



República Federativa do Brasil
Ministério do Desenvolvimento, Indústria
e do Comércio Exterior
Instituto Nacional da Propriedade Industrial.

(21) **PI0615092-6 A2**

(22) Data de Depósito: 28/08/2006
(43) Data da Publicação: 03/05/2011
(RPI 2104)



(51) Int.Cl.:
C12Q 1/68
C12N 15/10
C12N 15/29

(54) Título: **MÉTODO PARA ISOLAR GENES ENVOLVIDOS EM DIVISÃO CELULAR ASSIMÉTRICA, GENE, FATOR DE TRANSCRIÇÃO, E, USO DE UM GENE**

(57) Resumo: MÉTODO PARA ISOLAR GENES ENVOLVIDOS EM DIVISÃO CELULAR ASSIMÉTRICA, GENE, FATOR DE TRANSCRIÇÃO, E, USO DE UM GENE. A invenção refere-se a um método para isolar genes envolvidos no processo de divisão celular assimétrica. A presente invenção também se refere a genes isolados usando este método, e a seu uso no controle da formação de raiz, preferivelmente da formação de raiz lateral.

(30) Prioridade Unionista: 26/08/2005 EP 05107830-1

(73) Titular(es): Universiteit Gent, Vib Vzw

(72) Inventor(es): Ive De Smet, Steffen Vanneste, Tom Beeckman

(74) Procurador(es): Momsen, Leonardos & CIA.

(86) Pedido Internacional: PCT EP2006065739 de 28/08/2006

(87) Publicação Internacional: WO 2007/023190 de 01/03/2007



“MÉTODO PARA ISOLAR GENES ENVOLVIDOS EM DIVISÃO CELULAR ASSIMÉTRICA, GENE, FATOR DE TRANSCRIÇÃO, E, USO DE UM GENE”

FUNDAMENTOS DA INVENÇÃO

5 A presente invenção refere-se a um método para isolar genes envolvidos no processo de divisão celular assimétrica. A presente invenção se refere também a genes isolados usando este método, e seu uso no controle da formação de raiz, preferivelmente da formação de raiz lateral.

10 Para gerar a variedade de tipos de células diferentes presentes em organismos multicelulares, divisões celulares resultando em células-filha com diferentes destinos são vitais e decisivas em vários processos de desenvolvimento (Scheres & Benfey, 1999). Este tipo de divisões é chamado de assimétrico, se a assimetria for morfológicamente visível ou não na hora da divisão (Horvitz & Herskowitz, 1992). Especialmente em plantas, onde o
15 movimento das células é limitado, o controle do plano de divisão celular tem tradicionalmente sido considerado importante para a formação de padrões regulares, i.e., divisões corretas durante a embriogênese ou formação de estômato, a formação de arquivos de células ordenados no meristema (Scheres & Benfey, 1999).

20 Durante um ciclo de vida da planta, várias divisões assimétricas ocorrem: (a) a primeira divisão do zigoto (Mansfield & Briarty, 1991); (b) a divisão embriônica que faz surgir a célula progenitora em forma de lente do centro quiescente (Dolan et al., 1993); (c) a divisão de microesporo macho (Twell et al., 1998); (d) divisões durante a formação do
25 complexo estomatal (Larkin et al., 1997); (e) divisões periclínicas orientadas no embrião precoce que separam as células progenitoras para os três tecidos principais, epiderme, tecido esmagada, e tecido vascular (Jurgens & Mayer, 1994); (f) divisões de células-tronco que separam as células-filha responsáveis pela diferenciação e as novas células-tronco na raiz (Dolan et al.,

1993; van den Berg et al., 1995); e (g) também durante a iniciação de raiz lateral (Casimiro et al., 2003).

As divisões assimétricas fundamentalmente se diferem das divisões proliferativas padrão em sua forma espaço-temporal de ocorrência.

5 Além disso, o número de células envolvidas é mínimo. Estas características tornam difícil a análise (genoma amplo) da expressão de transcritos durante este processo.

Até agora, somente poucos experimentos de perfil de transcritos foram realizados, em vários organismos, em processos onde as
10 divisões celulares assimétricas estão envolvidas, i.e., durante a gliogênese em *Drosophila* (Egger et al., 2002), desenvolvimento de pólen de *Arabidopsis* (Honys & Twell, 2003, 2004; Becker et al., 2003) e iniciação de raiz lateral (Himanen et al., 2004). Contudo, nenhuma destas abordagens objetivava ou resultou na identificação da via genética que aciona a divisão assimétrica
15 sozinha.

No caso de iniciação de raiz lateral, poucas células de periciclo se dividem anticlinalmente e assimetricamente (Casero et al., 1993). Este não é um processo contínuo e é exposto a várias questões ambientais e sinais endógenos. Além disso, estas divisões somente ocorrem nestes arquivos de
20 células de periciclos que estão bem próximas ao pólo de xilema (Casimiro et al., 2003).

As abordagens de micro-arranjos têm revelado uma ampla visão na sinalização de auxina para LRI (Himanen et al., 2004). Para estas análises, um sistema indutível de raiz lateral foi usado. Neste sistema, o
25 transporte, a sinalização de auxina, e a transição de ciclo de células G1-para-S são bloqueadas em mudas crescendo no meio suplementado com NPA. Subseqüentemente, estas mudas são transferidas para o meio contendo auxina (NAA) por 1-12 horas. Isto permitiu um início indutível de sinalização e progressão de auxina através da transição de G1-para-S (Himanen et al.,

2002).

Uma adaptação deste sistema indutível de raiz lateral também pode ser usada para o estudo de divisões celulares assimétricas. Nós apresentamos uma única abordagem que nos permitiu superar os problemas como especificidade de tecido e o número limitado de células envolvidas através do isolamento específico de células de periciclo assimetricamente divididas no pólo do xilema durante LRI. Portanto, foram combinadas 4 estratégias: 1) um sistema indutível de raiz lateral recentemente desenvolvido, que induz, de forma sincronizada, as divisões assimétricas durante LRI (Himanen et al., 2002), 2) uma linhagem de marcador de GFP específica para periciclo de pólo de xilema (J0121), 3) uma abordagem de Classificação de Célula Auxiliada por Fluorescente (Bimbaum et al., 2003), e 4) análise de micro-arranjo de genoma grande nas células de periciclo de pólo de xilema isoladas. Esta estratégia combinada nos permitiu não somente identificar os genes envolvidos diretamente no processo de LRI, mas também extrapolar os resultados para o conceito geral de divisão assimétrica. Nós verificamos, como reguladores potenciais de divisões assimétricas, genes envolvidos na regulação do ciclo celular e uma alta percentagem de genes associados com a organização e a dinâmica do cito-esqueleto.

É um primeiro aspecto da presente invenção fornecer um método para isolar genes envolvidos na divisão celular assimétrica, compreendendo: (1) submeter as raízes de uma planta do tipo selvagem a um tratamento incluindo iniciação de raiz lateral em uma forma sincronizada; (2) submeter as raízes de um mutante não desenvolvendo raízes laterais por um defeito na sinalização de auxina a um tratamento induzindo a iniciação de raiz lateral no tipo selvagem em uma forma sincronizada; (3) identificar os genes que são induzidos em um tipo selvagem, mas não em mutante; (4) identificar os genes induzidos no periciclo do pólo do xilema em tipo selvagem durante a iniciação de raiz lateral. A iniciação de raiz lateral precoce, como usada aqui,

significa os eventos em diferentes estágios antes da primeira divisão no periciclo. Preferivelmente, ela está dentro de 10 horas após a indução de auxina da raiz lateral, mais preferivelmente dentro de 8 horas da dita indução, ainda mais preferivelmente 6 horas após a dita indução. Preferivelmente, o
5 mutante usado é um mutante *slr-1*.

Preferivelmente, o dito método também compreende o uso de uma linhagem de marcador de periciclo de pólo de xilema, seguido pela classificação das células. Ainda mais preferivelmente, o dito marcador é GFP. Mais preferivelmente, as células isoladas são analisadas em genoma amplo
10 por uma análise de micro-arranjo.

Outro aspecto da presente invenção é um gene envolvido na forma de raiz lateral precoce, isolado com o método de acordo com a presente invenção. Preferivelmente, o dito gene codifica um fator de transcrição. Ainda mais preferivelmente, o dito fator de transcrição é selecionado do grupo que
15 consiste de SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 19.

Como fatores de transcrição freqüentemente são expressados no tecido de atividade, seus promotores devem ter provavelmente um uso econômico. Tais promotores podem ser usados em várias estratégias para aumentar a tolerância/resistência aos patógenos da planta.

Outro aspecto da presente invenção é um gene envolvido na divisão celular assimétrica, isolado com o método de acordo com a presente invenção. Preferivelmente, o dito método é o método que também compreende o uso de uma linhagem de marcador de periciclo de pólo de xilema, seguido pela classificação das células. Ainda mais preferivelmente, o
20 dito gene compreende uma seqüência que codifica uma proteína selecionada do grupo que consiste de SEQ ID NO: 20 a SEQ ID NO: 34, ou um homólogo desta.
25

Ainda outro aspecto da presente invenção é um fator de transcrição envolvido na formação da raiz lateral precoce, por meio do que o

dito fator de transcrição é selecionado do grupo que consiste de SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 19. Preferivelmente, o gene que codifica o dito fator de transcrição é isolado com o método da presente invenção.

Um outro aspecto da presente invenção é o uso de um gene,
5 isolado com o método da presente invenção, para modular a iniciação de raiz lateral precoce. A modulação, como usada aqui, pode ser um aumento ou uma diminuição no número de raízes laterais, pode ser um aumento ou uma diminuição no tamanho das raízes laterais ou pode ser um desvio no tempo (mais cedo ou mais tarde no desenvolvimento da planta) da formação de raiz
10 lateral. Preferivelmente, a dita modulação é um aumento ou uma diminuição nas raízes laterais, ainda mais preferivelmente, é um aumento nas raízes laterais. Preferivelmente, o dito gene está codificando um fator de transcrição. Ainda mais preferivelmente, o dito gene está codificando um fator de transcrição selecionado do grupo que consiste de SEQ ID NO: 20 a SEQ ID
15 NO: 34, ou um homólogo desta. Os ditos genes podem ser usados em combinação para aumentar o efeito na formação de raiz lateral.

O gene, como usado aqui, se refere à seqüência genômica (incluindo íntrons possíveis), bem como ao cDNA derivado do mensageiro cortado. Ele pode se referir à seqüência de promotor também. Contudo, está
20 claro para alguém versado na técnica que para algumas aplicações, a seqüência de codificação, tal como pode ser derivada do cDNA, pode ser operacionalmente ligada a um promotor adequado. Operacionalmente ligado se refere a uma justaposição, em que os componentes assim descritos estão em uma relação que os permite funcionar em sua maneira pretendida. Uma
25 seqüência de promotores "operacionalmente ligada" a uma seqüência de codificação é ligada em uma forma tal que a expressão da seqüência de codificação seja alcançada sob condições compatíveis com a seqüência de promotores.

Um homólogo, como usado aqui, significa que a proteína

codificada pelo gene tem uma sequência de aminoácidos que é pelo menos 75% idêntica, e, ainda mais preferivelmente, pelo menos 80% idêntica, e, ainda mais preferivelmente, pelo menos 85% idêntica, e, ainda mais preferivelmente, pelo menos 90% idêntica, e, ainda mais preferivelmente, pelo menos 95% idêntica, e, ainda mais preferivelmente, pelo menos 96% idêntica, e, ainda mais preferivelmente, pelo menos 97% idêntica, e, ainda mais preferivelmente, pelo menos 98% idêntica, e, ainda mais preferivelmente, pelo menos 99% idêntica, como medido por uma busca de BLASTP (Altschul *et al.*, 1997).

10 **BREVE DESCRIÇÃO DAS FIGURAS**

Figura 1: Sistema indutível por raiz lateral (A-G) série de tempo de 12 h de tratamento de NAA (manchamento azul = atividade repórter P::GUS de *Arath*; CYCB1; 1 transição G2/M de marcação). A inibição de transporte de auxina bloqueia toda iniciação de raiz lateral, permitindo uma indução sincronizada de raízes laterais via auxina, resultando no início da transição de G2/M de 6 a 8 h após a transferência para o meio de auxina (D.E).

Figura 2: Esquema de eventos principais durante a iniciação de raiz lateral

20 Figura 3: Figura de cálculo de Mérito para uma faixa de 20 grupos

Figura 4: Representação de tabela cruzada com as frequências de todas as combinações de perfis de expressão.

25 Figura 5: Fenótipo de sobre-expressão de CYCD3;1, E2Fa/DPa e CDKB1; mudas com 1 em 10 dias de idade, quando comparado com o tipo selvagem.

Figura 6: Expressão específica de periciclo de pólo de xileno de uma versão mutante estabilizada da proteína de BDL em J0121xUAS:*bdl*(0,0 ± 0,0), resultando em um fenótipo sem raiz lateral,

enquanto que as linhagens de controle Col-0 ($3,0 \pm 0,1$), J0121 ($4,1 \pm 0,1$), *UAS:bdl* ($3,1 \pm 0,1$), *UAS:BDL* ($2,8 \pm 0,1$) e J0121 x *UAS:BDL* ($3,6 \pm 0,1$) não exibem nenhuma redução no número de raízes laterais / cm

Figura 7: Mutações combinadas em vários membros da família
5 CYCA2;4 resulta em reduções dramáticas de densidade de raiz lateral (painel esquerdo: controle Col-0; painel direito: mutante múltiplo)

Figura 8: Análise do fenótipo de raiz lateral de vários mutantes de inserção de SALK T-DNA homozigoto, derivados de genes em vários grupos. O código dos mutantes é listado na Tabela 5.

10 Figura 9: A análise detalhada durante a formação da raiz lateral precoce (divisão celular assimétrica é indicada por setas) de vários genes regulados para cima e para baixo no conjunto de dados completo.

Os números se referem às fusões listados na Tabela 6.

EXEMPLOS

15 Materiais e Métodos nos exemplos

WT Col - abordagem baseada na comparação slr

Amostragem

As sementes de sistema indutíveis por raiz lateral (Col-0 & *slr*-
1) foram germinadas no meio Murashige & Skoog contendo ácido N-naftilftalâmico 10 μ M (NPA) em placas quadradas verticalmente orientadas
20 (Greiner Labortechnik, Frickenhausen, Alemanha) em uma câmara de crescimento sob luz contínua ($110 \mu\text{E}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$ PAR fornecido por tubos de tungstênio fluorescentes brancos frios [Osram, München, Alemanha]) a 22°C (Himanen et al., 2002). 72 h após a germinação (ponto do tempo de 0 h),
25 somente aquelas mudas (tipo selvagem e mutante) que fizeram contato completo com o meio foram transferidas para o meio contendo ácido naftilacético 10 μ M (NAA) e colhidas após 2 h e 6 h. Estes 3 pontos no tempo foram aplicados para o tipo selvagem e para o mutante. Um tratamento de imitação foi incluído para tipo selvagem somente, pela transferência das

mudas para um meio Murashige & Skoog sem adição de NAA. Para todos os pontos de tempo, somente os segmentos indutíveis por raiz lateral foram usados para a análise. Para este propósito, o meristema apical de raiz e o hipocotil foram manualmente removidos para minimizar a contaminação com outros tipos de células. Todos os tratamentos foram repetidos.

Microarranjo e Aglomeração

RNA foi extraído usando o RNeasy Minikit (Qiagen). A qualidade e a quantidade de RNA foram analisadas usando RNA 6000 Nano Lab Chip Kit (Agilent Technologies, Alemanha). Para micro-arranjo, 5,8 µg de RNA total foram usados. O cDNA de filamento duplo foi sintetizado com Life Technologies cDNA Synthesis Kit. O cDNA de filamento duplo foi convertido em cRNA rotulado com biotina (kit de transcrição Ambion MECA script T7 *in vitro* e ribonucleotídeos contendo biotina de Enzo (LOXO GmbH)). 15 µg de cRNA fragmentado foram usados para hibridização para os chips de gene ATH1 Affymetrix®. O RNA rotulado com biotina foi visualizado com rótulos de ficoeritrina-estreptavidina. Os chips de genes de ATH1 (Affymetrix) representam 22747 gene de *Arabidopsis* (~85% dos genes previstos no genoma de *Arabidopsis*).

O sinal total dos diferentes tipos foi normalizado usando o software Microarray Suite 5.0 (Affymetrix). Os dados brutos foram exponencialmente distribuídos e foram, portanto, transformados com log2 antes de outra estatística. O significado estatístico foi analisado através de ANalysis Of VAriance (ANOVA) para cada gene. Isto resultou em um valor p para três fontes de variância: o efeito de curso de tempo, o efeito do genótipo e o efeito de sua interação. Para o perfil de transcritos de genoma amplo, a estringência foi aumentada para $p < 0,001$. Esta é o equivalente de 23 testes positivos falsos se 22747 testes forem realizados. Neste nível de significância, 3110 genes foram marcados.

Como é necessário se detectar as diferenças entre os perfis de

expressão em ambos os genótipos, é necessária uma ferramenta para visualizar otimamente estas diferenças. Foi obtida esta ferramenta pela união dos dados de curso de tempo para ambos os genótipos por ponto de tempo. Este conjunto de dados unidos foi subsequenteiramente tratado como se fosse um curso de tempo único (pontos de tempo repetidos são indicados com *) (0/0*/2/2*/6/6*). Antes da aglomeração, uma estimativa do poder preditivo de um algoritmo de aglomeração (Figura de Mérito) foi computada sobre uma faixa de aglomerados. Quanto menor a Figura de Mérito, maior o poder preditivo da aglomeração será (Yeung et al., 2001). O número de aglomerados, para os quais o menor incremento não resultou em uma diminuição da Figura de Mérito, foi escolhido como o número de aglomerados ótimo. Toda a computação de aglomeração foi realizada usando TIGR Multiexperiment Viewer 2.2 (<http://www.tigr.org/>, 10/11/2003).

Cada gene foi relacionado com dois aglomerados, representando seu perfil de expressão médio no tipo selvagem e no mutante. O potencial de combinação foi representado em um formato de tabela cruzada com indicação da frequência de ocorrência de cada combinação. Como um indicador de diferenças entre os aglomerados, um código de cor foi aplicado. Para todos os aglomerados, as taxas de indução/redução relativas dos perfis de expressão entre 0 e 2 h e entre 0 e 6 h dos perfis médios foram comparadas entre si. Se estas taxas de indução/redução relativas diferissem 2 vezes ou mais em um destes níveis de comparação, uma cor laranja ou azul foi designada para esta combinação de aglomerados. Se estas taxas de indução/redução relativas diferissem em ambos os níveis 2 vezes ou mais, uma cor vermelha foi designada para esta combinação de aglomerados. Um aglomerado foi considerado como regulado para cima quando a taxa de indução do nível de expressão fosse mais forte que 2 vezes para ambos os intervalos (0-2 e 0-6). Somente os aglomerados 1, 2, 3 e 4 atenderam estes critérios.

Abordagem de classificação de células

Amostragem

As sementes de sistema indutíveis por raiz laterais (JO121, [http://www.plantsci.cam.ac.uk/Haseloff/geneControi/catalogues/Jlines/record/record O.html](http://www.plantsci.cam.ac.uk/Haseloff/geneControi/catalogues/Jlines/record/record%20O.html)) foram germinadas (Himanen et al., 2002). Como descrito acima, as mudas foram colhidas após 2 e 6h. Para todos os pontos do tempo, as raízes foram cortadas em pequenos fragmentos de 0,5 mm, e aqueles segmentos foram protoplastados de acordo com Birnbaum et al. (2003, 2005). As células de expressão de GFP foram isoladas em um classificador de células ativadas por fluorescência (Becton Dickinson FACSVantage). As células foram classificadas diretamente em tampão de lise (tampão Qiagen RLT), misturadas e imediatamente congeladas a -80°C para uma extração de RNA posterior. Todos os tratamentos foram repetidos.

Micro-arranjo e aglomeração

Os protocolos de Affymetrix padrão para pequenas amostras foram então usados para amplificação, rotulagem e hibridização de amostras de RNA (<http://www.wi.mit.edu/CMT/protocols/AffySmlSamplProto.pdf>). O cRNA hibridizado foi fragmentado como descrito no GeneChip[®] Expression Analysis Technical Manual. As etapas de hibridização, lavagem e manchamento foram realizadas de acordo com os protocolos Affymetric. (<http://www.wi.mit.edu/CMT/protocols/Affymetrix%20User%20Manual.pdf>)

Os dados foram processados usando um Modelo Misturado. Esta análise de modelo misturado de variância foi realizada para identificar genes diferencialmente expressados entre os vários tratamentos (Chu et al., 2002, 2004). Nesta abordagem, uma etapa de normalização global foi aplicada para minimizar os efeitos de nível de arranjo geral pela centralização da média dos valores transformados por $\log_2$ em zero para cada arranjo (Chu et al., 2002). As sondas com valores maiores que dois desvios padrão da média de conjunto de sonda foram então removidas. Depois, uma ANOVA de

modelo misturado foi aplicada aos valores de intensidade transformados e centralizados obtidos da etapa de normalização global. Este modelo de gene, que é baseado naquele desenvolvido por Chu et al. (2002), pode ser formalizado como:

$$\log_2(\text{PM}_{jkl}) = T_j + P_k + A_{l(j)} + \varepsilon_{jkl}$$

5 onde o PM variável se refere à saída do procedimento de normalização global para cada gene, como descrito acima. Os símbolos T, P e A representam tratamento, sonda, e efeitos de arranjo, respectivamente. O efeito de arranjo $A_{l(j)}$ é assumido para ser um efeito aleatório normalmente distribuído (Chu et al., 2002). Um termo de erro padrão ε_{jkl} foi também
10 aplicado a este modelo. Em adição, os índices j, k e l representam o tratamento *jth*, na sonda *kth*, e na réplica *lth* (Chu et al., 2002). A saída deste modelo é o valor de expressão médio para cada gene, baseado no modelo global, bem como um valor p do modelo de gene para a probabilidade de falsamente rejeitar a hipótese nula de nenhuma expressão diferencial ($\alpha =$
15 0,05). Os modelos global e de gene foram corridos em um servidor de Linux com o SAS de software estatístico (versão 8.2).

O agrupamento nos 1920 genes diferencialmente expressados provenientes da análise estatística em 10 grupos, foi feito usando TIGR MeV 3.0.3 (Saeed et al., 2003).

20 Exemplo 1: Amostragem e análise de micro-arranjo

Recentemente, foi desenvolvido um sistema indutível por raiz lateral baseado em auxina (Himanen et al., 2002). Com base neste sistema indutível em planta único foi realizado um perfil de transcritos de genoma amplo para identificar os reguladores chave de iniciação de raiz lateral. Para
25 facilitar a identificação destes genes com um papel na sinalização de auxina em relação à iniciação de raiz lateral, um mutante foi incluído como um controle negativo. O mutante (raiz solitária) foi principalmente selecionado quanto à sua incapacidade para formar raízes laterais e porque o gene afetado

está envolvido em uma parte conhecida de sinalização de auxina (Fukaki et al., 2002). A comparação dos genes tipos selvagem e mutante no sistema indutível por raiz lateral é de fundamental importância para selecionar genes envolvidos na iniciação de raiz lateral, à jusante da proteína afetada no mutante (IAA14/SLR).

Os pontos de tempo foram escolhidos em uma forma tal que pudessem monitorar a expressão de gene em diferentes estágios logo antes da primeira divisão no periciclo. Himanen et al. (2002) mostrou que este evento ocorre de 8 a 10 h após a transferência para o meio contendo auxina. O ponto de tempo zero (72 h NPA) é consistente com um estado bloqueado por G1/S, enquanto que em 6 h após a transferência para periciclo de auxina, as células de adjacentes aos pólos de xilema estão proximalmente iniciando a transição de G2/M. Além disso, a resposta de auxina mais precoce na raiz foi visualizada com um DR5::GUS relatado 1,5 a 2 h após o tratamento com auxina (Fig. 2). Portanto, um ponto do tempo (2h NAA) foi incluído para representar esta transcrição modulada por auxina mais precoce.

Os genes tipo selvagem e mutante (slr-1) foram submetidos a estes tratamentos. Adicionalmente, um tratamento de imitação foi incluído para tipo selvagem para avaliar a expressão de gene diferencial devida à transferência. Todos os tratamentos foram biologicamente repetidos, adicionando-se ao significado estatístico dos dados.

Exemplo 2: Análise estatísticas e aglomeração

Após a normalização e transformação, os dados foram submetidos à análise de ANOVA. Comparação do perfil de transcrito limitado prévio (em 4600 genes) (Himanen et al., 2002, resultados não publicados) com o presente, claramente mostra que o nosso sistema indutível por raiz lateral é altamente reprodutível, pois 64% dos genes diferentemente expressados foram confirmados quando verificados no mesmo nível de significância ($p < 0,005$). Para se reduzir a quantidade de positivos falsos

ainda mais, foi aplicada uma estringência 5 vezes maior ($p < 0,001$) do que no perfil de transcrito prévio. Neste alto nível de estringência, 3110 genes foram diferencialmente regulados. A aglomeração de todos os pontos de dados para tipo selvagem e raiz solitária separadamente não supriram nossas

5 necessidades para avaliar as diferenças nos perfis de expressão em ambos os genótipos. Para se atender a este critério, os dados para ambos os genótipos foram combinados em um conjunto de dados. Cada gene foi representado duas vezes no conjunto de dados combinado, resultando em 6220 perfis de expressão. Para se estimar o número ótimo de grupos, a Figura de Mérito

10 (FOM) foi computada para uma faixa de grupos. A menor FOM foi estimada em 14 grupos, representando o número ótimo de grupos correspondendo ao maior potencial preditivo (Fig. 3).

Subseqüentemente, todos os 6220 perfis de expressão foram aglomerados em 14 grupos. Nesta forma, duas coordenadas foram designadas

15 por gene, representando os perfis de expressão em ambos os genótipos. Todas as 196 combinações potenciais (14×14) são representadas na Fig. 4, juntamente com a frequência absoluta de genes em cada combinação. As diferenças entre os grupos são indicadas através de um código de cor.

Os genes indicados em vermelho (305) representam os genes

20 para os quais a expressão do gene tipo selvagem é sempre maior que na raiz solitária. Os genes deste tipo, induzidos no tipo selvagem e menos na raiz solitária, são mais provavelmente envolvidos na iniciação de raiz lateral. Portanto, nós focalizamos nos genes representados como grupos 1, 2, 3 e 4 no tipo selvagem. Desta forma, pode ser estreitado o número total de genes

25 significativamente regulados (3110) para 266 (~9%) que pode ter um papel crucial na iniciação da raiz lateral.

Exemplo 3: Efeito da filtração nas categorias funcionais gerais

Uma comparação das percentagens de genes que pertencem a uma categoria funcional antes e após a aglomeração de acordo com MATDB

(MIPS *Arabidopsis Thaliana* DataBase) ilustra a efetividade de nosso agrupamento baseado em tabela cruzada (Tabela 1). O procedimento de filtração claramente resultou em um enriquecimento para genes relacionados com o ciclo celular, processamento de RNA, síntese e sinalização de DNA.

- 5 Estas características confirmam que o monitoramento da progressão de ciclo celular no periciclo é possível usando nosso sistema indutível por raiz lateral. Além disso, foi verificada uma maior percentagem de genes envolvidos na regulação transcricional, indicando que há uma necessidade geral pela atividade transcricional aumentada. A percentagem de genes não classificados e desconhecidos permanece quase no mesmo nível. Além disso, uma forte redução relativa de genes envolvidos em stress, transporte e metabolismo foi alcançada através dos critérios de seleção aplicados. Além disso, a queda no número de genes envolvidos no transporte pode também ser classificada como uma queda no número de genes relacionados com as respostas de desintoxicação e stress.

Exemplo 4: Regulação do ciclo celular durante a iniciação da raiz lateral

- O exame detalhado da seleção revela marcadores de fase G1/S e S, tais como *Arath;CYCD3;2* e *Arath;CYCA2;4*. Além disso, a ligação para entrada/progressão da fase S não é nunca distante, pois há uma alta representação de genes envolvidos na replicação de DNA e síntese de proteína. Isto delinea a adequação de nossa abordagem para estudar a regulação de ciclo de célula mediada por auxina. Tão interessante quanto os eventos de ciclo de células do núcleo possam ser, eles requerem cascatas de sinalização à montante, tais como sinalização de auxina.

Exemplo 5: Sinalização de auxina durante a iniciação de raiz lateral

Em nossa seleção estridente, vários genes foram detectados que pertencem às famílias de genes com papéis conhecidos na sinalização de auxina, tais como Aux/IAAs, ARFs, ATGH3s e um ATSAUR (Hagen & Guilfoyle, 2000). Diferentes mutantes nos genes pertencentes à família de

genes Aux/IAA têm fenótipos de raiz lateral (Fukaki et al., 2002; Park et al., 2002). Seus produtos de gene agem para reprimir a atividade de dímeros de fator de transcrição de ARF (Leyser, 2002).

Recentemente, os pesquisadores entraram na função de produtos de gene ATGH3, através da análise de linhagens rotuladas de ativação (Takase et al., 2004). Várias destas proteínas têm sido descritas para adenilar hormônios de planta e baseadas em sua especificidade de substrato e estrutura de proteína, elas são subdivididas em 3 classes principais (Staswick et al., 2002). Os membros do grupo II, tais como ATGH3-1, ATGH3-5 e ATGH3-6/DFL1, podem adenilar IAA, regulando negativamente a atividade de auxina (Takase et al., 2004).

Como para os Small Auxin Up RNAs (ATSAUR), muito pouco é sabido acerca de sua função na resposta de auxina. Contudo, sua indutibilidade a auxina tem sido relatada há vários anos (McClure & Guilfoyle, 1989).

Exemplo 6: Novos genes na iniciação de raiz lateral: fatores de transcrição

Como fatores de transcrição exercem papéis centrais na padronização e no desenvolvimento (Sabatini et al., 2003), é óbvio que tais genes em nossa seleção (19) serão de particular importância nas cascatas de sinalização durante a iniciação de raiz lateral (Tabela 1). A maioria dos genes desta seleção foram recentemente mostrados serem especificamente expressados no tecido de estela (incluindo o periciclo) por um estudo de perfilação de transcritos da ponta da raiz de *Arabidopsis* (Birnbaum et al., 2003), justificando os critérios de seleção usados em nosso estudo.

De forma interessante, dois dos fatores de transcrição de domínio de AP2 pertencem à mesma subclasse. Isto implica que é provável que estes genes tenham funções redundantes. Além disso, há um fator de transcrição de domínio de AP2 que pertence à mesma subclasse de 3 genes, que não é representado no micro-arranjo (Alonso et al., 2003). Foi cogitada

uma hipótese de que este gene (At4g27950) pode ser funcionalmente redundante para os dois outros membros desta subclasse. Conseqüentemente, este gene foi também adicionado à nossa seleção, levando o número final de nossa seleção para 20 genes.

5 Dentro de nosso conjunto de dados estão 15 fatores de transcrição para os quais nenhum papel na sinalização de auxina tenha sido sugerido. Como para um início de validação, será de interesse primário se fazer uma análise funcional nestes fatores de transcrição com relação à limitação de raiz lateral.

10 Muitos destes fatores de transcrição têm um grande potencial para envolvimento no desenvolvimento de raiz lateral, pois eles têm homólogos para os quais um papel no desenvolvimento de órgão tenha sido relatado. O gene ABL3 foi previamente descrito como um gene específico para semente, mas recentemente ele tem mostrado ter um papel na sinalização de
15 auxina e no desenvolvimento de raiz lateral (Brady et al., 2003). Também, AP2 e vários genes de homeobox têm estado envolvidos no desenvolvimento de órgãos florais, o que implica que os homólogos têm um grande potencial para serem essenciais no desenvolvimento de outros órgãos, tais como raízes laterais (Carpenter & Coen, 1990; Maes et al., 1999).

20 De forma interessante, há um fator de transcrição, MYB124, para o qual o mutante tem um desenvolvimento estomatal aberrante. Como o resultado de mutação, estômatos com quatro células de guarda são formados ao invés de duas (Yang & Sack, 1995).. Sua regulação para cima no tratamento de auxina da raiz implica que o produto de gene MYB124 pode ter
25 um papel crucial nas divisões de formação no periciclo (iniciação de raiz lateral) pois ele tem um desenvolvimento estomatal.

Exemplo 7: Identificação de Genes de divisão celular assimétrica

Usando LRI como um modelo para dissecar geneticamente a divisão celular assimétrica, nós investigamos, dentro dos 10 grupos, qual

grupo continha os reguladores putativos deste tipo de divisão.

Primeiramente, foi analisado qual grupo é fortemente ligado à transição G2-para-M pela verificação do perfil de expressão durante a progressão de ciclo celular usando os dados de expressão de genoma grande para s suspensões de célula de *Arabidopsis* sincronizada (Menges et al., 2003). Foi verificado que 48% dos genes no grupo 3 tinham pico na transição G2-para-M. Isto é oposto a menos que 10% dos genes que tinham pico nesta transição em todos os outros grupos. Isto é uma forte representação de genes relacionados com G2-para-M dentro deste grupo, quando comparado com os outros grupos. Além disso, isto é 59% dos genes específicos para G2-para-M presentes em todo o conjunto de dados.

Além disso, foi analisado qual grupo é potencialmente correlacionado com a divisão celular assimétrica. Para este foram usadas seqüências de proteínas de genes que estão relacionadas com as categorias funcionais (<http://www.godatabase.org/cgi-bin/amigo/go.cgi>) "divisão celular assimétrica" e/ou "estabelecimento e/ou manutenção da polaridade da célula" em uma grande variedade de organismos (i.e. *Caenorhabditis elegans*, *Drosophila melanogaster*, *Schizosaccharomyces pombe*, rato ...). Foi realizada uma análise de blast de proteína com as seqüências de proteína de vários organismos e aquelas seqüências de proteína de *Arabidopsis* dos genes designados para os diferentes grupos. Isto resultou em uma sobre-representação de 54 genes putativamente correlacionados com "divisão celular assimétrica", "compromisso de destino da célula" e/ou "estabelecimento e/ou manutenção da polaridade da célula" no grupo 3.

Para também analisar o processo de divisão celular assimétrica, nós nos focalizamos nos 340 genes dentro do grupo 3. Dentro deste grupo, 25% dos genes foram descritos; os 75% restantes são desconhecidos, expressados, hipotéticos ou putativos.

Para também se reduzir o número de candidatos de interesse,

foram subtraídos aqueles genes dos quais o envolvimento na divisão celular normal (sincronizado, dividindo células de suspensão de células de *Arabidopsis*) é mostrado (Menges et al., 2003). Após aquela análise, nos terminamos com 190 candidatos potencialmente envolvidos na divisão celular assimétrica.

Exemplo 8: Meta-análise para melhoramento dos resultados

Tem sido previamente demonstrado que a progressão do ciclo celular no periciclo não é suficiente para iniciação de raiz lateral mediada por SOLITARY ROOT/IAA14 em *Arabidopsis thaliana* (Vanneste et al., 2005).

Para suportar este entendimento, foi analisado o fenótipo da raiz de linhagens transgênicas sobre-expressando (35S) genes do ciclo celular. Baseados nos perfis de expressão específicos para um estágio do ciclo celular na indução por raiz lateral mostrados em Himanen et al. (2002) e em nosso conjunto de dados, nós selecionamos CYCD3;1 (G1-to-S e G2-to-M, Dewitte and Murray, 2003), E2Fa/DPa (G1-to-S, De Veylder et al., 2002) e CDKB1;1 (G2-to-M, Boudolf et al., 2004). O fenótipo de sobre-expressão nas mudas com 10 dias de idade de todas as linhagens foi analisado e comparado com WT (Figura 5). Nenhuma das linhagens transgênicas mostrou um aumento significativo na densidade de raiz lateral. A linhagem de sobre-expressão transgênica dupla de E2Fa/DPa ainda mostrou uma forte diminuição no número de raiz lateral quando comparada com a Col tipo selvagem. Também, a sobre-expressão de CDKB1;1 resultou em menos raízes laterais. Além disso, no caso de CDKB1;1, a sobre-expressão de alelo negativo dominante de CDKB1;1 (CDKB1;1.N161) (Boudolf et al., 2004) resultou em uma diminuição mais forte do número de raízes laterais.

Depois, foi analisado se a aplicação de auxina (NAA) em combinação com expressão de gene de ciclo de célula aumentada pode resultar em um maior número de raízes laterais quando comparado com a auxina ou ciclo celular sozinho. Portanto, foram transferidas mudas com 5

dias de idade das linhagens de *Arabidopsis* transgênicas mencionadas acima de E2Fa^{OE}, DPa^{OEOE}, CYCD3;1^{OE} e CDKB1;1^{OE} para aumentar as concentrações de auxina (10^{-8} , 10^{-7} e 10^{-6} M de NAA) e analisada, após outros 5 dias de crescimento, sua capacidade de iniciar raízes laterais. Foi verificado um aumento significativo no CYCD3;1^{OE} oposto ao tipo selvagem. Similarmente, o número de LRs/cm pode ser significativamente aumentado na linhagem transgênica E2Fa/DPa^{OE}, até que excedesse o número do tipo selvagem em alta concentração de auxina. Mesmo CDKB1;1^{OE} excedeu o número WT na aplicação de auxina, embora este não fosse o caso para a
 10 linhagem CDKB1;1DN^{OE}.

Os resultados acima indicam que a estimulação da maquinaria de ciclo celular básico não é suficiente para a iniciação de raiz lateral *de novo*, mas, quando auxina extra for fornecida, a competência do ciclo celular aumentada pode ser explorada para produzir novos órgãos. Isto corrobora a
 15 sugestão por Vanneste et al. (2005) que, depois da ativação do ciclo celular, outro fator é requerido para especificamente acionar a iniciação da raiz lateral.

Independentemente de uma função putativa para CDKB1;1 na iniciação de raiz lateral, os genes do ciclo celular são claramente não os reguladores essenciais para iniciação da raiz lateral. Então, foram buscados
 20 em nosso conjunto de dados os reguladores específicos potenciais de iniciação de raiz lateral através de análise meta. Esta análise meta foi realizada para reduzir o número de genes de 1920 genes significativos para 15 candidatos altamente interessantes (Tabela 3). A análise envolveu etapas subsequentes de sobreposição e na análise profunda de subconjuntos de genes como descrito
 25 abaixo.

1) Arranjo de Genoma de *Affymetrix Arabidopsis* ATH-1 (22758 genes);

2) Genes significativamente diferencialmente expressados únicos (1920)

3) Genes regulados para cima na divisão celular assimétrica durante a iniciação da raiz lateral após a seleção de 1 grupo baseado nos seguintes critérios (340) usando análises profundas com termos das categorias funcionais:

- 5 - maior % de genes G2-M
- maior % de genes envolvidos em assimetria
- maior % de genes envolvidos em polaridade
- maior % de genes envolvidos no destino das células;

4) Genes potencialmente envolvidos em destino das células e
10 na polaridade das células (190) após subtrair o aparelho mitótico baseado em Menges et al. (2003);

5) Genes envolvidos no destino das células e/ou na polaridade das células induzidas por auxina no periciclo do pólo de xilema durante a iniciação de raiz lateral (15) após a sobreposição dos 190 genes restantes com
15 aqueles genes de iniciação de raiz lateral (913) dependendo da rápida degradação de SLR/IAA14 para resposta de auxina normal, derivada da tabela cruzada (Fig. 4).

Exemplo 9: BDL está envolvido na iniciação de raiz lateral

Conforme foi determinado anteriormente (Vanneste et al.,
20 2005), um mecanismo regulador importante para iniciação lateral é sinalização e transporte de auxina. A Tabela 4 lista os genes envolvidos nestes eventos e demonstra que a maioria deles é regulado para cima/baixo. Vários genes têm mostrado estar envolvidos na formação da raiz lateral (ALF1/RTY/SUR1, Celenza et al., 1995, King et al., 1995, Boerjan et al.,
25 1995; DFL1, Nakazawa et al., 2001) e para vários Aux/AAs e ARFs um papel na iniciação e/ou formação de raiz lateral foi mostrado anteriormente (IAA19/MSG2, Tatematsu et al., 2004; ARF19, Wilmoth et al., 2004; IAA1/AXR5, Yang et al., 2004; IAA3/SHY2, Tian and Reed, 1999).

Para BDL/IAA12, parte de um par de reguladores

transcrpcionais com MP/ARF5, foi demonstrado um envolvimento na iniciação da raiz lateral. A expressão específica para periciclo de pólo de xilema de uma versão mutante estabilizada da proteína de BDL em J0121xUAS:bdl (0.0 ± 0.0) resultou em um fenótipo sem raiz lateral, enquanto que as linhagens de controle Col-0 (3.0 ± 0.1), JO121 (4.1 ± 0.1), UAS:bdl (3.1 ± 0.1), UAS:BDL (2.8 ± 0.1) e J0121xUAS:BDL (3.6 ± 0.1) não exibiram uma redução no número de raízes laterais / cm (Figura 6).

Exemplo 10: Papel de CYCA2;4 na formação de raiz lateral

CYCA2;4 foi identificado como um importante regulador putativo da divisão celular durante a iniciação da raiz lateral (Vanneste et al., 2005). Contudo, a sobre-expressão de CYCA2;4 não induziu um aumento nas raízes laterais (similares à sobre-expressão de outros genes de ciclo celular), embora ela não tenha estimulado a progressão do ciclo celular como exemplificado por uma forte redução do nível de endo-reduplicação em cotilédones. Também em knock-outs, foram observadas mudanças óbvias na densidade da raiz lateral. Mas, CYCA2;4 pertence a uma pequena família de genes que consiste de 4 membros. As mutações em combinação em vários membros desta família resultou em reduções dramáticas de densidade de raiz lateral (Figura 7). Tomados juntos, estes dados sugerem que as ciclinas do tipo A2 são requeridas, mas não suficientes para que a iniciação de raiz lateral ocorra.

De forma interessante, CYCA2;4 - um gene de ciclo celular de núcleo - é retido na lista de genes após a meta-análise. Infelizmente, a falta de fenótipo de raiz lateral nas linhagens de sobre-expressão pode sugerir que uma combinação de genes/fatores é requerida para especificamente acionar a divisão celular assimétricas e a iniciação da raiz lateral. Os candidatos mais prováveis que, quando combinados, vão induzir a iniciação da raiz estão dentro do subconjunto de 15 genes identificados sob o exemplo 8.

Exemplo 11: Triagem de mutantes

Vários mutantes de inserção de SALK T-DNA dos genes em vários grupos foram tornados homozigóticos e analisados quanto ao seu fenótipo de raiz lateral (Figura 8). No gráfico, as barras de mutantes com um aumento ou diminuição significativa no número de raiz lateral são coloridas com verde e vermelho, respectivamente. A parte em torno da caixa verde ou vermelha do gráfico indica genes de grupos regulados para cima ou para baixo, respectivamente.

Em adição ao fenótipo de raiz lateral, defeitos em outros processos que requerem divisões celulares assimétricas foram também detectados, i.e., formação de estômato e embriogênese.

Exemplo 12: Análise da expressão pela fusão GUS/GFP

Várias fusões de promotor-GUS/GFP dos genes em vários grupos foram tornadas homozigóticas e analisadas em detalhes quanto ao seu padrão de expressão (Figura 9). Principalmente, o padrão de expressão GUS/GFP estava em acordo com a regulação para cima ou para baixo do gene no conjunto de dados de micro-arranjo.

Para 4 genes, o padrão de expressão foi analisado em detalhes, e revelou uma regulação para cima ou para baixo específica do GUS/GFP no local de iniciação de raiz lateral no tempo de divisão celular assimétrica em concordância com o nível de transcritos detectados no micro-arranjo (Figura 10).

Tabelas

Tabela 1: Sobrevisão de mudanças nas categorias funcionais após a filtração

categorias funcionais	% em 3110	% em 266
Ciclo celular/síntese de DNA	3.9	8.3
Quinase/fosfatase	5.5	3.4
Metabolismo/energia	22.7	12.4
Síntese /degradação de proteína	9.7	9.0
Processamento de RNA	1.6	3.0
Sinalização / desenvolvimento	6.8	12.8
Stress	4.0	2.3
Atividade transcricional	10.9	14.7

Transporte	7.2	2.3
Outros	5.5	7.1
Não classificado / desconhecido	22.1	24.4

A iniciação de raiz lateral criptografada nos genes "de iniciação de raiz lateral"

Tabela 2: Lista de fatores de transcrição regulados para cima que não são responsivos no mutante (slr)

Código AGI	Descrição	Coordenadas de grupos	
		Tipo selvagem	Raiz solitária
At2g33720	TF relacionado com ABI3/VP1	4	7
At5g53290	TF de domínio de AP2	1	4
At4g23750	TF de domínio de AP2	1	6
At5g18560	TF de domínio de AP2	1	8
At1g28360	TF de domínio de AP2	2	8
At5g 10510	TF de domínio de AP2	3	8
At5g57390	TF de domínio de AP2	3	8
At4g28640	família Aux/IAA (IAA11)	1	2
At4g32280	família Aux/IAA (IAA29)	1	2
At3g62100	família Aux/IAA (IAA30)	1	4
At5g43700	família Aux/IAA (IAA4)	2	5
At5g60450	Fator de Resposta de Auxina (ARF4)	2	8
At4g00940	Proteína de dedo de zinco DOF	4	9
At1 g27050	Homeobox TF	2	7
At2g01430	Homeobox TF	2	7
At1g 14350	TF de domínio de MYB (AtMYB124)	2	5
At1g 18570	TF de domínio de MYB (AtMYB51)	4	9
At2g47260	TF de domínio de WRKY (WRKY23)	3	7
At5g26930	Proteína de dedo de zinco GATA	1	4

5 Tabela 3: Lista de genes que são regulados para cima no periciclo de pólo de xileno, que não são responsivos no mutante slr e que mostram envolvimento potencial na divisão celular assimétrica

Código AGI	Descrição r
AT5G63950	proteína contendo domínio SNF2 / proteína contendo domínio de helicase
AT5G67100	subunidade catalítica de polimerase alfa de DNA direcionada para o DNA
AT2G33620	proteína da família de ligação com DNA / proteína at-hook 1 (AHP1)
AT2G46990	proteína responsiva para auxina / proteína induzida por ácido indolacético 20 (IAA20)
AT5G47440	forte similaridade da proteína expressada com uma proteína desconhecida
AT4G32460	proteína expressada
AT4G13210	proteína da família pectase liase
AT3G59430	proteína expressada
AT3G01070	proteína contendo o domínio semelhante a plastocianina
AT3G59420	proteína quinase receptora, putativa (ACR4)
AT1G80370	ciclina, putativa
AT1G69530	expansina, putativa (EXP1)

AT4G02060	proteína prolifera (PRL) / fator de licenciamento de replicação de DNA MCM7 (MCM7)
AT5G67070	proteína da família do fator de alcalinização rápida (RALF)
AT1G61580	proteína ribossomal 60S L3 (RPL3B)

Tabela 4: expressão em um estágio precoce de genes envolvidos na sinalização e no transporte de auxina, como determinado pela abordagem de classificação de células

Nome(s) do gene	agi	Gh	2h	6h
AAP6	At5g49630	0,852584	1,25473	1,549922
ALF1 SUR1 RTY	AT2g20610	3,526627	1,659614	1,132184
ARF16	At4g30080	0,727253	1,044252	1,222434
ARF18	At3g61830	1,02858	1,042211	1,37744
ARF19	At 1 g 19220	0,964729	2,260746	1,345781
ARF4	At5g60450	0,993832	2,433736	1,34132
ARF5 IAA24 MP	At 1 g 19850	0,805484	1,062866	1,646489
AtGH3_1	At2g 14960	0,993763	14,46607	12,64589
AtGH3_4	At1g59500	1,832319	11,94342	5,062107
AtGH3_5	AT4g27260	4,933415	36,44469	28,02028
AtGH3_6 DFL1	At5g54510	4,107676	33,98892	33,18595
ATSAUR32	At2g46690	0,745399	1,083697	1,357203
ATSAUR51	At1g75580	0,641888	0,861681	1,394927
DFL1	AT5G54510	4,107676	33,98892	33,18595
HAT2	AT5G47370	3,866166	5,905478	1,72286
IAA1	AT4G14560	1,444098	2,650251	3,498028
IAA11	AT4G28640	1,081115	2,990535	3,893183
IAA12 BDL	AT1G04550	1,070244	2,483024	2,141742
IAA13	AT2G33310	3,386846	16,95071	17,15706
IAA17 AXR3	AT1G04250	4,20049	5,560019	1,337217
IAA19 MSG2	AT3G15540	8,950041	37,74343	43,64249
IAA20	AT2G46990	0,643367	0,719127	1,830361
IAA26 PAP1	AT3G16500	1,67767	4,3412	2,185664
IAA29	AT4G32280	1,230655	15,62485	12,44667
IAA3 SHY2	AT1G04240	0,649735	1,143323	0,778411
IAA5	AT1G15580	0,800279	1,701733	2,127686
PINOID-LIKE	At3g44610	0,730512	0,863134	2,114596

Tabela 5: Código dos mutantes usados

Código no gráfico	AGI
H19	At3g59850
R	At4g23750
S	At4g23750
H12	At4g38210
H10	At5g15080
101	At5g51560
KO1	At1g11140
KO2	At1g55580

90	At1g57820
H8	At1g69530
108	At1g72250
H2	At2a06850
67	At2g22610
68	At2g28620
94	At2g28620
135	AT2G33620
59	At3g51280
87	At3g51740
H14	At3g53190
83	At4g02150
85	At4g05190
105	At4g18570
91	At4g21820
H11	At4g29360
75	At4g32830
106	At4g32830
H23	At5g08000
88	At5g45780
124	At5g47440
65	At5g48460
H3a	At1g08840
M	At1g72310
H4	At1g75640
5	At4g28640
H15	At1g64390
H20	At3g58040
H21	At1g14720
H6	At1g29050
H29	At1g53500
H1	At1g60610
H26	At2g45470
H28	At3g10810
H5	At3g52370
H18	At4g03960
H9	At4g14130
H27	At5g18650
H13	At5g38895
H17	At5g54160
H16	At5g57740
H22	At5g03650
6	At2g33830
22	At2g33830
H7	At3g54920
H24	At3g54920

Tabela 6: Genes usados na fusão de GUS

1	pAt4g13770::GUS
2	pAT2G20610::GUS

3	pAt3g46130::GUS
4	pAt3g11280::GUS
5	pAt1g49740::GUS
6	pAt1g64405::GUS
7	pAt3g55620::GUS
8	pCYCB1;1::GUS
9	pCYCB1;3::GUS
10	pCYCB2;2::GUS
11	pCYCB2;4::GUS
12	pCYCA2;2::GUS
13	pCYCA2;3::GUS
14	pCDKB2;2::GUS
15	pCKS2::GUS
16	pDEL3::GUS
17	pAt3g58100::GUS
18	pAt1g54990::GUS
19	pAt5g26930::GUS
20	pAT1G69530::GUS
21	pACR4»H2B::YFP (Gifford et al., 2003)

Referências

- Alonso, J.M., Stepanova, A.N., Leisse, T.J., Kim, C.J., Chen, H., Shinn, P., Stevenson, D.K., Zimmerman, J., Barajas, P., Cheuk, R., Gadrinab, C., Heller, C., Jeske, A., Koesema, E., Meyers, C.C., Parker, H., Prednis, L., Ansari, Y., Choy, N., Deen, H., Geralt, M., Hazari, N., 5 Hom, E., Karnes, M., Mulholland, C., Ndubaku, R., Schmidt, I., Guzman, P., Aguilar-Henonin, L., Schmid, M., Weigel, D., Carter, D.E., Marchand, T., Risseuw, E., Brogden, D., Zeko, A., Crosby, W.L., Berry, C.C. & Ecker, J.R. (2003) Genome-wide insertional mutagenesis of *Arabidopsis thaliana*. Science, 301: 653-657.
- 10 Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schäffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, 10 Webb Miller, and David J. Lipman (1997), Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs, Nucleic Acids Res. 25:3389-3402.
- 15 Becker JD, Boavida LC, Carneiro J, Haury M, Feijo JA (2003) Transcriptional profiling of *Arabidopsis* tissues reveals the unique characteristics of the pollen transcriptome. Plant Physiol 133: 713-725.
- Birnbaum, K., Shasha, D.E., Wang, J.Y., Jung, J.W., Lambert,

G.M., Galbraith, D.W. & Benfey, P.N. (2003) A gene expression map of the Arabidopsis root. *Science*, 302:1956-1960.

Birnbaum K, Jung JW, Wang JY, Lambert GM, Hirst JA, Galbraith DW, Benfey PN. (2005). Cell type-specific expression profiling in plants via cell sorting of protoplasts from fluorescent reporter lines. *Nat Methods*. 2(8): 615-619.

Boerjan, W., Cervera, M.-T., Delarue, M., Beeckman, T., Dewitte, W., Bellini, C., Caboche, M, Van Onckelen, H., Van Montagu, M. and Inzé, D. (1995). Superroot, a recessive mutation in Arabidopsis, confers auxin overproduction. *Plant Cell* 7: 1405-1419.

Boudolf V., Vlieghe, K., Beemster, G.T., Magyar, Z., Torres Acosta, J.A., Maes, S., Van Der Schueren, E., Inze, D. and De Veylder, L. (2004) The plant-specific cyclin dependent kinase CDKB1;1 and transcription factor E2Fa-Dpa control the balance of mitotically dividing and endoreduplicating cells in Arabidopsis. *Plant Cell* 16: 2683-2692.

Brady, S.M., Sarkar, S.F., Bonetta, D. & McCourt, P. (2003) The ABSCISIC ACID INSENSITIVE 3 (ABI3) gene is modulated by farnesylation and is involved in auxin signaling and lateral root development in Arabidopsis. *The Plant Journal*, 34: 67-75.

Carpenter, R. & Coen, E.S. (1990) Floral homeotic mutations produced by transposon mutagenesis in *Antirrhinum majus*. *Genes & Development*, 4: 1483-1493.

Casero, P.J., Casimiro, I., Rodriguez-Gallardo, L., Martin-Partido, G. and Lloret, P.G. 1993. Lateral root initiation by means of asymmetric transversal divisions of the pericycle cells in adventitious roots of *Allium cepa*. *Protoplasma* 176: 138-144.

Casimiro, I., Beeckman, T., Graham, N., Bhalerao, R., Zhang, H., Casero, P., Sandberg G. & Bennett, M.J. (2003) Dissecting Arabidopsis lateral root development. *Trends in Plant Science*, 8:165-171.

Celenza, J.L. Jr., Grisafi, P.L. and Fink, G.R. (1995). A pathway for lateral root formation in *Arabidopsis thaliana*. *Genes Develop.* 9: 2131-2142.

5 Chu TM, Weir B, Wolfinger R (2002) A systematic statistical linear modeling approach to oligonucleotide array experiments. *Math Biosci* 176: 35-51.

Chu TM, Weir BS, Wolfinger RD (2004) Comparison of Li-Wong and loglinear mixed models for the statistical analysis of oligonucleotide arrays. *Bioinformatics* 20: 500-506.

10 De Veylder, L., Beeckman, T., Beemster, G.T., de Almeida Engler, J., Ormenese, S., Maes, S., Naudts, M., Van der Schueren, E., Jacqmard, A., Engler, G. And Inze, D. (2002). Control of proliferation, endoreduplication and differentiation by the *Arabidopsis* E2Fa-Dpa transcription factor. *EMBO J.* 15: 1360-1368.

15 Dewitte, W. & Murray, J.A. (2003) The plant cell cycle. *Annual Review of Plant Biology*, 54: 235-264.

Dolan, L., Janmaat, K., Willemsen, V., Linstead, P., Poethig, S., Roberts, K. & Scheres, B. (1993). Cellular organisation of the *Arabidopsis thaliana* root. *Development.* 119(1): 71-84.

20 Egger B, Leemans R, Loop T, Kammermeier L, Fan Y, Radimerski T, Strahm MC, Certa U, Reichert H. (2002). Gliogenesis in *Drosophila*: genome-wide analysis of downstream genes of glial cells missing in the embryonic nervous system. *Development* 129(14):3295-3309.

25 Fukaki, H., Tameda, S., Masuda, H. & Tasaka, M. (2002) Lateral root formation is blocked by a gain-of-function mutation in the SOLITARY-ROOT/IAA14 gene of *Arabidopsis*. *The Plant Journal*, 29:153-168.

Hagen, G. & Guilfoyle, T. (2002) Auxin-responsive gene expression: genes, promoters and regulatory factors. *Plant Molecular Biology*,

49: 373-385.

Himanen, K., Boucheron, E., Vanneste, S., de Almeida Engler, J., Inzé, D. & Beeckman, T. (2002) Auxin-mediated cell cycle activation during early lateral root initiation. *Plant Cell*, 14: 2339-2351.

5 Himanen, K., Vuylsteke, M., Vanneste, S., Vercruysse, S., Boucheron, E., Alard, P., Chriqui, D., Van Montagu, M., Inzé, D. & Beeckman, T. (2004) Auxin-mediated cell cycle activation during early lateral root initiation. *Proc. Nat. Acad. Sci.*, 101(14):5146-5151.

10 Honys D, Twell D. (2003). Comparative analysis of the *Arabidopsis* pollen transcriptome. *Plant Physiol.* 132(2):640-652.

Honys D, Twell D. (2004) Transcriptome analysis of haploid male gametophyte development in *Arabidopsis*. *Genome Biol* 5(11): R85.

Horvitz HR, Herskowitz I. (1992). Mechanisms of asymmetric cell division: two Bs or not two Bs, that is the question. *Cell*. 68(2):237-255.

15 Jürgens, G., and Mayer, U. (1994). *Arabidopsis*. In *A Colour Atlas of Developing Embryos*, J. Bard, ed. (London: Wolfe Publishing), pp. 7-21.

20 King, J.J., Stimart, DP., Fisher, R.H. and Bleecker, A.B. (1995). A mutation altering auxin homeostasis and plant morphology in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 7: 2023-2037.

Larkin, J.C., Marks, M.D., Nadeau, J. & Sack, F. (1997). Epidermal cell fate and patterning in leaves. *Plant Cell*. 9(7): 1109-1120.

Leyser, O. (2002). Molecular genetics of auxin signalling. *Annu. Rev. Plant Biol.* 53: 377-398.

25 Maes, T., Van Montagu, M. & Gerats, T. (1999) The inflorescence architecture of *Petunia hybrida* is modified by the *Arabidopsis thaliana* *Ap2* gene. *Developmental Genetics*, 25:199-208.

Mansfield, S. G., and Briarty, L. G. (1991). Early embryogenesis in *Arabidopsis thaliana*. II. The developing embryo. *Canadian*

Journal of Botany 69: 461-476.

McClure, B.A. & Guilfoyle, T. (1989) Rapid redistribution of auxin-regulated RNAs during gravitropism. *Science*, 243: 91-93.

Menges M, Hennig L, Gruissem W, Murray JA. (2003).
5 Genome-wide gene expression in an Arabidopsis cell suspension. *Plant Mol Biol.* 53(4):423-442.

Nakazawa, M., Yabe, N., Ichikawa, T., Yamamoto, Y.Y.,
Yoshizumi, T., Hasunuma, K. and Matsui, M. (2001). DFL1, an auxin-
responsive GH3 gene homologue, negatively regulates shoot cell elongation
10 and lateral root formation, and positively regulates the light response of
hypocotyl length. *Plant J.* 25: 213-221.

Park, J.Y, Kim, H.J.& Kim, J. (2002) Mutation in domain II of
IAA1 confers diverse auxinrelated phenotypes and represses auxin-activated
expression of Aux/IAA genes in steroid regulator-inducible system. *The Plant*
15 *Journal*, 32: 669-683.

Sabatini, S., Heidstra, R., Wildwater, M. & Scheres, B. (2003)
SCARECROW is involved in positioning the stem cell niche in the
arabidopsis root meristem. *Genes & Development*, 17:354-358.

Saeed AI, Sharov V, White J, Li J, Liang W, Bhagabati N,
20 Braisted J, Klapa M, Currier T, Thiagarajan M, Sturn A, Snuffin M,
Rezantsev A, Popov D, Ryltsov A, Kostukovich E, Borisovsky I, Liu Z,
Vinsavich A, Trush V, Quackenbush J. (2003). TM4: a free, open-source
system for microarray data management and analysis. *Biotechniques*
34(2):374-378.

25 Scheres B, Benfey PN. (1999). Asymmetric cell division in
plants. *Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol* 50:505-537.

Staswick, P.E., Tiryaki, I. & Rowe, M.L. (2002) Jasmonate
response locus JAR1 and several related Arabidopsis genes encode enzymes
of the firefly luciferase superfamily that show activity on jasmonic, salicylic,

and indole-3-acetic acids in an assay for adenylation. *Plant Cell*, 14: 1405-1415.

Takase, T., Nakazawa, M., Ishikawa, A., Kawashima, M., Ichikawa, T., Takahashi, N., Shimada, H., Manambe, K. & Matsui, M. (2004) *Ydk1-D*, an auxin-responsive GH3 mutant that is involved in hypocotyl and root elongation. *The Plant Journal*, 37: 471- 481.

, K., Kumagai, S., Muto, H., Sato, A., Watahiki, M.K., Harper, R.M., Liscum, E. and Yamamoto, K.T. (2004). MASSUGU2 encodes Aux/IAA19, an auxin-regulated protein that functions together with the transcriptional activator NPH4/ARF7 to regulate differential growth responses of hypocotyl and formation of lateral roots in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell* 16: 379-393.

Tian, Q. and Reed, J.W. (1999). Control of auxin-regulated root development by the *Arabidopsis thaliana* SHY2/IAA3 gene. *Development* 126: 711-721.

Twel D, Park SK, Lalanne E (1998). Asymmetric division and cell fate determination in developing pollen. *Trends Plant Sci* 3: 305-310

van den Berg, C., Willemsen, V., Hage, W., Weisbeek, P. & Scheres, B. (1995). Cell fate in the *Arabidopsis* root meristem determined by directional signalling. *Nature*. 378(6552): 62-65.

Vanneste, S., De Rybel, B., Beemster, G.T., Ljung, K., De Smet, I., Van Isterdael, G., Naudts, M., lida, R., Gruissem, W., Tasaka, M., Inze, D., Fukaki, H., and Beeckman, T. (2005) Cell cycle progression in the pericycle is not sufficient for SOLITARY ROOT/IAA14-mediated lateral root initiation in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell* 17: 3035-3050.

Wilmoth JC, Wang S, Tiwari SB, Joshi AD, Hagen G, Guilfoyle TJ, Alonso JM, Ecker JR, Reed JW. (2005). NPH4/ARF7 and ARF19 promote leaf expansion and auxin-induced lateral root formation. *Plant J*. 43(1):118-130.

Yang, M. & Sack, F.D. (1995) The too many mouths and four lips mutations affect stomatal production in Arabidopsis. *Plant Cell*, 7: 2227-2239.

5 Yang, X., Lee, S., So, J.H., Dharmasiri, S., Dharmasiri, N., Ge, L., Jensen, C., Hangarter, R., Hobbie, L. and Estelle, M. (2004). The IAA1 protein is encoded by AXR5 and is a substrate of SCFTIR1. *Plant J.* 40: 772-782.

LISTAGEM DE SEQUÊNCIA

<110> VIB vzw
Universiteit Gent

<120> **GENES ENVOLVIDOS EM DIVISÃO CELULAR ASSIMÉTRICA**

<130> TBE/Lat/V214

<150> EP05107830.1

<151> 2005-08-26

<160> 34

<170> PatentIn version 3.3

<210> 1

<211> 326

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At2g33720

<400> 1

Met Lys Met Pro Pro Pro Phe Ser Ala Ser Lys Thr Gln Tyr Leu Phe
1 5 10 15

His Asp Glu Ser Ser Glu Asn Ser Lys Lys Ser Leu Val Ser Thr Thr
20 25 30

Leu Ser Leu Ser Ser Cys Glu Asn Pro Asn Lys Arg Lys Met Asn Ser
35 40 45

Asp Glu Val Leu Asn Ile Ser Cys Ile Pro Arg Asp Tyr Lys Leu Thr
50 55 60

Gln Val Glu Arg Lys Ile Ala Arg Met Arg Asn Leu Ser Tyr Gln Glu
65 70 75 80

Lys Ala Glu Asp Glu Trp Tyr Gly Val Ser Thr Glu Leu Thr Leu Phe
85 90 95

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

Asp Met Ala Pro Asn Ser Val Ser Asn Thr His Cys Leu Leu Asp Thr
115 120 125

Glu Ser Pro Glu Asn Ala Glu Glu Ser Leu Val Ser Leu Asp Leu Cys
130 135 140

Phe Tyr Asp Lys Thr Trp Pro His Asp Pro Asn Val Ala Tyr Asn Lys
145 150 155 160

Pro Thr Ser Glu Glu Ala Ile Asn Leu Ala Trp Met Arg Thr Met Ser

165 170 175
 Lys Arg Ala Arg Lys Glu Glu Glu Lys Tyr Tyr Val Ser Thr Glu Leu
 180 185 190
 Thr Leu Leu Thr Val Ala Asp Pro Trp Thr Leu Lys Met Ala Met Thr
 195 200 205
 Lys Ser Ser Ile Gly Asn Leu Tyr Arg Leu Val Leu Lys Ala Ser Phe
 210 215 220
 Val Asp Ile His Ile Leu Arg Tyr Leu Pro Leu Asp Asp Gln Met Met
 225 230 235 240
 Val Lys Glu Asp Ser Gly Leu Ala Val Glu Val Tyr Asp His Asp Thr
 245 250 255
 Asp Ser Val His Asn Leu Ala Leu Lys Lys Trp Ala Lys Ser Ser Ser
 260 265 270
 Phe Val Leu Val Ser Gly Trp Arg Lys Cys Phe Val Asp Arg Arg Gly
 275 280 285
 Leu Gln Val Gly Asp Val Ile Gly Met Tyr Trp Asp Arg Ser Glu Ser
 290 295 300
 Lys Leu His Phe Cys Val Leu Ser Arg Ser Glu Thr Met Asp Ser Ala
 305 310 315 320
 Pro Leu Pro Pro Ser Pro
 325

<210> 2
 <211> 354
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At5g53290

<400> 2

Met Asp Glu Tyr Ile Asp Phe Arg Pro Leu Lys Tyr Thr Glu His Lys
 1 5 10 15
 Thr Ser Met Thr Lys Tyr Thr Lys Lys Ser Ser Glu Lys Leu Ser Gly
 20 25 30
 Gly Lys Ser Leu Lys Lys Val Ser Ile Cys Tyr Thr Asp Pro Asp Ala
 35 40 45
 Thr Asp Ser Ser Ser Asp Glu Asp Glu Glu Asp Phe Leu Phe Pro Arg
 50 55 60

Arg Arg Val Lys Arg Phe Val Asn Glu Ile Thr Val Glu Pro Ser Cys
 65 70 75 80
 Asn Asn Val Val Thr Gly Val Ser Met Lys Asp Arg Lys Arg Leu Ser
 85 90 95
 Ser Ser Ser Asp Glu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Ser Arg Gln Arg Pro
 100 105 110
 Asn Asn Lys Val Ser Val Ser Gly Gln Ile Lys Lys Phe Arg Gly Val
 115 120 125
 Arg Gln Arg Pro Trp Gly Lys Trp Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Glu
 130 135 140
 Gln Arg Arg Arg Ile Trp Leu Gly Thr Phe Glu Thr Ala Glu Glu Ala
 145 150 155 160
 Ala Val Val Tyr Asp Asn Ala Ala Ile Arg Leu Arg Gly Pro Asp Ala
 165 170 175
 Leu Thr Asn Phe Ser Ile Pro Pro Gln Glu Glu Glu Glu Glu Glu
 180 185 190
 Pro Glu Pro Val Ile Glu Glu Lys Pro Val Ile Met Thr Thr Pro Thr
 195 200 205
 Pro Thr Thr Ser Ser Ser Glu Ser Thr Glu Glu Asp Leu Gln His Leu
 210 215 220
 Ser Ser Pro Thr Ser Val Leu Asn His Arg Ser Glu Glu Ile Gln Gln
 225 230 235 240
 Val Gln Gln Pro Phe Lys Ser Ala Lys Pro Glu Pro Gly Val Ser Asn
 245 250 255
 Ala Pro Trp Trp His Thr Gly Phe Asn Thr Gly Leu Gly Glu Ser Asp
 260 265 270
 Asp Ser Phe Pro Leu Asp Thr Pro Phe Leu Asp Asn Tyr Phe Asn Glu
 275 280 285
 Ser Pro Pro Glu Met Ser Ile Phe Asp Gln Pro Met Asp Gln Ile Phe
 290 295 300
 Cys Glu Asn Asp Asp Ile Phe Asn Asp Met Leu Phe Leu Gly Gly Glu
 305 310 315 320
 Thr Met Asn Ile Glu Asp Glu Leu Thr Ser Ser Ser Ile Lys Asp Met
 325 330 335

Gly Ser Thr Phe Ser Asp Phe Asp Asp Ser Leu Ile Ser Asp Leu Leu
 340 345 350

Val Ala

<210> 3
 <211> 343
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At4g23750

<400> 3

Met Glu Ala Glu Lys Lys Met Val Leu Pro Arg Ile Lys Phe Thr Glu
 1 5 10 15

His Lys Thr Asn Thr Thr Thr Ile Val Ser Glu Leu Thr Asn Thr His
 20 25 30

Gln Thr Arg Ile Leu Arg Ile Ser Val Thr Asp Pro Asp Ala Thr Asp
 35 40 45

Ser Ser Ser Asp Asp Glu Glu Glu Glu His Gln Arg Phe Val Ser Lys
 50 55 60

Arg Arg Arg Val Lys Lys Phe Val Asn Glu Val Tyr Leu Asp Ser Gly
 65 70 75 80

Ala Val Val Thr Gly Ser Cys Gly Gln Met Glu Ser Lys Lys Arg Gln
 85 90 95

Lys Arg Ala Val Lys Ser Glu Ser Thr Val Ser Pro Val Val Ser Ala
 100 105 110

Thr Thr Thr Thr Thr Gly Glu Lys Lys Phe Arg Gly Val Arg Gln Arg
 115 120 125

Pro Trp Gly Lys Trp Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Leu Lys Arg Val
 130 135 140

Arg Leu Trp Leu Gly Thr Tyr Asn Thr Ala Glu Glu Ala Ala Met Val
 145 150 155 160

Tyr Asp Asn Ala Ala Ile Gln Leu Arg Gly Pro Asp Ala Leu Thr Asn
 165 170 175

Phe Ser Val Thr Pro Thr Thr Ala Thr Glu Lys Lys Ala Pro Pro Pro
 180 185 190

Ser Pro Val Lys Lys Lys Lys Lys Asn Asn Lys Ser Lys Lys Ser
 195 200 205
 Val Thr Ala Ser Ser Ser Ile Ser Arg Ser Ser Ser Asn Asp Cys Leu
 210 215 220
 Cys Ser Pro Val Ser Val Leu Arg Ser Pro Phe Ala Val Asp Glu Phe
 225 230 235 240
 Ser Gly Ile Ser Ser Ser Pro Val Ala Ala Val Val Val Lys Glu Glu
 245 250 255
 Pro Ser Met Thr Thr Val Ser Glu Thr Phe Ser Asp Phe Ser Ala Pro
 260 265 270
 Leu Phe Ser Asp Asp Asp Val Phe Asp Phe Arg Ser Ser Val Val Pro
 275 280 285
 Asp Tyr Leu Gly Gly Asp Leu Phe Gly Glu Asp Leu Phe Thr Ala Asp
 290 295 300
 Met Cys Thr Asp Met Asn Phe Gly Phe Asp Phe Gly Ser Gly Leu Ser
 305 310 315 320
 Ser Trp His Met Glu Asp His Phe Gln Asp Ile Gly Asp Leu Phe Gly
 325 330 335
 Ser Asp Pro Leu Leu Ala Val
 340

<210> 4
 <211> 348
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At5g18560

<400> 4

Met Ser Thr Ser Lys Thr Leu Asp His Asn Lys Pro Phe Glu Thr Ser
 1 5 10 15
 Gln Thr Gln Met Gly Phe Ala Leu Ile His Gln Asn Thr Ser Ala Asn
 20 25 30
 Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Gly Glu Arg Arg Gly Arg Arg Ser Lys
 35 40 45
 Gln Ala Glu Pro Gly Arg Phe Leu Gly Val Arg Arg Arg Pro Trp Gly
 50 55 60
 Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Thr Thr Lys Glu Arg His Trp

65					70					75				80	
Leu	Gly	Thr	Phe	Asp	Thr	Ala	His	Glu	Ala	Ala	Leu	Ala	Tyr	Asp	Arg
				85					90					95	
Ala	Ala	Leu	Ser	Met	Arg	Gly	Thr	Gln	Ala	Arg	Thr	Asn	Phe	Val	Tyr
			100					105					110		
Thr	Pro	Thr	Asp	Val	His	Thr	Ile	Leu	Thr	Asn	Pro	Asn	Leu	His	Ser
		115					120					125			
Leu	Ile	Val	Ser	Pro	Tyr	Asn	Asn	Asn	Gln	Ser	Phe	Leu	Pro	Asn	Ser
	130					135					140				
Ser	Pro	Gln	Phe	Val	Ile	Asp	His	His	Pro	His	Tyr	Gln	Asn	Tyr	His
145					150					155					160
Gln	Pro	Gln	Gln	Pro	Lys	His	Thr	Leu	Pro	Gln	Thr	Val	Leu	Pro	Ala
				165					170					175	
Ala	Ser	Phe	Lys	Thr	Pro	Val	Arg	His	Gln	Ser	Val	Asp	Ile	Gln	Ala
			180					185					190		
Phe	Gly	Asn	Ser	Pro	Gln	Asn	Ser	Ser	Ser	Asn	Gly	Ser	Leu	Ser	Ser
		195					200					205			
Ser	Leu	Asp	Glu	Glu	Asn	Asn	Phe	Phe	Phe	Ser	Leu	Thr	Ser	Glu	Glu
	210				215						220				
His	Asn	Lys	Ser	Asn	Asn	Asn	Ser	Gly	Tyr	Leu	Asp	Cys	Ile	Val	Pro
225				230						235					240
Asn	His	Cys	Leu	Lys	Pro	Pro	Pro	Glu	Ala	Thr	Thr	Thr	Gln	Asn	Gln
				245					250					255	
Ala	Gly	Ala	Ser	Phe	Thr	Thr	Pro	Val	Ala	Ser	Lys	Ala	Ser	Glu	Pro
			260					265					270		
Tyr	Gly	Gly	Phe	Ser	Asn	Ser	Tyr	Phe	Glu	Asp	Gly	Glu	Met	Met	Met
		275					280					285			
Met	Asn	His	His	Glu	Phe	Gly	Ser	Cys	Asp	Leu	Ser	Ala	Met	Ile	Thr
	290					295					300				
Asn	Tyr	Gly	Ala	Ala	Ala	Ala	Ser	Met	Ser	Met	Glu	Asp	Tyr	Gly	Met
305				310						315					320
Met	Glu	Pro	Gln	Asp	Leu	Ser	Ser	Ser	Ser	Ile	Ala	Ala	Phe	Gly	Asp
				325					330					335	
Val	Val	Ala	Asp	Thr	Thr	Gly	Phe	Tyr	Ser	Val	Phe				
			340					345							

<210> 5
 <211> 189
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At1g28360

<400> 5

Met Ala Ser Thr Thr Cys Ala Arg Glu Val His Tyr Arg Gly Val Arg
 1 5 10 15

Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Trp Lys
 20 25 30

Lys Thr Arg Val Trp Leu Gly Thr Phe Asp Thr Pro Glu Glu Ala Ala
 35 40 45

Leu Ala Tyr Asp Gly Ala Ala Arg Phe Leu Arg Gly Ile Lys Ala Lys
 50 55 60

Thr Asn Phe Pro Ser Pro Leu Ser Leu Asp Leu Asn His Leu Pro Ser
 65 70 75 80

Ala Pro Ser Ala Ala Thr Ala Ala Ala Asn Asn Gln Pro His Gln His
 85 90 95

Gln Gln Leu Trp Phe Ala Ala Pro Pro Pro Val Pro Pro Ser Ser Asp
 100 105 110

His His His Gln His His Arg Ile Phe Leu Arg Thr Gly Val Leu Asn
 115 120 125

Asp Lys Thr Ser Asp Tyr Ser Ser Thr Glu Ala Pro Leu Tyr Phe Thr
 130 135 140

Ser Ser Pro Asn Thr Ala Thr Ser Ser Pro Gly Tyr Gln Val Val Gly
 145 150 155 160

Phe Pro Met Met Asn Ser Ser Pro Ser Pro Val Thr Val Arg Arg Gly
 165 170 175

Leu Ala Ile Asp Leu Asn Glu Pro Pro Pro Leu Trp Leu
 180 185

<210> 6
 <211> 566
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At5g10510

<400> 6

Met Glu Met Leu Arg Ser Ser Asp Gln Ser Gln Phe Val Ser Tyr Asp
 1 5 10 15

Ala Ser Ser Ala Ala Ser Ser Ser Pro Tyr Leu Leu Asp Asn Phe Tyr
 20 25 30

Gly Trp Ser Asn Gln Lys Pro Gln Glu Phe Phe Lys Glu Glu Ala Gln
 35 40 45

Leu Ala Ala Ala Ala Ser Met Ala Asp Ser Thr Ile Leu Thr Thr Phe
 50 55 60

Val Asp Pro Gln Ser His His Ser Gln Asn His Ile Pro Lys Leu Glu
 65 70 75 80

Asp Phe Leu Gly Asp Ser Ser Ser Ile Val Arg Tyr Ser Asp Asn Ser
 85 90 95

Gln Thr Asp Thr Gln Asp Ser Ser Leu Thr Gln Ile Tyr Asp Pro Arg
 100 105 110

His His His Asn Gln Thr Gly Phe Tyr Ser Asp His His Asp Phe Lys
 115 120 125

Thr Met Ala Gly Phe Gln Ser Ala Phe Ser Thr Asn Ser Gly Ser Glu
 130 135 140

Val Asp Asp Ser Ala Ser Ile Gly Arg Thr His Leu Ala Gly Asp Tyr
 145 150 155 160

Leu Gly His Val Val Glu Ser Ser Gly Pro Glu Leu Gly Phe His Gly
 165 170 175

Gly Ser Thr Gly Ala Leu Ser Leu Gly Val Asn Val Asn Asn Asn Thr
 180 185 190

Asn His Arg Asn Asp Asn Asp Asn His Tyr Arg Gly Asn Asn Asn Gly
 195 200 205

Glu Arg Ile Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asp Asn Glu Lys Thr Asp Ser
 210 215 220

Glu Lys Glu Lys Ala Val Val Ala Val Glu Thr Ser Asp Cys Ser Asn
 225 230 235 240

Lys Lys Ile Ala Asp Thr Phe Gly Gln Arg Thr Ser Ile Tyr Arg Gly
 245 250 255

Val Thr Arg His Arg Trp Thr Gly Arg Tyr Glu Ala His Leu Trp Asp
 260 265 270
 Asn Ser Cys Arg Arg Glu Gly Gln Ala Arg Lys Gly Arg Gln Gly Gly
 275 280 285
 Tyr Asp Lys Glu Asp Lys Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Leu Ala Ala Leu
 290 295 300
 Lys Tyr Trp Asn Ala Thr Ala Thr Thr Asn Phe Pro Ile Thr Asn Tyr
 305 310 315 320
 Ser Lys Glu Val Glu Glu Met Lys His Met Thr Lys Gln Glu Phe Ile
 325 330 335
 Ala Ser Leu Arg Arg Lys Ser Ser Gly Phe Ser Arg Gly Ala Ser Ile
 340 345 350
 Tyr Arg Gly Val Thr Arg His His Gln Gln Gly Arg Trp Gln Ala Arg
 355 360 365
 Ile Gly Arg Val Ala Gly Asn Lys Asp Leu Tyr Leu Gly Thr Phe Ala
 370 375 380
 Thr Glu Glu Glu Ala Ala Glu Ala Tyr Asp Ile Ala Ala Ile Lys Phe
 385 390 395 400
 Arg Gly Ile Asn Ala Val Thr Asn Phe Glu Met Asn Arg Tyr Asp Val
 405 410 415
 Glu Ala Ile Met Lys Ser Ala Leu Pro Ile Gly Gly Ala Ala Lys Arg
 420 425 430
 Leu Lys Leu Ser Leu Glu Ala Ala Ala Ser Ser Glu Gln Lys Pro Ile
 435 440 445
 Leu Gly His His Gln Leu His His Phe Gln Gln Gln Gln Gln Gln
 450 455 460
 Gln Leu Gln Leu Gln Ser Ser Pro Asn His Ser Ser Ile Asn Phe Ala
 465 470 475 480
 Leu Cys Pro Asn Ser Ala Val Gln Ser Gln Gln Ile Ile Pro Cys Gly
 485 490 495
 Ile Pro Phe Glu Ala Ala Ala Leu Tyr His His His Gln Gln Gln Gln
 500 505 510
 Gln His Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Asn Phe Phe Gln His Phe Pro
 515 520 525
 Ala Asn Ala Ala Ser Asp Ser Thr Gly Ser Asn Asn Asn Ser Asn Val

530 535 540
 Gln Gly Thr Met Gly Leu Met Ala Pro Asn Pro Ala Glu Phe Phe Leu
 545 550 555 560

 Trp Pro Asn Gln Ser Tyr
 565

 <210> 7
 <211> 555
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At5g57390

 <400> 7
 Met Lys Asn Asn Asn Asn Lys Ser Ser Ser Ser Ser Ser Tyr Asp Ser
 1 5 10 15

 Ser Leu Ser Pro Ser Ser Ser Ser Ser Ser His Gln Asn Trp Leu Ser
 20 25 30

 Phe Ser Leu Ser Asn Asn Asn Asn Phe Asn Ser Ser Ser Asn Pro
 35 40 45

 Asn Leu Thr Ser Ser Thr Ser Asp His His His Pro His Pro Ser His
 50 55 60

 Leu Ser Leu Phe Gln Ala Phe Ser Thr Ser Pro Val Glu Arg Gln Asp
 65 70 75 80

 Gly Ser Pro Gly Val Ser Pro Ser Asp Ala Thr Ala Val Leu Ser Val
 85 90

 Tyr Pro Gly Gly Pro Lys Leu Glu Asn Phe Leu Gly Gly Gly Ala Ser
 100 105 110

 Thr Thr Thr Thr Arg Pro Met Gln Gln Val Gln Ser Leu Gly Gly Val
 115 120 125

 Val Phe Ser Ser Asp Leu Gln Pro Pro Leu His Pro Pro Ser Ala Ala
 130 135 140

 Glu Ile Tyr Asp Ser Glu Leu Lys Ser Ile Ala Ala Ser Phe Leu Gly
 145 150 155 160

 Asn Tyr Ser Gly Gly His Ser Ser Glu Val Ser Ser Val His Lys Gln
 165 170 175

 Gln Pro Asn Pro Leu Ala Val Ser Glu Ala Ser Pro Thr Pro Lys Lys
 180 185 190

Asn Val Glu Ser Phe Gly Gln Arg Thr Ser Ile Tyr Arg Gly Val Thr
 195 200 205
 Arg His Arg Trp Thr Gly Arg Tyr Glu Ala His Leu Trp Asp Asn Ser
 210 215 220
 Cys Arg Arg Glu Gly Gln Ser Arg Lys Gly Arg Gln Gly Gly Tyr Asp
 225 230 235 240
 Lys Glu Asp Lys Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Leu Ala Ala Leu Lys Tyr
 245 250 255
 Trp Gly Pro Thr Thr Thr Thr Asn Phe Pro Ile Ser Asn Tyr Glu Ser
 260 265 270
 Glu Leu Glu Glu Met Lys His Met Thr Arg Gln Glu Phe Val Ala Ser
 275 280 285
 Leu Arg Arg Lys Ser Ser Gly Phe Ser Arg Gly Ala Ser Met Tyr Arg
 290 295 300
 Gly Val Thr Arg His His Gln His Gly Arg Trp Gln Ala Arg Ile Gly
 305 310 315 320
 Arg Val Ala Gly Asn Lys Asp Leu Tyr Leu Gly Thr Phe Ser Thr Gln
 325 330 335
 Glu Glu Ala Ala Glu Ala Tyr Asp Ile Ala Ala Ile Lys Phe Arg Gly
 340 345 350
 Leu Asn Ala Val Thr Asn Phe Asp Ile Ser Arg Tyr Asp Val Lys Ser
 355 360 365
 Ile Ala Ser Cys Asn Leu Pro Val Gly Gly Leu Met Pro Lys Pro Ser
 370 375 380
 Pro Ala Thr Ala Ala Ala Asp Lys Thr Val Asp Leu Ser Pro Ser Asp
 385 390 395 400
 Ser Pro Ser Leu Thr Thr Pro Ser Leu Thr Phe Asn Val Ala Thr Pro
 405 410 415
 Val Asn Asp His Gly Gly Thr Phe Tyr His Thr Gly Ile Pro Ile Lys
 420 425 430
 Pro Asp Pro Ala Asp His Tyr Trp Ser Asn Ile Phe Gly Phe Gln Ala
 435 440 445
 Asn Pro Lys Ala Glu Met Arg Pro Leu Ala Asn Phe Gly Ser Asp Leu
 450 455 460

His Asn Pro Ser Pro Gly Tyr Ala Ile Met Pro Val Met Gln Glu Gly
465 470 475 480

Glu Asn Asn Phe Gly Gly Ser Phe Val Gly Ser Asp Gly Tyr Asn Asn
485 490 495

His Ser Ala Ala Ser Asn Pro Val Ser Ala Ile Pro Leu Ser Ser Thr
500 505 510

Thr Thr Met Ser Asn Gly Asn Glu Gly Tyr Gly Gly Asn Ile Asn Trp
515 520 525

Ile Asn Asn Asn Ile Ser Ser Ser Tyr Gln Thr Ala Lys Ser Asn Leu
530 535 540

Ser Val Leu His Thr Pro Val Phe Gly Leu Glu
545 550 555

<210> 8
<211> 246
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> At4g28640

<400> 8

Met Glu Gly Gly Ser Ala Ser Gly Ser Ala Ser Ala Leu Ser Asn Asp
1 5 10 15

Glu Asn Leu Val Val Ser Cys Glu Asp Ser Ser Ser Pro Ile Gly Asn
20 25 30

Glu Leu Glu Leu Gly Leu Thr Leu Ser Leu Gly Arg Lys Gly Tyr Arg
35 40 45

Asp Cys Arg Val Tyr Ala Asp Asp Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser
50 55 60

Ser Leu Ser Arg Ala Ser Val Ile Ala Gly Ile Lys Arg Thr Ala Asp
65 70 75 80

Ser Met Ala Ala Thr Ser Gly Gln Val Val Gly Trp Pro Pro Ile Arg
85 90 95

Thr Tyr Arg Met Asn Ser Met Val Asn Gln Ala Lys Ala Ser Ala Thr
100 105 110

Glu Asp Pro Asn Leu Glu Ile Ser Gln Ala Val Asn Lys Asn Arg Ser
115 120 125

Asp Ser Thr Lys Met Arg Asn Ser Met Phe Val Lys Val Thr Met Asp
 130 135 140

Gly Ile Pro Ile Gly Arg Lys Ile Asp Leu Asn Ala His Lys Cys Tyr
 145 150 155 160

Glu Ser Leu Ser Asn Thr Leu Glu Glu Met Phe Leu Lys Pro Lys Leu
 165 170 175

Gly Ser Arg Thr Leu Glu Thr Asp Gly His Met Glu Thr Pro Val Lys
 180 185 190

Ile Leu Pro Asp Gly Ser Ser Gly Leu Val Leu Thr Tyr Glu Asp Lys
 195 200 205

Glu Gly Asp Trp Met Leu Val Gly Asp Val Pro Trp Gly Met Phe Ile
 210 215 220

Gly Ser Val Arg Arg Leu Arg Ile Met Lys Thr Ser Glu Ala Thr Gly
 225 230 235 240

Lys Ala Gln Met Ile Leu
 245

<210> 9
 <211> 251
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At4g32280

<400> 9

Met Glu Leu Asp Leu Gly Leu Ser Leu Ser Pro His Lys Ser Ser Lys
 1 5 10 15

Leu Gly Phe Asn Phe Asp Leu Asn Lys His Cys Ala Ile Glu Gly Ala
 20 25 30

Ala Ser Cys Leu Gly Thr Glu Lys Leu Arg Phe Glu Ala Thr Phe Gly
 35 40 45

Leu Gly Asn Val Glu Glu Asn Cys Tyr Met Pro Lys Gln Arg Leu Phe
 50 55 60

Ala Leu Asn Gly Gln Pro Asn Glu Glu Asp Glu Asp Pro Leu Glu Ser
 65 70 75 80

Glu Ser Ser Ile Val Tyr Asp Asp Glu Glu Glu Asn Ser Glu Val Val
 85 90 95

Gly Trp Pro Pro Val Lys Thr Cys Met Ile Lys Tyr Gly Ser Tyr His

100 105 110
 His Arg His Ile Arg Asn His His His Cys Pro Tyr His His Arg Gly
 115 120 125
 Arg Arg Ile Thr Ala Met Asn Asn Asn Ile Ser Asn Pro Thr Thr Ala
 130 135 140
 Thr Val Gly Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ile Ser Ser Arg Ser Ser Met
 145 150 155 160
 Tyr Val Lys Val Lys Met Asp Gly Val Ala Ile Ala Arg Lys Val Asp
 165 170 175
 Ile Lys Leu Phe Asn Ser Tyr Glu Ser Leu Thr Asn Ser Leu Ile Thr
 180 185 190
 Met Phe Thr Glu Tyr Glu Asp Cys Asp Arg Glu Asp Thr Asn Tyr Thr
 195 200 205
 Phe Thr Phe Gln Gly Lys Glu Gly Asp Trp Leu Leu Arg Gly Asp Val
 210 215 220
 Thr Trp Lys Ile Phe Ala Glu Ser Val His Arg Ile Ser Ile Ile Arg
 225 230 235 240
 Asp Arg Pro Cys Ala Tyr Thr Arg Cys Leu Phe
 245 250

<210> 10
 <211> 172
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At3g62100

<400> 10

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

Gly Ser Phe Tyr Val₈₅ Lys Val Asn Met Glu₉₀ Gly Val Pro Ile Gly₉₅ Arg

Lys Ile Asp Leu₁₀₀ Leu Ser Leu Asn Gly₁₀₅ Tyr His Asp Leu Ile₁₁₀ Thr Thr

Leu Asp Tyr₁₁₅ Met Phe Asn Ala Ser₁₂₀ Ile Leu Trp Ala Glu₁₂₅ Glu Glu Asp

Met Cys₁₃₀ Ser Glu Lys Ser His₁₃₅ Val Leu Thr Tyr Ala₁₄₀ Asp Lys Glu Gly

Asp Trp Met Met Val Gly₁₅₀ Asp Val Pro Trp Glu₁₅₅ Met Phe Leu Ser Ser₁₆₀

Val Arg Arg Leu Lys₁₆₅ Ile Ser Arg Ala Tyr₁₇₀ His Tyr

<210> 11
 <211> 186
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At5g43700

<400> 11

Met Glu Lys Val₅ Asp Val Tyr Asp Glu₁₀ Leu Val Asn Leu Lys Ala₁₅ Thr

Glu Leu Arg Leu₂₀ Gly Leu Pro Gly₂₅ Thr Glu Glu Thr Val₃₀ Ser Cys Gly

Lys Ser Asn₃₅ Lys Arg Val Leu₄₀ Pro Glu Ala Thr Glu₄₅ Lys Glu Ile Glu

Ser Thr Gly₅₀ Lys Thr Glu₅₅ Thr Ala Ser Pro Pro₆₀ Lys Ala Gln Ile Val

Gly Trp Pro Pro Val₇₀ Arg Ser Tyr Arg Lys₇₅ Asn Asn Val Gln Thr Lys₈₀

Lys Ser Glu Ser₈₅ Glu Gly Gln Gly Asn Tyr₉₀ Val Lys Val Ser Met₉₅ Asp

Gly Ala Pro Tyr₁₀₀ Leu Arg Lys Ile Asp₁₀₅ Leu Thr Met Tyr Lys₁₁₀ Gln Tyr

Pro Glu Leu₁₁₅ Met Lys Ser Leu Glu₁₂₀ Asn Met Phe Lys Phe₁₂₅ Ser Val Gly

Glu Tyr Phe Glu Arg Glu Gly Tyr Lys Gly Ser Asp Phe Val Pro Thr
130 135 140

Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp Met Leu Val Gly Asp Val Pro Trp
145 150 155 160

Glu Met Phe Val Ser Ser Cys Lys Arg Leu Arg Ile Met Lys Gly Ser
165 170 175

Glu Val Lys Gly Leu Gly Cys Gly Gly Leu
180 185

<210> 12
<211> 788
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> At5g60450

<400> 12

Met Glu Phe Asp Leu Asn Thr Glu Ile Ala Glu Val Glu Glu Glu Glu
1 5 10 15

Asn Asp Asp Val Gly Val Gly Val Gly Gly Gly Thr Arg Ile Asp Lys
20 25 30

Gly Arg Leu Gly Ile Ser Pro Ser Ser Ser Ser Ser Cys Ser Ser Gly
35 40 45

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Gly Ser Ala Ser Ser Ile Tyr Ser
50 55 60

Glu Leu Trp His Ala Cys Ala Gly Pro Leu Thr Cys Leu Pro Lys Lys
65 70 75 80

Gly Asn Val Val Val Tyr Phe Pro Gln Gly His Leu Glu Gln Asp Ala
85 90 95

Met Val Ser Tyr Ser Ser Pro Leu Glu Ile Pro Lys Phe Asp Leu Asn
100 105 110

Pro Gln Ile Val Cys Arg Val Val Asn Val Gln Leu Leu Ala Asn Lys
115 120 125

Asp Thr Asp Glu Val Tyr Thr Gln Val Thr Leu Leu Pro Leu Gln Glu
130 135 140

Phe Ser Met Leu Asn Gly Glu Gly Lys Glu Val Lys Glu Leu Gly Gly
145 150 155 160

Glu Glu Glu Arg Asn Gly Ser Ser Ser Val Lys Arg Thr Pro His Met
 165 170 175
 Phe Cys Lys Thr Leu Thr Ala Ser Asp Thr Ser Thr His Gly Gly Phe
 180 185 190
 Ser Val Pro Arg Arg Ala Ala Glu Asp Cys Phe Ala Pro Leu Asp Tyr
 195 200 205
 Lys Gln Gln Arg Pro Ser Gln Glu Leu Ile Ala Lys Asp Leu His Gly
 210 215 220
 Val Glu Trp Lys Phe Arg His Ile Tyr Arg Gly Gln Pro Arg Arg His
 225 230 235 240
 Leu Leu Thr Thr Gly Trp Ser Ile Phe Val Ser Gln Lys Asn Leu Val
 245 250 255
 Ser Gly Asp Ala Val Leu Phe Leu Arg Asp Glu Gly Gly Glu Leu Arg
 260 265 270
 Leu Gly Ile Arg Arg Ala Ala Arg Pro Arg Asn Gly Leu Pro Asp Ser
 275 280 285
 Ile Ile Glu Lys Asn Ser Cys Ser Asn Ile Leu Ser Leu Val Ala Asn
 290 295 300
 Ala Val Ser Thr Lys Ser Met Phe His Val Phe Tyr Ser Pro Arg Ala
 305 310 315 320
 Thr His Ala Glu Phe Val Ile Pro Tyr Glu Lys Tyr Ile Thr Ser Ile
 325 330 335
 Arg Ser Pro Val Cys Ile Gly Thr Arg Phe Arg Met Arg Phe Glu Met
 340 345 350
 Asp Asp Ser Pro Glu Arg Arg Cys Ala Gly Val Val Thr Gly Val Cys
 355 360 365
 Asp Leu Asp Pro Tyr Arg Trp Pro Asn Ser Lys Trp Arg Cys Leu Leu
 370 375 380
 Val Arg Trp Asp Glu Ser Phe Val Ser Asp His Gln Glu Arg Val Ser
 385 390 395 400
 Pro Trp Glu Ile Asp Pro Ser Val Ser Leu Pro His Leu Ser Ile Gln
 405 410 415
 Ser Ser Pro Arg Pro Lys Arg Pro Trp Ala Gly Leu Leu Asp Thr Thr
 420 425 430
 Pro Pro Gly Asn Pro Ile Thr Lys Arg Gly Gly Phe Leu Asp Phe Glu

435	440	445
Glu Ser Val Arg Pro Ser Lys Val Leu Gln Gly Gln Glu Asn Ile Gly		
450	455	460
Ser Ala Ser Pro Ser Gln Gly Phe Asp Val Met Asn Arg Arg Ile Leu		
465	470	475
Asp Phe Ala Met Gln Ser His Ala Asn Pro Val Leu Val Ser Ser Arg		
485	490	495
Val Lys Asp Arg Phe Gly Glu Phe Val Asp Ala Thr Gly Val Asn Pro		
500	505	510
Ala Cys Ser Gly Val Met Asp Leu Asp Arg Phe Pro Arg Val Leu Gln		
515	520	525
Gly Gln Glu Ile Cys Ser Leu Lys Ser Phe Pro Gln Phe Ala Gly Phe		
530	535	540
Ser Pro Ala Ala Ala Pro Asn Pro Phe Ala Tyr Gln Ala Asn Lys Ser		
545	550	555
Ser Tyr Tyr Pro Leu Ala Leu His Gly Ile Arg Ser Thr His Val Pro		
565	570	575
Tyr Gln Asn Pro Tyr Asn Ala Gly Asn Gln Ser Ser Gly Pro Pro Ser		
580	585	590
Arg Ala Ile Asn Phe Gly Glu Glu Thr Arg Lys Phe Asp Ala Gln Asn		
595	600	605
Glu Gly Gly Leu Pro Asn Asn Val Thr Ala Asp Leu Pro Phe Lys Ile		
610	615	620
Asp Met Met Gly Lys Gln Lys Gly Ser Glu Leu Asn Met Asn Ala Ser		
625	630	635
Ser Gly Cys Lys Leu Phe Gly Phe Ser Leu Pro Val Glu Thr Pro Ala		
645	650	655
Ser Lys Pro Gln Ser Ser Ser Lys Arg Ile Cys Thr Lys Val His Lys		
660	665	670
Gln Gly Ser Gln Val Gly Arg Ala Ile Asp Leu Ser Arg Leu Asn Gly		
675	680	685
Tyr Asp Asp Leu Leu Met Glu Leu Glu Arg Leu Phe Asn Met Glu Gly		
690	695	700
Leu Leu Arg Asp Pro Glu Lys Gly Trp Arg Ile Leu Tyr Thr Asp Ser		
705	710	715
		720

Glu Asn Asp Met Met Val Val Gly Asp Asp Pro Trp His Asp Phe Cys
725 730 735

Asn Val Val Trp Lys Ile His Leu Tyr Thr Lys Glu Glu Val Glu Asn
740 745 750

Ala Asn Asp Asp Asn Lys Ser Cys Leu Glu Gln Ala Ala Leu Met Met
755 760 765

Glu Ala Ser Lys Ser Ser Ser Val Ser Gln Pro Asp Ser Ser Pro Thr
770 775 780

Ile Thr Arg Val
785

<210> 13
<211> 294
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> At4g00940

<400> 13

Met Asp His His Gln Tyr His His His Asp Gln Tyr Gln His Gln Met
1 5 10 15

Met Thr Ser Thr Asn Asn Asn Ser Tyr Asn Thr Ile Val Thr Thr Gln
20 25 30

Pro Pro Pro Thr Thr Thr Thr Met Asp Ser Thr Thr Ala Thr Thr Met
35 40 45

Ile Met Asp Asp Glu Lys Lys Leu Met Thr Thr Met Ser Thr Arg Pro
50 55 60

Gln Glu Pro Arg Asn Cys Pro Arg Cys Asn Ser Ser Asn Thr Lys Phe
65 70 75 80

Cys Tyr Tyr Asn Asn Tyr Ser Leu Ala Gln Pro Arg Tyr Leu Cys Lys
85 90 95

Ser Cys Arg Arg Tyr Trp Thr Glu Gly Gly Ser Leu Arg Asn Val Pro
100 105 110

Val Gly Gly Gly Ser Arg Lys Asn Lys Lys Leu Pro Phe Pro Asn Ser
115 120 125

Ser Thr Ser Ser Ser Thr Lys Asn Leu Pro Asp Leu Asn Pro Pro Phe
130 135 140

Val Phe Thr Ser Ser Ala Ser Ser Ser Asn Pro Ser Lys Thr His Gln
145 150 155 160

Asn Asn Asn Asp Leu Ser Leu Ser Phe Ser Ser Pro Met Gln Asp Lys
165 170 175

Arg Ala Gln Gly His Tyr Gly His Phe Ser Glu Gln Val Val Thr Gly
180 185 190

Gly Gln Asn Cys Leu Phe Gln Ala Pro Met Gly Met Ile Gln Phe Arg
195 200 205

Gln Glu Tyr Asp His Glu His Pro Lys Lys Asn Leu Gly Phe Ser Leu
210 215 220

Asp Arg Asn Glu Glu Glu Ile Gly Asn His Asp Asn Phe Val Val Asn
225 230 235 240

Glu Glu Gly Ser Lys Met Met Tyr Pro Tyr Gly Asp His Glu Asp Arg
245 250 255

Gln Gln His His His Val Arg His Asp Asp Gly Asn Lys Lys Arg Glu
260 265 270

Gly Gly Ser Ser Asn Glu Leu Trp Ser Gly Ile Ile Leu Gly Gly Asp
275 280 285

Ser Gly Gly Pro Thr Trp
290

<210> 14
<211> 444
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> At1g27050

<400> 14

Met Asp Glu Glu Asp Val Cys Glu Ser Tyr Met Met Arg Glu Ile Thr
1 5 10 15

Lys Lys Arg Lys Leu Thr Pro Ile Gln Leu Arg Leu Leu Glu Glu Ser
20 25 30

Phe Glu Glu Glu Lys Arg Leu Glu Pro Asp Arg Lys Leu Trp Leu Ala
35 40 45

Glu Lys Leu Gly Leu Gln Pro Ser Gln Val Ala Val Trp Phe Gln Asn
50 55 60

Arg Arg Ala Arg Tyr Lys Thr Lys Gln Leu Glu His Asp Cys Asp Ser
 65 70 75 80
 Leu Lys Ala Ser Tyr Ala Lys Leu Lys Thr Asp Trp Asp Ile Leu Phe
 85 90 95
 Val Gln Asn Gln Thr Leu Lys Ser Lys Val Gln Phe Leu Asn Arg Leu
 100 105 110
 Thr Ser His Tyr Phe Gln Glu Ser Val Gln Asn Phe Asp Asp Thr Phe
 115 120 125
 Lys Gln Val Asp Leu Leu Lys Glu Lys Leu Lys Met Gln Glu Asn Leu
 130 135 140
 Glu Thr Gln Ser Ile Glu Arg Lys Arg Leu Gly Glu Glu Gly Ser Ser
 145 150 155 160
 Val Lys Ser Asp Asn Thr Gln Tyr Ser Glu Glu Glu Gly Leu Glu Asn
 165 170 175
 Gln Tyr Ser Phe Pro Glu Leu Ala Val Leu Gly Phe Tyr Tyr Asp Pro
 180 185 190
 Thr Leu Thr Ala Ser Asn Leu Arg Gln Glu Pro Leu Lys Val Thr Cys
 195 200 205
 Ala Asp Gln Met Thr Gln Ile Gln Ile Ser Asp Val Thr Glu Pro Ala
 210 215 220
 Ser Ser Ala His Lys Lys Ile Glu Val Thr Gln Arg Ser Ser Ser Met
 225 230 235 240
 Ser Arg Lys Arg Asp Lys Pro Tyr Thr Asn Arg His Thr Pro Ala Arg
 245 250 255
 Ile Ser Lys Arg Arg Arg Pro Trp Ala Pro Ser Ser Ser Glu His Asp
 260 265 270
 Glu Ile Ile Asp Lys Pro Ile Thr Lys Pro Pro Pro Pro Pro Ala Leu
 275 280 285
 Val Val Met Gly Leu Pro Ala Asn Cys Ser Val Leu Glu Leu Lys Ser
 290 295 300
 Arg Phe Glu Ile Tyr Gly Ser Ile Ser Arg Ile Arg Ile His Lys Asp
 305 310 315 320
 Gly Ile Gly Ser Val Ser Tyr Arg Thr Ala Glu Ser Ala Glu Ala Ala
 325 330 335
 Ile Ala Gly Ser His Glu Pro Ser Phe Gly Ile Ser Ile Asp Ser Lys

340 345 350
 Lys Leu Glu Val Val Trp Ala Thr Asp Pro Leu Val Lys Trp Lys Glu
 355 360 365
 Gly Val Thr Ala Gly Glu Gly Lys Glu Arg Thr Ser Ser Phe Ser Ser
 370 375 380
 Lys Leu Leu Arg Pro Val Met Pro Leu Arg Lys His Gly Arg Ser Ser
 385 390 395 400
 Arg Leu Ala Ser Ala Ile Val Asn Pro Arg Ser Asp Asn Thr Lys Gly
 405 410 415
 Ile Ser Gly Asp Gly Gly Ile Ser Ser Pro Ala Thr Thr Ser Glu Val
 420 425 430
 Lys Gln Arg Asn Ile Val Thr Tyr Asp Asp Ile Val
 435 440
 <210> 15
 <211> 275
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At2g01430
 <400> 15
 Met Ile Lys Leu Leu Phe Thr Tyr Ile Cys Thr Tyr Thr Tyr Lys Leu
 1 5 10 15
 Tyr Ala Leu Tyr His Met Asp Tyr Ala Cys Val Cys Met Tyr Lys Tyr
 20 25 30
 Lys Gly Ile Val Thr Leu Gln Val Cys Leu Phe Tyr Ile Lys Leu Arg
 35 40 45
 Val Phe Leu Ser Asn Phe Thr Phe Ser Ser Ser Ile Leu Ala Leu Lys
 50 55 60
 Asn Pro Asn Asn Ser Leu Ile Lys Ile Met Ala Ile Leu Pro Glu Asn
 65 70 75 80
 Ser Ser Asn Leu Asp Leu Thr Ile Ser Val Pro Gly Phe Ser Ser Ser
 85 90 95
 Pro Leu Ser Asp Glu Gly Ser Gly Gly Gly Arg Asp Gln Leu Arg Leu
 100 105 110
 Asp Met Asn Arg Leu Pro Ser Ser Glu Asp Gly Asp Asp Glu Glu Phe
 115 120 125

Ser His Asp Asp Gly Ser Ala Pro Pro Arg Lys Lys Leu Arg Leu Thr
130 135 140

Arg Glu Gln Ser Arg Leu Leu Glu Asp Ser Phe Arg Gln Asn His Thr
145 150 155 160

Leu Asn Pro Lys Gln Lys Glu Val Leu Ala Lys His Leu Met Leu Arg
165 170 175

Pro Arg Gln Ile Glu Val Trp Phe Gln Asn Arg Arg Ala Arg Ser Lys
180 185 190

Leu Lys Gln Thr Glu Met Glu Cys Glu Tyr Leu Lys Arg Trp Phe Gly
195 200 205

Ser Leu Thr Glu Glu Asn His Arg Leu His Arg Glu Val Glu Glu Leu
210 215 220

Arg Ala Met Lys Val Gly Pro Thr Thr Val Asn Ser Ala Ser Ser Leu
225 230 235 240

Thr Met Cys Pro Arg Cys Glu Arg Val Thr Pro Ala Ala Ser Pro Ser
245 250 255

Arg Ala Val Val Pro Val Pro Ala Lys Lys Thr Phe Pro Pro Gln Glu
260 265 270

Arg Asp Arg
275

<210> 16
<211> 436
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> At1g14350

<400> 16

Met Glu Asp Thr Lys Lys Lys Lys Lys Lys Asn Ile Asn Asn Asn Gln
1 5 10 15

Asp Ser Lys Lys Lys Glu Arg His Ile Val Thr Trp Ser Gln Glu Glu
20 25 30

Asp Val Ile Leu Arg Glu Gln Ile Thr Leu His Gly Thr Glu Asn Trp
35 40 45

Ala Ile Ile Ala Ser Lys Phe Lys Asp Lys Ser Thr Arg Gln Cys Arg
50 55 60

Arg Arg Trp Tyr Thr Tyr Leu Asn Ser Asp Phe Lys Arg Gly Gly Trp
 65 70 75 80
 Ser Pro Glu Glu Asp Met Leu Leu Cys Glu Ala Gln Arg Val Phe Gly
 85 90 95
 Asn Arg Trp Thr Glu Ile Ala Lys Val Val Ser Gly Arg Thr Asp Asn
 100 105 110
 Ala Val Lys Asn Arg Phe Thr Thr Leu Cys Lys Lys Arg Ala Lys His
 115 120 125
 Glu Ala Met Thr Lys Asp Ser Asn Ser Asn Thr Lys Arg Met Leu Phe
 130 135 140
 Leu Asp Gly Ile Ser Thr Pro Arg Lys Ser Glu Asn Glu Thr Pro Ile
 145 150 155 160
 Ala Lys Lys Leu Lys Arg Ser His Ile Leu Asp Leu Thr Glu Ile Ser
 165 170 175
 Asn Tyr Gly Arg Ala Glu Ala Cys Val Asn Gln Gln Ile Arg Ser Pro
 180 185 190
 Phe Ser Val Leu Ala Arg Asn Ala Thr Gly Ile Asp Ser Leu Glu Glu
 195 200 205
 Gln Asn Gln Thr Ser Asn Val Asn Glu Ser Asp Gly Glu Gly Met Phe
 210 215 220
 Leu Lys Lys Asp Asp Pro Lys Val Thr Ala Leu Met Gln Gln Ala Glu
 225 230 235 240
 Leu Leu Ser Ser Leu Ala Gln Lys Val Asn Ala Asp Asn Thr Glu Gln
 245 250 255
 Ser Met Glu Asn Ala Trp Lys Val Leu Gln Asp Phe Leu Asn Lys Gly
 260 265 270
 Lys Glu Asn Asp Leu Phe Arg Tyr Gly Ile Pro Asp Ile Asp Phe Lys
 275 280 285
 Ile Glu Glu Phe Lys Asp Leu Ile Glu Asp Leu Arg Ser Gly Tyr Glu
 290 295 300
 Asp Asn Gln Leu Ser Trp Arg Gln Pro Asp Leu His Asp Ser Pro Ala
 305 310 315 320
 Ser Ser Glu Tyr Ser Ser Gly Ser Thr Ile Met Val Asp Gln Ser Gly
 325 330 335

Asp Lys Thr Gln Pro Phe Ser Ala Asp Thr Gln Thr Glu His Lys Gln
340 345 350

Val Gly Glu Glu Leu Leu Val Pro Lys Asn Pro Asp Glu Asn Met Pro
355 360 365

Ile Ser Gly Glu Glu Lys Phe Ser Ser Pro Ile Gln Val Thr Pro Leu
370 375 380

Phe Arg Ser Leu Ala Asp Gly Ile Pro Ser Pro Gln Phe Ser Glu Ser
385 390 395 400

Glu Arg Ser Phe Leu Leu Lys Thr Leu Gly Ile Glu Ser Ser Ser Pro
405 410 415

Cys Pro Ser Ala Asn Pro Ser Lys Pro Pro Pro Cys Lys Arg Val Leu
420 425 430

Leu His Ser Leu
435

<210> 17
<211> 352
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> At1g18570

<400> 17

Met Val Arg Thr Pro Cys Cys Lys Ala Glu Leu Gly Leu Lys Lys Gly
1 5 10 15

Ala Trp Thr Pro Glu Glu Asp Gln Lys Leu Leu Ser Tyr Leu Asn Arg
20 25 30

His Gly Glu Gly Gly Trp Arg Thr Leu Pro Glu Lys Ala Gly Leu Lys
35 40 45

Arg Cys Gly Lys Ser Cys Arg Leu Arg Trp Ala Asn Tyr Leu Arg Pro
50 55 60

Asp Ile Lys Arg Gly Glu Phe Thr Glu Asp Glu Glu Arg Ser Ile Ile
65 70 75 80

Ser Leu His Ala Leu His Gly Asn Lys Trp Ser Ala Ile Ala Arg Gly
85 90 95

Leu Pro Gly Arg Thr Asp Asn Glu Ile Lys Asn Tyr Trp Asn Thr His
100 105 110

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

115	120	125
Gly Ile Thr Ser Gly Thr Asp Lys Ser Glu Asn Leu Pro Glu Lys Gln 130 135 140		
Asn Val Asn Leu Thr Thr Ser Asp His Asp Leu Asp Asn Asp Lys Ala 145 150 155 160		
Lys Lys Asn Asn Lys Asn Phe Gly Leu Ser Ser Ala Ser Phe Leu Asn 165 170 175		
Lys Val Ala Asn Arg Phe Gly Lys Arg Ile Asn Gln Ser Val Leu Ser 180 185 190		
Glu Ile Ile Gly Ser Gly Gly Pro Leu Ala Ser Thr Ser His Thr Thr 195 200 205		
Asn Thr Thr Thr Thr Ser Val Ser Val Asp Ser Glu Ser Val Lys Ser 210 215 220		
Thr Ser Ser Ser Phe Ala Pro Thr Ser Asn Leu Leu Cys His Gly Thr 225 230 235 240		
Val Ala Thr Thr Pro Val Ser Ser Asn Phe Asp Val Asp Gly Asn Val 245 250 255		
Asn Leu Thr Cys Ser Ser Ser Thr Phe Ser Asp Ser Ser Val Asn Asn 260 265 270		
Pro Leu Met Tyr Cys Asp Asn Phe Val Gly Asn Asn Asn Val Asp Asp 275 280 285		
Glu Asp Thr Ile Gly Phe Ser Thr Phe Leu Asn Asp Glu Asp Phe Met 290 295 300		
Met Leu Glu Glu Ser Cys Val Glu Asn Thr Ala Phe Met Lys Glu Leu 305 310 315 320		
Thr Arg Phe Leu His Glu Asp Glu Asn Asp Val Val Asp Val Thr Pro 325 330 335		
Val Tyr Glu Arg Gln Asp Leu Phe Asp Glu Ile Asp Asn Tyr Phe Gly 340 345 350		

<210> 18
 <211> 337
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At2g47260

<400> 18

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

Phe Gln Gln Leu Val Gln Tyr His His Gln Gln Gln Gln Gln Glu Leu
275 280 285

Met Ser Cys Phe Gly Gly Val Asn Glu Tyr Leu Asn Ser His Ala Asn
290 295 300

Glu Tyr Gly Asp Asp Asn Arg Val Lys Lys Ser Arg Val Leu Val Lys
305 310 315 320

Asp Asn Gly Leu Leu Gln Asp Val Val Pro Ser His Met Leu Lys Glu
325 330 335

Glu

<210> 19
<211> 120
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> At5g26930

<400> 19

Met Asp Pro Arg Lys Leu Leu Ser Cys Ser Ser Ser Tyr Val Ser Val
1 5 10 15

Arg Met Lys Glu Glu Lys Gly Thr Ile Arg Cys Cys Ser Glu Cys Lys
20 25 30

Thr Thr Lys Thr Pro Met Trp Arg Gly Gly Pro Thr Gly Pro Lys Ser
35 40 45

Leu Cys Asn Ala Cys Gly Ile Arg His Arg Lys Gln Arg Arg Ser Glu
50 55 60

Leu Leu Gly Ile His Ile Ile Arg Ser His Lys Ser Leu Ala Ser Lys
65 70 75 80

Lys Ile Asn Leu Leu Ser Ser Ser His Gly Gly Val Ala Val Lys Lys
85 90 95

Arg Arg Ser Leu Lys Glu Glu Glu Gln Ala Ala Leu Cys Leu Leu Leu
100 105 110

Leu Ser Cys Ser Ser Val Leu Ala
115 120

<210> 20
<211> 1090
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At5G63950

<400> 20

Met Ala Glu Asn Thr Ala Ser His Arg Arg Lys Pro Arg Ser Leu Asn
1 5 10 15

Asp Arg His Tyr Ser Ile Leu Gln Asp Leu Ser Ala Pro Pro Arg Gln
20 25 30

Pro Pro Ser Ser Ser His Gly Glu Asp Glu Glu Thr Lys Lys Ser Met
35 40 45

Ile Lys Leu Ala Gly Arg Arg Arg Leu Cys Lys Ala Leu Pro Lys Glu
50 55 60

Asp Glu Ala Asp Gly Tyr Asp Asp Pro Asp Leu Val Asp Phe Tyr Ser
65 70 75 80

Pro Val Lys Gly Glu Thr Ser Leu Asp Ser Ala Gly Ile Gly Asn Lys
85 90 95

Phe Thr Ser Trp Asp Glu Ser Lys Glu Ala Asn Thr Glu Leu Ala Gly
100 105 110

Glu Pro Asn Phe Ser Ile Ile Thr Asp Phe Cys Ser Pro Ser Pro Gln
115 120 125

Leu Lys Gln Lys Glu Glu Met Gln Gly Asp Gly Gly Arg Asn Glu Ile
130 135 140

Met Gly Ile Leu Asp Asp Leu Thr Ser Lys Leu Gly Thr Met Ser Ile
145 150 155 160

Gln Lys Lys Lys Asp Ser Gln Ser Asn Asp Phe Asp Ala Cys Gly Val
165 170 175

Lys Ser Gln Val Asp Lys Phe Asp Phe Glu Asp Ala Lys Ser Ser Phe
180 185 190

Ser Leu Leu Ser Asp Leu Ser Lys Ser Ser Pro Asp Val Val Thr Thr
195 200 205

Tyr Asn Ala Gly Val Asn Ser Ile Lys Asp Lys Gln Gly Lys Ser Gly
210 215 220

Phe Ala Ile Arg Glu Glu Gln Thr Ser Lys Glu Phe Ser Arg Glu Trp
225 230 235 240

Glu Glu Arg Ile Ser Asn Val Gly Lys Gln Asn Ser Tyr Ser Gly Arg

				245						250					255
His	Phe	Asp	Asp	Asn	Ser	Glu	Asp	Asn	Arg	Gln	Gly	Tyr	Asn	Leu	Asp
			260					265					270		
Arg	Gly	Lys	Ser	Gln	Cys	Lys	Glu	Val	Asp	Gln	Ser	Met	Lys	Thr	Thr
		275					280					285			
Arg	His	Ile	Glu	Val	Ser	Glu	Lys	Ile	Arg	Thr	Val	Gly	Arg	Ser	Asn
	290					295					300				
Ala	Ala	Lys	Leu	Arg	Asp	Leu	Asp	Glu	Asp	Asp	Asp	Asp	Asp	Asp	Cys
305					310					315					320
Leu	Ile	Leu	Ser	Gly	Lys	Lys	Ala	Ala	Glu	Met	Lys	Ile	Asn	Lys	Pro
				325					330					335	
Ala	Arg	Ser	Tyr	Asn	Ala	Lys	Arg	His	Gly	Tyr	Asp	Glu	Arg	Ser	Leu
			340					345					350		
Glu	Asp	Glu	Gly	Ser	Ile	Thr	Leu	Thr	Gly	Leu	Asn	Leu	Ser	Tyr	Thr
		355					360					365			
Leu	Pro	Gly	Lys	Ile	Ala	Thr	Met	Leu	Tyr	Pro	His	Gln	Arg	Glu	Gly
	370					375					380				
Leu	Asn	Trp	Leu	Trp	Ser	Leu	His	Thr	Gln	Gly	Lys	Gly	Gly	Ile	Leu
385					390					395					400
Gly	Asp	Asp	Met	Gly	Leu	Gly	Lys	Thr	Met	Gln	Ile	Cys	Ser	Phe	Leu
				405					410					415	
Ala	Gly	Leu	Phe	His	Ser	Lys	Leu	Ile	Lys	Arg	Ala	Leu	Val	Val	Ala
			420					425					430		
Pro	Lys	Thr	Leu	Leu	Pro	His	Trp	Met	Lys	Glu	Leu	Ala	Thr	Val	Gly
		435					440					445			
Leu	Ser	Gln	Met	Thr	Arg	Glu	Tyr	Tyr	Gly	Thr	Ser	Thr	Lys	Ala	Arg
	450					455					460				
Glu	Tyr	Asp	Leu	His	His	Ile	Leu	Gln	Gly	Lys	Gly	Ile	Leu	Leu	Thr
465					470					475					480
Thr	Tyr	Asp	Ile	Val	Arg	Asn	Asn	Thr	Lys	Ala	Leu	Gln	Gly	Asp	Asp
				485					490					495	
His	Tyr	Thr	Asp	Glu	Asp	Asp	Glu	Asp	Gly	Asn	Lys	Trp	Asp	Tyr	Met
			500					505					510		
Ile	Leu	Asp	Glu	Gly	His	Leu	Ile	Lys	Asn	Pro	Asn	Thr	Gln	Arg	Ala
		515					520					525			

Lys Ser Leu Leu Glu Ile Pro Ser Ser His Arg Ile Ile Ile Ser Gly
 530 535 540
 Thr Pro Ile Gln Asn Asn Leu Lys Glu Leu Trp Ala Leu Phe Asn Phe
 545 550 555 560
 Ser Cys Pro Gly Leu Leu Gly Asp Lys Asn Trp Phe Lys Gln Asn Tyr
 565 570 575
 Glu His Tyr Ile Leu Arg Gly Thr Asp Lys Asn Ala Thr Asp Arg Glu
 580 585 590
 Gln Arg Ile Gly Ser Thr Val Ala Lys Asn Leu Arg Glu His Ile Gln
 595 600 605
 Pro Phe Phe Leu Arg Arg Leu Lys Ser Glu Val Phe Gly Asp Asp Gly
 610 615 620
 Ala Thr Ser Lys Leu Ser Lys Lys Asp Glu Ile Val Val Trp Leu Arg
 625 630 635 640
 Leu Thr Ala Cys Gln Arg Gln Leu Tyr Glu Ala Phe Leu Asn Ser Glu
 645 650 655
 Ile Val Leu Ser Ala Phe Asp Gly Ser Pro Leu Ala Ala Leu Thr Ile
 660 665 670
 Leu Lys Lys Ile Cys Asp His Pro Leu Leu Leu Thr Lys Arg Ala Ala
 675 680 685
 Glu Asp Val Leu Glu Gly Met Asp Ser Thr Leu Thr Gln Glu Glu Ala
 690 695 700
 Gly Val Ala Glu Arg Leu Ala Met His Ile Ala Asp Asn Val Asp Thr
 705 710 715 720
 Asp Asp Phe Gln Thr Lys Asn Asp Ser Ile Ser Cys Lys Leu Ser Phe
 725 730 735
 Ile Met Ser Leu Leu Glu Asn Leu Ile Pro Glu Gly His Arg Val Leu
 740 745 750
 Ile Phe Ser Gln Thr Arg Lys Met Leu Asn Leu Ile Gln Asp Ser Leu
 755 760 765
 Thr Ser Asn Gly Tyr Ser Phe Leu Arg Ile Asp Gly Thr Thr Lys Ala
 770 775 780
 Pro Asp Arg Leu Lys Thr Val Glu Glu Phe Gln Glu Gly His Val Ala
 785 790 795 800

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

Asn Met Pro Gln Val Ile Asp Leu Glu Glu Asp Ile Ser Arg Lys
 1070 1075 1080

Met Gln Lys Gly Leu Asn Leu
 1085 1090

<210> 21
 <211> 406
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At5G47440

<400> 21

Met Glu Gly Gly Phe Tyr Ser Asp Trp Asn Asp Ser Ser Ser Ser Leu
 1 5 10 15

Phe Gly Ser Glu Asn Pro Glu His Glu Leu Glu Glu Gly Asn Val Arg
 20 25 30

Ser Glu Glu Ile Val Ser Gln Ile Pro Gln Pro Gln Thr Pro Arg Glu
 35 40 45

Pro Met Lys Phe Leu Ser Arg Ser Trp Ser Leu Ser Ala Ser Glu Ile
 50 55 60

Ser Lys Ala Leu Ala Gln Lys Gln Arg Gln Gln Arg Asp Leu Phe Ser
 65 70 75 80

Val Ser Gln Asn Ser Pro Arg Gly Phe Phe Gln Asp Val Ala Ala Asp
 85 90 95

Pro Leu Met Ala Glu Asn Ile Met Asn Ser Ala Gly Thr Arg Arg Ser
 100 105 110

Gly Arg Leu Ser Lys Trp Phe His His Lys Gln His Thr Asn Pro Ser
 115 120 125

Thr Met Arg Ile Pro Arg Lys Lys Asp Lys Ala Arg Val Gln Lys Ala
 130 135 140

His Val His Ser Ala Val Ser Ile Ala Ala Leu Ala Ala Gly Leu Ala
 145 150 155 160

Ser Val Thr Ser Glu Glu Ser Cys Ser Lys Glu Ser Cys Ser Met Met
 165 170 175

Ala Leu Ala Leu Ala Ser Ala Thr Glu Leu Leu Ala Ser His Cys Ile
 180 185 190

Asp Met Ala Glu Gln Ala Gly Ala Asp His Thr Cys Val Ala Ser Thr

195 200 205
 Val Arg Ser Ser Val Asp Ile His Ser Pro Gly Asp Leu Met Thr Leu
 210 215 220
 Thr Ala Ala Ala Ala Thr Ala Leu Arg Gly Glu Ala Ala Leu Lys Val
 225 230 235 240
 Arg Gln Pro Lys Glu Ser Arg Lys Asn Ala Thr Ile Thr Pro Cys Glu
 245 250
 Arg Ser Phe Ser Asp Ser His Trp Pro Gly Glu Asn Cys Gln Phe Arg
 260 265 270
 Leu Glu Glu Pro Asn Leu Pro Leu Glu Gly Glu Leu Val Gln Cys Ala
 275 280 285
 Arg Asn Gly Leu Gln Arg Asn Lys Arg Val Cys Val Tyr Ile Asn Lys
 290 295 300
 Lys Ser Gln Val Met Ile Lys Leu Lys Ser Lys His Val Gly Gly Ala
 305 310 315 320
 Phe Ser Lys Lys Ile Lys Cys Val Val Tyr Gly Val Cys Asp Glu Ile
 325 330 335
 Ser Ala Trp Pro Cys Arg Lys Glu Arg Glu Asn Ser Glu Glu Val Tyr
 340 345 350
 Phe Gly Leu Lys Thr Gly Gln Gly Leu Leu Glu Phe Lys Cys Lys Ser
 355 360 365
 Lys Ile Gln Lys Gln Arg Trp Val Ala Gly Ile Gln Ser Asn Leu Arg
 370 375 380
 Leu Val Ser Cys Leu Glu Ala Ala Lys Cys Ser Leu Glu Ser Leu Ser
 385 390 395 400
 Leu Ser Asn Arg Met Arg
 405

<210> 22
 <211> 250
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At1G69530

<400> 22

Met Ala Leu Val Thr Phe Leu Phe Ile Ala Thr Leu Gly Ala Met Thr
 1 5 10 15

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

<210> 23
 <211> 365
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At4G32460

<400> 23

Met Lys Glu Met Gly Val Ile Val Leu Leu Leu His Ser Phe Phe
 1 5 10 15

Tyr Val Ala Phe Cys Phe Asn Asp Gly Leu Leu Pro Asn Gly Asp Phe
 20 25 30

Glu Leu Gly Pro Arg His Ser Asp Met Lys Gly Thr Gln Val Ile Asn
 35 40 45

Ile Thr Ala Ile Pro Asn Trp Glu Leu Ser Gly Phe Val Glu Tyr Ile
 50 55 60

Pro Ser Gly His Lys Gln Gly Asp Met Ile Leu Val Val Pro Lys Gly
 65 70 75 80

Ala Phe Ala Val Arg Leu Gly Asn Glu Ala Ser Ile Lys Gln Lys Ile
 85 90 95

Ser Val Lys Lys Gly Ser Tyr Tyr Ser Ile Thr Phe Ser Ala Ala Arg
 100 105 110

Thr Cys Ala Gln Asp Glu Arg Leu Asn Val Ser Val Ala Pro His His
 115 120 125

Ala Val Met Pro Ile Gln Thr Val Tyr Ser Ser Ser Gly Trp Asp Leu
 130 135 140

Tyr Ser Trp Ala Phe Lys Ala Gln Ser Asp Tyr Ala Asp Ile Val Ile
 145 150 155 160

His Asn Pro Gly Val Glu Glu Asp Pro Ala Cys Gly Pro Leu Ile Asp
 165 170 175

Gly Val Ala Met Arg Ala Leu Phe Pro Pro Arg Pro Thr Asn Lys Asn
 180 185 190

Ile Leu Lys Asn Gly Gly Phe Glu Glu Gly Pro Trp Val Leu Pro Asn
 195 200 205

Ile Ser Ser Gly Val Leu Ile Pro Pro Asn Ser Ile Asp Asp His Ser
 210 215 220

Pro Leu Pro Gly Trp Met Val Glu Ser Leu Lys Ala Val Lys Tyr Ile
 225 230 235 240

Asp Ser Asp His Phe Ser Val Pro Gln Gly Arg Arg Ala Val Glu Leu
 245 250 255

Val Ala Gly Lys Glu Ser Ala Val Ala Gln Val Val Arg Thr Ile Pro
260 265 270

Gly Lys Thr Tyr Val Leu Ser Phe Ser Val Gly Asp Ala Ser Asn Ala
275 280 285

Cys Ala Gly Ser Met Ile Val Glu Ala Phe Ala Gly Lys Asp Thr Ile
290 295 300

Lys Val Pro Tyr Glu Ser Lys Gly Lys Gly Gly Phe Lys Arg Ser Ser
305 310 315 320

Leu Arg Phe Val Ala Val Ser Ser Arg Thr Arg Val Met Phe Tyr Ser
325 330 335

Thr Phe Tyr Ala Met Arg Asn Asp Asp Phe Ser Ser Leu Cys Gly Pro
340 345 350

Val Ile Asp Asp Val Lys Leu Leu Ser Ala Arg Arg Pro
355 360 365

<210> 24
<211> 129
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> At5G67070

<400> 24

Met Ala Ala Ser Ser Leu Asn Leu Leu Leu Ile Leu Ser Leu Leu Thr
1 5 10 15

Phe Ile Ser Leu Gln Arg Ser Glu Ser Leu Ser Asp Asn Pro Ser Leu
20 25 30

Thr Leu Leu Pro Asp Gly Phe Asp Trp Pro Ile Ser His Ser Asp Glu
35 40 45

Phe Asp Ile Ile Asp Gly Glu Glu Ser Phe Glu Val Thr Glu Glu Asp
50 55 60

Asp Gly Val Thr Asp Arg Arg Ser Leu Tyr Trp Arg Arg Thr Lys Tyr
65 70 75 80

Tyr Ile Ser Tyr Gly Ala Leu Ser Ala Asn Arg Val Pro Cys Pro Pro
85 90 95

Arg Ser Gly Arg Ser Tyr Tyr Thr His Asn Cys Phe Arg Ala Arg Gly
100 105 110

Pro Val His Pro Tyr Ser Arg Gly Cys Ser Ser Ile Thr Arg Cys Arg

115

120

125

Arg

<210> 25
 <211> 418
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At4G13210

<400> 25

Met Val Val Ala Arg Thr Leu Phe Ser Ile Ser Ala Thr Leu Ile Ile
 1 5 10 15

Phe Leu Ala Leu Phe Leu His Val Asn Ala Leu Ser Asp Gly Glu Trp
 20 25 30

His Glu His Ala Val Lys Asp Pro Glu Glu Ile Ala Ala Met Val Asp
 35 40 45

Met Ser Ile Arg Asn Ser Thr Tyr Arg Arg Lys Leu Gly Phe Phe Ser
 50 55 60

Ser Cys Ser Thr Gly Asn Pro Ile Asp Asp Cys Trp Arg Cys Asp Lys
 65 70 75 80

Lys Trp His Arg Arg Arg Lys Arg Leu Ala Asp Cys Ala Ile Gly Phe
 85 90 95

Gly Arg Asn Ala Val Gly Gly Arg Asp Gly Arg Tyr Tyr Ile Val Thr
 100 105 110

Asp Pro Ser Asp His Asp Pro Val Thr Pro Lys Pro Gly Thr Leu Arg
 115 120 125

Tyr Ala Val Ile Gln Asp Glu Pro Leu Trp Ile Val Phe Lys Arg Asp
 130 135 140

Met Val Ile Thr Leu Ser Gln Glu Leu Ile Met Asn Ser Phe Lys Thr
 145 150 155 160

Ile Asp Gly Arg Gly Val Asn Val His Ile Ala Gly Gly Ala Cys Leu
 165 170 175

Thr Val Gln Tyr Val Thr Asn Ile Ile Ile His Gly Ile Asn Ile His
 180 185 190

Asp Cys Lys Arg Thr Gly Asn Ala Met Val Arg Ser Ser Glu Ser His
 195 200 205

Tyr Gly Trp Arg Thr Met Ala Asp Gly Asp Gly Ile Ser Ile Phe Gly
 210 215 220

Ser Ser His Ile Trp Ile Asp His Asn Ser Leu Ser Ser Cys Ala Asp
 225 230 235 240

Gly Leu Ile Asp Ala Ile Met Gly Ser Thr Ala Ile Thr Ile Ser Asn
 245 250 255

Asn Tyr Leu Thr His His Asn Glu Ala Ile Leu Leu Gly His Thr Asp
 260 265 270

Ser Tyr Thr Arg Asp Lys Met Met Gln Val Thr Ile Ala Tyr Asn His
 275 280 285

Phe Gly Glu Gly Leu Ile Gln Arg Met Pro Arg Cys Arg His Gly Tyr
 290 295 300

Phe His Val Val Asn Asn Asp Tyr Thr His Trp Glu Met Tyr Ala Ile
 305 310 315 320

Gly Gly Ser Ala Asn Pro Thr Ile Asn Ser Gln Gly Asn Arg Phe Leu
 325 330 335

Ala Pro Gly Asn Arg Phe Ala Lys Glu Val Thr Lys Arg Val Gly Ala
 340 345 350

Gly Lys Gly Glu Trp Asn Asn Trp Asn Trp Arg Ser Gln Gly Asp Leu
 355 360 365

Met Leu Asn Gly Ala Tyr Phe Thr Ser Ser Gly Ala Gly Ala Ser Ala
 370 375 380

Asn Tyr Ala Arg Ala Ser Ser Leu Ala Ala Lys Ser Ser Ser Leu Val
 385 390 395 400

Gly Met Leu Thr Ser Ser Ser Gly Ala Leu Lys Cys Arg Ile Gly Thr
 405 410 415

Leu Cys

<210> 26
 <211> 461
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At1G80370

<400> 26

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

Leu Gln Leu Leu Gly Ile Thr Cys Met Leu Ile Ala Ser Lys Tyr Glu
275 280 285

Glu Ile His Ala Pro Arg Ile Glu Glu Phe Cys Phe Ile Thr Asp Asn
290 295 300

Thr Tyr Thr Arg Asp Gln Val Leu Glu Met Glu Ser Gln Val Leu Lys
305 310 315 320

His Phe Ser Phe Gln Ile Tyr Thr Pro Thr Ser Lys Thr Phe Leu Arg
325 330 335

Arg Phe Leu Arg Ala Ala Gln Val Ser Phe Pro Asn Gln Ser Leu Glu
340 345 350

Met Glu Phe Leu Ala Asn Tyr Leu Thr Glu Leu Thr Leu Met Asp Tyr
355 360 365

Pro Phe Leu Lys Phe Leu Pro Ser Ile Ile Ala Ala Ser Ala Val Phe
370 375 380

Leu Ala Lys Trp Thr Leu Asn Gln Ser Ser His Pro Trp Asn Pro Thr
385 390 395 400

Leu Glu His Tyr Thr Thr Tyr Lys Ala Ser Asp Leu Lys Ala Ser Val
405 410 415

His Ala Leu Gln Asp Leu Gln Leu Asn Thr Lys Gly Cys Ser Leu Asn
420 425 430

Ser Ile Arg Met Lys Tyr Arg Gln Asp Lys Phe Lys Ser Val Ala Val
435 440 445

Phe Ser Ser Gly Glu Leu Pro Asp Lys Leu Phe Ile Ser
450 455 460

<210> 27

<211> 167

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At3G01070

<400> 27

Met Ala Arg Val Ala Val Leu Val Ala Gly Ala Val Leu Ala Phe Leu
1 5 10 15

Leu Ala Ala Thr Asn Val Thr Ala Lys Arg Trp Thr Val Gly Asp Asn
20 25 30

Lys Phe Trp Asn Pro Asn Ile Asn Tyr Thr Ile Trp Ala Gln Asp Lys

35 40 45
 His Phe Tyr Leu Asp Asp Trp Leu Tyr Phe Val Tyr Glu Arg Asn Gln
 50 55 60
 Tyr Asn Val Ile Glu Val Asn Glu Thr Asn Tyr Ile Ser Cys Asn Pro
 65 70 75 80
 Asn Asn Pro Ile Ala Asn Trp Ser Arg Gly Ala Gly Arg Asp Leu Val
 85 90 95
 His Leu Asn Val Thr Arg His Tyr Tyr Leu Ile Ser Gly Asn Gly Gly
 100 105 110
 Gly Cys Tyr Gly Gly Met Lys Leu Ala Val Leu Val Glu Lys Pro Pro
 115 120 125
 Pro Pro Pro Ala Ala Ala Pro Asn Lys Asn Ser Ala Arg Arg Thr Phe
 130 135 140
 Ser Val Ser Gly Phe Ala Tyr Gln Phe Leu Ile Pro Val Ala Val Phe
 145 150 155 160
 Ala Ala Val Gly Thr Arg Tyr
 165

<210> 28
 <211> 390
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At1G61580

<400> 28

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

Arg Gly Leu Arg Ser Leu Cys Thr Val Trp Ala Gln His Leu Ser Glu
 100 105 110
 Glu Leu Arg Arg Arg Phe Tyr Lys Asn Trp Ala Lys Ser Lys Lys Lys
 115 120 125
 Ala Phe Thr Arg Tyr Ser Lys Lys His Glu Thr Glu Glu Gly Lys Lys
 130 135 140
 Asp Ile Gln Ser Gln Leu Glu Lys Met Lys Lys Tyr Cys Ser Val Ile
 145 150 155 160
 Arg Val Leu Ala His Thr Gln Ile Arg Lys Met Lys Gly Leu Lys Gln
 165 170 175
 Lys Lys Ala His Leu Asn Glu Ile Gln Ile Asn Gly Gly Asp Ile Ala
 180 185 190
 Lys Lys Val Asp Tyr Ala Cys Ser Leu Phe Glu Lys Gln Val Pro Val
 195 200 205
 Asp Ala Ile Phe Gln Lys Asp Glu Met Ile Asp Ile Ile Gly Val Thr
 210 215 220
 Lys Gly Lys Gly Tyr Glu Gly Val Val Thr Arg Trp Gly Val Thr Arg
 225 230 235 240
 Leu Pro Arg Lys Thr His Arg Gly Leu Arg Lys Val Ala Cys Ile Gly
 245 250 255
 Ala Trp His Pro Ala Arg Val Ser Tyr Thr Val Ala Arg Ala Gly Gln
 260 265 270
 Asn Gly Tyr His His Arg Thr Glu Met Asn Lys Lys Val Tyr Arg Val
 275 280 285
 Gly Lys Val Gly Gln Glu Thr His Ser Ala Met Thr Glu Tyr Asp Arg
 290 295 300
 Thr Glu Lys Asp Ile Thr Pro Met Gly Gly Phe Pro His Tyr Gly Ile
 305 310 315 320
 Val Lys Glu Asp Tyr Leu Met Ile Lys Gly Cys Cys Val Gly Pro Lys
 325 330 335
 Lys Arg Val Val Thr Leu Arg Gln Thr Leu Leu Lys Gln Thr Ser Arg
 340 345 350
 Leu Ala Met Glu Glu Ile Lys Leu Lys Phe Ile Asp Ala Ala Ser Asn
 355 360 365

Gly Gly His Gly Arg Phe Gln Thr Ser Gln Glu Lys Ala Lys Phe Tyr
 370 375 380

Gly Arg Thr Ile Lys Ala
 385 390

<210> 29
 <211> 175
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At2G46990

<400> 29

Met Gly Arg Gly Arg Ser Ser Ser Ser Ser Ile Glu Ser Ser Ser
 1 5 10 15

Lys Ser Asn Pro Phe Gly Ala Ser Ser Ser Thr Arg Asn Leu Ser Thr
 20 25 30

Asp Leu Arg Leu Gly Leu Ser Phe Gly Thr Ser Ser Gly Thr Gln Tyr
 35 40 45

Phe Asn Gly Gly Tyr Gly Tyr Ser Val Ala Ala Pro Ala Val Glu Asp
 50 55 60

Ala Glu Tyr Val Ala Ala Val Glu Glu Glu Glu Glu Asn Glu Cys Asn
 65 70 75 80

Ser Val Gly Ser Phe Tyr Val Lys Val Asn Met Glu Gly Val Pro Ile
 85 90 95

Gly Arg Lys Ile Asp Leu Met Ser Leu Asn Gly Tyr Arg Asp Leu Ile
 100 105 110

Arg Thr Leu Asp Phe Met Phe Asn Ala Ser Ile Leu Trp Ala Glu Glu
 115 120 125

Glu Asp Met Cys Asn Glu Lys Ser His Val Leu Thr Tyr Ala Asp Lys
 130 135 140

Glu Gly Asp Trp Met Met Val Gly Asp Val Pro Trp Glu Met Phe Leu
 145 150 155 160

Ser Thr Val Arg Arg Leu Lys Ile Ser Arg Ala Asn Tyr His Tyr
 165 170 175

<210> 30
 <211> 716
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At4G02060

<400> 30

Met Lys Asp His Asp Phe Asp Gly Asp Lys Gly Leu Ala Lys Gly Phe
1 5 10 15

Leu Glu Asn Phe Ala Asp Ala Asn Gly Arg Ser Lys Tyr Met Glu Ile
20 25 30

Leu Gln Glu Val Ser Asn Arg Lys Ile Arg Ala Ile Gln Val Asp Leu
35 40 45

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

Leu Thr Glu Asn Thr Arg Arg Tyr Val Ser Ile Phe Ser Ala Ala Val
65 70 75 80

Asp Glu Leu Leu Pro Glu Pro Thr Glu Ala Phe Pro Asp Asp Asp His
85 90 95

Asp Ile Leu Met Thr Gln Arg Ala Asp Asp Gly Thr Asp Asn Pro Asp
100 105 110

Val Ser Asp Pro His Gln Gln Ile Pro Ser Glu Ile Lys Arg Tyr Tyr
115 120 125

Glu Val Tyr Phe Lys Ala Pro Ser Lys Gly Arg Pro Ser Thr Ile Arg
130 135 140

Glu Val Lys Ala Ser His Ile Gly Gln Leu Val Arg Ile Ser Gly Ile
145 150 155 160

Val Thr Arg Cys Ser Asp Val Lys Pro Leu Met Ala Val Ala Val Tyr
165 170 175

Thr Cys Glu Asp Cys Gly His Glu Ile Tyr Gln Glu Val Thr Ser Arg
180 185 190

Val Phe Met Pro Leu Phe Lys Cys Pro Ser Ser Arg Cys Arg Leu Asn
195 200 205

Ser Lys Ala Gly Asn Pro Ile Leu Gln Leu Arg Ala Ser Lys Phe Leu
210 215 220

Lys Phe Gln Glu Ala Lys Met Gln Glu Leu Ala Glu His Val Pro Lys
225 230 235 240

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

				245						250						255
Arg	Lys	Val	Ser	Pro	Gly	Asp	Val	Val	Glu	Phe	Ser	Gly	Ile	Phe	Leu	
			260					265					270			
Pro	Ile	Pro	Tyr	Thr	Gly	Phe	Lys	Ala	Leu	Arg	Ala	Gly	Leu	Val	Ala	
		275					280					285				
Asp	Thr	Tyr	Leu	Glu	Ala	Thr	Ser	Val	Thr	His	Phe	Lys	Lys	Lys	Tyr	
	290					295					300					
Glu	Glu	Tyr	Glu	Phe	Gln	Lys	Asp	Glu	Glu	Glu	Gln	Ile	Ala	Arg	Leu	
305					310					315					320	
Ala	Glu	Asp	Gly	Asp	Ile	Tyr	Asn	Lys	Leu	Ser	Arg	Ser	Leu	Ala	Pro	
				325					330					335		
Glu	Ile	Tyr	Gly	His	Glu	Asp	Ile	Lys	Lys	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Leu	
			340					345					350			
Val	Gly	Ala	Pro	His	Arg	Gln	Leu	Lys	Asp	Gly	Met	Lys	Ile	Arg	Gly	
		355					360					365				
Asp	Val	His	Ile	Cys	Leu	Met	Gly	Asp	Pro	Gly	Val	Ala	Lys	Ser	Gln	
	370					375					380					
Leu	Leu	Lys	His	Ile	Ile	Asn	Val	Ala	Pro	Arg	Gly	Val	Tyr	Thr	Thr	
385					390					395					400	
Gly	Lys	Gly	Ser	Ser	Gly	Val	Gly	Leu	Thr	Ala	Ala	Val	Met	Arg	Asp	
				405					410					415		
Gln	Val	Thr	Asn	Glu	Met	Val	Leu	Glu	Gly	Gly	Ala	Leu	Val	Leu	Ala	
			420					425					430			
Asp	Met	Gly	Ile	Cys	Ala	Ile	Asp	Glu	Phe	Asp	Lys	Met	Asp	Glu	Ser	
		435					440					445				
Asp	Arg	Thr	Ala	Ile	His	Glu	Val	Met	Glu	Gln	Gln	Thr	Val	Ser	Ile	
	450					455					460					
Ala	Lys	Ala	Gly	Ile	Thr	Thr	Ser	Leu	Asn	Ala	Arg	Thr	Ala	Val	Leu	
465					470					475					480	
Ala	Ala	Ala	Asn	Pro	Ala	Trp	Gly	Arg	Tyr	Asp	Leu	Arg	Arg	Thr	Pro	
				485					490					495		
Ala	Glu	Asn	Ile	Asn	Leu	Pro	Pro	Ala	Leu	Leu	Ser	Arg	Phe	Asp	Leu	
			500					505					510			
Leu	Trp	Leu	Ile	Leu	Asp	Arg	Ala	Asp	Met	Asp	Ser	Asp	Leu	Glu	Leu	
		515					520					525				

Ala Lys His Val Leu His Val His Gln Thr Glu Glu Ser Pro Ala Leu
530 535 540

Gly Phe Glu Pro Leu Glu Pro Asn Ile Leu Arg Ala Tyr Ile Ser Ala
545 550 555 560

Ala Arg Arg Leu Ser Pro Tyr Val Pro Ala Glu Leu Glu Glu Tyr Ile
565 570 575

Ala Thr Ala Tyr Ser Ser Ile Arg Gln Glu Glu Ala Lys Ser Asn Thr
580 585 590

Pro His Ser Tyr Thr Thr Val Arg Thr Leu Leu Ser Ile Leu Arg Ile
595 600 605

Ser Ala Ala Leu Ala Arg Leu Arg Phe Ser Glu Ser Val Ala Gln Ser
610 615 620

Asp Val Asp Glu Ala Leu Arg Leu Met Gln Met Ser Lys Ile Ser Leu
625 630 635 640

Tyr Ala Asp Asp Arg Gln Lys Ala Gly Leu Asp Ala Ile Ser Asp Thr
645 650 655

Tyr Ser Ile Ile Arg Asp Glu Ala Ala Arg Ser Lys Lys Thr His Val
660 665 670

Ser Tyr Ala Asn Ala Leu Asn Trp Ile Ser Arg Lys Gly Tyr Ser Glu
675 680 685

Ala Gln Leu Lys Glu Cys Leu Glu Glu Tyr Ala Ala Leu Asn Val Trp
690 695 700

Gln Ile Asp Pro His Thr Phe Asp Ile Arg Phe Ile
705 710 715

<210> 31
<211> 351
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> At2G33620

<400> 31

Met Ser Gly Ser Glu Thr Gly Leu Met Ala Ala Thr Arg Glu Ser Met
1 5 10 15

Gln Phe Thr Met Ala Leu His Gln Gln Gln Gln His Ser Gln Ala Gln
20 25 30

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

Pro Thr Gln Val Leu Met Thr Pro Ser Ser Pro Gln Ser Arg Gly Thr
305 310 315 320

Met Ser Glu Ser Ser Cys Gly Gly Gly His Gly Ser Pro Ile His Gln
325 330 335

Ser Thr Gly Gly Pro Tyr Asn Asn Thr Ile Asn Met Pro Trp Lys
340 345 350

<210> 32
<211> 1492
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> MISC_FEATURE
<223> At5G67100

<400> 32

Met Ser Gly Asp Asn Ser Thr Glu Thr Gly Arg Arg Arg Ser Arg Gly
1 5 10 15

Ala Glu Ala Ser Ser Arg Lys Asp Thr Leu Glu Arg Leu Lys Ala Ile
20 25 30

Arg Gln Gly Gly Ile Arg Ser Ala Ser Gly Gly Gly Tyr Asp Ile Arg
35 40 45

Leu Gln Lys Pro Ile Phe Asp Thr Val Asp Asp Glu Glu Tyr Asp Ala
50 55 60

Leu Val Ser Arg Arg Arg Glu Glu Ala Arg Gly Phe Val Val Glu Asp
65 70 75 80

Gly Glu Gly Gly Asp Leu Gly Tyr Leu Asp Glu Gly Glu Glu Glu Asp
85 90 95

Trp Ser Lys Pro Ser Gly Pro Glu Ser Thr Asp Glu Ser Asp Asp Gly
100 105 110

Gly Arg Phe Ser Gly Arg Leu Lys Lys Lys Lys Lys Gly Lys Glu Gln
115 120 125

Thr Gln Gln Pro Gln Val Lys Lys Val Asn Pro Ala Leu Lys Ala Ala
130 135 140

Ala Thr Ile Thr Gly Glu Gly Arg Leu Ser Ser Met Phe Thr Ser Ser
145 150 155 160

Ser Phe Lys Lys Val Lys Glu Thr Asp Lys Ala Gln Tyr Glu Gly Ile
165 170 175

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

180					185					190					
Lys	His	Thr	Arg	Arg	Lys	Leu	Pro	Gly	Thr	Val	Pro	Val	Thr	Ile	Phe
		195					200					205			
Lys	Asn	Lys	Lys	Leu	Phe	Ser	Val	Ala	Ser	Ser	Met	Gly	Met	Lys	Glu
	210					215					220				
Ser	Glu	Pro	Thr	Pro	Ser	Thr	Tyr	Glu	Gly	Asp	Ser	Val	Ser	Met	Asp
225					230					235					240
Asn	Glu	Leu	Met	Lys	Glu	Glu	Asp	Met	Lys	Glu	Ser	Glu	Val	Ile	Pro
				245					250					255	
Ser	Glu	Thr	Met	Glu	Leu	Leu	Gly	Ser	Asp	Ile	Val	Lys	Glu	Asp	Gly
			260					265					270		
Ser	Asn	Lys	Ile	Arg	Lys	Thr	Glu	Val	Lys	Ser	Glu	Leu	Gly	Val	Lys
		275					280					285			
Glu	Val	Phe	Thr	Leu	Asn	Ala	Thr	Ile	Asp	Met	Lys	Glu	Lys	Asp	Ser
	290					295					300				
Ala	Leu	Ser	Ala	Thr	Ala	Gly	Trp	Lys	Glu	Ala	Met	Gly	Lys	Val	Gly
305					310					315					320
Thr	Glu	Asn	Gly	Ala	Leu	Leu	Gly	Ser	Ser	Ser	Glu	Gly	Lys	Thr	Glu
				325					330					335	
Phe	Asp	Leu	Asp	Ala	Asp	Gly	Ser	Leu	Arg	Phe	Phe	Ile	Leu	Asp	Ala
			340					345					350		
Tyr	Glu	Glu	Ala	Phe	Gly	Ala	Ser	Met	Gly	Thr	Ile	Tyr	Leu	Phe	Gly
		355					360					365			
Lys	Val	Lys	Met	Gly	Asp	Thr	Tyr	Lys	Ser	Cys	Cys	Val	Val	Val	Lys
	370					375					380				
Asn	Ile	Gln	Arg	Cys	Val	Tyr	Ala	Ile	Pro	Asn	Asp	Ser	Ile	Phe	Pro
385					390					395					400
Ser	His	Glu	Leu	Ile	Met	Leu	Glu	Gln	Glu	Val	Lys	Asp	Ser	Arg	Leu
				405					410					415	
Ser	Pro	Glu	Ser	Phe	Arg	Gly	Lys	Leu	His	Glu	Met	Ala	Ser	Lys	Leu
			420					425					430		
Lys	Asn	Glu	Ile	Ala	Gln	Glu	Leu	Leu	Gln	Leu	Asn	Val	Ser	Asn	Phe
		435					440					445			
Ser	Met	Ala	Pro	Val	Lys	Arg	Asn	Tyr	Ala	Phe	Glu	Arg	Pro	Asp	Val
	450					455					460				

Pro Ala Gly Glu Gln Tyr Val Leu Lys Ile Asn Tyr Ser Phe Lys Asp
 465 470 475 480
 Arg Pro Leu Pro Glu Asp Leu Lys Gly Glu Ser Phe Ser Ala Leu Leu
 485 490 495
 Gly Ser His Thr Ser Ala Leu Glu His Phe Ile Leu Lys Arg Lys Ile
 500 505 510
 Met Gly Pro Cys Trp Leu Lys Ile Ser Ser Phe Ser Thr Cys Ser Pro
 515 520 525
 Ser Glu Gly Val Ser Trp Cys Lys Phe Glu Val Thr Val Gln Ser Pro
 530 535 540
 Lys Asp Ile Thr Ile Leu Val Ser Glu Glu Lys Val Val His Pro Pro
 545 550 555 560
 Ala Val Val Thr Ala Ile Asn Leu Lys Thr Ile Val Asn Glu Lys Gln
 565 570 575
 Asn Ile Ser Glu Ile Val Ser Ala Ser Val Leu Cys Phe His Asn Ala
 580 585 590
 Lys Ile Asp Val Pro Met Pro Ala Pro Glu Arg Lys Arg Ser Gly Ile
 595 600 605
 Leu Ser His Phe Thr Val Val Arg Asn Pro Glu Gly Thr Gly Tyr Pro
 610 615 620
 Ile Gly Trp Lys Lys Glu Val Ser Asp Arg Asn Ser Lys Asn Gly Cys
 625 630 635 640
 Asn Val Leu Ser Ile Glu Asn Ser Glu Arg Ala Leu Leu Asn Arg Leu
 645 650 655
 Phe Leu Glu Leu Asn Lys Leu Asp Ser Asp Ile Leu Val Gly His Asn
 660 665 670
 Ile Ser Gly Phe Asp Leu Asp Val Leu Leu Gln Arg Ala Gln Ala Cys
 675 680 685
 Lys Val Gln Ser Ser Met Trp Ser Lys Ile Gly Arg Leu Lys Arg Ser
 690 695 700
 Phe Met Pro Lys Leu Lys Gly Asn Ser Asn Tyr Gly Ser Gly Ala Thr
 705 710 715 720
 Pro Gly Leu Met Ser Cys Ile Ala Gly Arg Leu Leu Cys Asp Thr Asp
 725 730 735

Leu Cys Ser Arg Asp Leu Leu Lys Glu Val Ser Tyr Ser Leu Thr Asp
740 745 750

Leu Ser Lys Thr Gln Leu Asn Arg Asp Arg Lys Glu Ile Ala Pro Asn
755 760 765

Asp Ile Pro Lys Met Phe Gln Ser Ser Lys Thr Leu Val Glu Leu Ile
770 775 780

Glu Cys Gly Glu Thr Asp Ala Trp Leu Ser Met Glu Leu Met Phe His
785 790 795 800

Leu Ser Val Leu Pro Leu Thr Leu Gln Leu Thr Asn Ile Ser Gly Asn
805 810 815

Leu Trp Gly Lys Thr Leu Gln Gly Ala Arg Ala Gln Arg Ile Glu Tyr
820 825 830

Tyr Leu Leu His Thr Phe His Ser Lys Lys Phe Ile Leu Pro Asp Lys
835 840 845

Ile Ser Gln Arg Met Lys Glu Ile Lys Ser Ser Lys Arg Arg Met Asp
850 855 860

Tyr Ala Pro Glu Asp Arg Asn Val Asp Glu Leu Asp Ala Asp Leu Thr
865 870 875 880

Leu Glu Asn Asp Pro Ser Lys Gly Ser Lys Thr Lys Lys Gly Pro Ala
885 890 895

Tyr Ala Gly Gly Leu Val Leu Glu Pro Lys Arg Gly Leu Tyr Asp Lys
900 905 910

Tyr Val Leu Leu Leu Asp Phe Asn Ser Leu Tyr Pro Ser Ile Ile Gln
915 920 925

Glu Tyr Asn Ile Cys Phe Thr Thr Ile Pro Arg Ser Glu Asp Gly Val
930 935 940

Pro Arg Leu Pro Ser Ser Gln Thr Pro Gly Ile Leu Pro Lys Leu Met
945 950 955 960

Glu His Leu Val Ser Ile Arg Lys Ser Val Lys Leu Lys Met Lys Lys
965 970 975

Glu Thr Gly Leu Lys Tyr Trp Glu Leu Asp Ile Arg Gln Gln Ala Leu
980 985 990

Lys Leu Thr Ala Asn Ser Met Tyr Gly Cys Leu Gly Phe Ser Asn Ser
995 1000 1005

Arg Phe Tyr Ala Lys Pro Leu Ala Glu Leu Ile Thr Leu Gln Gly
 1010 1015 1020
 Arg Asp Ile Leu Gln Arg Thr Val Asp Leu Val Gln Asn His Leu
 1025 1030 1035
 Asn Leu Glu Val Ile Tyr Gly Asp Thr Asp Ser Ile Met Ile His
 1040 1045 1050
 Ser Gly Leu Asp Asp Ile Glu Glu Val Lys Ala Ile Lys Ser Lys
 1055 1060 1065
 Val Ile Gln Glu Val Asn Lys Lys Tyr Arg Cys Leu Lys Ile Asp
 1070 1075 1080
 Cys Asp Gly Ile Tyr Lys Arg Met Leu Leu Leu Arg Lys Lys Lys
 1085 1090 1095
 Tyr Ala Ala Val Lys Leu Gln Phe Lys Asp Gly Lys Pro Cys Glu
 1100 1105 1110
 Asp Ile Glu Arg Lys Gly Val Asp Met Val Arg Arg Asp Trp Ser
 1115 1120 1125
 Leu Leu Ser Lys Glu Ile Gly Asp Leu Cys Leu Ser Lys Ile Leu
 1130 1135 1140
 Tyr Gly Gly Ser Cys Glu Asp Val Val Glu Ala Ile His Asn Glu
 1145 1150 1155
 Leu Met Lys Ile Lys Glu Glu Met Arg Asn Gly Gln Val Ala Leu
 1160 1165 1170
 Glu Lys Tyr Val Ile Thr Lys Thr Leu Thr Lys Pro Pro Ala Ala
 1175 1180 1185
 Tyr Pro Asp Ser Lys Ser Gln Pro His Val Gln Val Ala Leu Arg
 1190 1195 1200
 Met Arg Gln Arg Gly Tyr Lys Glu Gly Phe Asn Ala Lys Asp Thr
 1205 1210 1215
 Val Pro Tyr Ile Ile Cys Tyr Glu Gln Gly Asn Ala Ser Ser Ala
 1220 1225 1230
 Ser Ser Ala Gly Ile Ala Glu Arg Ala Arg His Pro Asp Glu Val
 1235 1240 1245
 Lys Ser Glu Gly Ser Arg Trp Leu Val Asp Ile Asp Tyr Tyr Leu
 1250 1255 1260
 Ala Gln Gln Ile His Pro Val Val Ser Arg Leu Cys Ala Glu Ile

1265		1270		1275
Gln Gly Thr Ser Pro Glu Arg Leu Ala Glu Cys Leu Gly Leu Asp	1280	1285	1290	
Pro Ser Lys Tyr Arg Ser Lys Ser Asn Asp Ala Thr Ser Ser Asp	1295	1300	1305	
Pro Ser Thr Ser Leu Leu Phe Ala Thr Ser Asp Glu Glu Ser Lys	1310	1315	1320	
Lys Pro Ala Thr Pro Glu Thr Glu Glu Ser Asp Ser Thr Phe Trp	1325	1330	1335	
Leu Lys Leu His Cys Pro Lys Cys Gln Gln Glu Asp Ser Thr Gly	1340	1345	1350	
Ile Ile Ser Pro Ala Met Ile Ala Asn Gln Val Lys Arg Gln Ile	1355	1360	1365	
Asp Gly Phe Val Ser Met Tyr Tyr Lys Gly Ile Met Val Cys Glu	1370	1375	1380	
Asp Glu Ser Cys Lys His Thr Thr Arg Ser Pro Asn Phe Arg Leu	1385	1390	1395	
Leu Gly Glu Arg Glu Arg Gly Thr Val Cys Pro Asn Tyr Pro Asn	1400	1405	1410	
Cys Asn Gly Thr Leu Leu Arg Lys Tyr Thr Glu Ala Asp Leu Tyr	1415	1420	1425	
Lys Gln Leu Ser Tyr Phe Cys His Ile Leu Asp Thr Gln Cys Ser	1430	1435	1440	
Leu Glu Lys Met Asp Val Gly Val Arg Ile Gln Val Glu Lys Ala	1445	1450	1455	
Met Thr Lys Ile Arg Pro Ala Val Lys Ser Ala Ala Ala Ile Thr	1460	1465	1470	
Arg Ser Ser Arg Asp Arg Cys Ala Tyr Gly Trp Met Gln Leu Thr	1475	1480	1485	
Asp Ile Val Ile	1490			

<210> 33
 <211> 895
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At3G59420

<400> 33

Met Arg Met Phe Glu Thr Arg Ala Arg Glu Trp Ile Leu Leu Val Lys
 1 5 10 15

Leu Val Leu Phe Thr Ser Ile Trp Gln Leu Ala Ser Ala Leu Gly Ser
 20 25 30

Met Ser Ser Ile Ala Ile Ser Tyr Gly Glu Gly Gly Ser Val Phe Cys
 35 40 45

Gly Leu Lys Ser Asp Gly Ser His Leu Val Val Cys Tyr Gly Ser Asn
 50 55 60

Ser Ala Ile Leu Tyr Gly Thr Pro Gly His Leu Gln Phe Ile Gly Leu
 65 70 75 80

Thr Gly Gly Asp Gly Phe Met Cys Gly Leu Leu Met Leu Ser His Gln
 85 90 95

Pro Tyr Cys Trp Gly Asn Ser Ala Phe Ile Gln Met Gly Val Pro Gln
 100 105 110

Pro Met Thr Lys Gly Ala Glu Tyr Leu Glu Val Ser Ala Gly Asp Tyr
 115 120 125

His Leu Cys Gly Leu Arg Lys Pro Ile Val Gly Arg Arg Lys Asn Ser
 130 135 140

Asn Ile Ile Ser Ser Ser Leu Val Asp Cys Trp Gly Tyr Asn Met Thr
 145 150 155 160

Arg Asn Phe Val Phe Asp Lys Gln Leu His Ser Leu Ser Ala Gly Ser
 165 170 175

Glu Phe Asn Cys Ala Leu Ser Ser Lys Asp Lys Ser Val Phe Cys Trp
 180 185 190

Gly Asp Glu Asn Ser Ser Gln Val Ile Ser Leu Ile Pro Lys Glu Lys
 195 200 205

Lys Phe Gln Lys Ile Ala Ala Gly Gly Tyr His Val Cys Gly Ile Leu
 210 215 220

Asp Gly Leu Glu Ser Arg Val Leu Cys Trp Gly Lys Ser Leu Glu Phe
 225 230 235 240

Glu Glu Glu Val Thr Gly Thr Ser Thr Glu Glu Lys Ile Leu Asp Leu
 245 250 255

Pro Pro Lys Glu Pro Leu Leu Ala Val Val Gly Gly Lys Phe Tyr Ala
 260 265 270
 Cys Gly Ile Lys Arg Tyr Asp His Ser Ala Val Cys Trp Gly Phe Phe
 275 280 285
 Val Asn Arg Ser Thr Pro Ala Pro Thr Gly Ile Gly Phe Tyr Asp Leu
 290 295 300
 Ala Ala Gly Asn Tyr Phe Thr Cys Gly Val Leu Thr Gly Thr Ser Met
 305 310 315 320
 Ser Pro Val Cys Trp Gly Leu Gly Phe Pro Ala Ser Ile Pro Leu Ala
 325 330 335
 Val Ser Pro Gly Leu Cys Ile Asp Thr Pro Cys Pro Pro Gly Thr His
 340 345 350
 Glu Leu Ser Asn Gln Glu Asn Ser Pro Cys Lys Phe Thr Gly Ser His
 355 360 365
 Ile Cys Leu Pro Cys Ser Thr Ser Cys Pro Pro Gly Met Tyr Gln Lys
 370 375 380
 Ser Val Cys Thr Glu Arg Ser Asp Gln Val Cys Val Tyr Asn Cys Ser
 385 390 395 400
 Ser Cys Ser Ser His Asp Cys Ser Ser Asn Cys Ser Ser Ser Ala Thr
 405 410 415
 Ser Gly Gly Lys Glu Lys Gly Lys Phe Trp Ser Leu Gln Leu Pro Ile
 420 425 430
 Ala Thr Ala Glu Ile Gly Phe Ala Leu Phe Leu Val Ala Val Val Ser
 435 440 445
 Ile Thr Ala Ala Leu Tyr Ile Arg Tyr Arg Leu Arg Asn Cys Arg Cys
 450 455 460
 Ser Glu Asn Asp Thr Arg Ser Ser Lys Asp Ser Ala Phe Thr Lys Asp
 465 470 475 480
 Asn Gly Lys Ile Arg Pro Asp Leu Asp Glu Leu Gln Lys Arg Arg Arg
 485 490 495
 Ala Arg Val Phe Thr Tyr Glu Glu Leu Glu Lys Ala Ala Asp Gly Phe
 500 505 510
 Lys Glu Glu Ser Ile Val Gly Lys Gly Ser Phe Ser Cys Val Tyr Lys
 515 520 525

Gly Val Leu Arg Asp Gly Thr Thr Val Ala Val Lys Arg Ala Ile Met
 530 535 540
 Ser Ser Asp Lys Gln Lys Asn Ser Asn Glu Phe Arg Thr Glu Leu Asp
 545 550 555 560
 Leu Leu Ser Arg Leu Asn His Ala His Leu Leu Ser Leu Leu Gly Tyr
 565 570 575
 Cys Glu Glu Cys Gly Glu Arg Leu Leu Val Tyr Glu Phe Met Ala His
 580 585 590
 Gly Ser Leu His Asn His Leu His Gly Lys Asn Lys Ala Leu Lys Glu
 595 600 605
 Gln Leu Asp Trp Val Lys Arg Val Thr Ile Ala Val Gln Ala Ala Arg
 610 615 620
 Gly Ile Glu Tyr Leu His Gly Tyr Ala Cys Pro Pro Val Ile His Arg
 625 630 635 640
 Asp Ile Lys Ser Ser Asn Ile Leu Ile Asp Glu Glu His Asn Ala Arg
 645 650 655
 Val Ala Asp Phe Gly Leu Ser Leu Leu Gly Pro Val Asp Ser Gly Ser
 660 665 670
 Pro Leu Ala Glu Leu Pro Ala Gly Thr Leu Gly Tyr Leu Asp Pro Glu
 675 680 685
 Tyr Tyr Arg Leu His Tyr Leu Thr Thr Lys Ser Asp Val Tyr Ser Phe
 690 695 700
 Gly Val Leu Leu Leu Glu Ile Leu Ser Gly Arg Lys Ala Ile Asp Met
 705 710 715 720
 His Tyr Glu Glu Gly Asn Ile Val Glu Trp Ala Val Pro Leu Ile Lys
 725 730 735
 Ala Gly Asp Ile Asn Ala Leu Leu Asp Pro Val Leu Lys His Pro Ser
 740 745 750
 Glu Ile Glu Ala Leu Lys Arg Ile Val Ser Val Ala Cys Lys Cys Val
 755 760 765
 Arg Met Arg Gly Lys Asp Arg Pro Ser Met Asp Lys Val Thr Thr Ala
 770 775 780
 Leu Glu Arg Ala Leu Ala Gln Leu Met Gly Asn Pro Ser Ser Glu Gln
 785 790 795 800
 Pro Ile Leu Pro Thr Glu Val Val Leu Gly Ser Ser Arg Met His Lys

805 810 815
 Lys Ser Trp Arg Ile Gly Ser Lys Arg Ser Gly Ser Glu Asn Thr Glu
 820 825 830
 Phe Arg Gly Gly Ser Trp Ile Thr Phe Pro Ser Val Thr Ser Ser Gln
 835 840 845
 Arg Arg Lys Ser Ser Ala Ser Glu Gly Asp Val Ala Glu Glu Glu Asp
 850 855 860
 Glu Gly Arg Lys Gln Gln Glu Ala Leu Arg Ser Leu Glu Glu Glu Ile
 865 870 875 880
 Gly Pro Ala Ser Pro Gly Gln Ser Leu Phe Leu His His Asn Phe
 885 890 895

<210> 34
 <211> 451
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <223> At3G59430

<400> 34

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

Arg Ala Asp Ser Arg Leu Glu Asn Arg Met Arg Asp Val Asp Ser Gly
 145 150 155 160
 Asp Asn Pro Ser Ser Ser Phe Glu Phe His Val Ser Leu Glu Glu
 165 170 175
 Gly Ile Ser Leu Ser Val Asp Leu Asn Phe Asn Pro Ser Asp Trp Ile
 180 185 190
 Asn Ser Met Arg Asp Glu Val Asn Val Cys Asp Ser Met Arg Arg Arg
 195 200 205
 Lys Ser Pro His Ser Asp Leu Gly Ile Thr Glu Cys Lys Lys Gln Lys
 210 215 220
 Ser Ser Gly Gln Asp Thr Asp Gly His Val Arg Arg Glu Ser Ser Leu
 225 230 235 240
 Ser Pro Pro Met Lys Asp Asn Ala His Leu Pro Ser Asp His His Pro
 245 250 255
 Asn Gly Glu Arg Ser Leu Ala Ser Ser Ala Ile Glu Pro Cys Asn Arg
 260 265 270
 Ile Lys Glu Ser Ser Asp Thr Cys Lys Glu Lys Ser Gly Leu Asn Leu
 275 280 285
 Ser Ile Pro Asp Ser Ser Gly Pro Cys Gln Ile Ala Ser Ser Cys Val
 290 295 300
 Glu Ser Tyr Ser Lys Ser Cys Cys Val Asn Pro Val Asp Leu Asp Cys
 305 310 315 320
 Ile Ile Pro Pro Gly Lys Lys Leu Ala Ser Glu Ser Asp Met Val Ala
 325 330 335
 Ala Glu Gln Asn His Ser Ala Gly Asp Leu Leu Val Glu Ile Pro Lys
 340 345 350
 Asn Pro Ser Met Glu Ser Phe Gln Ile Val Gly Asn Ser Ser Thr Val
 355 360 365
 Ile Cys Pro Arg Gly Ala Gly Ser Glu Leu Ser Ser Ser Glu Ala Glu
 370 375 380
 Ala Tyr His Ser Asn Gln Pro Cys Ser Pro Arg Lys Thr Ser Arg Ser
 385 390 395 400
 Ser Thr Ile Ser Ser Pro Glu Phe Ile Ile Asp Arg Glu Ser Thr Ser
 405 410 415

Tyr Ser Glu Ser Phe Lys Phe Arg Cys Asn Gly Gly Lys Ser Leu Pro
 420 425 430

Pro Asn Thr Glu Glu Gln Glu Lys Ser Glu Val Leu Ser Glu Gln Ala
 435 440 445

Arg Ser Glu
 450

REIVINDICAÇÕES

1. Método para isolar genes envolvidos em divisão celular assimétrica, caracterizado pelo fato de que compreende:

(1) submeter as raízes de uma planta do tipo selvagem a um tratamento incluindo iniciação de raiz lateral em uma forma sincronizada; (2) submeter as raízes de um mutante não desenvolvendo raízes laterais por um defeito na sinalização de auxina a um tratamento induzindo a iniciação de raiz lateral no tipo selvagem em uma forma sincronizada; (3) identificar os genes que são induzidos em um tipo selvagem, mas não em mutante.

2. Método de acordo com a reivindicação 1, caracterizado pelo fato de que o dito mutante é slr-1.

3. Método de acordo com a reivindicação 1 ou 2, caracterizado pelo fato de que também compreende o uso de uma linhagem marcadora de periciclo de pólo de xilema, seguido por uma classificação celular.

4. Gene, caracterizado pelo fato de ser envolvido na divisão celular assimétrica, isolado com o método como definido em qualquer uma das reivindicações 1 a 3.

5. Gene de acordo com a reivindicação 4, caracterizado pelo fato de que a dita divisão celular assimétrica é formação de raiz lateral.

6. Gene de acordo com a reivindicação 5, caracterizado pelo fato de que a dita formação de raiz lateral é formação de raiz lateral precoce.

7. Gene envolvido na formação de raiz lateral precoce de acordo com a reivindicação 6, caracterizado pelo fato de que o dito gene codifica um fator de transcrição.

8. Gene envolvido na formação de raiz lateral precoce de acordo com a reivindicação 7, caracterizado pelo fato de que o dito fator de transcrição é selecionado do grupo que consiste de SEQ ID NO: 1 - SEQ ID NO: 19.

9. Fator de transcrição envolvido na formação de raiz lateral

precoce, caracterizado pelo fato de que o dito fator de transcrição é selecionado do grupo que consiste de SEQ ID NO: 1 - SEQ ID NO: 19.

5 10. Fator de transcrição de acordo com a reivindicação 9, caracterizado pelo fato de que o gene que codifica o fator de transcrição é isolado com o método como definido na reivindicação 1 ou 2.

11. Uso de um gene isolado com o método como definido na reivindicação 1 ou 2, caracterizado pelo fato de ser para modular a iniciação de raiz lateral precoce.

10 12. Uso de acordo com a reivindicação 11, caracterizado pelo fato de que o dito gene está codificando um fator de transcrição.

13. Uso de um gene de acordo com a reivindicação 11 ou 12, caracterizado pelo fato de que o dito gene está codificando uma proteína selecionada do grupo que consiste de SEQ ID NO: 1 - SEQ ID NO: 19, ou um seu homólogo.

15 14. Gene envolvido na divisão celular assimétrica, caracterizado pelo fato de ser isolado com o método como definido na reivindicação 3.

20 15. Gene envolvido na divisão celular assimétrica de acordo com a reivindicação 14, caracterizado pelo fato de compreender uma seqüência que codifica uma proteína selecionada do grupo que consiste de SEQ ID NO: 20 - SEQ ID NO: 34, ou um seu homólogo.

16. Uso de um gene de acordo com a reivindicação 14 ou 15, caracterizado pelo fato de ser para modular a formação de raiz lateral.

Figura 1

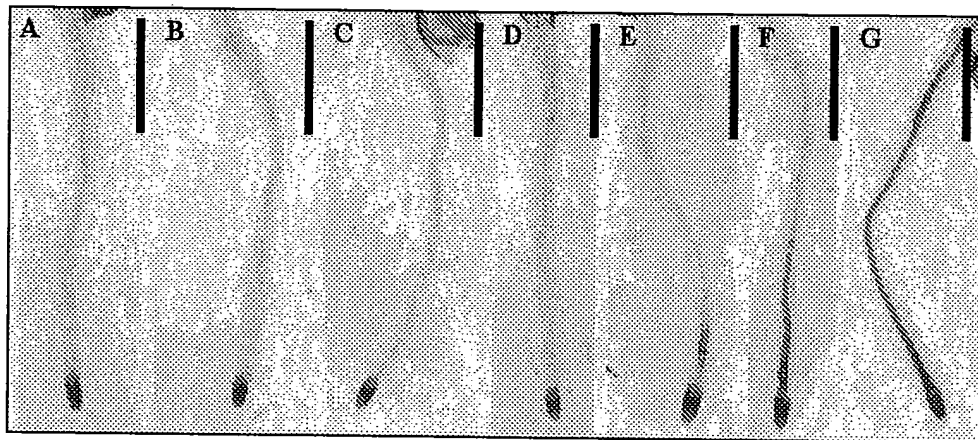


Figura 2

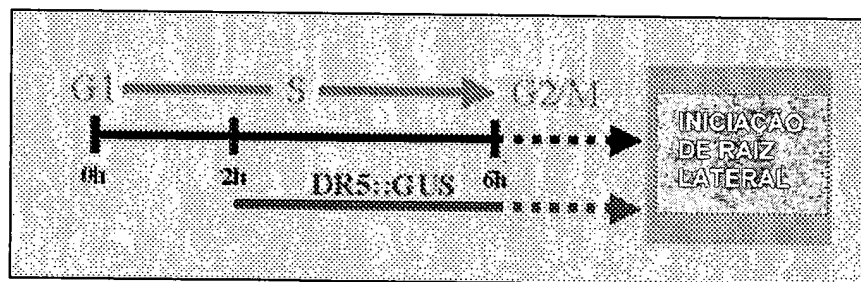


Figura 3

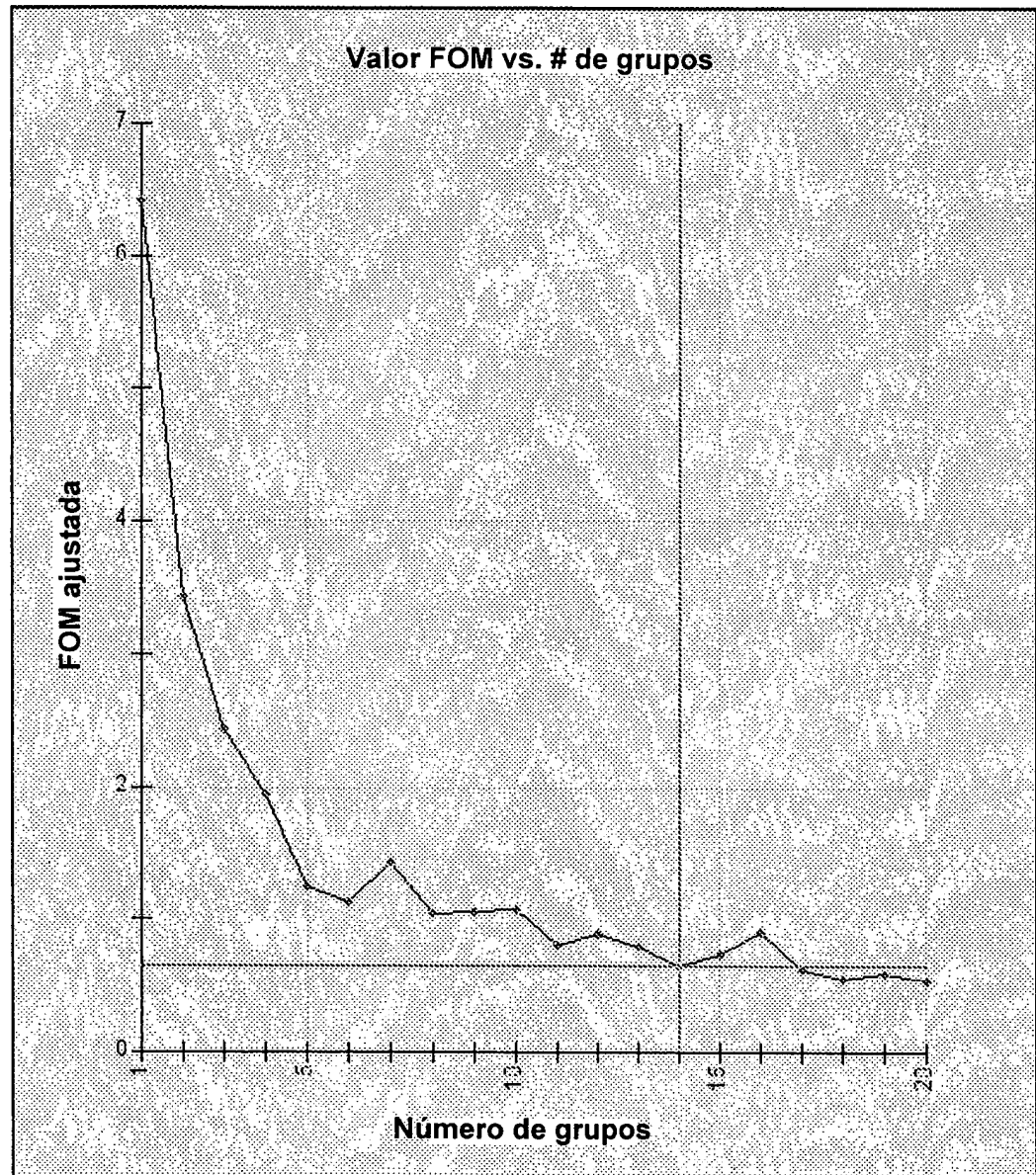


Figura 4

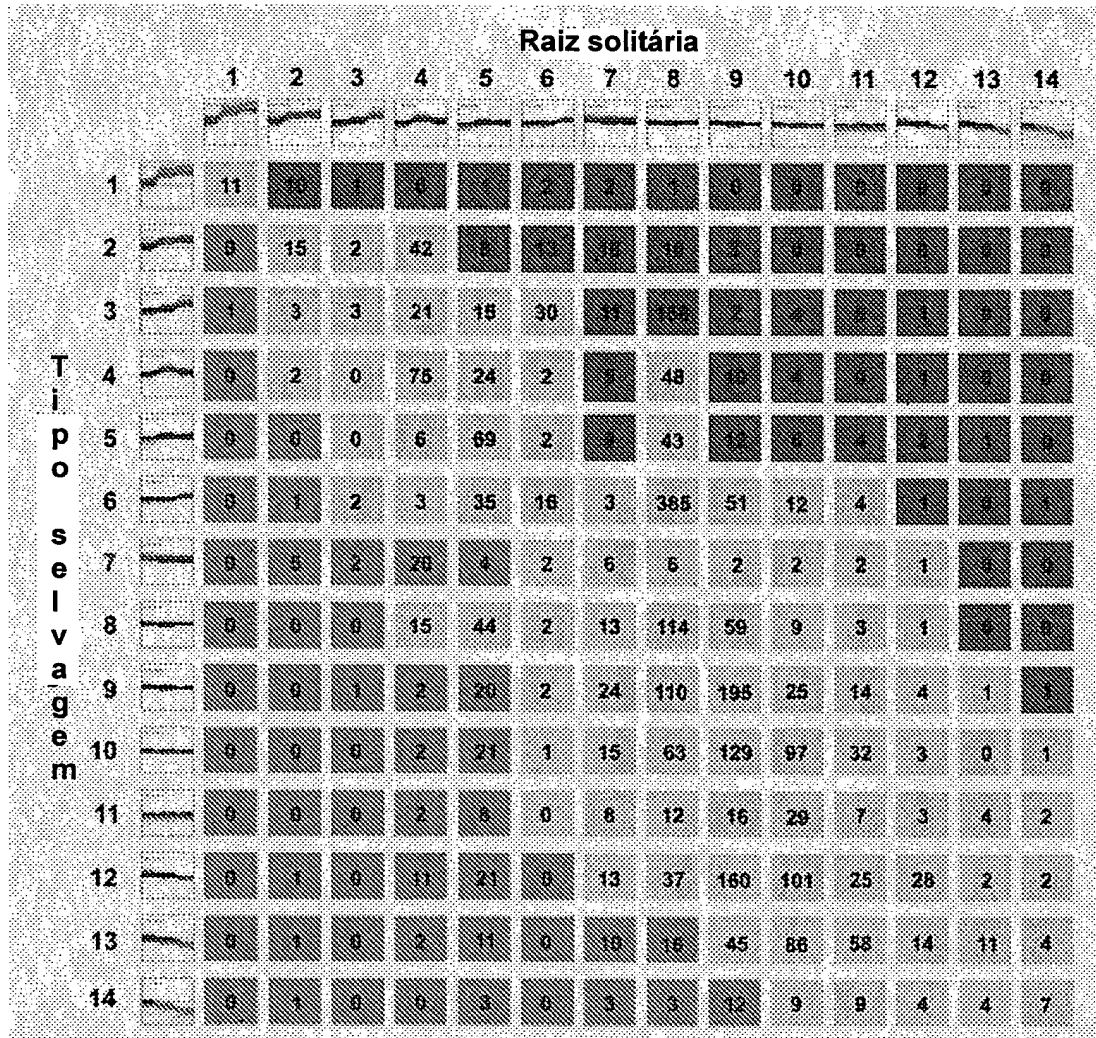


Figura 5

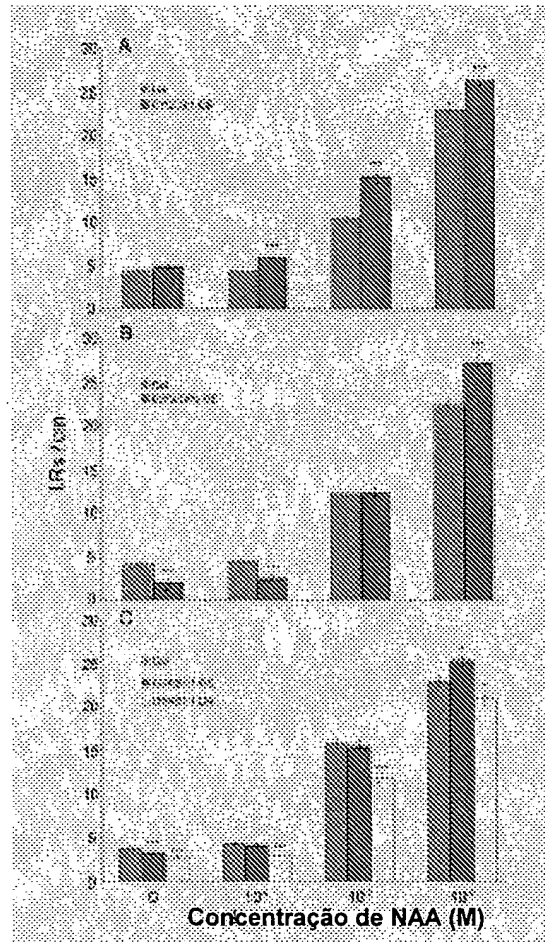


Figura 6

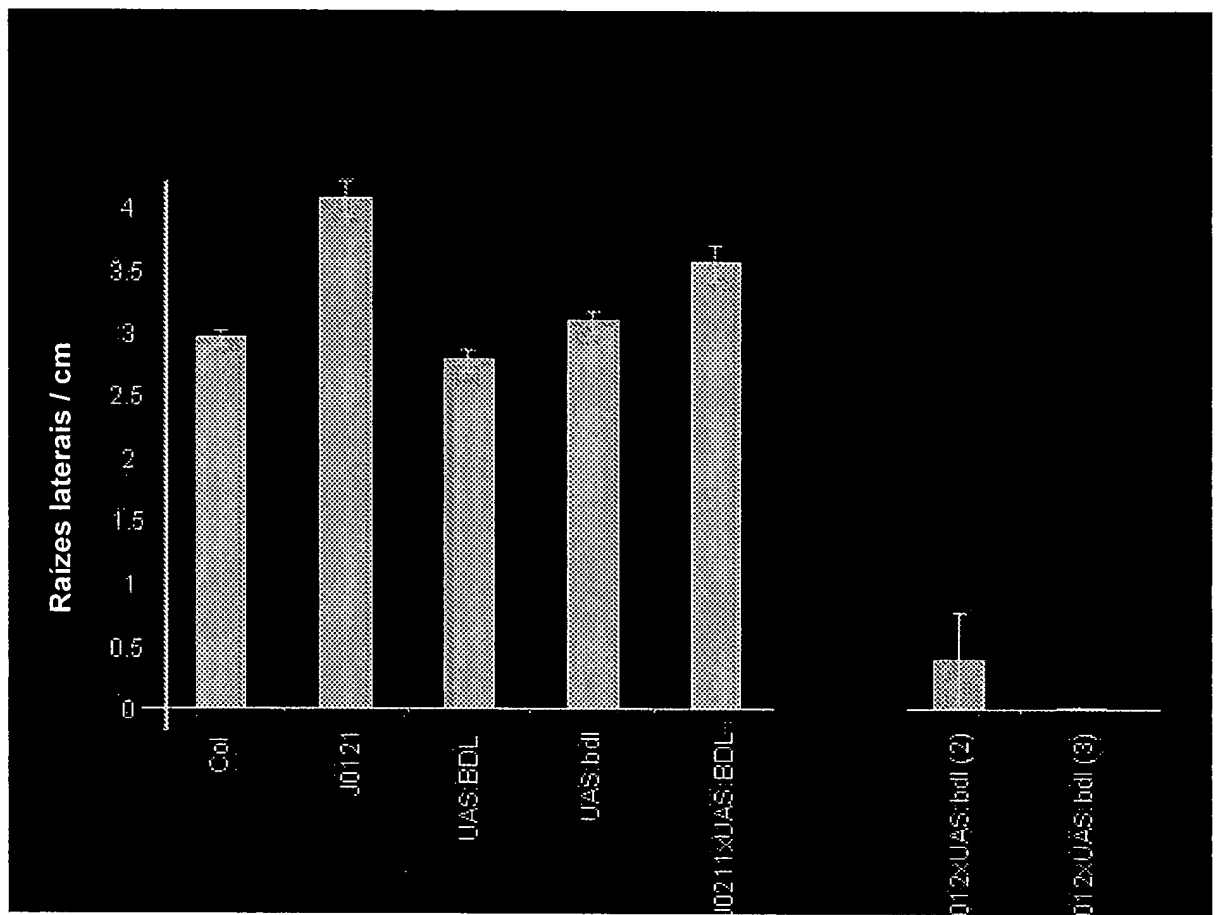


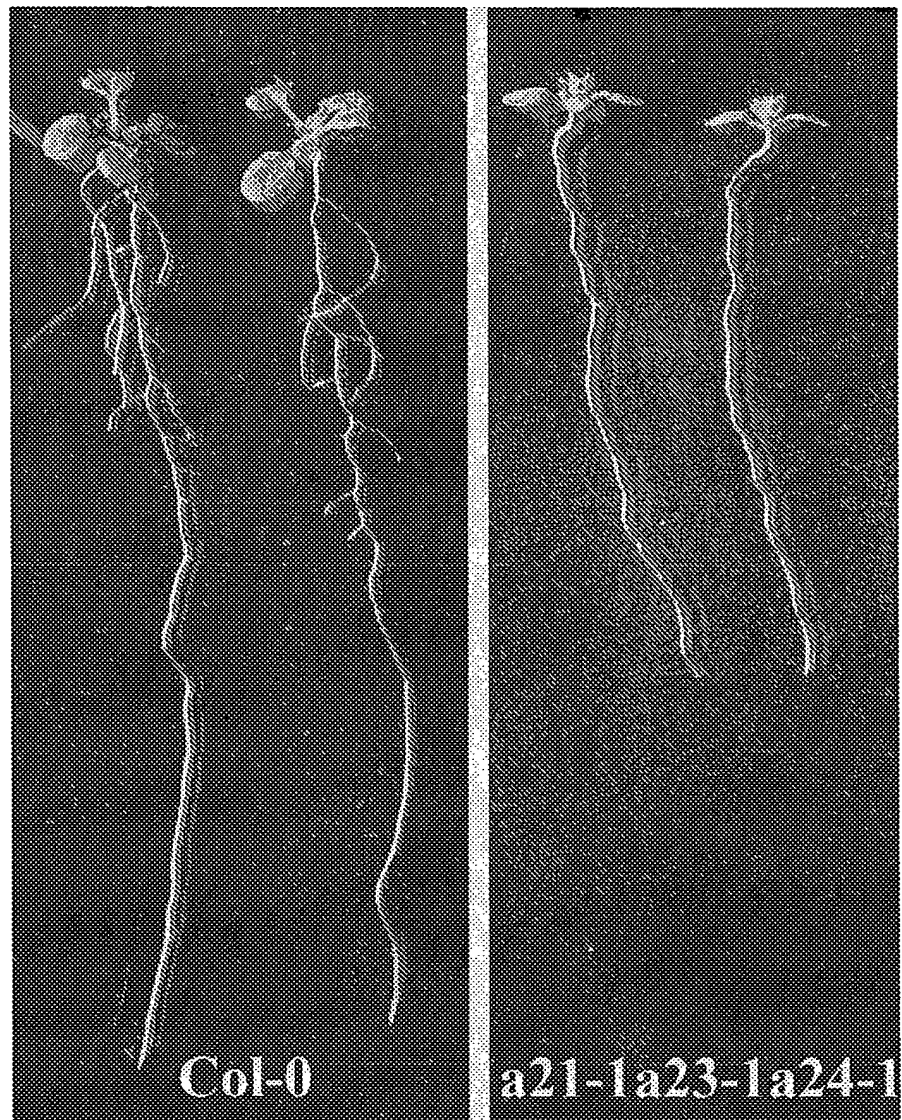
Figura 7

Figura 8

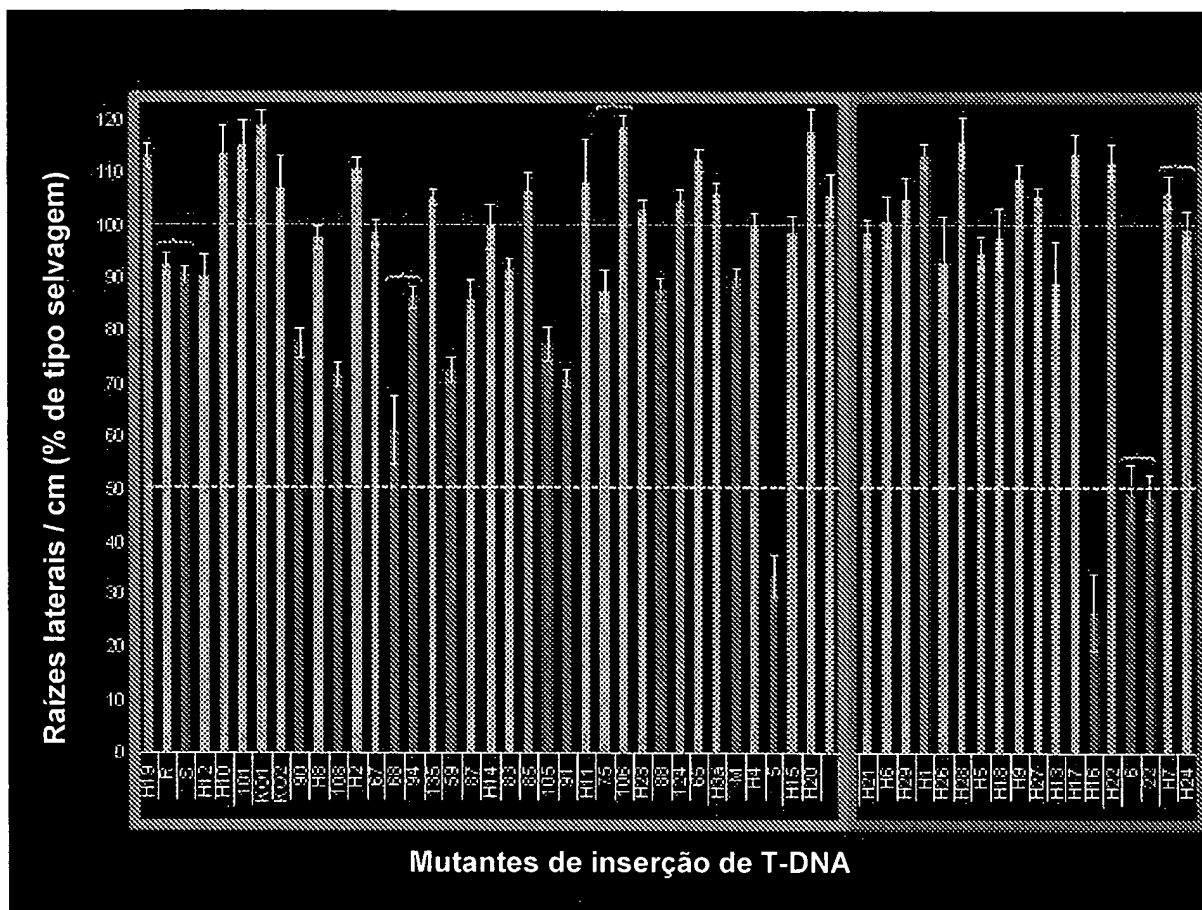
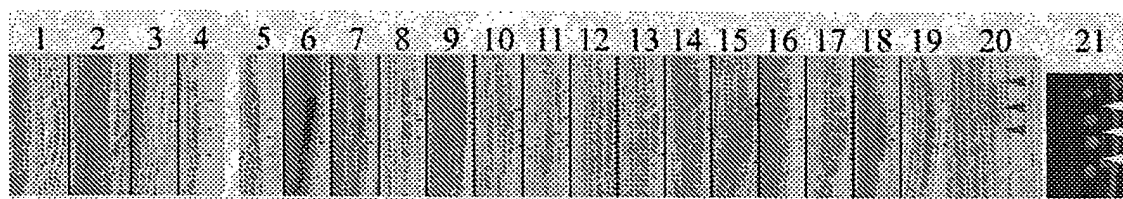


Figura 9



RESUMO

“MÉTODO PARA ISOLAR GENES ENVOLVIDOS EM DIVISÃO CELULAR ASSIMÉTRICA, GENE, FATOR DE TRANSCRIÇÃO, E, USO DE UM GENE”

- 5 A invenção refere-se a um método para isolar genes envolvidos no processo de divisão celular assimétrica. A presente invenção também se refere a genes isolados usando este método, e a seu uso no controle da formação de raiz, preferivelmente da formação de raiz lateral.