서열에서 146번 내지 226번 위치에 대응되는 위치의 염기를 결실시키는 단계를 포함할 수 있다.
- [0034] 본 발명에서 결실은 일반적으로 유전자에서 염기를 결실시키는 방법이라면 모두 적용 가능한 것이고, 예를 들어 유전자 가위를 이용하여 수행하는 방법일 수 있으나, 이에 제한되는 것은 아니다.
- [0036] 본 발명은 서열번호 2의 서열에서 147번 내지 212번 위치 또는 156번 내지 212번 위치에 대응되는 위치의 염기를 결실시키고, 그 위치에 임의의 염기 한 개를 추가하는 단계를 포함할 수 있다.
- [0037] 상기 임의의 염기 한 개를 추가하는 단계는 구체적으로, 대상 개체의 DGAT1 유전자 서열 중, 상기 서열번호 2의 147번 위치 내지 212번 위치에 대응되는 위치에 있는 염기 구간이 결실이 되고, 상기 결실된 구간(위치)에 임의의 염기 하나가 추가되어 146번 위치에 대응되는 위치의 염기 다음에 임의로 추가된 염기가 나열되고, 그 다음에 213번 염기가 나열되어, 프레임 시프트가 발생할 수 있고, 얼리스탑될 수 있다. 예를 들어, 도 12의 D7c-2h(Hetero) β에 나타낸 그림과 같이, 147번 위치 내지 212번 위치에 대응되는 염기 구간을 결실시키고, 결실된 위치에 임의의 염기(도 12에서는 염기 C)를 추가하여 프레임 시프트가 발생하여 얼리스탑될 수 있다.
- [0038] 또한, 상기 임의의 염기 한 개를 추가하는 단계는 구체적으로, 대상 개체의 DGAT1 유전자 서열 중, 상기 서열번호 2의 156번 위치 내지 212번 위치에 대응되는 위치에 있는 염기 구간이 결실이 되고, 상기 결실된 구간(위치)에 임의의 염기 하나가 추가되어 156번 위치에 대응되는 위치의 염기 다음에 임의로 추가된 염기가 나열되고, 그 다음에 213번 염기가 나열되어, 프레임 시프트가 발생할 수 있고, 얼리스탑될 수 있다. 예를 들어, 도 12의 D7c-2h(Hetero) α에 나타낸 그림과 같이, 156번 위치 내지 212번 위치에 대응되는 염기 구간을 결실시키고, 결실된 위치에 임의의 염기(도 12에서는 염기 T)를 추가하여 프레임 시프트가 발생하여 얼리스탑될 수 있다.
- [0039] 본 발명은 대상 식물체의 DGAT1 단백질의 아미노산 서열에서 서열번호 1의 서열에서 123번 및 124번 위치에 대응되는 위치의 세린이 각각 아르기닌 및 류신으로 치환되거나, 서열번호 1의 서열에서 416번 위치에 대응되는 위치의 트립토판이 시스테인으로 치환되고 419번 위치에 대응되는 위치의 아르기닌이 글루타민으로 치환된 단백질을 형성하도록 DGAT1 유전자의 염기를 치환하는 단계; 또는 대상 식물체의 DGAT1 유전자에서 서열번호 2의 서열에서 146번 내지 226번 위치에 대응되는 위치의 염기를 결실시키거나; 서열번호 2의 서열에서 147번 또는 156번 위치에 대응되는 위치의 염기를 결실시키고, 상기 147번 또는 156번 위치에 대응되는 위치 중 결실된 위치와 서열번호 2의 서열에서 212번에 대응되는 위치 사이에 임의의 염기 한 개를 추가하는 단계;를 포함하여 오메가 3 지방산의 함량을 증가시킨 식물체의 형질전환된 종자에 관한 것이다.
- [0040] 본 발명에서 형질전환은 DNA를 식물에 전이시키는 임의의 방법을 의미하는 것으로, 형질전환 방법은 반드시 재생 또는 조직 배양 기간을 가질 필요는 없다. 식물 종의 형질전환은 숙주로 선택한 식물의 특성을 고려하여 특정 식물에 적절한 공지의 형질전환 방법을 선택하여 실시할 수 있다. 예를 들어, 아그로박테리아를 이용한 형질전환 방법, 원형질체의 전기천공법, 식물 요소로의 현미주사법, 식물 요소로의 입자충격법 등일 수 있으나, 이에 제한되는 것은 아니다.
- [0042] 이하, 본 발명을 구체적으로 설명하기 위해 실시예를 들어 상세하게 설명하기로 한다.
- [0044] **실시예**
- [0045] **1. 재료 및 방법**
- [0046] **(1) DGAT1 단백질의 구조와 주요 도메인의 기능 및 위치 분석(도 1)**
- [0047] DGAT1의 구조의 주요 도메인에 대하여 염기교정을 진행하였다. 해당 부위들은 acyl-CoA binding site, SnRK2 target site, thioesterase, fatty acid signature protein, diacylglycerol (DAG) binding site, 9번째 transmembrane domain의 6가지이다. 마지막으로 N-terminal부분은 folding되지 않은 flexible한 구간으로 regulatory motif를 포함하고 있다 (그림 1). 총 7개의 domain들을 DGAT1에서 중요하게 작용하는 domain이라고 생각했으며 이를 타겟하는 52개의 sgRNA를 디자인 하였다.

[0048] (2) DGAT1 Base Editing 벡터 제작

[0049] 52개의 sgRNA (표 2)는 base editing 벡터에 클로닝할 때 annealing method를 사용하였다. 이는 단일가닥의 형태로 되어있는 sgRNA 타겟 시퀀스를 이중가닥으로 만들기 위하여 원래 타겟하고자 디자인한 시퀀스와 이에 상보적인 시퀀스를 제작하여 annealing시 dimer를 형성하며 추가적으로 본래의 sgRNA 5' 말단에 ATTG, 상보적 sgRNA 5' 말단에는 AAAC를 더하여 벡터에 삽입할 때 필요한 sticky end를 유도할 수 있다. 벡터의 완성 유무는 PCR로 확인하였으며 벡터에 존재하는 U6 promoter에 결합하는 forward primer (5'-ACCCTCAAGAATTTGATTGAATA)와 각 sgRNA의 insert를 만들 때 사용한 complimentary oligo를 reverse로 사용하였다. PCR 결과 밴드 사이즈는 약 200bp로 확인된 벡터는 *E. coli*, *Agrobacterium tumefaciens*를 거쳐 애기장대 식물에 형질전환 시키는데 사용되었다(도 2). 이때 사용된 벡터는 cytosine에서 thymine으로 전환시키는 CBE 벡터와 adenine에서 guanine으로 전환시키는 ABE 벡터 두 가지가 사용되었다.

표 1

[0051] 52개 sgRNA의 DNA서열, 변화 부위 및 방향

서열번호	sgRNA sequence	Predicted edition	Direction
12	TCTCTCGCCCTCCGATGAGCTGG	AGA/GAG (Arg118 / Glu119) -> AAA/AAG (Lys118 / Lys119)	Rev
13	CTCCGACGCAATCTTCAAACAGG	TCC (Ser124) -> TTT (Phe124)	For
14	ATCCAGTTTACGTCACCTAAGG	CCA (Pro224) -> TTA (Leu224)	For
15	TGCTCCTCACTGTCATTGTGTGG	CTC (Leu243) -> TTT (Phe243)	For
16	CTGCCAATATGTTTAACTTTGG	GCA (Ala382) -> ACA (Thr382)	Rev
17	CGAACCATCCATTTATGAACAGG	GTT (Val418) -> ATT (Ile418)	Rev
18	CTTGCGCAGCAAGATACCAAAGG	CGC (Arg427) -> TGC (Cys427)	Rev
19	TGCGATGCATAGCTGTCAAAAGG	GCA (Ala452) -> ACA (Thr452)	Rev
20	TTGTCGCTCTCTCAAGCTATGGG	CGT (Ala456) -> TGT (Cys456)	For
21	ACCTACTCAAAACAAATTGGTTGG	GTG (Val470) -> ATG (Met470)	Rev
22	TCACAACTATCTACAGGAAAGG	ACA (Thr476) -> ATA (Ile476)	For
23	CTCCGACGCAATCTTCAAACAGG	GAC (Asp125) -> GGC (Gly125)	For
24	TGGATACAAAACCTCTGTCTATGG	TAT (Tyr223) -> CAC (His223)	Rev
25	CACCTTAGGGTGACGTAACCTGG	CTA (Leu229) -> CCA (Pro229)	Rev
26	CTGCCAATATGTTTAACTTTGG	TTG (Leu381) -> CCG (Pro381)	Rev
27	TGGCAGAGCTTCTCTGCTTCGGG	GAG (Glu383) -> GGG (Gly383)	For
28	ATCGTGAATTCTACAAAGATTGG	GAA (Glu391) -> GGG (Gly391)	Rev
29	TGGTGGAAATGCAAAAAGTTGGG	AAT (Asn398) -> GGT (Asp398)	For
30	CGAACCATCCATTTATGAACAGG	ATG (Met417) -> ACG (Thr417)	Rev
31	CATGAAAGACTGCAGAGACTAGG	TTT (Phe446) -> CCC (Pro446)	Rev
32	TGCGATGCATAGCTGTCAAAAGG	ATC (Ile451) -> ACC (Thr451)	Rev
33	AGGCACCTACTCAAACAAATTGG	GTG (Val470) -> GCG (Ala470)	Rev
34	CTTCATCACAACTATCTACAGG	ATC (Ile475) -> GTC (Val475)	For
35	TCACAACTATCTACAGGAAAGG	AAC (Asn477) -> GGC (Gly477)	For
36	AACTATCTACAGGAAAGGTTTGG	TAT (Tyr478) -> TGT (Cys478)	For
37	TGCTGGCGTTACTACGGTGACGG	GCT (Ala7) -> GTT (Val7)	For
38	GTTACTACGGTGACGGAGAACGG	ACT (Thr10) -> AGT (Ile10)	For
39	ACTACGGTGACGGAGAACGGTGG	ACT / ACG (Thr10 / Thr11) -> AGT / AGG (Ile10 / Met11)	For
40	ACGGTGACGGAGAACGGTGGCGG	ACG (Thr11) -> AGG (Met11)	For
41	ATCTTGATAGGCTTCGTGACGG	CTT (Leu23) -> GTT (Phe23)	For
42	TCGAGATCGGATTCTTCTAACGG	TCG (Ser31) -> TGG (Leu31)	For
43	TCTAACGGACTTCTTCTCTCTGG	TCT (Ser36) -> TGT (Phe36)	For
44	TTCCGATAATAATTCTCCTTCGG	TCC (Ser44) -> TGG (Phe44)	For
45	AATTCTCCTTCGGATGATGTGG	TCT (Ser48) -> TGT (Phe48)	For
46	ATCCGAAGGAGAATTATTATCGG	GAT (Asp51) -> AAT (Asn51)	Rev
47	CTCCGCCGACGTTAGGGATCGG	CCC (Pro56) -> TTT (Phe56)	For
48	ATCCGATCCCTAACGTCGGCGGG	CGG (Arg62) -> CAA (Gln62)	Rev

49	ATCAATCCGATCCCTAACGTCGG	GAT (Asp64) -> CAT (Asn64)	Rev
50	TTGGCCGAGATAATAACGGTGG	GCC (Ala78) -> GTT (Val78)	For
51	GCCACCACGTTATTATCTCCGG	GGC (Gly85) -> AAC (Asn85)	Rev
52	GTTACTACGGTGACGGAGAACGG	ACG (Thr11) -> GCG (Ala11)	For
53	ACGGTGACGGAGAACGGTGGCGG	ACG (Thr13) -> GCG (Ala13)	For
54	ATCTTGATAGGCTTCGTCGACGG	GAT (Asp24) -> GGT (Gly24)	For
55	TCTAACGGACTTCTTCTCTCGG	AAC (Asn37) -> AGC (Ser37)	For
56	TTCCGATAATAATTCTCCTTCGG	GAT (Asp45) -> GGT (Gly45)	For
57	ATCCGAAGGAGAATTATTATCGG	ACG (Ser50) -> CCG (Pro50)	Rev
58	ATCAATCCGATCCCTAACGTCGG	AGT (Ile63) -> ACT (Thr63)	Rev
59	GTTGTTAACGATGACGCTCAGGG	AAC (Asn68) -> GAC (Asp68)	Rev
60	CGCTCAGGGAACAGCCAATTGG	CAG (Gln72) -> CGG (Arg72)	For
61	CAGGGAACAGCCAATTGGCCGG	ACA(Thr74) -> GCA (Ala74)	For
62	GATAATAACGGTGGTGAAGAGG	AAT / AAC (Asn81 / Asn82) -> AGT / GAC (Ser81 / Asp82)	For
63	AATAACGGTGGTGAAGAGCGG	AAC (Asn82) -> AGC (Ser82)	For

표 2

[0053]

52개 sgRNA의 insert 제작을 위한 서열과 각 타겟 도메인

Target group	Name	서열 번호	Forward	서열 번호	Reverse
Domain 1	AID1	64	ATTGTCTCTCGCCCTCCGATGAGC	116	AAACGCTCATCGGAGGCGAGAGA
	AID2	65	ATTGCTCCGACGCAATCTTCAAAC	117	AAACGTTTGAAGATTGCGTCGGAG
	ABE1	66	ATTGCTCCGACGCAATCTTCAAAC	118	AAACGTTTGAAGATTGCGTCGGAG
Domain 3	AID3	67	ATTGATCCAGTTTACGTCACCTA	119	AAACTAGGGTGACGTAACTGGAT
	AID4	68	ATTGTGCTCCTCACTTGCATTGTG	120	AAACCACAATGCAAGTGAGGAGCA
	ABE2	69	ATTGTGGATACAAAACCTCTGTCA	121	AAACTGACAGAGGTTTGTATCCA
	ABE3	70	ATTGCACCTTAGGGTGACGTAAC	122	AAACGTTTACGTACCCCTAAGGTG
Domain 4	AID5	71	ATTGCTGCCAATATGTTTAAACCTT	123	AAACAAGGTTAAACATATTGGCAG
	ABE4	72	ATTGCTGCCAATATGTTTAAACCTT	124	AAACAAGGTTAAACATATTGGCAG
	ABE5	73	ATTGTGGCAGAGCTTCTCTGCTTC	125	AAACGAAGCAGAGAAGCTCTGCCA
	ABE6	74	ATTGATCGTGAATTCTACAAAGAT	126	AAACATCTTTGTAGAATTCACGAT
Domain 5	AID6	75	ATTGCGAACCATCCATTTATGAAC	127	AAACGTTTCATAAATGGATGGTTCG
	AID7	76	ATTGCTTGCGCAGCAAGATACCAA	128	AAACTTGGTATCTTGCTGCGCAAG
	AID8	77	ATTGTGCGATGCATAGCTGTCAAA	129	AAACTTTGACAGCTATGCATCGCA
	AID9	78	ATTGTTGTCGTCTCTTCAAGCTAT	130	AAACATAGCTTGAAGAGACGACAA
	ABE7	79	ATTGTGGTGGAAATGCAAAAAGTGT	131	AAACACACTTTTTCATTCCACCA
	ABE8	80	ATTGCGAACCATCCATTTATGAAC	132	AAACGTTTCATAAATGGATGGTTCG
	ABE9	81	ATTGCATGAAAGACTGCAGAGACT	133	AAACAGTCTCTGCAGCTTTTCATG
	ABE10	82	ATTGTGCGATGCATAGCTGTCAAA	134	AAACTTTGACAGCTATGCATCGCA
Domain 6	AID10	83	ATTGACCTACTCAAACAAATTTGGT	135	AAACACCAATTTGTTTGTAGTAGGT
	AID11	84	ATTGTCACAACTATCTACAGGAA	136	AAACTTCTGTAGATAGTTTGTGA
	ABE11	85	ATTGAGGCACCTACTCAAACAAAT	137	AAACATTTGTTTGTAGTAGGTGCCT
	ABE12	86	ATTGCTTCATCACAACCTATCTAC	138	AAACGTAGATAGTTTGTGATGAAG
	ABE13	87	ATTGTCACAACTATCTACAGGAA	139	AAACTTCTGTAGATAGTTTGTGA
	ABE14	88	ATTGAACCTATCTACAGGAAAGGTT	140	AAACAACCTTCTGTAGATAGTT

Domain 7	nAID1	89	ATTGTGCTGGCGTTACTACGGTGA	141	AAACTCACCGTAGTAACGCCAGCA
	nAID2	90	AAACTTCTCCGTCACCGTAGTAAC	142	AAACTTCTCCGTCACCGTAGTAAC
	nAID3	91	ATTGACTACGGTGACGGAGAACGG	143	AAACCCGTTCTCCGTCACCGTAGT
	nAID4	92	ATTGACGGTGACGGAGAACGGTGG	144	AAACCCACCGTTCTCCGTCACCGT
	nAID5	93	ATTGATCTTGATAGGCTTCGTCGA	145	AAACTCGACGAAGCCTATCAAGAT
	nAID6	94	ATTGTCGAGATCGGATTCTCTAA	146	AAACTTAGAAGAATCCGATCTCGA
	nAID7	95	ATTGTCTAACGGACTTCTCTCTC	147	AAACGAGAGAAGAAGTCCGTTAGA
	nAID8	96	ATTGTTCCGATAATAATCTCCTT	148	AAACAAGGAGAATTATTATCGGAA
	nAID9	97	ATTGAATTCTCCTTCGGATGATGT	149	AAACACATCATCCGAAGGAGAATT
	nAID10	98	ATTGATCCGAAGGAGAATTATTAT	150	AAACATAATAATTCTCCTTCGGAT
	nAID11	99	ATTGCTCCCGCCGACGTTAGGGAT	151	AAACATCCCTAACGTCGGCGGGAG
	nAID12	100	ATTGATCCGATCCCTAACGTCGGC	152	AAACGCCGACGTTAGGGATCGGAT
	nAID13	101	ATTGATCAATCCGATCCCTAACGT	153	AAACACGTTAGGGATCGGATTGAT
	nAID14	102	ATTGTTGGCCGGAGATAATAACGG	154	AAACCCGTTATTATCTCCGCCAA
	nAID15	103	ATTGGCCACCACCGTTATTATCTC	155	AAACGAGATAATAACGGTGGTGGC
	nABE1	104	ATTGGTTACTACGGTGACGGAGAA	156	AAACTTCTCCGTCACCGTAGTAAC
	nABE2	105	ATTGACGGTGACGGAGAACGGTGG	157	AAACCCACCGTTCTCCGTCACCGT
	nABE3	106	ATTGATCTTGATAGGCTTCGTCGA	158	AAACTCGACGAAGCCTATCAAGAT
	nABE4	107	ATTGTCTAACGGACTTCTCTCTC	159	AAACGAGAGAAGAAGTCCGTTAGA
	nABE5	108	ATTGTTCCGATAATAATCTCCTT	160	AAACAAGGAGAATTATTATCGGAA
	nABE6	109	ATTGATCCGAAGGAGAATTATTAT	161	AAACATAATAATTCTCCTTCGGAT
	nABE7	110	ATTGATCAATCCGATCCCTAACGT	162	AAACACGTTAGGGATCGGATTGAT
	nABE8	111	ATTGGTTGTTAACGATGACGCTCA	163	AAACTGAGCGTCATCGTTAAACAC
	nABE9	112	ATTGCGCTCAGGGAACAGCCAATT	164	AAACAATTGGCTGTTCCTGAGCG
	nABE10	113	ATTGCAGGGAACAGCCAATTGGC	165	AAACGCCAAATTGGCTGTTCCTTG
	nABE11	114	ATTGGATAATAACGGTGGTGGAAG	166	AAACCTTCCACCACCGTTATTATC
	nABE12	115	ATTGAATAACGGTGGTGGAAGAGG	167	AAACCTCTTCCACCACCGTTATT

[0054] (3) DGAT1 N-terminal의 In-frame deletion vector 제작

[0055] 애기장대 DGAT1의 N-terminal에 해당하는 domain7번에 In-frame deletion을 유도하기 위해 sgRNA를 디자인하고 CRISPR/Cas9 기반의 벡터를 제작하였다. In-frame deletion이란 DNA 일부를 deletion 할 때 3배수의 개수를 deletion하여 DNA 서열상에 존재하는 단백질 번역 frame을 변형시키지 않는 기술을 뜻한다. 이를 위하여 DGAT1의 DNA 서열에서 146~226번의 81bp를 deletion하는 sgRNA 2개와 156~212번의 57bp를 deletion하는 sgRNA 2개를 디자인하였다(도 3). 각각의 sgRNA는 pHEE401E 벡터에 클로닝 되었으며 *E. coli*에 형질전환 되어 kanamycin 저항성을 통해 선별되었다. 선별된 콜로니는 U-6 promoter forward primer (5'-ACCCTTCAAGAATTGATTGAATA)와 두 번째 sgRNA의 서열을 활용하여 PCR하여 확인하였다. 콜로니 PCR까지 확인된 벡터는 plasmid extraction과 transformation을 통하여 *Agrobacterium tumefaciens*에 형질전환되어 cell stock으로 보관되었다.

[0057] (4) DGAT1 유전자의 염기가 편집되거나 DGAT1 N-terminal이 In-frame deletion 된 식물체 선발

[0058] DGAT1의 base editing을 위하여 52개의 벡터를 7개의 domain별로 묶어 *Agrobacterium* 형질전환을 통해 T0 plant를 제작하였다. 이때 ABE, CBE 벡터는 식물에서 hygromycin 저항성을 가지므로 해당 항생제가 포함된 배지에서 T1 종자를 발아시켜 형질전환이 되었다고 판단되는 개체들을 일반 MS배지로 옮겨 회복 후, 일정 크기까지 성장시켜 흙으로 옮겨 심었다. 흙에서 다시 일정크기 이상으로 성장하면, gDNA를 추출하기 위한 sampling을 진행하였으며 추출된 gDNA는 해당 개체의 target domain에 따라 PCR primer set을 적용하였다. 1,7 번 domain은 For1 (CCGACGCTGTTTCGTCAAAC, 서열번호 168), Rev1 (TTCGATGATGAGTCTACTGTTT, 서열번호 169)를 사용했으며, 3번 Domain은 For3 (TGCTCAAGGTTGTCATCTTTC, 서열번호 170), Rev3 (CAGGATTGGCCTAAAGTTCA, 서열번호 171)를 사용하였다. 이어서 4번 Domain은 For4 (CCTTTGGTATGCTGTGATCC, 서열번호 172)와 Rev4 (AAGACAGTGAATACATGAATTTGG, 서열번호 173), 5번과 6번 domain은 For5 (CTGGAGAATGTGAATATGGT, 서열번호 174), Rev5 (CCCATTCCAAACAGATCAC, 서열번호 175)를 사용하여 PCR하였다. DNA 시퀀싱 또한 해당 동일한 프라이머를 사용하였다.

[0059] T1세대에서 DNA 시퀀싱 결과를 확인하였을 때 크로마토그래피의 그래프가 깔끔하지 않고 다른 염기와 비교하였

을 때 야생형에서 보여준 피크의 높이보다 작게 다른 피크가 동시에 섞여 나온 개체들을 선별하였다. 이는 염기 교정이 실제로 일어나긴 했지만 부분적으로만 일어나 아직 기존의 야생형에서 존재하는 염기가 남아있다는 의미이다.

[0060] 이후 세대를 진전해 가면서 동일하게 항생제 저항성 선별과 그 이후에 이어지는 DNA 시퀀싱으로 homozygous한 개체의 출현까지 진행하였다 (도 4). T4세대까지 진전하고 나서야 5개의 개체를 확보하였으며, 각각 domain1에서 2개, domain3에서 1개, domain5에서 2개의 개체를 얻었다. domain7의 in-frame deletion 또한 hygromycin 저항성과 DNA서열분석을 통하여 확인하였고, 1개의 호모화된 개체와 1개의 헤테로 개체를 얻었다.

[0062] 2. 실험 결과

[0063] (1) DGAT1 염기치환 돌연변이체 종자의 지방산 분석

[0064] 1) DGAT1 염기치환 돌연변이체는 총 5개로 target한 domain의 이름을 붙여 각각 D1-1, D1-2, D3-1, D5-1, D5-2로 명명하였다(도 5A).

[0065] 2) D1-1 개체는 124번 serine이 phenylalanine으로 치환되었고 D1-2개체는 123, 124번 serine이 각각 arginine과 leucine으로 치환되었다. 두 치환된 부위 모두 다른 종의 DGAT1 서열분석을 통해 의도한 domain1 내의 보존된 서열에서 돌연변이가 일어난 것을 확인하였다. 이에 따른 지방산 변화는 D1-1개체에서 1% 증가한 18:1 지방산, 2.8% 감소한 18:2 지방산과 1.6% 감소한 20:1 지방산을 보였다. D1-2개체는 1.3% 증가한 18:1 지방산, 4.8% 증가한 18:3 지방산, 3.9% 감소한 20:1 지방산을 보였다. 총량은 D1-1, D1-2개체 모두 야생형 애기장대와 비교하였을 때 1% 미만의 차이를 보였다(도 5A, 5B, 5C).

[0066] 3) D3-1개체는 229번 leucine이 proline으로 치환되었고 다른 DGAT1과의 서열 비교를 통하여 의도한 domain3 내의 보존된 서열에서 돌연변이가 일어난 것을 확인하였다. 해당 부위의 단백질 치환은 애기장대 야생형과 비교하였을 때 각 지방산 별 조성의 측면에서 1.7% 감소한 20:1 지방산을 제외하고 모두 1% 미만의 증감을 보여 큰 변화가 없었다. 하지만 지방산 총량은 애기장대 야생형 대비 12.5% 감소하였다 (도 5A, 5B, 5C).

[0067] 4) D5-1개체는 416번 tryptophan이 cysteine으로 치환되었으며 419번 arginine이 glutamine으로 치환되었다. 다른 종의 DGAT1과 서열 비교를 통해 의도한 domain5 내의 보존된 서열에서 돌연변이가 일어난 것을 확인했다. D5-1개체는 4.5% 감소한 18:1 지방산, 8.4% 증가한 18:3 지방산, 3.7% 감소한 20:1 지방산을 보이며 정량적으로도 13% 감소한 총량을 나타냈다(도 5A, 5B, 5C).

[0068] 5) D5-2개체는 418번 valine이 isoleucine으로 치환되었으며 다른 종의 DGAT1 단백질 서열과 비교하였을 때 의도한 domain5 내의 보존된 서열에서 돌연변이가 발생한 것을 확인하였다. 해당 부위의 치환은 애기장대 야생형과 조성적 측면에서 20:1 지방산이 1.5% 증가한 것 외에 큰 차이를 보이지 않았지만, 정량분석에서 야생형 애기장대보다 8.1% 증가한 지방산 총량을 보였다 (도 5A, 5B, 5C).

[0069] 6) D7c 개체의 in-frame deletion은 호모화 개체인 D7c-1와 헤테로 개체인 D7c-2h가 있으며 D7c-1은 18:1 지방산 1.1% 감소, 18:3 지방산 8.4% 증가, 20:1 지방산 7% 감소를 보였으며 총량에서 8.6% 감소하였다. 헤테로 개체인 D7c-2h는 18:1 지방산 8.2% 감소, 18:3 지방산 24.8% 증가, 20:1 지방산 14.7% 감소를 보였고 총량에서 19.7% 감소하였다 (도 12, 도 13 및 도 14).

[0071] (2) DGAT1 염기교정 돌연변이체의 아미노산 치환과 종자 지방산 조성의 함량 변화 비교

표 3

DGAT1 아미노산 치환 변이	치환 개수	야생형(wild-type) 대비 아미노산 치환 부위	야생형 대비 종자 지방산 조성 변화	야생형 대비 종자 지방산 함량 변화
D1-1	1	124번 Serine->Phenylalanine	18:1 지방산 2% 증가 18:3 지방산 1% 감소 20:1 지방산 1.6% 감소	차이 없음

D1-2	2	123번 Serine->Arginine 124번 Serine->Leucine	18:1 지방산 2.2% 감소 18:3 지방산 4.8% 증가 20:1 지방산 3.9% 감소	차이 없음
D3-1	1	229번 Leucine->Proline	차이 없음	총량 12% 감소
D5-1	2	416번 Tryptophan->Cysteine 419번 Arginine->Glutamine	18:1 지방산 4.5% 감소 18:3 지방산 8.4% 증가 20:1 지방산 3.7% 감소	총량 13% 감소
D5-2	1	418번 Valine->Isoleucine	차이 없음	총량 8.1% 증가

표 4

DGAT1 in-frame deletion 라인	DNA deletion 범위	frame shift 종 류	야생형 대비 종자 지방산 조성 변화	야생형 대비 종자 지방함량 변화
D7c-1	146 ~226	0	18:1 지방산 1.1% 감소 18:3 지방산 8.4% 증가 20:1 지방산 7% 감소	총량 8.6% 감소
D7c-2h	~212	-1	18:1 지방산 8.2% 감소 18:3 지방산 24.8% 증가 20:1 지방산 14.7% 감소	총량 17.9% 감소

상기 표 3는 DGAT1 치환 변이에 따른 특성을 나타낸 것이고, 표 4는 in-frame deletion 변이 특성을 나타낸 것이다. D1-2, D5-1, D7c-1, D7c-2h 개체에서 오메가 3 지방산에 해당하는 18:3 지방산의 함량이 증가한 것을 확인할 수 있다.

(3) DGAT1 In-frame 돌연변이체 종자의 지방산 분석

1) Domain 7에서 inframe-deletion이 일어난 D7c-1 호모 개체는 49~76번 아미노산이 제거되었고 D7c-2h 헤테로 개체는 두 allele 모두 212번 DNA 서열부터 -1 frame shift가 일어나 9개의 아미노산 이후 early stop 되었다 (도 12). 해당 부위의 돌연변이는 D7c-1개체에서 애기장대 야생형과 비교하였을 때 조성적 측면에서 1% 감소한 18:1 지방산, 8.4% 증가한 18:3 지방산, 7% 감소한 20:1 지방산을 보였으며 지방산 총량에선 8.6% 감소하였다 (도 13 및 도 14).

2) 헤테로 개체이지만 결핍 돌연변이로 보이는 D7c-2h 개체의 경우 야생형 애기장대와 비교하였을 때 8% 감소한 18:1 지방산, 24.8% 증가한 18:3 지방산, 14.7% 감소한 20:1 지방산을 보이며 정량적으로 17.9% 감소한 지방산 총량을 보였다(도 13 및 도 14).

(4) D7c-1, D7c-2h의 DNA, protein 서열 비교(도 12)

1) D7c-1의 경우 DNA 서열에서 146번 내지 226번 위치의 DNA가 제거되었고, 제거되고 남은 3개의 염기가 모여 Histidine을 새롭게 생성했다. frame shift는 일어나지 않아 49번 Proline부터 76번 Asparagine이 제거되었고, 이후의 단백질은 DGAT1 야생형과 동일하게 나타났다.

2) D7c-2h의 경우 DNA상으론 hetero이다. DNA 서열에서 156번 내지 212번 위치의 DNA가 제거되었고 Asparagine이 생성되었지만, Thymine 하나가 insertion되어 frame shift가 일어났다. 그로 인해 얼리스탑된 알파 가닥과 147번 ~ 212번 위치의 DNA가 제거되고 Proline이 생성되었지만 Cytocine 하나가 insertion되어 역시 같은 부위에서 얼리스탑된 베타 가닥이 있다. 따라서 D7c-2h의 경우 DGAT1 결핍 돌연변이에 해당한다.

D7c-1 및 D7c-2 돌연변이는 다른 식물의 DGAT1의 전략과는 조금 다르게 작용한다. 구체적으로, 원래 DGAT1의 활

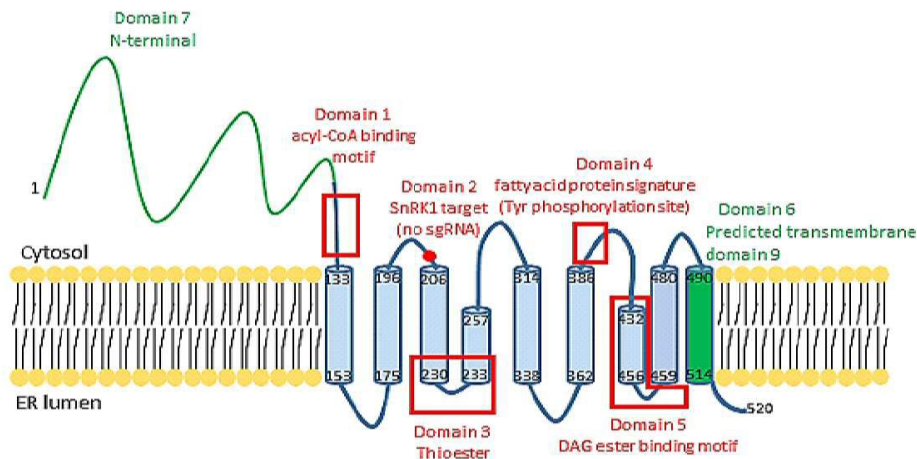
성이 저해된 돌연변이는 18:3 지방산이 증가하는 특성이 있지만, D7c-1, D7c-2h 돌연변이들은 각각 의미하는 바가 다르다.

[0084]

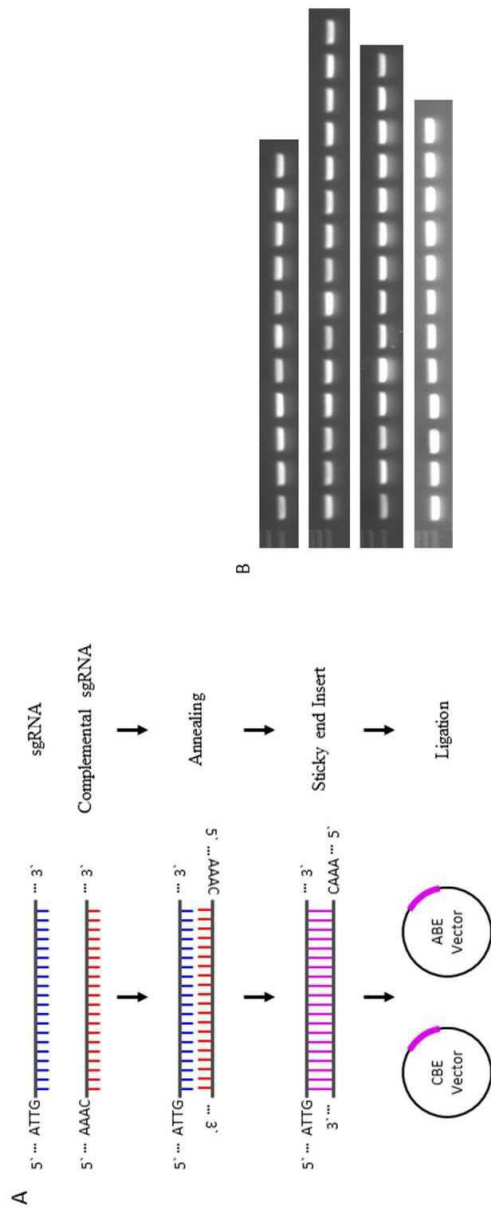
D7c-1의 경우 DGAT1의 folding된 부분이 그대로 존재 하지만 N-terminal의 일부가 제거되어 활성이 감소 했고, D7c-2h의 경우 기존에 사용되던 DGAT1 활성저하 돌연변이인 DGAT1-1보다 훨씬 강하게 DGAT1 결핍현상을 보이며 더 많은 18:3 지방산 축적으로 이어졌다.

도면

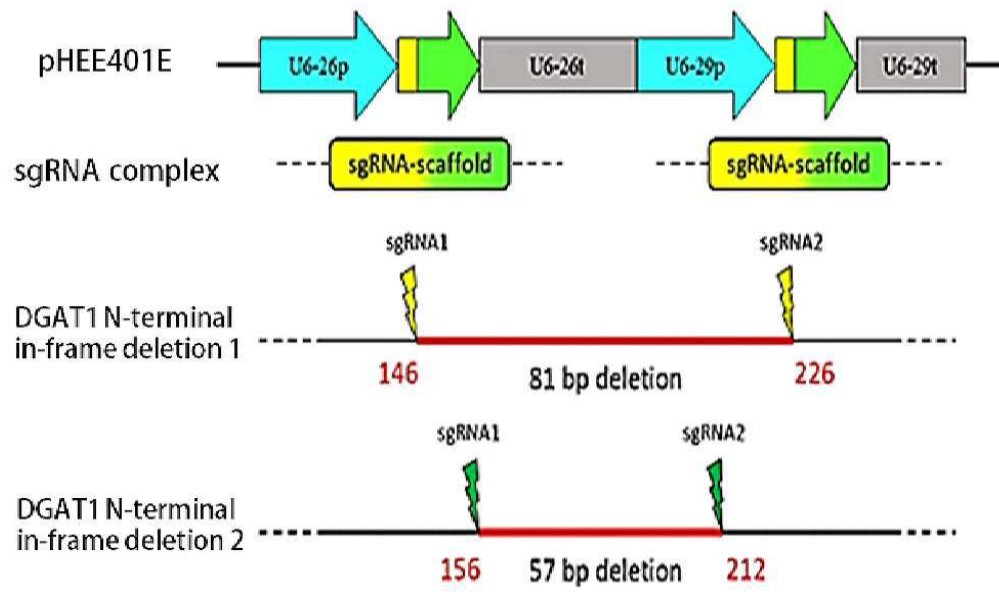
도면1



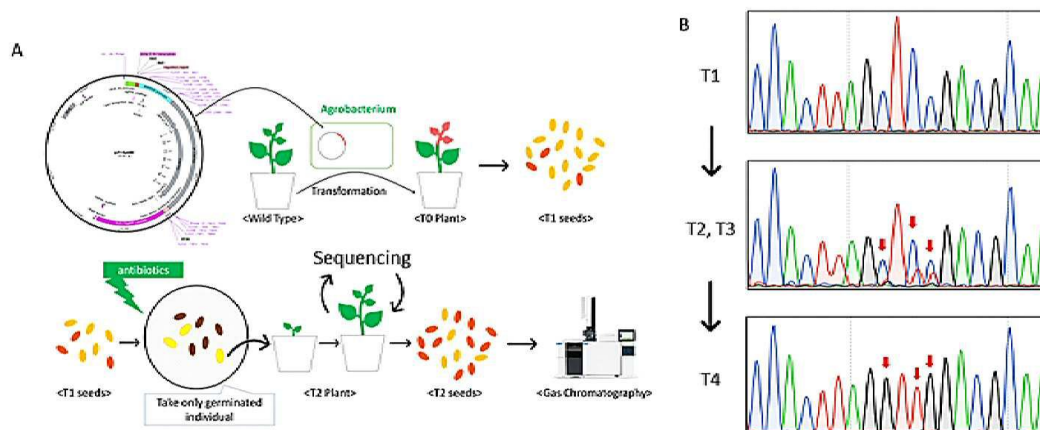
도면2



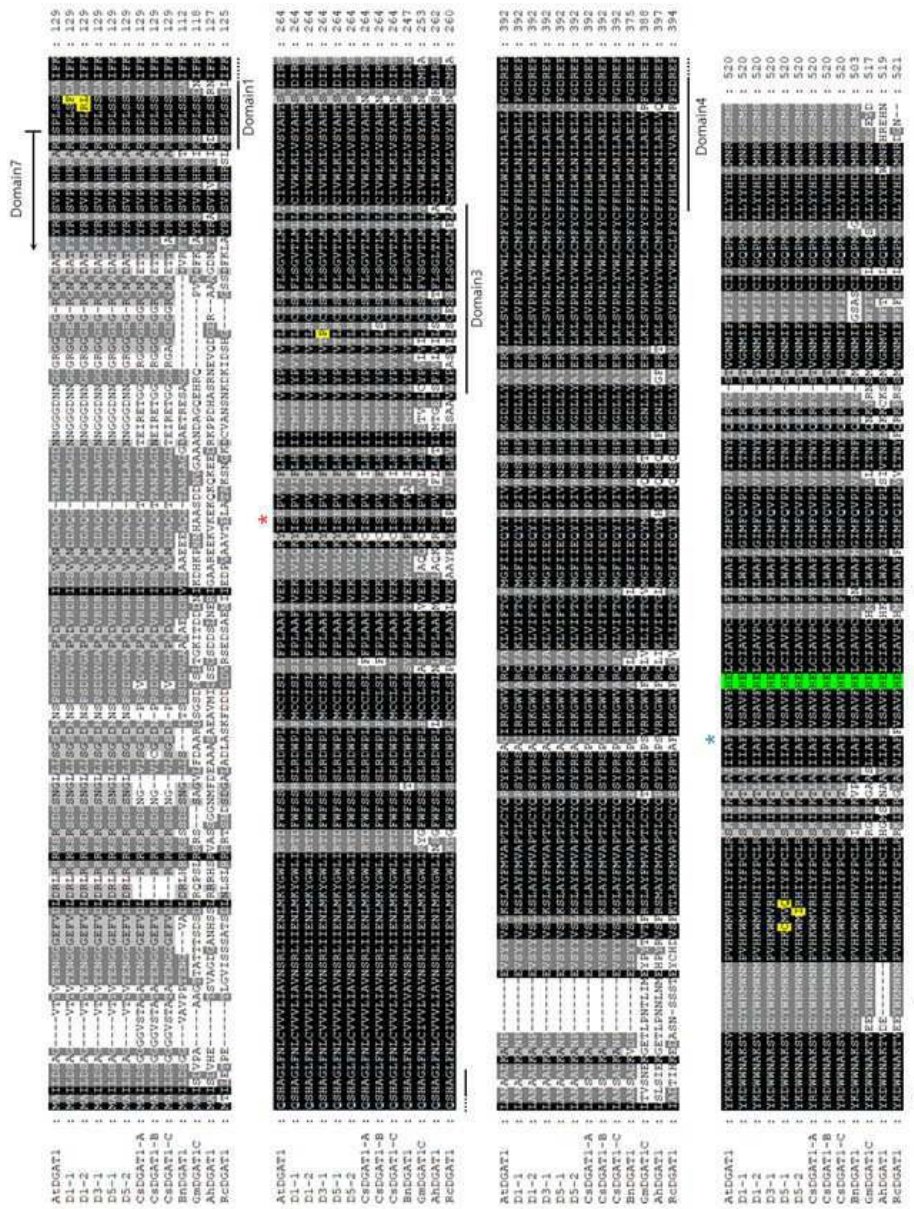
도면3



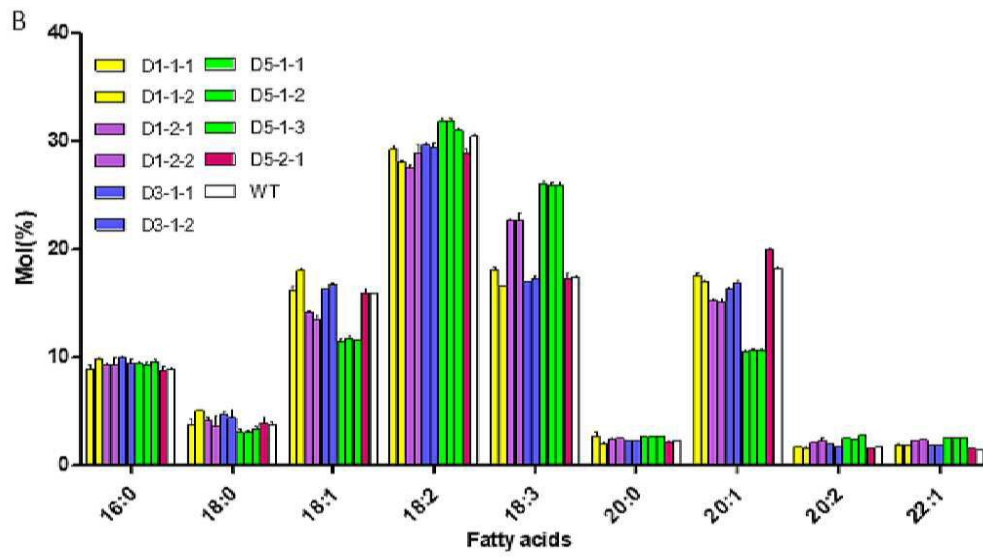
도면4



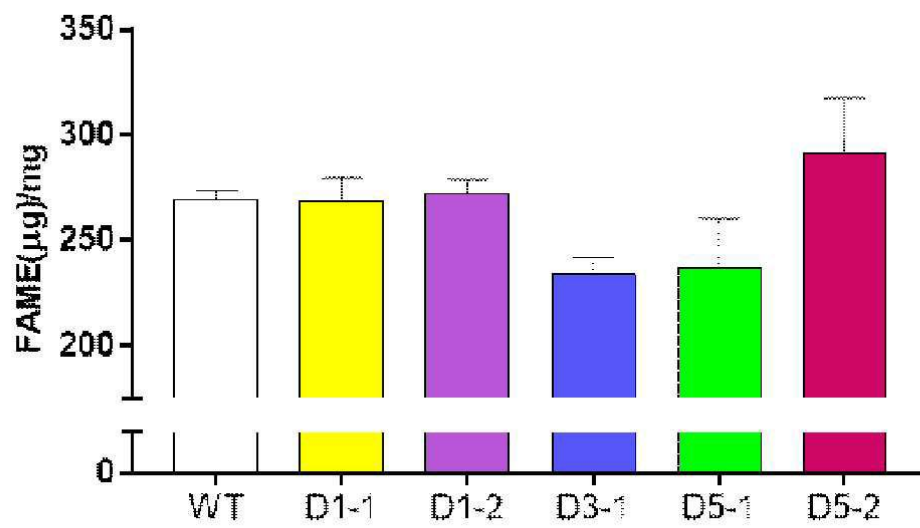
도면5a



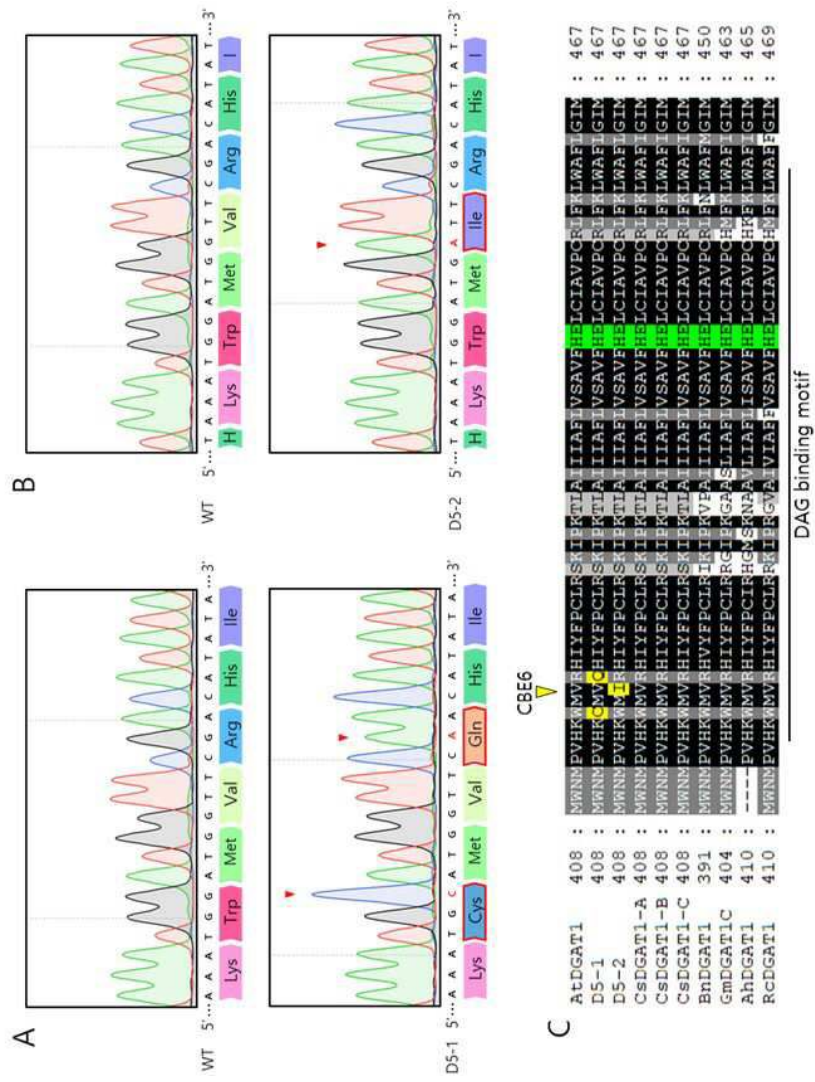
도면5b



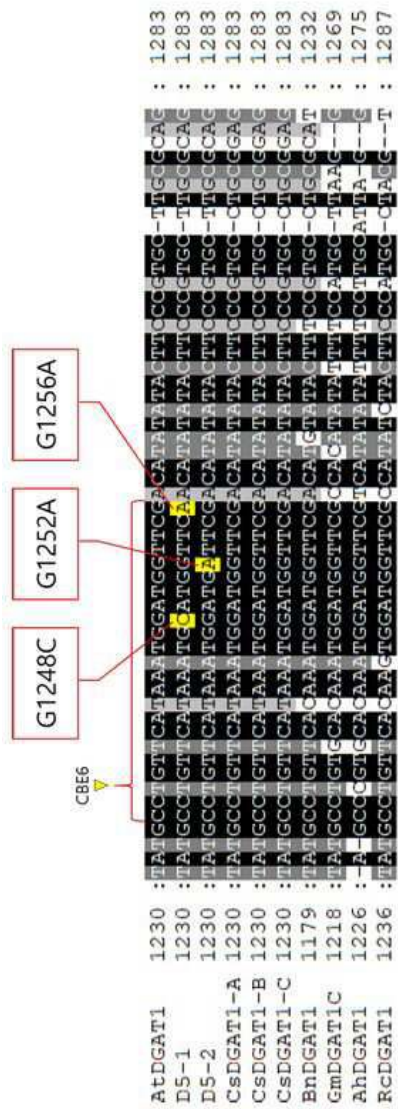
도면5c



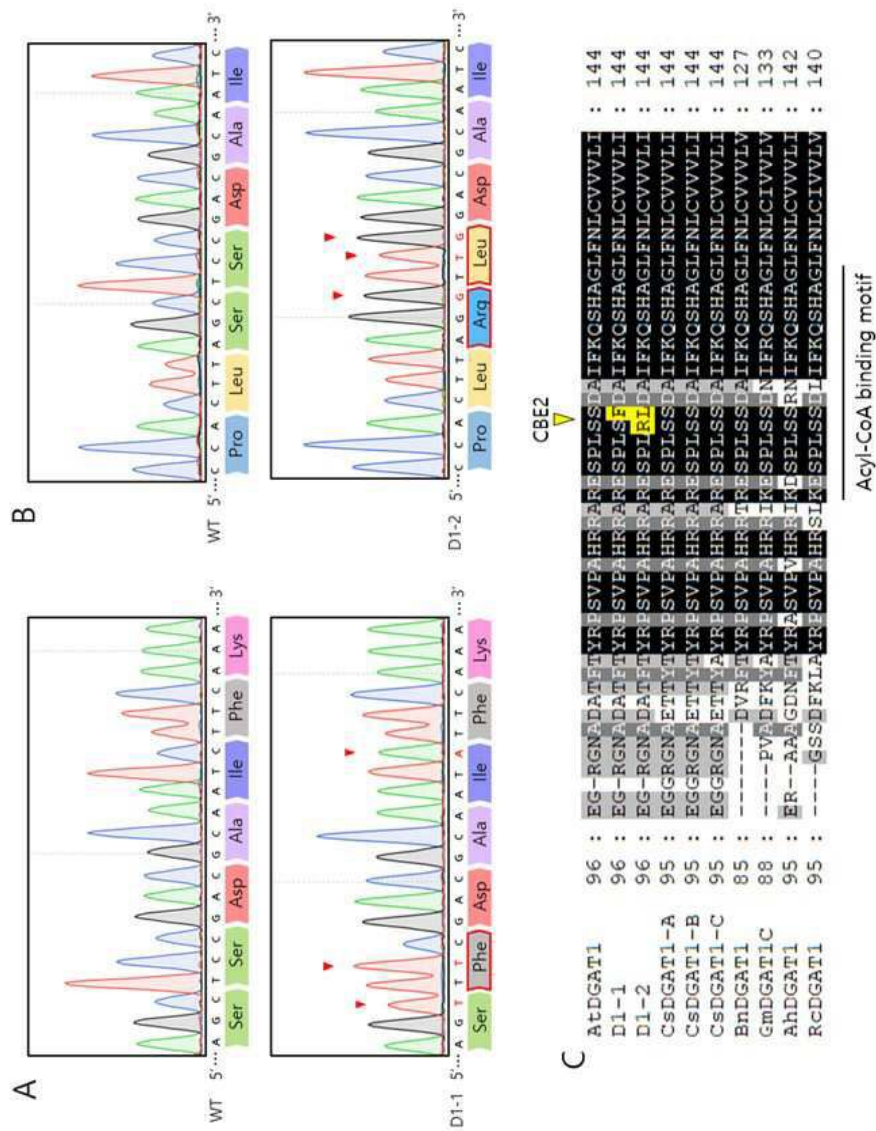
도면6



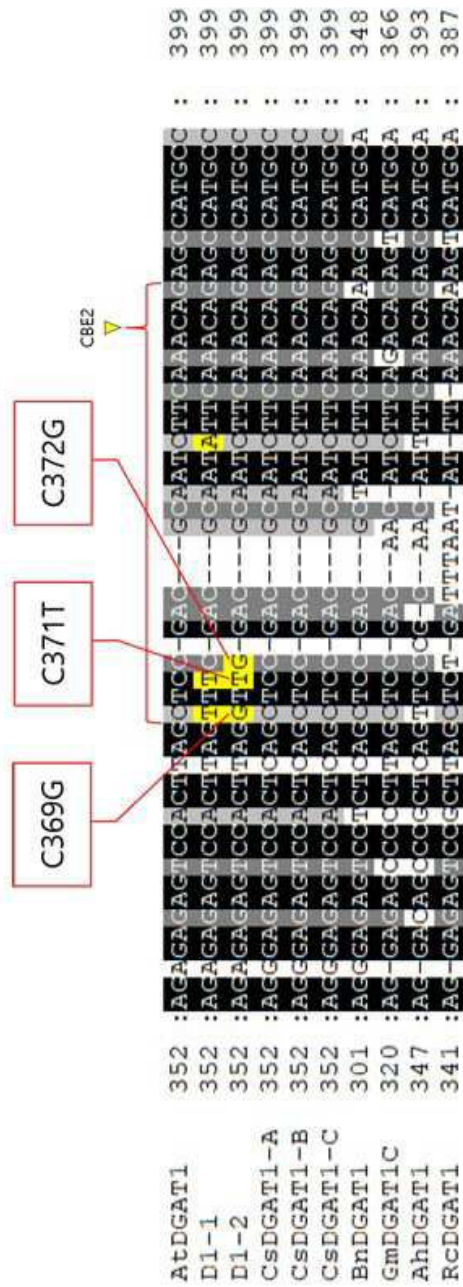
도면7



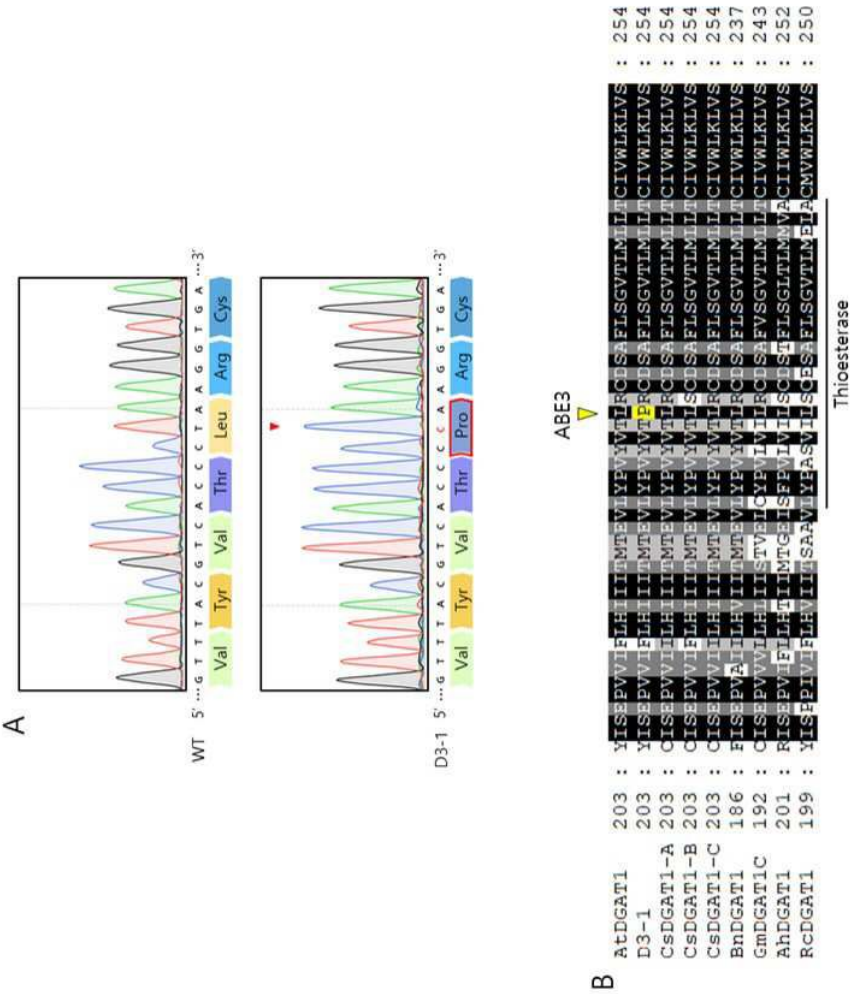
도면8



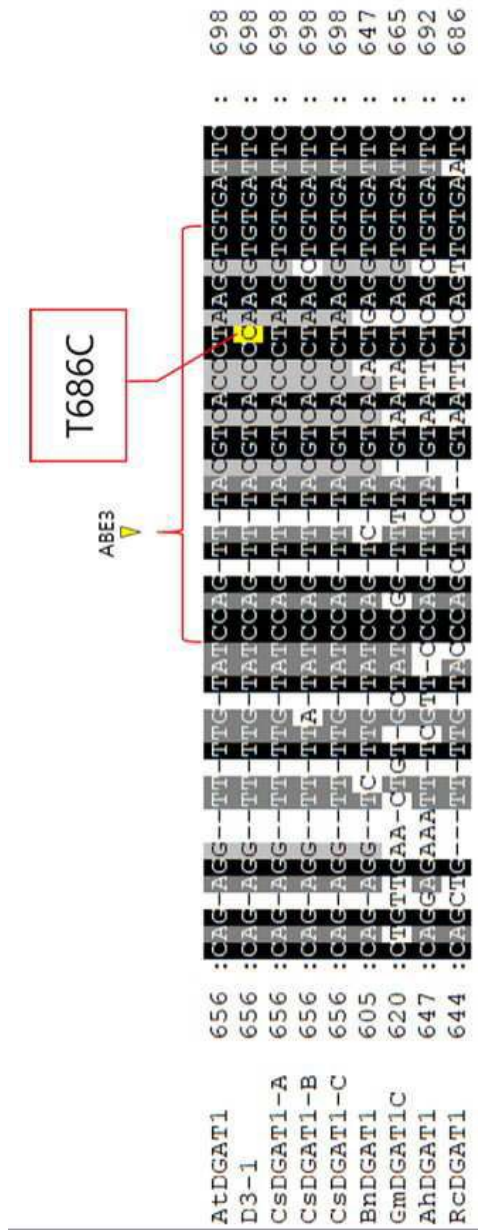
도면9



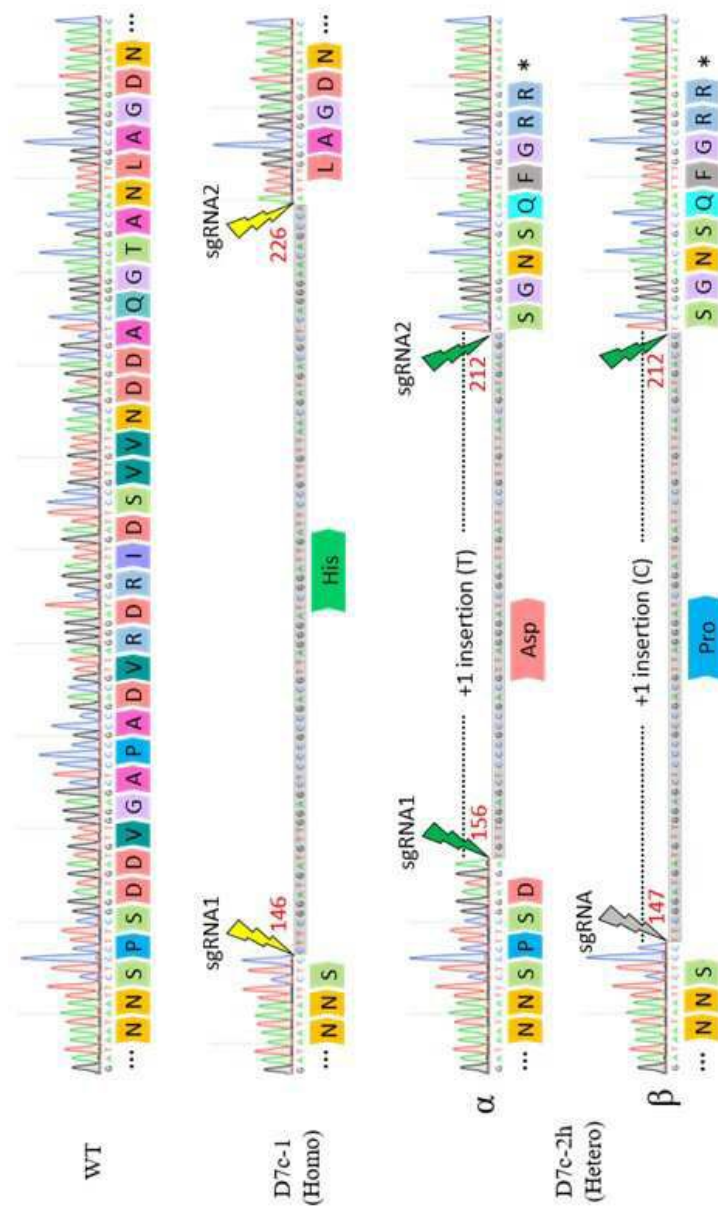
도면10



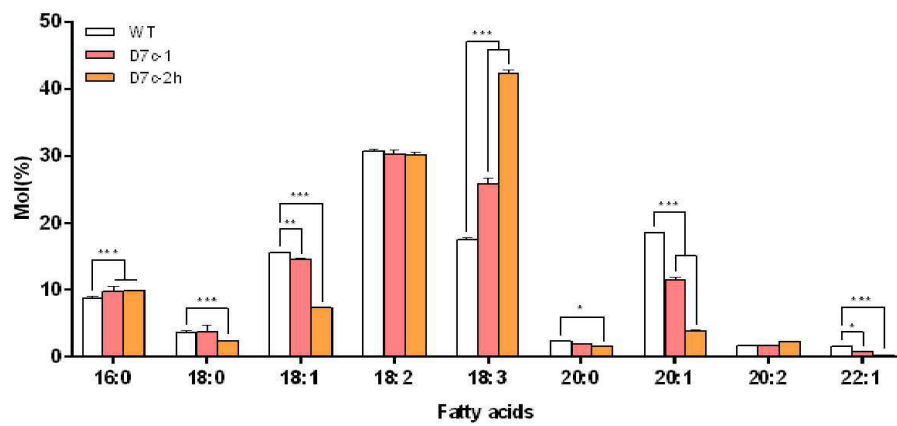
도면11



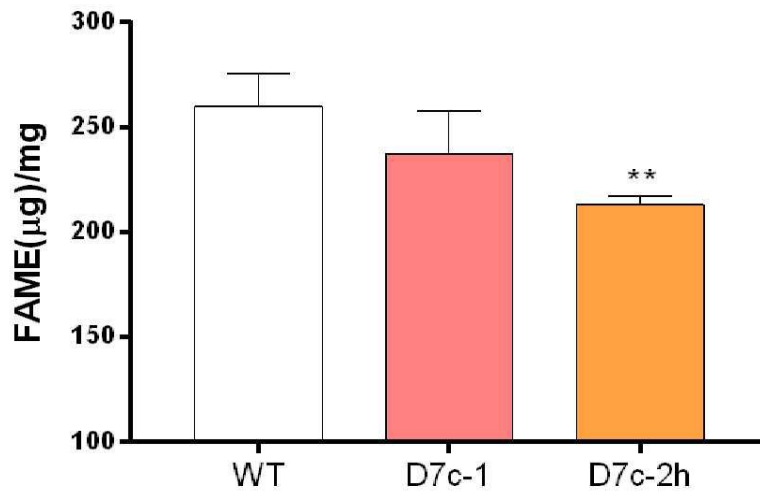
도면12



도면13



도면14



서열 목록

- <110> SEJONG UNIVERSITY INDUSTRY ACADEMY COOPERATION FOUNDATION
- <120> METHOD FOR INCREASING THE CONTENT OF OMEGA 3 FATTY ACIDS IN PLANTS
- <130> 21P01016
- <160> 188
- <170> KoPatent In 3.0
- <210> 1
- <211> 528
- <212> PRT
- <213> Arabidopsis thaliana
- <400> 1

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 Asp Leu Met Asn Arg Asp Gly Asn
515 520 525

<210> 2

<211> 3737

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 2

tttaaaataa aataaaaaca gaaaaatatc ccaacaccgc ttttcaatta aaaatcttcc 60

gtcaccattg ttgtcatctt cctctctcgt gaatcctttt tcctttcttc ttctttctct 120

cttcagagaa aactttgctt ctctttctat aaggaaccag acacgaatcc cattcccacc	180
gatttcttag ctcttctctt caatccgctc ttccctctc cattagattc tgtttctctt	240
ttcaatttct tctgcatgct tctcgattct ctctgacgcc tcttttctcc cgacgtgtt	300
tctgtaaacg cttttcgaaa tggcgatttt ggattctgct ggcgttacta cggtagacga	360
gaacggtggc ggagagtctg tcatcttga taggttctg cgacggaaat cgagatcgga	420
ttcttctaac ggacttcttc tctctggttc cgataataat tctcttctcg atgatgttgg	480
agctcccgcc gacgttaggg atcggattga ttccgttgtt aacgatgacg ctcagggaac	540
agccaatttg gccggagata ataacggtgg tggcgataat aacggtgtg gaagaggcgg	600
cggagaagga agaggaaacg ccgatgctac gtttacgtat cgaccgtcgg ttccagctca	660
tccgagggcg agagagagtc cacttagctc cgacgcaatc ttcaaacagg tttaaaatct	720
cagaaatctt cgaatttggg gtttgccttg tgttttatat ggaattgagt ttggtgattg	780
ttttgcattg cagagccatg ccgattatt caacctctgt gtagtagtgc ttattgctgt	840
aaacagtaga ctcatcatcg aaaatcttat gaaggtttgc tgttacttgt ttctcctttt	900
aggaattgaa ttgcttgaaa atttatcaga gacgaataac ttgttgttg ctatcatca	960
tgtatgatgg ttggttgatc agaacggatt tctggtttag ttcaagatcg ctgcgagatt	1020
ggccgctttt catgtgttgg taaaagaaga tgttttttat ttccagcaat gttacattgt	1080
tatactata atgatgagtt tagtgatcaa gtctctctt gattcttctt tcttgttgca	1140
gtatatccct ttcatcttt cctttggctg cctttacggg tgagaaattg gtacttcaga	1200
aatacatatc agaacctgtg agtaattact attctccagc cattactgta atttttattg	1260
aagacaagtt tgiatcatga agaacttaca agttctgttt tgaaaatgct caaggttgtc	1320
atctttcttc atattattat caccatgaca gaggttttgt atccagttta cgtcaccta	1380
aggtgatact gtttttctgg tctcagtttg tgatactgtt tttaagttta gttgtctgac	1440
ccggtgatct tgaaaatgga cagggtgat tctgcttttt tatcaggtgt cactttgatg	1500
ctctcactt gcattgtgtg gctaaagtgt gtttcttatg ctcatactag ctatgacata	1560
agatccctag ccaatgcagc tgataaggta aaatacgaaa aagaagcgta tgtattagtc	1620
acttgactg tgttactgtt ttaaccaaac actgttatga actttaggcc aatcctgaag	1680
tctctacta cgttagcttg aagagcttgg catatttcat ggtcgctccc acattgtgtt	1740
atcaggtaac tgcaaagtgc atcaaccatt ctatacttg caagagtttc ttgtctaaac	1800
ctcgatctt tgcttttccc cagccaagtt atccacgttc tgcatgtata cggaagggtt	1860
gggtggctcg tcaatttgca aaactggtca tattcaccgg attcatggga ttataaatag	1920
aacaagtacg ttttcacatc ttgctttatt agttttcctt ggtgaaaatc atcatccctg	1980

cgttgtcacc acttgacttc atgttctttt gttacatfff ggcagtatat aaatcctatt	2040
gtcaggaact caaagcatcc ttgaaaggc gatcttctat atgctattga aagagtgttg	2100
aagctttcag ttccaaatff atatgtgtgg ctctgcatgt tctactgctt cttccacctt	2160
tggtatgctg tgatcccatc tctttcaaaa taatttgcaa attcgaaaaa ccgaaaaagg	2220
ctaaatctca tacgaatttg atatttttag tttcttagag tcggtgatgt aatttcagtt	2280
actgaacgca aatctcttgt ccaaaggtta aacatatggg cagagcttct ctgcttcggg	2340
gatcgtgaat tctacaaaga ttggtggaat gcaaaaagtg tgggagatgt gagctatfff	2400
actcaaaaga aaacttatga tttttaatgt tgcgttggt tttgggtcat ctaactaacc	2460
aaattcatgt attcactgtc ttccittatc agtactggag aatgtggaat atggtatgg	2520
tctcttcta aacatcacct tctttgtac acaaataga agaagagagc taattaagat	2580
cttgttttcc ttgacagcct gttcataaat ggatggttcg acatatatac ttcccgtgct	2640
tgcgcagcaa gataccaag gtgagtgaga tatataccga tatgcaattg tcgagatttg	2700
tttctgtgat ataaatttaa cctccacac acttgtttt cagacactcg ccattatcat	2760
tgctttccta gtctctgcag tctttcatga ggtatacata ctttctacat tgccctgtct	2820
ctagacgcat gaacacacgc tagtgaaaga aatgctaata ttcaaagcat tgtttttact	2880
taacgatctt gtgttacaaa ttccittttg acagctatgc atcgcagttc cttgtcgtct	2940
cttcaagcta tgggcttttc ttgggattat gtttcaggtt aaaaaattac taaactgctg	3000
cagtcgattt ttactaaact ctaatctcat attctgacca accaatttgt ttgagtaggt	3060
gcctttggtc ttcatcaca actatctaca ggaaaggttt ggctcaacgg tatgctctca	3120
aaacccgaga aaatagaacg aataactctt tctttcatag cctagccatt taaatcgcaa	3180
tgctgaaact taataataaa ggtgatctgt ttggaatgg gatcatatta ttaggtgggg	3240
aacatgatct tctggttcat cttctgcatt ttccgacaac cgatgtgtgt gcttctttat	3300
taccacgacc tgatgaaccg aaaaggatcg atgtcatgaa acaactgttc aaaaaatgac	3360
tttcttcaaa catctatggc ctcggttgat ctccgttgat gttgtggtgg ttctgatgct	3420
aaaacgacaa atagtgttat aaccattgaa gaagaaaaga aaattagagt tgttgtatct	3480
gcaaaaattt tggtagagac acgcgaacc gtttgattt tgttatggtg taaagaaatt	3540
tcaatcaaaa aactgttgta ataattgta ccaaaaagaa atgcttttct ggaaacgagg	3600
ggaaaaatag tagttttgtt aggttttact gtttgacca aatctagtaa aaaactttt	3660
gtaataagga aaaaaaaga acaaatgtga taaatgcatg gggattgtat gaaaccttcc	3720

aataaagttg attggtg 3737

<210> 3

<211> 1563

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 3

atggcgattt tggattctgc tggcgttact acggtgacgg agaacggtgg cggagagttc 60

gtcgtatttg ataggcttcg tgcacgaaa tcgagatcgg attcttctaa cggacttctt 120

ctctctggtt ccgataataa ttctccttcg gatgatgttg gagtccccgc cgacgttagg 180

gatcggattg attccgttgt taacgatgac gtcagggaa cagccaattt ggccggagat 240

aataacggtg gtggcgataa taacggttgt ggaagaggcg gcggagaagg aagaggaaac 300

gccgatgcta cgtttacgta tgcaccgtcg gttccagctc atcggagggc gagagagagt 360

ccacttagct ccgacgcaat cttcaaacag agccatgccg gattattcaa cctctgtgta 420

gtagtcttta ttgctgtaaa cagtagactc atcatgaaa atcttatgaa gtatggttgg 480

ttgatcagaa cggatttctg gtttagttca agatcgctgc gagattggcc gcttttcattg 540

tgttgtatat ccttttcgat ctttcctttg gctgccttta cggttgagaa attggtactt 600

cagaaataca tatcagaacc tgttgtatc tttcttcata ttattatcac catgacagag 660

gttttgtatc cagtttacgt caccctaagg tgtgattctg cttttttatc aggtgtcact 720

ttgatgctcc tcaattgcat tgtgtggcta aagttggttt cttatgctca tactagctat 780

gacataagat ccctagccaa tgcagctgat aaggccaatc ctgaagtctc ctactacgtt 840

agcttgaaga gcttggcata tttcatggtc gctcccatat tgtgttatca gccaaattat 900

ccacgttctg catgtatacg gaagggttgg gtggctcgtc aatttgcaaa actggtcata 960

ttcacggat tcatgggatt tataatagaa caatatataa atcctattgt caggaactca 1020

aagcatcctt tgaaggcga tcttctatat gctattgaaa gagtgttgaa gctttcagtt 1080

ccaaatttat atgtgtggct ctgcatgttc tactgcttct tccacctttg gttaaacata 1140

ttggcagagc ttctctgctt cggggatcgt gaattctaca aagattggtg gaatgcaaaa 1200

agtgtgggag attactggag aatgtggaat atgcctgttc ataaatggat ggttcgacat 1260

atatacttcc cgtgcttgcg cagcaagata ccaaagacac tcgccattat cattgctttc 1320

ctagtctctg cagtctttca tgagctatgc atcgagttc cttgtcgtct cttcaagcta 1380

tgggcttttc ttgggattat gtttcagtg cttttgtct tcatcacaaa ctatctacag 1440

gaaaggtttg gctcaacggt ggggaacatg atcttctggt tcatcttctg cattttcgga 1500

caaccgatgt gtgtgcttct ttattaccac gacctgatga accgaaaagg atcgatgtca	1560
tga	1563
<210> 4	
<211> 1563	
<212> DNA	
<213> Arabidopsis thaliana	
<400> 4	
atggcgattt tggattctgc tggcgttact acggtgacgg agaacggtgg cggagagttc	60
gtcgatcttg ataggcttcg tgcacggaaa tcgagatcgg attcttctaa cggacttctt	120
ctctctggtt ccgataataa ttctccttcg gatgatgttg gagctcccg cgcacgttagg	180
gatcggattg attccgttgt taacgatgac gctcagggaa cagccaattt ggccggagat	240
aataacggtg gtggcgataa taacggtggt ggaagaggcg gcggagaagg aagaggaaac	300
gccgatgcta cgtttacgta tcgaccgtcg gtccagctc atcggagggc gagagagagt	360
ccacttagct ccgacgcaat cttcaaacag agccatgccg gattattcaa cctctgtgta	420
glagtcttta ttgctgtaaa cagtagactc atcatcgaaa atcttatgaa gtatggttgg	480
ttgatcagaa cggatttctg gtttagttca agatcgctgc gagattggcc gcttttcatg	540
tgttgtatat ccttttcgat ctttcctttg gctgccttta cggttgagaa attggtactt	600
cagaaatata tatcagaacc tgttgtcadc tttcttcata ttattatcac catgacagag	660
gttttgtatc cagtttacgt caccctaagg tgtgattctg cttttttatc aggtgtcact	720
ttgatgctcc tcaattgcat tgtgtggcta aagttggttt cttatgctca tactagctat	780
gacataagat ccctagccaa tgcagctgat aaggccaatc ctgaagtctc ctactacgtt	840
agcttgaaga gcttggcata tttcatggtc gctcccatat tgtgttatca gccaagtat	900
ccacgttctg catgtatagc gaagggttgg gtggctcgtc aatttgcaa actggtcata	960
ttcaccggat tcatgggatt tataatagaa caatatataa atcctattgt caggaactca	1020
aagcatcctt tgaaaggcga tctttatata gctattgaaa gagtgttgaa gctttcagtt	1080
ccaaatttat atgtgtggct ctgcatgttc tactgcttct tccaccttg gttaaacata	1140
ttggcagagc ttctctgctt cggggatcgt gaattctaca aagattggtg gaatgcaaaa	1200
agtgtgggag attactggag aatgtggaat atgcctgttc ataatggat gattcgacat	1260
atatacttcc cgtgcttgcg cagcaagata ccaaagacac tcgccattat cattgcttcc	1320
ctagtctctg cagtctttca tgagctatgc atcgagttc cttgtcgtct cttcaagcta	1380
tgggcttttc ttgggattat gtttcagggt cctttgtgtc tcatcacaaa ctatctacag	1440

gaaaggtttg gctcaacggt ggggaacatg atcttctggt tcatcttctg cattttcgga	1500
caaccgatgt gtgtgcttct ttattaccac gacctgatga accgaaaagg atcgatgtca	1560
tga	1563
<210> 5	
<211> 1512	
<212> DNA	
<213> Brassica napus	
<400> 5	
atggcgattt tggattctgg aggcgtcgt gtaccgccga cggagaacgg cgtcgcggat	60
ctcgacaggc tccaccgtcg taaatcgagt tcggattctt ccaacggact cctctccgat	120
acttccccgt cggacgatgt tggagctgcg gcggccgaaa gggatcgggt tgattccgct	180
gccgaggagg aggcctcagg aacagcgaat ttagctggcg gagatgccga aactagggaa	240
tccgccggag gcgatgtaag gtttacgtat cgaccgtcgg ttccagctca tcggaggacg	300
agggagagtc ctctcagctc cgacgtatc ttcaaacaaa gccatgcagg attgttcaac	360
ctctgtgtag ttgttcttgt tgctgttaac agtagactca tcatcgaaaa cctcatgaag	420
tatggttggg tgatcagaac tgatttttgg tttagtctta catccttacg agactggccg	480
cttttcatgt gttgtcttct actttcggct tttcctttgg ctgccttcac ggtcgagaaa	540
atggtacttc agaaattcat atctgagcct gttgccatca ttcttcatgt cattataacc	600
atgacagagg tcttgtatcc agtctacgtc aactgaggt gtgattctgc cttcttgtca	660
ggtgtcacgt tgatgctgct cacttgcatt gtgtggctga agttggtttc ttacgtcat	720
actagctacg acataagaac cctggccaat tcagctgata aggtcgatcc tgaaatctcc	780
tactatgtta gcttgaagag cttggcgtat ttcattggtt cteccacact gtgttatcag	840
ccaagctatc cacgttctcc atgtatccgg aagggttggg tggctcgtca acttgcaaaa	900
ctggtcatat tcaactggact catgggattt ataatagagc aatatataaa tcctattgtt	960
aggaactcaa agcatcctct gaaaggggac cttctatatg ctattgaaag agtgttgaag	1020
ctttcagttc caaatctata tgtgtggctc tgcatgttct actgcttctt ccacctttgg	1080
ttaaacatat tggcagagct cctctgcttc ggggaccgtg aattctacaa agattggttg	1140
aatgcaaaaa gcgttggaga ttattggaga atgtggaata tgcctgttca caaatggatg	1200
gttcgacatg tatactttcc gtgcctgcgc atcaagatac caaaagtacc cgccattatc	1260
attgtttctt tagtctctgc agtctttcat gagttatgca tcgcagttcc ttgccgtctc	1320
ttcaatctat gggctttcat gggaattatg ttccaggtcc ctttggctct tatcacaac	1380

ttttacaag aaaggtttgg ctccatgggtg ggaacatga tctttggttc agcttcttgc 1440
atcttcggac aaccgatgtg tgggcttctt tattacatg acctgatgaa ccgcaaagga 1500
tccatgtcct ga 1512

<210> 6

<211> 1554

<212> DNA

<213> Glycine max

<400> 6

atggcgatct ccgatgtgcc tgcagccgct ggacagaccg ccactaccac cagcgactca 60
gatctccgac agccttctct gcggcgacagg tcctccgccg gactcctctt cgacgctgcc 120
agagattccg gctccgacaa ttccctgacc ggcaaaatca ccgacgaaga caacatcaaa 180
gatcacaagc cgaataatca cgcagcctcc gacgacaatg tgggcgccgc cgccaatgac 240
gctgggcagg agcaccgaca accggtcgcc gatttcaaat acgcttaccg tcctccggtt 300
cccgcgcacc gcagaatcaa ggagagcccc cttagctccg acaacatctt cagacagagt 360

catgcaggac tgttcaatct ctgcatagta gtgcttgttg ccgtgaacag cagacttate 420
attgagaatt taatgaagta tggttgggtg atcaagatg gcttttgggt tagttcaaaa 480
tcattgagag attggcctct ctcatgtgc cgtcttagtc ttgccatatt tccacttget 540
gcctttgttg tggaaaggtt ggcacaacaa aagtgtatct ctgaaccagt tgttgttcta 600
cttcatctaa taatatcaac tgttgaactg tgctatccgg ttttagtaat actcagggtg 660
gattctgctt ttgtatctgg tgtcacgttg atgctattaa cttgcattgt gtggttaaaa 720
ttggtgtcat atgcacatac aaactatgat atgagagcac ttactgttcc gaatgaaaag 780

ggagaaacat tacccaatac ttgattatg gactatccgt aactgtgac cttcaggagt 840
ttggcatact tcatggttgc tctacatta tgctatcaga caagctatcc tcgcacacct 900
tcagttcgaa agggttgggt gtttcgtcaa cttgtcaagc tgataatatt tacaggagtt 960
atgggatitaa taatagaaca atatatgaat cctattgtac aaaactcaac tcatectttg 1020
aagggaacc ttctatatgc cattgagaga attctgaagc tttctgtccc aaatgtatat 1080
gtgtggtctc gcatgttcta ctgctttttc cacctttggt taaatatact tgcagagctt 1140
gttcgatttg gtgatcgtga gttctataaa gattgggtga atgccaaaac tgttgaagag 1200

tattggggga tgtggaatat gcctgtgcac aaatggatgg ttcgccacat atattttcca 1260
tgcttaaggc gtggtatacc caagggtgct gcttcattaa ttgcattcct ggtttctgct 1320
gtgtttcatg agttatgcat tgccgttctt tgccacatgt tcaagttgtg ggcttttata 1380

ggaattatgt ttcaggttcc ttggtcttg atcactaatt accccaataa taaatacaga	1440
aactcaatgg ttggaaatat gattttttgg ttcataatgt gtattcttgg tcaaccaatg	1500
agcgactat tgtactacca tgacttgatg aatagaaaag gagaagtga ctaa	1554
<210> 7	
<211> 1566	
<212> DNA	
<213> Ricinus communis	
<400> 7	
atgacgattc tcgaaacgcc agaaactctt ggctgcatct cctcctccgc cacttccgat	60
ctcaacctct ctctccgacg tagacggacc tcaaatgact ccgatgggtg acttgctgat	120
ttggcttcga agtttgatga tgatgacgac gtaagatcgg aagattctgc tgaataatatt	180
atcgaagatc ctgtacgacg gggtactgaa ttggcgacag caaagagtaa cggaaaagac	240
tgtgttgcca atagtaataa ggataaaatt gatagccatg gaggatcatc ggattttaaa	300
cttgcatata ggcttccggt tccagctcac cggtcactta aggagagtcc gcttagctct	360
gatttaatat ttaacaaaag tcatgcaggc ctgtttaacc ttgtatagt agtgctcgta	420
gctgttaaca gcaggctcat cattgagaat ttaatgaagt atggctggtt aattaagacg	480
ggcttttggc ttagttcaag atcattgaga gattggccgc ttttatgtg ctgtctttct	540
ctcccagtat tccccctgc tgcctatcta gttgagaagg ccgcatatcg aaaatatata	600
tctccgcta ttgttatatt cttcatgtg atcatcacct cagcagctgt ttgtaccca	660
gcttctgtaa ttctcagttg tgaatctgct ttttatctg gtgtcacatt gatggaactt	720
gcttgtatgg tatggttgaa attggtatcc tatgcacata caaactatga tatgagagcg	780
atcgtgaca ccattcataa ggaagatgca tccaattctt ctagtacaga gtattgtcat	840
gatgtgagct ttaagacttt ggctgacttc atggctgcac ccacattatg ttaccagcca	900
agttatcttc gcacagcatt tattagaaag ggctgggtgt tccgtcaatt tgtcaacta	960
ataattttta caggattcat gggatttatt atagaacaat acatcaatcc tatcgtccag	1020
aattctcaac accctttaaa aggggatctc ttatatgcca ttgagagggt tctgaagctc	1080
tcagtccga atttatatgt gtggctctgc ttgttctact gcttttttca cctgtggttg	1140
aatatagttg ctgagctcct tcgcttcggt gaccgggagt tctacaaaga ttggtggaat	1200
gcaaaaactg ttgaggagta ctggaggatg tggaatatgc ctgttcacaa gtggatggtt	1260
cgccatatct acttcccatg cctacgtcgt aaaataccaa ggggggtagc aatagttatt	1320
gctttcttcg tticagctgt atttcatgag ttgtgcatg ctgttccttg ccacatgttc	1380

aaactttggg ctttttttgg aataatgttt cagattcctt tagttgtgat cactaattat 1440
 tttcaaagga agttcagaag ctcaatgggtg ggaaatatga tcttctgggtt ctttttctgc 1500
 attctcggcc aacctatgtg tgtactgttg tattaccatg acctaataa tgcgatggg 1560
 aactga 1566

<210> 8

<211> 1560

<212> DNA

<213> *Arachis hypogaea*

<400> 8

atggcgattt ccgatgtgca tgagacttct gtcgccggcg acggagccaa ccactcttcg 60
 ctgcggcgga ggacagccg cgtagcttcc agcggcgga acatgttcga cgaagctgcg 120
 gcttccgctg aggcgtgat gatagattcg tcgggggtccg acgattcact gaacgagagg 180
 ataggtgccg ccaggagga gaaggtgaag gagaagcaga agcagaagga ggaggaccgg 240
 aagccgccgg atcatgttc ccgaaatgag gtccaagacg gcgaacgagc tgccgccgga 300
 gataacttca ctiaccgggc ttcagttccg gttcacgga gaatcaagga cagcccgtc 360

agttcccga acattttcaa acagagccat gcaggactgt tcaatctctg tgtagtagtg 420
 cttatcgagg tgaacagcag acttatcatt gagaatataa tgaagtatgg ttggttgata 480
 aattctggct ttgggttag ttcaaatcg ttgagagatt ggccctctt aatgtgtgt 540
 attagtctta attatttcc acttgctgct tttatggtgg aaaagtggc acagaaaaag 600
 cgcattagtg aaccggttat ttttctactt catacaatca ttatgacagg agaaatttcg 660
 ttcccagttc tagtaattct cagctgtgat tctacgtttt taccagcct cacattgatg 720
 atggttgcat gcattatatg gttaaaattg gtgtcatatg cacatacaag tcatgatctg 780

agatcactta gcttgtcaat tgaaaaggga gaaacattgc ccaataattt gaacatggag 840
 cacccttaca gagtgagctt caggagtatg gcatacttca tgggtgctcc tacattatgt 900
 taccagccaa gctatcctcg cacaccttcc gtccgtaagg gctgggtgtt tcgtcaactt 960
 atcaagttgg taatatttac tggacttatg ggatttataa tagaacaata tatgcatcct 1020
 attgtccaaa attcacaaca tctttttaag ggaaaccttc tatatggctt cgagagaact 1080
 ctaaagcttt ctgttccaa tgtatatgtg tggctttgca tgttctattg cttctttcac 1140
 ctttggttaa atatacttg agaacttgtt cagtttgggtg atcgtgagtt ctacaaggat 1200

tggtggaatg ctaaaactgt tgatgagccc gtgcacaaat ggatgggttcg tcatatatat 1260
 tttccttgca ttaggcattg tatgtctaag aatgctgctg tattaattgc tttcctgatt 1320

tctgccgtgt tccatgagct ttgcattgct gttccctgcc acaagttcaa gttgtgggct	1380
tttattggaa ttatgtttca ggttcctcta tccattgtca ctaacttcct acaaaagaaa	1440
tgcaaaagct caatggttgg aaacatggtg ttttggttca cttttgtat tctgggtcag	1500
cctatgtgcg tactactata ctacatgac tggatgaaca ggcacaggga acataactaa	1560
	1560

<210> 9

<211> 1563

<212> DNA

<213> Unknown

<220><223> Camelina sativa

<400> 9

atggcgattt tggattctgg aggcggcggc gttagcaccg cgacggcgac agagaacggt	60
ggcggagagt ttgtggatct tcgtcgacgg aaatcgagat cggattccaa cggagtcttt	120
tctggttccg ataatccacc gtctgttgat gttggagctc ccgccgacgt tagggatcgg	180
attgattccg ttgttaacga tgacgtcag gggacgactg ccaatttggc cggagatacc	240
gaaattaggg aaaccggtgg tgggtggaaga ggcgccggcg gagaaggagg aagaggtaac	300
gccgagacta cgtatgcgta tcgaccgtcg gttcctgctc atcggagagc tagggagagt	360
ccactcagct ccgacgcaat cttcaaacag agccatgccg gattattcaa cttgtgcgta	420
gtagtcttta ttgctgtaaa cagtagactc atcatcgaat atctgatgaa gtatggttgg	480
ttgatcagaa cggatttctg gtttagttca agatcgttgc gggattggcc gcttttcatt	540
tgttctctct ccttttcaat ctttctttg gctgccttta ccgtcgagaa attggttctt	600
cagaaatgca tttctgaacc tgttgcctc attcttcata ttattatcac catgacagag	660
gttttgcctc cagtttacgt caccctaagg tgtgattctg ctttcttctc aggtgtcaca	720
ttgatgctcc tcaattgcat tgtgtggcta aagttggttt cttatgctca tactaactac	780
gacataagaa ctctagccaa ttcagctgat aaggccaatc ctgaagtctc ctactacgtt	840
agcttgaaga gcttggcata ttttatggtt gctcccatat tgtgttatca gccaaagctat	900
ccacgttctc catgtatagc gaagggttgg gtggctcgtc aatttgcaaa actggtcata	960
ttcactggat tcatgggatt tataatagaa caatatataa atcctattgt cagaaactca	1020
aagcatcctc tgaaagggga tcttctatat gctattgaaa gagtgttgaa gctttcagtt	1080
ccaaatttat atgtgtggct ctgcatgttc tactgcttct tccaccttgg gttaaactaa	1140
ttggcagagc ttctctgctt cggggatcgt gaattctaca gagattgggtg gaatgcaaaa	1200

agtgtgggag aciattggag aatgtggaat atgcctgttc ataatggat ggttcgacat 1260
atatacttcc cgtgcctgcg gagcaagata ccaaagacac tcgccattat cattgctttc 1320
ttagtctctg ccgtctttca tgagctatgc atcgagtc cttgccgtct cttcaagtta 1380
tgggctttta tagggattat gtttcaggig cctttgggtt ttatcacaaa ctatctacaa 1440
gaaaggttcg gctcaacggt ggggaacatg atcttctggt tcattctctg catattcgga 1500
caaccgatgt gtgtgcttct ttattaccac gatctgatga accgcaaagg atcaatgtca 1560
tga 1563

<210> 10

<211> 1563

<212> DNA

<213> Unknown

<220><223> Camelina sativa

<400> 10

atggcgattt tggattctgg aggcggcggc gtcagcacgc cgacggcgac ggagaacggt 60
ggcggagagt ttgtggatct tcgtcgacgg aaatcgagat cggattccaa cggagtcttt 120
tgtggttctg ataattcacc ctctgatgat gtggagctc ccgccgacgt tagggatcgg 180
attgattccg ttgttaacga tgacgtcag gggacgactg ctaatttggc cggggataac 240
gaaattaggg aaactgggtg tgggtgaaga ggcggcggcg gagaaggagg gagaggaaac 300
gccgagacta cgtatacgta tcgaccgtcg gttctgtctc atcggagagc tagggagagt 360

ccactcagct ccgacgcaat cttcaaacag agccatgccg gattattcaa cttgtgtgta 420
glagtcttta ttgctgttaa cagtagactc atcatcgaac acctgatgaa gtatggttgg 480
ttgatcagaa cggatttctg gtttagttca agatcgttgc gggattggcc gcttttcatg 540
tgtttgtctat ccctttcgtt ctttctttg gctgccttta ccgtcgagaa attggtactt 600
cagaaatgca tatctgaacc tgttgcac cttcttcata ttattatcac catgacagag 660
gttttatatc cagtttacgt caccctaagc tgtgattctg ctttcttate aggtgtcacg 720
ttgatgctcc tcacttgcat tgtgtggcta aagttgggtt cttatgtca tactaactac 780

gacataagaa ctctagccaa ttcagctgat aaggccaatc ctgaagtctc ctactacgtt 840
agcttgaaga gcttggcata ttttatggtt gctccacat tgtgttatca gccaagctat 900
ccacgttctc cgtgtatcgc gaagggttgg gtggctcgtc aatttgcaaa actggtcata 960
ttcactggat tcattgggatt tataatagaa caatatataa atcctattgt cagaaactca 1020
aagcatcctc tgaaggggga tcttctatat gctattgaaa gagtgttgaa gctttcagtt 1080
ccaaatttat atgtgtggct ctgcatgttc tactgcttct tccacctttg gttaaacata 1140

ttggcagagc ttctctgctt cggggatcgt gaattctaca gagattgggtg gaatgcaaaa	1200
agtggtgggag attattggag aatgtggaat atgcctgttc ataaatggat gggtcgacat	1260
atatacttcc cgtgcctgcg gagcaagata ccaaagacac tcgccattat cattgctttc	1320
ttagtctctg ccgtctttca tgagctatgc atcgagtcct cttgccgtct cttcaagttg	1380
tgggctttta tagggattat gtttcaggtg cctttgggtc ttatcacaaa ctatctacaa	1440
gaaaggttcg gctcaacggt ggggaacatg atcttctggt tcattctctg catattcgga	1500
caaccgatgt gtgtgcttct ttattaccac gatctgatga accgcaaagg atcaatgtca	1560
tga	1563
<210> 11	
<211> 1563	
<212> DNA	
<213> Unknown	
<220><223> Camelina sativa	
<400> 11	
atggcgattt tggattctgg aggcggcggc gttagcaccg cgacggcgac agagaacggt	60
ggcggagagt ttgtggatct tcgtcgacgg aaatcgagat cggattccaa cggagtcttt	120
tctggttccg ataateccac gtctgttgat gttggagctc ccgccgacgt tagggatcgg	180
attgattccg ttgttaacga tgacgtcag gggacactg ccaatttggc cggagatacc	240
gaaattaggg aaaccggtgg tgggtggaaga ggcgccggcg gagaaggagg aagaggtaac	300
gccgagacta cgtatgcgta tcgaccgtcg gttcctgctc atcggagagc tagggagagt	360
ccactcagct ccgacgcaat cttcaaacag agccatgccg gattattcaa cttgtgcgta	420
gtagtcttta ttgctgtaaa cagtagactc atcatcgaaa atctgatgaa gtatggttgg	480
ttgatcagaa cggatttctg gtttagttca agatcgttgc gggattggcc gcttttcattg	540
tgttgctctc ccttttcaat ctttcctttg gctgccttta ccgtcgagaa attggttctt	600
cagaaatgca tttctgaacc tgttgtcatt attcttcata ttattatcac catgacagag	660
gttttgcatt cagtttacgt caccctaagg tgtgattctg cttctttatc aggtgtcaca	720
ttgatgctcc tcaattgcat tgtgtggcta aagttggttt cttatgctca tactaactac	780
gacataagaa ctctagccaa ttcagctgat aaggccaatc ctgaagtctc ctactacgtt	840
agcttgaaga gcttggcata ttttatggtt gctccacat tgtgttatca gccaaactat	900
ccacgttctc catgtatagc gaagggttgg gtggctcgtc aatttgcaaa actggtcata	960
ttcactggat tcatgggatt tataatagaa caatatataa atcctattgt cagaaactca	1020

aagcatcctc tgaaggga tcttctatat gctattgaaa gaggttgaa gctttcagtt 1080
ccaaatttat atgtgtggct ctgcatgttc tactgtctct tccacctttg gttaaacata 1140
ttggcagagc ttctctgctt cggggatcgt gaattctaca gagattggtg gaatgcaaaa 1200

agtgtgggag actattggag aatgtggaat atgcctgttc ataaatggat ggttcgacat 1260
atatacttcc cgtgcctgcg gagcaagata ccaaagacac tcgccattat cattgtttc 1320
ttagtctctg ccgtctttca tgagctatgc atgcagtcct cttgccgtct cttcaagtta 1380
tgggctttta tagggattat gtttcagggtg cctttggtct ttatcacaaa ctatctacaa 1440
gaaaggttcg gctcaacggt ggggaacatg atcttctggt tcattctctg catattcgga 1500
caaccgatgt gtgtgcttct ttattaccac gatctgatga accgcaaagg atcaatgtca 1560
tga 1563

<210> 12
<211> 23
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> sgRNA sequence

<400> 12
tctctcgccc tcgatgagc tgg 23

<210> 13
<211> 23
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> sgRNA sequence

<400> 13
ctccgacgca atcttcaaac agg 23

<210> 14
<211> 23
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> sgRNA sequence

<400> 14

atccagttta cgtcacceta agg 23

<210> 15

<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	15	
	tgctcctcac ttgcattgtg tgg	23
<210>	16	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	16	
	ctgccaatat gtttaacctt tgg	23
<210>	17	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	17	
	cgaaccatcc atttatgaac agg	23
<210>	18	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	18	
	cttgcgcagc aagataccaa agg	23
<210>	19	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	19	

tgcatgcat agctgtcaaa agg	23
<210> 20	
<211> 23	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> sgRNA sequence	
<400> 20	
ttgtcgtctc ttcaagctat ggg	23
<210> 21	
<211> 23	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> sgRNA sequence	
<400> 21	
acctactcaa acaaattggt tgg	23
<210> 22	
<211> 23	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> sgRNA sequence	
<400> 22	
tcacaaacta tctacaggaa agg	23
<210> 23	
<211> 23	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> sgRNA sequence	
<400> 23	
ctccgacgca atcttcaaac agg	23
<210> 24	
<211> 23	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	

<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	24	
tggatacaaa acctctgtca tgg		23
<210>	25	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	25	
caccttaggg tgacgtaaac tgg		23
<210>	26	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	26	
ctgccaatat gtttaacctt tgg		23
<210>	27	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	27	
tggcagagct tctctgcttc ggg		23
<210>	28	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	28	
atcgtgaatt ctacaaagat tgg		23
<210>	29	
<211>	23	

<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	29	
	tggtggaatg caaaaagtgt ggg	23
<210>	30	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	30	
	cgaaccatcc atttatgaac agg	23
<210>	31	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	31	
	catgaaagac tgcagagact agg	23
<210>	32	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	32	
	tgcgatgcat agctgtcaaa agg	23
<210>	33	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	33	
	aggcacctac tcaacaaat tgg	23

<210>	34	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	34	
	cttcatacaca aactatctac agg	23
<210>	35	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	35	
	tcacaaacta tctacaggaa agg	23
<210>	36	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	36	
	aactatctac aggaaagggtt tgg	23
<210>	37	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	
<400>	37	
	tgctggcggtt actacggtga cgg	23
<210>	38	
<211>	23	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA sequence	

<400> 38

gttactacgg tgacggagaa cgg

23

<210> 39

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA sequence

<400> 39

actacggtga cggagaacgg tgg

23

<210> 40

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA sequence

<400> 40

acggtgacgg agaacggtgg cgg

23

<210> 41

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA sequence

<400> 41

atcttgatag gcttcgtcga cgg

23

<210> 42

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA sequence

<400> 42

tcgagatcgg attcttctaa cgg

23

<210> 43

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA sequence

<400> 43

tctaacggac ttcttctctc tgg

23

<210> 44

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA sequence

<400> 44

ttccgataat aattctcctt cgg

23

<210> 45

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA sequence

<400> 45

aattctcctt cggatgatgt tgg

23

<210> 46

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA sequence

<400> 46

atccgaagga gaattattat cgg

23

<210> 47

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA sequence

<400> 47

ctcccgccga cgtagggat cgg

23

<210> 48

<211> 23
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA sequence
 <400> 48
 atccgatccc taacgtcggc ggg 23
 <210> 49
 <211> 23
 <212> RNA

 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA sequence
 <400> 49
 atcaatccga tccctaactg cgg 23
 <210> 50
 <211> 23
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA sequence
 <400> 50
 ttggccggag ataataacgg tgg 23
 <210> 51
 <211> 23
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA sequence
 <400> 51
 gccaccaccg ttattatctc cgg 23

 <210> 52
 <211> 23
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA sequence
 <400> 52

gttactacgg tgacggagaa cgg	23
<210> 53	
<211> 23	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> sgRNA sequence	
<400> 53	
acggtgacgg agaacggtgg cgg	23
<210> 54	
<211> 23	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> sgRNA sequence	
<400> 54	
atcttgatag gcttcgtcga cgg	23
<210> 55	
<211> 23	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> sgRNA sequence	
<400> 55	
tctaacggac ttcttctctc tgg	23
<210> 56	
<211> 23	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> sgRNA sequence	
<400> 56	
ttccgataat aattctcctt cgg	23
<210> 57	
<211> 23	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	

<220><223> sgRNA sequence
 <400> 57
 atccgaagga gaattattat cgg 23
 <210> 58
 <211> 23
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA sequence
 <400> 58
 atcaatccga tccctaacgt cgg 23
 <210> 59
 <211> 23
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA sequence
 <400> 59
 gttgttaacg atgacgctca ggg 23
 <210> 60
 <211> 23
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA sequence
 <400> 60
 cgctcaggga acagccaatt tgg 23
 <210> 61
 <211> 23
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA sequence
 <400> 61
 cagggaacag ccaatttggc cgg 23
 <210> 62
 <211> 23
 <212> RNA

<213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA sequence
 <400> 62

gataataacg gtggtggaag agg 23

<210> 63
 <211> 23
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA sequence
 <400> 63

aataacggtg gtggaagagg cgg 23

<210> 64
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 64

attgtctctc gccctccgat gagg 24

<210> 65
 <211> 24
 <212> RNA

<213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 65

attgctccga cgcaatcttc aaac 24

<210> 66
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 66

attgctccga cgcaatcttc aaac 24

<210> 67

<211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 67
 attgatccag tttagtcac ccta 24

<210> 68
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 68
 attgtgctcc tcacttgcac tgtg 24

<210> 69
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 69
 attgtggata caaacctct gtca 24

<210> 70
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 70
 attgcacatt agggtgacgt aaac 24

<210> 71
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 71

attgctgccataatgttttaacctt	24
<210> 72	
<211> 24	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> sgRNA primer	
<400> 72	
attgctgccataatgttttaacctt	24
<210> 73	
<211> 24	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> sgRNA primer	
<400> 73	
attgtggcagagcttctctgcttc	24
<210> 74	
<211> 24	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> sgRNA primer	
<400> 74	
attgatcgtgaattctacaaagat	24
<210> 75	
<211> 24	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> sgRNA primer	
<400> 75	
attgcgaaccatccattatgaac	24
<210> 76	
<211> 24	
<212> RNA	
<213> Artificial Sequence	
<220><223> sgRNA primer	

<400>	76	
attgcttgcg cagcaagata ccaa		24
<210>	77	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	77	
attgtgcat gcatagctgt caaa		24
<210>	78	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	78	
attgttgctg tctcttcaag ctat		24
<210>	79	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	79	
attgtggtgg aatgcaaaaa gtgt		24
<210>	80	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	80	
attgcgaacc atccatttat gaac		24
<210>	81	
<211>	24	
<212>	RNA	

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA primer

<400> 81

attgcatgaa agactgcaga gact 24

<210> 82

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA primer

<400> 82

attgtgcgat gcatagctgt caaa 24

<210> 83

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA primer

<400> 83

attgacctac tcaaacaat tggt 24

<210> 84

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA primer

<400> 84

attgtcaciaa actatctaca ggaa 24

<210> 85

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA primer

<400> 85

attgaggcac ctactcaaac aaat 24

<210> 86

<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	86	
attgcttcat cacaactat ctac		24
<210>	87	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	87	
attgtcaca actatctaca ggaa		24
<210>	88	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	88	
attgaactat ctacaggaaa gggt		24
<210>	89	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	89	
attgtgctgg cgttactacg gtga		24
<210>	90	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	90	
aaacttctcc gtcaccgtag taac		24

<210> 91
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 91
 attgactacg gtgacggaga acgg 24

<210> 92
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 92
 attgacggtg acggagaacg gtgg 24

<210> 93
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 93
 attgatcttg ataggcttcg tcga 24

<210> 94
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 94
 attgtcgaga tcgattctt ctaa 24

<210> 95
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer

<400>	95	
attgtctaac ggacttcttc tctc		24
<210>	96	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	96	
attgttcga taataattct cctt		24
<210>	97	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	97	
attgaattct ccttcggatg atgt		24
<210>	98	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	98	
attgatccga aggagaatta ttat		24
<210>	99	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	99	
attgctcccg ccgacgttag ggat		24
<210>	100	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	

<220><223>	sgRNA primer	
<400>	100	
	attgatccga tccctaacgt cggc	24
<210>	101	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	101	
	attgatcaat ccgataccta acgt	24
<210>	102	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	102	
	attgttgccc ggagataata acgg	24
<210>	103	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	103	
	attggccacc accgttatta tctc	24
<210>	104	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	104	
	attggttact acggtgacgg agaa	24
<210>	105	
<211>	24	

<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	105	
	attgacggtg acggagaacg gtgg	24
<210>	106	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	106	
	attgatcttg ataggcttcg tcga	24
<210>	107	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	107	
	attgtctaac ggacttcttc tctc	24
<210>	108	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	108	
	attgttccga taataattct cctt	24
<210>	109	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	109	
	attgatccga aggagaatta ttat	24

<210> 110
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 110
 attgatcaat ccgatcccta acgt 24
 <210> 111
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 111

 attggttggtt aacgatgacg ctca 24
 <210> 112
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 112
 attgcgctca gggaacagcc aatt 24
 <210> 113
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 113
 attgcaggga acagccaatt tggc 24
 <210> 114
 <211> 24
 <212> RNA

 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer

<400>	114	
attggataat aacggtggtg gaag		24
<210>	115	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	115	
attgaataac ggtggtggaa gagg		24
<210>	116	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	116	
aaacgctcat cggaggcgga gaga		24
<210>	117	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	117	
aaacgtttga agattgcgtc ggag		24
<210>	118	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	118	
aaacgtttga agattgcgtc ggag		24
<210>	119	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	

<220><223> sgRNA primer

<400> 119

aaactagggt gacgtaaact ggat

24

<210> 120

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA primer

<400> 120

aaaccacaat gcaagtgagg agca

24

<210> 121

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA primer

<400> 121

aaactgacag aggttttgta tcca

24

<210> 122

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA primer

<400> 122

aaacgtttac gtcaccctaa ggtg

24

<210> 123

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> sgRNA primer

<400> 123

aaacaagggtt aaacatatgt gcag

24

<210> 124

<211> 24

<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	124	
	aaacaaggtt aaacatatgt gcag	24
<210>	125	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	125	
	aaacgaagca gagaagctct gcc	24
<210>	126	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	126	
	aaacatcttt gtagaattca cgat	24
<210>	127	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	127	
	aaacgttcat aaatggatgg ttcg	24
<210>	128	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	128	
	aaacttggtg tcttgctgcg caag	24

<210> 129
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 129
 aaactttgac agctatgcat cgca 24
 <210> 130
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 130
 aaacatagct tgaagagacg acaa 24
 <210> 131
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 131
 aaacacactt ttgcattcc acca 24
 <210> 132
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 132
 aaacgttcat aaatggatgg ttcg 24
 <210> 133
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer

<400>	133	
aaacagtctc tgcagtcttt catg		24
<210>	134	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	134	
aaactttgac agctatgcat cgca		24
<210>	135	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	135	
aaacaccaat ttgtttgagt aggt		24
<210>	136	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	136	
aaacttcctg tagatagttt gtga		24
<210>	137	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	137	
aaacatttgt ttgagtaggt gcct		24
<210>	138	
<211>	24	
<212>	RNA	

<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	138	
aaacgtagat agtttggat gaag		24
<210>	139	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	139	
aaacttctg tagatagttt gtga		24
<210>	140	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	140	
aaacaacctt tcctgtagat agtt		24
<210>	141	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	141	
aaactcaccg tagtaacgcc agca		24
<210>	142	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	142	
aaacttctcc gtcaccgtag taac		24
<210>	143	
<211>	24	

<212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 143

aaacccgttc tccgtcaccg tagt 24

<210> 144
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 144

aaacccaccg ttctccgtca ccgt 24

<210> 145
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 145

aaactcgacg aagcctatca agat 24

<210> 146
 <211> 24
 <212> RNA

<213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 146

aaacttagaa gaatccgatc tcga 24

<210> 147
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 147

aaacgagaga agaagtcggt taga 24

<210> 148
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 148
 aaacaaggag aattattatc ggaa 24

<210> 149
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 149
 aaacacatca tccgaaggag aatt 24

<210> 150
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 150
 aaacataata attctccttc ggat 24

<210> 151
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 151
 aaacatccct aacgtcggcg ggag 24

<210> 152
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer

<400>	152	
aaacgccgac gttaggatc ggat		24
<210>	153	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	153	
aaacacgtta gggatcggat tgat		24
<210>	154	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	154	
aaaccctta ttatctccgg ccaa		24
<210>	155	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	155	
aaacgagata ataacggtgg tggc		24
<210>	156	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	156	
aaacttctcc gtcaccgtag taac		24
<210>	157	
<211>	24	
<212>	RNA	

<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	157	
	aaacccaccg ttctccgtca ccgt	24
<210>	158	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	158	
	aaactcgacg aagcctatca agat	24
<210>	159	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	159	
	aaacgagaga agaagtcgt taga	24
<210>	160	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	160	
	aaacaaggag aattattatc ggaa	24
<210>	161	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	161	
	aaacataata attctccttc ggat	24
<210>	162	
<211>	24	

<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	162	
	aaacacgtta gggatcggat tgat	24
<210>	163	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	163	
	aaactgagcg tcatcgtaa caac	24
<210>	164	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	164	
	aaacaattgg ctgttcctg agcg	24
<210>	165	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	165	
	aaacgcaaaa ttggctgttc cctg	24
<210>	166	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	166	
	aaaccttcca ccaccgttat tatc	24

<210> 167
 <211> 24
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 167

aaaccctctt ccaccaccgt tatt 24

<210> 168
 <211> 20
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 168

ccgacgctgt ttcgtcaaac 20

<210> 169
 <211> 22
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 169

ttcgatgatg agtctactgt tt 22

<210> 170
 <211> 21
 <212> RNA

<213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer
 <400> 170

tgctcaaggt tgtcatcttt c 21

<210> 171
 <211> 20
 <212> RNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> sgRNA primer

<400>	171	
caggattggc ctaaagttca		20
<210>	172	
<211>	20	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	172	
ccttttggtat gctgtgatcc		20
<210>	173	
<211>	24	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	173	
aagacagtga atacatgaat ttgg		24
<210>	174	
<211>	21	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	174	
ctggagaatg tggaatatgg t		21
<210>	175	
<211>	20	
<212>	RNA	
<213>	Artificial Sequence	
<220><223>	sgRNA primer	
<400>	175	
cccattccaa aacagatcac		20
<210>	176	
<211>	520	
<212>	PRT	

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 176

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> 177
 <211> 520
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 177
 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 Phe 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> 178

<211> 520

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 178

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 Arg Leu 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> 179

<211> 520

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 179

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 Pro 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> 180

<211> 520

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 180

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 Cys
 405 410 415

 Met Val Gln 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> 181
 <211> 520
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 181
 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 Ile 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> 182
<211> 520
<212> PRT
<213> Unknown
<220><223> Camelina sativa
<400> 182
Met Ala Ile Leu Asp Ser Gly Gly Gly Gly Val Ser Thr Ala Thr Ala
1 5 10 15
Thr Glu Asn Gly Gly Gly Glu Phe Val Asp Leu Arg Arg Arg Lys Ser
20 25 30
Arg Ser Asp Ser Asn Gly Val Leu Ser Gly Ser Asp Asn Pro Pro Ser
35 40 45
Val Asp Val Gly Ala Pro Ala Asp Val Arg Asp Arg Ile Asp Ser Val
50 55 60
Val Asn Asp Asp Ala Gln Gly Thr Thr Ala Asn Leu Ala Gly Asp Thr
65 70 75 80
Glu Ile Arg Glu Thr Gly Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Gly Glu Gly
85 90 95
Gly Arg Gly Asn Ala Glu Thr Thr Tyr 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 Leu Ser Leu Ser Phe Phe Pro Leu Ala Ala
180 185 190

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

Val Ile Ile 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 Asn Tyr Asp Ile Arg Thr Leu Ala Asn Ser 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 Pro
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 Arg 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 Ile
 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> 183
 <211> 520
 <212> PRT
 <213> Unknown
 <220><223> Camelina sativa
 <400> 183
 Met Ala Ile Leu Asp Ser Gly Gly Gly Gly Val Ser Thr Ala Thr Ala
 1 5 10 15
 Thr Glu Asn Gly Gly Gly Glu Phe Val Asp Leu Arg Arg Arg Lys Ser

 20 25 30
 Arg Ser Asp Ser Asn Gly Val Leu Cys Gly Ser Asp Asn Pro Pro Ser

35 40 45
 Asp Asp Val Gly Ala Pro Ala Asp Val Arg Asp Arg Ile Asp Ser Val
 50 55 60
 Val Asn Asp Asp Ala Gln Gly Thr Thr Ala Asn Leu Ala Gly Asp Asn
 65 70 75 80
 Glu Ile Arg Glu Thr Gly Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Gly Glu Gly
 85 90 95

 Gly Arg Gly Asn Ala Glu Thr Thr Tyr 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 Leu Ser Leu Ser Phe Phe Pro Leu Ala Ala
 180 185 190
 Phe Thr Val Glu Lys Leu Val Leu Gln Lys Cys 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 Ser 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 Asn Tyr Asp Ile Arg Thr Leu Ala Asn Ser 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 Pro

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 Arg 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 Ile

 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> 184

 <211> 520

<212> PRT

<213> Unknown

<220><223> Camelina sativa

<400> 184

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

1 5 10 15

Thr Glu Asn Gly Gly Gly Glu Phe Val Asp Leu Arg Arg Arg Lys Ser

20 25 30

Arg Ser Asp Ser Asn Gly Val Leu Ser Gly Ser Asp Asn Pro Pro Ser

35 40 45

Val Asp Val Gly Ala Pro Ala Asp Val Arg Asp Arg Ile Asp Ser Val

50 55 60

Val Asn Asp Asp Ala Gln Gly Thr Thr Ala Asn Leu Ala Gly Asp Thr

65 70 75 80

Glu Ile Arg Glu Thr Gly Gly Gly Gly Arg Gly Ala Gly Gly Glu Gly

85 90 95

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

180 185 190

Phe Thr Val Glu Lys Leu Val Leu Gln Lys Cys Ile Ser Glu Pro Val

195 200 205

Val Ile Ile 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 Asn Tyr Asp Ile Arg Thr Leu Ala Asn Ser 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 Pro
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 Arg 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 Ile
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> 185

<211> 503

<212> PRT

<213> Brassica napus

<400> 185

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> 186
<211> 517
<212> PRT
<213> Glycine max
<400> 186

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

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

Ala Gly Gln Glu His Arg Gln Pro Val Ala Asp Phe Lys Tyr Ala Tyr
85 90 95
Arg Pro Ser Val Pro Ala His Arg Arg Ile Lys Glu Ser Pro Leu Ser
100 105 110

Ser Asp Asn Ile Phe Arg Gln Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys
115 120 125

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

Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile Lys Tyr Gly Phe Trp Phe Ser Ser Lys

145 150 155 160

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

Phe Pro Leu Ala Ala Phe Val Val Glu Arg Leu Ala Gln Gln Lys Cys
180 185 190

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

Glu Leu Cys Tyr Pro Val Leu Val Ile Leu Arg Cys Asp Ser Ala Phe
210 215 220

Val Ser Gly Val Thr Leu Met Leu Leu Thr Cys Ile Val Trp Leu Lys
225 230 235 240

Leu Val Ser Tyr Ala His Thr Asn Tyr Asp Met Arg Ala Leu Thr Val
245 250 255

Ser Asn Glu Lys Gly Glu Thr Leu Pro Asn Thr Leu Ile Met Glu Tyr
260 265 270

Pro Tyr Thr Val Thr Phe Arg Ser Leu Ala Tyr Phe Met Val Ala Pro
275 280 285

Thr Leu Cys Tyr Gln Thr Ser Tyr Pro Arg Thr Pro Ser Val Arg Lys

290 295 300

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

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

Thr His Pro Leu Lys Gly Asn Leu Leu Tyr Ala Ile Glu Arg Ile Leu
340 345 350

Lys Leu Ser Val Pro Asn Val Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys

355 Phe Phe His Leu Trp Leu Asn Ile Leu Ala Glu Leu Val Arg Phe Gly
 370 375 380
 Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp Trp Trp Asn Ala Lys Thr Val Glu Glu
 385 390 395 400
 Tyr Trp Arg Met Trp Asn Met Pro Val His Lys Trp Met Val Arg His
 405 410 415
 Ile Tyr Phe Pro Cys Leu Arg Arg Gly Ile Pro Lys Gly Ala Ala Ser
 420 425 430
 Leu Ile Ala Phe Leu Val Ser Ala Val Phe His Glu Leu Cys Ile Ala
 435 440 445
 Val Pro Cys His Met Phe Lys Leu Trp Ala Phe Ile Gly Ile Met Phe
 450 455 460
 Gln Val Pro Leu Val Leu Ile Thr Asn Tyr Leu Gln Asn Lys Tyr Arg
 465 470 475 480
 Asn Ser Met Val Gly Asn Met Ile Phe Trp Phe Ile Phe Cys Ile Leu
 485 490 495
 Gly Gln Pro Met Ser Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Leu Met Asn Arg
 500 505 510
 Lys Gly Glu Val Asp
 515
 <210> 187
 <211> 519
 <212> PRT
 <213> Arachis hypogaea
 <400> 187
 Met Ala Ile Ser Asp Val His Glu Thr Ser Val Ala Gly Asp Gly Ala
 1 5 10 15
 Asn His Ser Ser Leu Arg Arg Arg His Ser Arg Val Ala Ser Ser Gly
 20 25 30
 Gly Asn Met Phe Asp Glu Ala Ala Ala Ser Ala Glu Ala Val Met Ile
 35 40 45

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

50

55

60

Arg Glu Glu Lys Val Lys Glu Lys Gln Lys Gln Lys Glu Glu Asp Arg

65

70

75

80

Lys Pro Pro Asp His Ala Ser Arg Asn Glu Val Gln Asp Gly Glu Arg

85

90

95

Ala Ala Ala Gly Asp Asn Phe Thr Tyr Arg Ala Ser Val Pro Val His

100

105

110

Arg Arg Ile Lys Asp Ser Pro Leu Ser Ser Arg Asn Ile Phe Lys Gln

115

120

125

Ser His Ala Gly Leu Phe Asn Leu Cys Val Val Val Leu Ile Ala Val

130

135

140

Asn Ser Arg Leu Ile Ile Glu Asn Ile Met Lys Tyr Gly Trp Leu Ile

145

150

155

160

Asn Ser Gly Phe Trp Phe Ser Ser Lys Ser Leu Arg Asp Trp Pro Leu

165

170

175

Leu Met Cys Cys Ile Ser Leu Asn Leu Phe Pro Leu Ala Ala Phe Met

180

185

190

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

195

200

205

Leu Leu His Thr Ile Ile Met Thr Gly Glu Ile Ser Phe Pro Val Leu

210

215

220

Val Ile Leu Ser Cys Asp Ser Thr Phe Leu Ser Gly Leu Thr Leu Met

225

230

235

240

Met Val Ala Cys Ile Ile Trp Leu Lys Leu Val Ser Tyr Ala His Thr

245

250

255

Ser His Asp Leu Arg Ser Leu Ser Leu Ser Ile Glu Lys Gly Glu Thr

260

265

270

Leu Pro Asn Asn Leu Asn Met Glu His Pro Tyr Arg Val Ser Phe Arg

275

280

285

Ser Met Ala Tyr Phe Met Val Ala Pro Thr Leu Cys Tyr Gln Pro Ser

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

340 345 350
Leu Leu Tyr Gly Phe Glu Arg Thr Leu Lys Leu Ser Val Pro Asn Val
355 360 365
Tyr Val Trp Leu Cys Met Phe Tyr Cys Phe Phe His Leu Trp Leu Asn
370 375 380
Ile Leu Ala Glu Leu Val Gln Phe Gly Asp Arg Glu Phe Tyr Lys Asp
385 390 395 400
Trp Trp Asn Ala Lys Thr Val Asp Glu Pro Val His Lys Trp Met Val
405 410 415

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

485 490 495
Ile Leu Gly Gln Pro Met Cys Val Leu Leu Tyr Tyr His Asp Trp Met
500 505 510
Asn Arg His Arg Glu His Asn

515
<210> 188
<211> 520
<212> PRT

<213> Ricinus communis

<400> 188

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

1 5 10 15

Thr Glu Asn Gly Gly Gly Glu Phe Val Asp Leu Arg Arg Arg Lys Ser

20 25 30

Arg Ser Asp Ser Asn Gly Val Leu Ser Gly Ser Asp Asn Pro Pro Ser

35 40 45

Val Asp Val Gly Ala Pro Ala Asp Val Arg Asp Arg Ile Asp Ser Val

50 55 60

Val Asn Asp Asp Ala Gln Gly Thr Thr Ala Asn Leu Ala Gly Asp Thr

65 70 75 80

Glu Ile Arg Glu Thr Gly Gly Gly Gly Arg Gly Gly Gly Gly Glu Gly

85 90 95

Gly Arg Gly Asn Ala Glu Thr Thr Tyr 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 Leu Ser Leu Ser Phe Phe Pro Leu Ala Ala

180 185 190

Phe Thr Val Glu Lys Leu Val Leu Gln Lys Cys Ile Ser Glu Pro Val

195 200 205

Val Ile Ile 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 Asn Tyr Asp Ile Arg Thr Leu Ala Asn Ser 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 Pro
 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 Arg 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 Ile

 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