



ФЕДЕРАЛЬНАЯ СЛУЖБА
ПО ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНОЙ СОБСТВЕННОСТИ,
ПАТЕНТАМ И ТОВАРНЫМ ЗНАКАМ

(12) ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ПАТЕНТУ

(21), (22) Заявка: 2007100932/13, 16.06.2005

(24) Дата начала отсчета срока действия патента:
16.06.2005(30) Конвенционный приоритет:
16.06.2004 US 60/580,334
11.08.2004 US 60/600,466

(43) Дата публикации заявки: 27.07.2008

(45) Опубликовано: 27.03.2010 Бюл. № 9

(56) Список документов, цитированных в отчете о
поиске: PLANT PHYSIOLOGY, 1998, v.118, p.91-101.
RU 2148647 C1, 10.05.2000.(85) Дата перевода заявки РСТ на национальную
фазу: 16.01.2007(86) Заявка РСТ:
US 2005/021500 (16.06.2005)(87) Публикация РСТ:
WO 2006/007432 (19.01.2006)Адрес для переписки:
105064, Москва, а/я 88, пат.пов.
В.П.Квашнину, рег.№ 4

(72) Автор(ы):

ХЭРТЕЛЬ Хайко (US),
БХАТТ Гарима (US),
МИТТЕНДОРФ Фолькер (US),
ШАНК Кэрин Дж. (US)

(73) Патентообладатель(и):

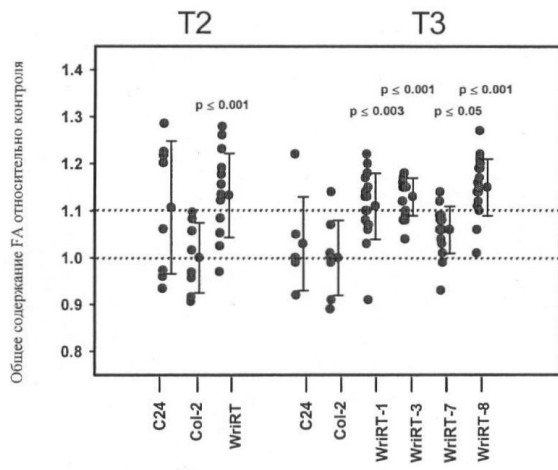
БАСФ Планта Сайенс ГмбХ (DE)

(54) МОЛЕКУЛЫ НУКЛЕИНОВЫХ КИСЛОТ, КОДИРУЮЩИЕ WRINKLED1-ПОДОБНЫЕ ПОЛИПЕПТИДЫ, И СПОСОБЫ ИХ ПРИМЕНЕНИЯ В РАСТЕНИЯХ

(57) Реферат:

Изобретение обеспечивает выделенные нуклеиновые кислоты, кодирующие белки липидного метаболизма (LMP). Нуклеиновые кислоты и белки используются в способах получения трансгенных растений и модулирования уровней запасных веществ семян. Предпочтительно, запасными веществами

семян являются липиды, жирные кислоты, крахмалы или запасные белки семян. Нуклеиновые кислоты и белки также используются в способах модулирования размеров семян, количества семян, массы семян, длины корней и размера листьев растений. 5 з.п. ф-лы, 8 ил., 3 табл.



ФИГ. 3



FEDERAL SERVICE
FOR INTELLECTUAL PROPERTY,
PATENTS AND TRADEMARKS

(12) **ABSTRACT OF INVENTION**(21), (22) Application: **2007100932/13, 16.06.2005**(24) Effective date for property rights:
16.06.2005(30) Priority:
16.06.2004 US 60/580,334
11.08.2004 US 60/600,466(43) Application published: **27.07.2008**(45) Date of publication: **27.03.2010 Bull. 9**(85) Commencement of national phase: **16.01.2007**(86) PCT application:
US 2005/021500 (16.06.2005)(87) PCT publication:
WO 2006/007432 (19.01.2006)Mail address:
105064, Moskva, a/ja 88, pat.pov. V.P.Kvashninu,
reg.№ 4

(72) Inventor(s):

KhEhRTEL' Khajko (US),
BKhATT Garima (US),
MITTENDORF Fol'ker (US),
ShANK Kehrin Dzh. (US)

(73) Proprietor(s):

BASF Plant Sajens GmbKh (DE)(54) **MOLECULES OF NUCLEIC ACIDS, WHICH CODE WRINKLED 1-LIKE POLYPEPTIDES AND METHODS OF THEIR APPLICATION IN PLANTS**

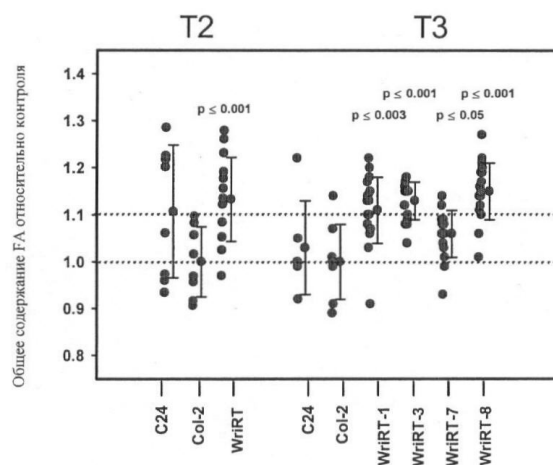
(57) Abstract:

FIELD: agriculture.

SUBSTANCE: nucleic acids and proteins are used in methods for production of transgenic plants and modulation of seed reserve substances levels. Preferably, reserve substances of seeds are lipids, fatty acids, starches or reserve proteins of seeds. Nucleic acids and proteins are also used in methods for modulation of seed size, seed number, weight, length of roots and size of plant leaves.

EFFECT: provides for released nucleic acids, which code proteins of lipid metabolism.

6 cl, 8 dwg, 3 tbl, 18 ex



ФИГ. 3

Текст описания приведен в факсимильном виде.

Предшествующий уровень техники изобретения

5

Область изобретения

10

15

20

25

Описываемые здесь изобретения в области генетической инженерии растений включают молекулы выделенных нуклеиновых кислот, кодирующие полипептиды, которые улучшают агрономические, садоводческие и качественные признаки. Данное изобретение в целом относится к последовательностям нуклеиновых кислот, кодирующим белки, которые связаны с присутствием запасных веществ в семенах растений. Более конкретно настоящее изобретение относится последовательностям *WRINKLED1*-подобных (*WR11*-подобных) нуклеиновых кислот, кодирующим белки, регулирующие метаболизм сахаров и липидов, и к применению этих последовательностей в трансгенных растениях. В частности, изобретение направлено на способы манипулирования соединениями, связанными с сахарами, для увеличения уровней масел и для изменения состава жирных кислот в растениях и семенах. Кроме того, изобретение относится к способам применения этих новых растительных полипептидов для стимуляции роста растений и/или увеличения урожайности и/или композиции запасных веществ в семенах.

30

Предшествующий уровень техники

35

40

45

Исследования и генетические манипуляции с растениями имеют длительную историю, которая началась даже раньше знаменитых исследований Грегора Менделя. Развивая эту науку, ученые осуществили модификацию конкретных признаков у растений, в диапазоне от клубней картофеля, имеющих повышенное содержание крахмала, до растений с масличными семенами, таких как канола и подсолнечник, имеющих повышенное или измененное содержание жирных кислот. С увеличением потребления и использования растительных масел, модификация содержания и уровней масла в семенах становится все более и более широко распространенной

50

(напр., Töpfer et al., 1995, Science 268:681-686). Манипулирование с биосинтетическими путями в трансгенных растениях обеспечивает ряд возможностей для молекулярных биологов и биохимиков в области растений по воздействию на метаболизм растений, приводящему к повышению производства конкретных высоко ценных продуктов. Количество и состав масла семян уже были изменены у многочисленных традиционных масличных растений, таких как соевые бобы (патент США № 5,955,650), канола (патент США № 5,955,650), подсолнечник (патент США № 6,084,164) и масличный рапс (Töpfer et al., 1995, Science 268:681-686), а также у нетрадиционных растений с масличными семенами, таких как табак (Cahoon et al., 1992, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:11184-11188).

Масла семян растений включают как нейтральные, так и полярные липиды (см. Таблицу 1). Нейтральные липиды содержат преимущественно триацилглицерол, который является главным запасным липидом, накапливающимся в масляных тельцах семян. Полярные липиды находятся, главным образом, в различных мембранах клеток семян, например, в мембранах эндоплазматического ретикулума, микросомальных мембранах и клеточных мембранах. Нейтральные и полярные липиды содержат несколько обычных жирных кислот (см. Таблицу 2) и ряд менее обычных жирных кислот. Липиды, помеченные звездочками в Таблице 2, обычно не встречаются в маслах семян растений, но их продуцирование в масле семян трансгенных растений имеет большое значение в биотехнологии растений. Состав жирных кислот мембранных липидов в высшей степени изменчив, и только отдельные жирные кислоты обнаруживаются в мембранных липидах. С другой стороны, в нейтральные запасные липиды семян многих видов растений может входить большое количество необычных жирных кислот (Van de Loo et al., 1993, Unusual Fatty Acids in Lipid Metabolism in Plants, pp. 91-126, editor TS Moore Jr. CRC Press; Millar et al., 2000, Trends Plant Sci. 5:95-101).

Таблица 1. Классы растительных липидов

Нейтральные липиды	Триаилглицерол (TAG)
	Диаилглицерол (DAG)
	Моноаилглицерол (MAG)

Полярные липиды	Моногалактозилдиацилглицерол (MGDG)
	Дигалактозилдиацилглицерол (DGDG)
	Фосфатидилглицерол (PG)
	Фосфатидилхолин (PC)
	Фосфатидилэтаноламин (PE)
	Фосфатидилинозитол (PI)
	Фосфатидилсерин (PS)
	Сульфохиновозилдиацилглицерол

Таблица 2. Обычные жирные кислоты растений

16:0	Пальмитиновая кислота
16:1	Пальмитолевая кислота
16:3	Пальмитоленовая кислота
18:0	Стеариновая кислота
18:1	Олеиновая кислота
18:2	Линолевая кислота
18:3	Линоленовая кислота
γ -18:3	Гамма-линоленовая кислота*
20:0	Арахидиновая кислота
20:1	Эйкозеновая кислота
22:6	Докозаексановая кислота (DHA) *
20:2	Эйкозодиеновая кислота
20:4	Арахидоновая кислота (AA) *
20:5	Эйкозапентаеновая кислота (EPA) *
22:1	Эрукиковая кислота

Липиды синтезируются из жирных кислот, и их синтез может быть разделен на две части: прокариотический путь и эукариотический путь (Browse et al., 1986, Biochemical J. 235:25-31; Ohlrogge & Browse, 1995, Plant Cell 7:957-970). Прокариотический путь имеет место в пластидах, которые являются первичным местом биосинтеза жирных кислот. Синтез жирных кислот начинается с конверсии ацетил-CoA в ма-

лонил-СоА с помощью ацетил-СоА карбоксилазы (АССазы). Малонил-СоА превращается в малонил-ацил белок-носитель (АСР) посредством малонил-СоА:АСР трансацилазы. Фермент бета-кето-ацил-АСР-синтаза III (KAS III) катализирует реакцию конденсации, в которой ацильная группа от ацетил-СоА передается малонил-АСР с образованием 3-кетобутирил-АСР. В последующих сериях реакций конденсации, восстановления и дегидратации зарождающаяся на АСР-кофакторе цепочка жирной кислоты элонгируется посредством пошагового добавления (конденсации) двух атомов углерода, отдаваемых малонил-АСР, пока не образуется 16-ти или 18-ти углеродная цепочка насыщенной жирной кислоты. Пластидная дельта-9 ацил-АСР десатураза вводит первую ненасыщенную двойную связь в жирную кислоту. Тиоэстеразы отщепляют жирные кислоты от АСР-кофактора, и свободные жирные кислоты выходят в цитоплазму, где они участвуют в качестве жирных ацил-СоА эфиров в эукариотическом пути. В этом пути жирные кислоты этерифицируются глицерол-3-фосфат ацилтрансферазой и ацил-трансферазой лизофосфатидиновой кислоты в sn-1 и sn-2 положениях глицерол-2-фосфата, соответственно, производя фосфатидиновую кислоту (РА). РА является предшественником для других полярных и нейтральных липидов, причем последние образуются в пути Kennedy (Voelker, 1996, Genetic Engineering ed.:Setlow 18:111-113; Shanklin & Cahoon, 1998, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol. 49:611-641; Frentzen, 1998, Lipids 100:161-166; Millar et al., 2000, Trends Plant Sci. 5:95-101).

Запасные липиды в семенах синтезируются из предшественников, происходящих из углеводов. В цитозоле растений реализуется полный гликолитический путь (Plaxton, 1996, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol. 47:185-214), и было показано, что полный путь существует также в пластидах масличного рапса (Kang & Rawsthorne, 1994, Plant J. 6:795-805). Первичным источником углерода и энергии является сахароза, транспортируемая из листьев в развивающиеся семена. Во время фазы запасания в семенах сахароза испытывает превращения в цитозоле, обеспечивая образование метаболических предшественников глюкозо-6-фосфата и пирувата. Эти предшественники транспортируются в пластиды и превращаются в ацетил-СоА, который служит в качестве первичного предшественника в синтезе жирных кислот. Ацетил-СоА в пластидах является центральным предшественником для липидного биосинтеза. Ацетил-СоА может образовываться в пластидах посредством различных реакций и

5 точный вклад каждой реакции все еще дебатруется (Ohlrogge & Browse, 1995, Plant Cell 7:957-970). Допускается, однако, что большая часть ацетил-СоА происходит из глюкозо-6-фосфата и пирувата, которые переносятся в пластиды из цитоплазмы. Сахароза образуется в органах-источниках (листьях или каких-либо других, где происходит фотосинтез) и транспортируется в развивающиеся семена, которые называют также органами-приемниками. В развивающихся семенах сахароза является предше-
10 ственником всех запасных веществ, т. е. крахмала, липидов и, частично, запасных белков семян. Поэтому ясно, что углеводный метаболизм, в котором сахароза играет центральную роль, очень важен для накопления запасных веществ в семенах.

15 Запасные вещества, такие как триацилглицеролы (масло семян), служат в качестве резервов углерода и энергии, которые используются во время прорастания и роста молодого побега. Масло семян (растительное) является также существенным компонентом питания человека и ценным товаром, обеспечивающим сырье для химической промышленности. *Wrinkled1 (wri1)* представляет собой мутант *Arabidopsis*, в
20 котором имеется воздействие на метаболизм запасных веществ в семенах (Focks и Benning, 1998). Этот мутант характеризуется 80%-ным уменьшением содержания масла в семенах. Кроме того, в нем, по-видимому, имеется воздействие на экспрессию генов, вовлеченных в метаболизм сахаров.

30 Хотя содержание липидов и жирных кислот и/или состав масла семян могут быть модифицированы традиционными методами выращивания растений, появление технологии рекомбинантных ДНК дает возможность более легко манипулировать с содержанием масла в семенах растений, а в некоторых случаях, позволяет изменять
35 масла семян таким образом, который не мог бы быть осуществлен простым выращиванием (см., напр., Töpfer et al., 1995, Science 268:681-686). Например, введение последовательности нуклеиновой кислоты Δ^{12} -гидроксилазы в трансгенный табак привело к введению новой жирной кислоты, рицинолеиновой кислоты, в масло семян табака (Van de Loo et al., 1995; Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92:6743-6747). Также были
40 сконструированы растения табака, продуцирующие пониженные уровни петроселиновой кислоты, посредством введения и экспрессии ацил-АСР десатуразы из кориандра (Cahoon et al., 1992, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:11184-11188).

Модификация содержания масла в семенах растений имеет важные медицинские, пищевые и экономические приложения. Что касается медицинских приложений, то жирные кислоты с длинными цепочками (C18 и длиннее), находящиеся во многих маслах семян, имеют связь с уменьшением гиперхолестеролемии и других клинических нарушений, связанных с коронарной болезнью сердца (Brenner, 1976, Adv. Exp. Med. Biol. 83:85-101). Поэтому потребление растений, имеющих повышенные уровни этих типов жирных кислот, может уменьшить риск сердечного заболевания. Повышенные уровни содержания масла в семенах также увеличивают крупномасштабное производство масел семян и, таким образом, уменьшают стоимость этих масел.

Для того чтобы увеличить или изменить уровни веществ, таких как масла семян в растениях, нужно идентифицировать последовательности нуклеиновых кислот и белки, регулирующие метаболизм липидов и жирных кислот. Как упоминалось выше, были клонированы нуклеиновые кислоты нескольких десатураз, таких как нуклеиновая кислота Δ^6 -десатуразы, нуклеиновая кислота Δ^{12} -десатуразы и нуклеиновые кислоты ацил-АСР десатуразы, и продемонстрировано кодирование ферментов, требующихся для синтеза жирных кислот в различных видах растений. Также были клонированы последовательности нуклеиновых кислот олеозина из таких различных видов, как канола, соевые бобы, морковь, сосна и *Arabidopsis thaliana*, и было определено, что они кодируют белки, связанные с однослойными фосфолипидными мембранами масляных телец в этих растениях.

Было также определено, что два фитогормона, гибберелловая кислота (GA) и абсцизовая кислота (ABA), включены во все регуляторные процессы в развитии семян (напр., Ritchie & Gilroy, 1998, Plant Physiol. 116:765-776; Arenas-Huertero et al., 2000, Genes Dev. 14:2085-2096). И на путь GA, и на путь ABA влияет оадаиковая кислота, ингибитор белковых фосфатаз (Kuo et al., 1996, Plant Cell. 8:259-269). Регуляция фосфорилирования белков киназами и фосфатазами считается универсальным механизмом клеточного контроля (Cohen, 1992, Trends Biochem. Sci. 17:408-413). Подобно этому, растительные гормоны этилен (см., напр., Zhon et al., 1998, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95:10294-10299; Beaudoin et al., 2000, Plant Cell 2000:1103-1115) и ауксин (напр., Colol-Carmona et al., 2000, Plant Physiol. 124:1728-1738) также включены в регуляцию развития растений.

Хотя известно несколько соединений, которые обычно влияют на развитие растений и семян, имеется ясная потребность в конкретной идентификации факторов, которые являются более специфичными для регуляции развития накопления запасных веществ, и в идентификации генов, которые способны придавать измененное или увеличенное продуцирование масла растению-хозяину и другим видам растений. В данном изобретении раскрываются последовательности нуклеиновых кислот из *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*. Эти последовательности нуклеиновых кислот могут быть использованы для изменения или увеличения уровней запасных веществ, таких как белки, сахара и масла, в семенах растений, включая трансгенные растения, такие как канола, льняное семя, соевые бобы, подсолнечник, кукуруза, овес, рожь, ячмень, пшеница, рис, перец, бархатцы, хлопчатник, гвинейская масличная пальма, кокосовая пальма, лен, клецевина и земляной орех, которые являются растениями с масличными семенами, содержащими большое количество липидных веществ.

Краткая сущность изобретения

Настоящее изобретение обеспечивает новые выделенные последовательности нуклеиновых кислот и аминокислот, связанных с метаболизмом запасных веществ в семенах растений, в частности, *WR11*-подобные последовательности.

Настоящее изобретение также обеспечивает нуклеиновые кислоты, выделенные из *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* и *Triticum aestivum*, кодирующие Белок Липидного Метаболизма (LMP), или его часть. Эти последовательности могут быть использованы для модифицирования или увеличения липидов и жирных кислот, кофакторов и ферментов в микроорганизмах и растениях.

Известно, что растения арабидопсиса продуцируют значительные количества жирных кислот, подобных линолевой и линоленовой кислотам (см., напр., Таблицу 2), и что они весьма сходны во многих отношениях (гомология генов и др.) с масличной культурой растения *Brassica*. Поэтому молекулы нуклеиновых кислот, происходящие из растения, подобного *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* и *Triticum aestivum*, или родственных организмов, являются особенно подхо-

5 дьящими для модификации метаболизма липидов и жирных кислот в хозяине, особенно в микроорганизмах и растениях. Кроме того, нуклеиновые кислоты из *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* и *Triticum aestivum*, или родствен-
10 ственных организмов, могут быть использованы для идентификации тех ДНК-последовательностей и ферментов в других видах, которые полезны для изменения биосинтеза молекул предшественников жирных кислот в соответствующих организ-
15 мах.

Настоящее изобретение далее обеспечивает выделенную нуклеиновую кислоту,
15 включающую фрагмент из, по меньшей мере, 15 нуклеотидов нуклеиновой кислоты из растения (*Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*), кодирующий Белок Липидного Метаболизма (LMP), или его часть.

20 Настоящее изобретение обеспечивает также полипептиды, кодируемые нуклеиновыми кислотами, гетерологичные полипептиды, включающие полипептиды, кодируемые нуклеиновыми кислотами, и антитела к этим полипептидам.
25

Кроме того, настоящее изобретение относится к применению и обеспечивает применение LMP-нуклеиновых кислот при получении трансгенных растений, имеющих
30 модифицированный уровень или состав запасного вещества в семенах. Что касается измененного состава, настоящее изобретение может быть использовано, например, для увеличения процентного содержания олеиновой кислоты относительно других
35 растительных масел. Способ получения трансгенного растения с модифицированным уровнем или составом запасного вещества в семенах включает стадии трансформирования растительной клетки экспрессирующим вектором, включающим LMP-нуклеиновую кислоту, и создания из такой клетки растения с модифицированным
40 уровнем или составом запасного вещества в семенах. В одном варианте выполнения изобретения растение представляет собой вид с высоким продуцированием масел, как описано у Kinney et al. (1994, Current Opin. in Biotech. 5:144-151), Töpfer et
45 al. (1995, Science 268:681-686), и в Oil Crops of the World-Their Breeding and Utilization (1989, eds. Röbbelen, Downey, and Ashri). В предпочтительном варианте выполнения изобретения растение представляет собой вид с высоким продуцированием
50 масел, выбранный из группы, состоящей, например, из канолы, льняного семени, со-

евых бобов, подсолнечника, кукурузы, овса, ржи, ячменя, пшеницы, риса, перца, бархатцев, хлопчатника, гвинейской масличной пальмы, кокосовой пальмы, льна, клещевины и земляного ореха.

5

Согласно настоящему изобретению описываемые здесь композиции и способы могут быть использованы для изменения состава LMP в трансгенном растении и для увеличения или уменьшения уровня LMP в трансгенном растении, включая увеличение или уменьшение экспрессии LMP-нуклеиновой кислоты в трансгенном растении. Увеличения или уменьшения экспрессии LMP-нуклеиновой кислоты можно достичь посредством сверхэкспрессии, косупрессии, антисмыслового ингибирования или мутагенезом *in vivo* LMP-нуклеиновой кислоты. Настоящее изобретение может быть также использовано для повышения или понижения уровня липида в масле семян, для повышения или понижения уровня жирной кислоты в масле семян или для повышения или понижения уровня крахмала в семени или растении.

10

15

20

В одном варианте выполнения настоящее изобретение включает и обеспечивает способ увеличения общего содержания масла в семени, включающий: трансформирование растения конструктом нуклеиновой кислоты, который содержит оперативно связанные компоненты, промотор и последовательности нуклеиновых кислот, способные модулировать уровень *WRII-подобных* мРНК или *WRII-подобного* белка, и выращивание растения. Кроме того, настоящее изобретение включает и обеспечивает способ увеличения уровня олеиновой кислоты в семени, включающий: трансформирование растения конструктом нуклеиновой кислоты, который содержит оперативно связанные компоненты, промотор и структурную последовательность нуклеиновой кислоты, способную увеличивать уровень олеиновой кислоты, и выращивание растения.

25

30

35

40

Настоящее изобретение обеспечивает трансгенные растения, имеющие модифицированные уровни запасных веществ в семенах, и в частности, модифицированные уровни липида, жирной кислоты или сахара. Изобретение также включает семя, продуцируемое трансгенным растением, трансформированным LMP-ДНК-последовательностью, у которого семя содержит LMP-ДНК-последовательность и из этого семени действительно выращивается растение с модифицированным уровнем

45

50

запасного вещества в семенах. Настоящее изобретение также включает масло, продуцируемое вышеупомянутым семенем. Далее настоящим изобретением обеспечиваются векторы, включающие нуклеиновые кислоты, клетки хозяина, содержащие такие векторы и потомственный растительный материал от растения, полученного трансформированием растительной клетки нуклеиновыми кислотами и/или векторами и выращиванием из нее растения.

Согласно настоящему изобретению описываемые здесь вещества, композиции и способы могут быть использованы для увеличения или уменьшения относительного процентного содержания липида в масле семян, для повышения или понижения уровня липида в масле семян, для повышения или понижения уровня жирной кислоты в масле семян, для повышения или понижения уровня крахмала или другого углевода в семени или растении или для повышения или понижения уровня белков в семени или растении. Описываемые здесь манипуляции могут быть также использованы для улучшения прорастания семян и роста молодых побегов и растений и для увеличения выхода запасных веществ в семенах растений.

Настоящее изобретение далее обеспечивает способ продуцирования более высокого или более низкого, чем нормальный или типичный, уровня запасного вещества в трансгенном растении, экспрессирующем LMP-нуклеиновую кислоту из *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*, в трансгенном растении, которое является *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa*, *Zea mays*, *Triticum aestivum*, *Helianthus annuus* или *Beta vulgaris*, или видом, который отличен от *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*. Изобретение также обеспечивает композиции и способы модифицирования эффективности продуцирования запасного вещества в семени. Выражение «*Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa*, *Zea mays*, *Triticum aestivum*, *Helianthus annuus* или *Beta vulgaris*», как оно здесь используется, означает также «*Arabidopsis thaliana* и/или *Brassica napus*, и/или *Glycine max*, и/или *Oryza sativa*, и/или *Triticum aestivum*, и/или *Zea mays*, и/или *Helianthus annuus*, и/или *Beta vulgaris*».

Соответственно, настоящее изобретение обеспечивает новые выделенные LMP-
нуклеиновые кислоты и выделенные аминокислотные последовательности LMP из
5 *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* и *Triticum aestivum*, а
также их активные фрагменты, аналоги и ортологи. Эти активные фрагменты, анало-
ги и ортологи могут также происходить из различных растительных видов, посколь-
10 ку специалистам в данной области техники будет понятно, что другие растительные
виды также содержат такие же или родственные нуклеиновые кислоты.

Полинуклеотиды и полипептиды согласно настоящему изобретению, включая их
15 агонисты и/или фрагменты, могут иметь применения, которые включают модулиро-
вание роста растения и, потенциально, урожайности растения, предпочтительно
включая увеличенный рост растения при неблагоприятных условиях (засуха, холод,
20 освещенность, ультрафиолетовое излучение). Кроме того, антагонисты согласно на-
стоящему изобретению могут иметь применения, которые включают модулирование
роста и/или урожайности растения, предпочтительно, увеличения роста растения и
его урожайности. В еще одном варианте выполнения изобретения для увеличения
25 урожайности растения при стрессовых условиях (засуха, освещенность, холод, ульт-
рафиолетовое излучение) может быть использована сверхэкспрессия полипептидов с
помощью модулирования эффективности использования света. Более того, полинук-
леотиды и полипептиды согласно настоящему изобретению будут улучшать прорас-
30 тание и время покоя семян и, следовательно, будут улучшать рост растения и/или
продукцию запасных веществ в семенах.

Молекулы выделенных нуклеиновых кислот могут далее включать оперативно при-
35 соединенную область промотора или частичного промотора. В одном варианте вы-
полнения изобретения промотор может быть конститутивным промотором, индуци-
бельным промотором или ткане-специфичным промотором. Конститутивным про-
40 мотормом может быть, например, суперпромотор (Ni et al., Plant J. 7:661-676, 1995;
патент США № 5,955,646) или PtxA-промотор (PF 55368-2 US, Song et al., 2004, см.
45 пример 11). Ткане-специфичный промотор может быть активным в растительной
или репродуктивной ткани. Ткане-специфичный промотор, активный в репродук-
тивной ткани, может быть семя-специфичным промотором. Ткане-специфичный
50 промотор, активный в растительной ткани, может быть специфичным в корнях, спе-

цифичным в побегах, специфичным в меристемах или специфичным в листьях про-
мотором. Молекула выделенной нуклеиновой кислоты согласно настоящему изобре-
тению может также далее включать 5'-нетраслируемую последовательность, 3'-
нетраслируемую последовательность, интроны или их комбинации.

Настоящее изобретение обеспечивает также способы увеличения количества и/или
размера одного или более органов растения посредством экспрессирования в расте-
нии выделенной нуклеиновой кислоты, кодирующей Белок Липидного Метаболизма
(LMP), или его часть, из *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sa-
tiva* или *Triticum aestivum*. Более конкретно, можно изменять размер семян, количе-
ство семян и/или вес семян. Можно увеличивать также длину корней, ослабляя, за
счет этого, эффекты дефицита влаги в почве, улучшая укоренение/устойчивость и,
таким образом, уменьшая полегание, охватывая большие объемы почвы и, тем са-
мым, улучшая поглощение питательных веществ. Все эти преимущества измененной
корневой архитектуры имеют значение для увеличения урожайности культуры.
Кроме того, с помощью последовательностей нуклеиновых кислот, обеспечиваемых
в данной заявке, возможно увеличить количество и размер листьев, улучшая фото-
синтезирующую эффективность использования света, путем увеличения улавлива-
ния света для фотосинтеза и фотосинтезирующего действия.

Эти и другие черты и преимущества настоящего изобретения станут очевидными
после рассмотрения последующего подробного описания раскрытых вариантов вы-
полнения изобретения и прилагаемой формулы изобретения.

Краткое описание чертежей

На фиг. 1 представлен схематический рисунок бинарного вектора Т-ДНК, исполь-
зуемого для трансформации BnWRI01 и других WRI-подобных генов в *Arabidopsis
thaliana* или зерновых растениях. Здесь применяются следующие сокращения: LB,
левая граница; рАНАS, *Arabidopsis* АНАS-промотор; 3'АНАS, АНАS-
терминирующий сигнал; PtxA, PtxA-промотор; BnWRI01, κДНК BnWRI01; 3'NOS,
терминирующий сигнал; и RB, правая граница.

На фиг. 2 показана карта химерного конструкта PtxA-промотор::ZmУбиквитин-интрон::BnWRI01 (PtxAZmUbi интрон-BnWRI01). Плазмида включает экспрессирующий конструкт, содержащий ptxA-промотор (ptxA), оперативно связанный с интроном убиквитина кукурузы (ZmUbi-интрон), *WRINKLED 1 Brassica napus* (BnWRI01) и 3'-нетранслируемую область и терминатор, происходящие из гена нопалин синтазы (NOS). SM-кассета расположена впереди кассеты селективируемого маркера.

На фиг. 3 изображен график, показывающий общее содержание масел в семенах в растениях *A. thaliana* в поколениях T2 и T3 семян, сверхэкспрессирующих *WRI*. Каждый кружок представляет величину, полученную на одном индивидуальном растении, и показаны независимые трансгенные события. Статистический анализ был произведен с помощью критерия Стьюдента (t-test). Сокращения следующие: C24, Columbia24; Col-2, Columbia 2.

На фиг. 4 изображен график, показывающий уровни олеиновой кислоты (C18:1) в растениях *A. thaliana* в поколениях T2 и T3 семян, сверхэкспрессирующих *WRI*. Col2, дикий тип Columbia-2, GB007, пустой вектор-контроль в генетической среде Columbia 2; C24, Columbia 24, WriRT, независимые трансгенные события в сверхэкспрессоре PtxA::WRI1. Каждый столбец показывает среднее значение, полученное по каждому из 20 растений.

На фиг. 5 изображен график, показывающий уровни линолевой и линоленовой кислоты в гомозиготных растениях *A. thaliana* в поколениях T2 и T3 семян, сверхэкспрессирующих *WRI*. Каждый столбец показывает среднее значение, полученное по каждому из 20 растений. Содержание C18:2 уменьшилось до 95%, а содержание C18:3 – до 80% в гомозиготных растениях *A. thaliana* в поколении T3 семян, сверхэкспрессирующих *WRI*. Сокращения следующие: Col2, экотип Columbia-2 *Arabidopsis*, WRI1-8, 10, 11, независимые трансгенные события PtxA::*WRI1*.

На фиг. 6 изображен график, показывающий уровни насыщенных жирных кислот в гомозиготных *A. thaliana*, сверхэкспрессирующих *WRI*. Гомозиготные T3 семена показывают 30% уменьшение насыщенных углеводов в *WRI1* сверхэкспрессор-

рах. Сокращения следующие: Col2, экотип Columbia-2 *Arabidopsis*, WRI1-8, 10, 11, независимые трансгенные события PtxA::WRI1.

5

На фиг. 7 изображен график, показывающий массу семян в *Arabidopsis wr1* мутанте и независимых трансгенных линиях *Arabidopsis* сверхэкспрессоров PtxA::WRI1 в поколении T2 семян. Значения, показанные на графике, представляют собой средние величины массы семян, полученных от единичного растения. Сокращения следующие: Col2, экотип Colambia-2 *Arabidopsis*; GB007, пустой векторный контроль.

10

15

На фиг. 8 представлена фотография, показывающая длину корней *Arabidopsis Columbia-2* дикого типа по сравнению с таковой у *wri1*-мутанта после 14 дней роста на агаровых планшетах. Сокращения следующие: WT, дикий тип Colambia 2; *wri1*, *wrinrled 1*- мутант.

20

Подробное описание изобретения

25

Настоящее изобретение можно будет легче понять посредством ссылки на следующее подробное описание предпочтительных вариантов выполнения изобретения и включенные в него Примеры.

30

Прежде чем настоящие вещества, композиции и способы будут описаны, следует понять, что данное изобретение не ограничивается конкретными нуклеиновыми кислотами, конкретными полипептидами, конкретными типами клеток, конкретными клетками хозяина, конкретными условиями или конкретными способами, и т.д., в той мере, конечно, насколько различные многочисленные модификации и вариации будут очевидными для специалистов данной области техники. Также должно быть понятно, что терминология используется здесь для описания только конкретных вариантов выполнения изобретения и не подразумевается, что она используется в целях ограничения. Как они здесь используются, «а» или «ап» означают один или более, в зависимости от контекста, в котором они используются. Таким образом, например, ссылка на «клетку» может означать, что может использоваться, по крайней мере, одна клетка.

45

50

Настоящее изобретение основано, частично, на выделении и определении признаков молекул нуклеиновой кислоты, кодирующих *WRI1*-подобные LMP из растений, включая *Arabidopsis thaliana*, канолу (*Brassica napus*), соевые бобы (*Glycine max*), рис (*Oryza sativa*) и пшеницу (*Triticum aestivum*), и другие родственные виды культур, подобно кукурузе, ячменю, льняному семени, сахарной свекле или подсолнечнику.

В соответствии с целями данного изобретения, как они здесь описаны и воплощены, данное изобретение, в одном аспекте, обеспечивает нуклеиновую кислоту, выделенную из растения (*Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*), кодирующую Белок Липидного Метаболизма (LMP), или его часть.

Один из аспектов изобретения относится к молекулам выделенной нуклеиновой кислоты, которые кодируют LMP-полипептиды или их биологически активные части, а также к фрагментам нуклеиновой кислоты, пригодным для использования в качестве гибридизационных зондов или праймеров для идентификации или амплификации LMP-кодирующей нуклеиновой кислоты (напр., ДНК LMP). Подразумевается, что термин «молекула нуклеиновой кислоты», как он здесь используется, включает молекулы ДНК (напр., кДНК или геномной ДНК) и молекулы РНК (напр., мРНК), а также аналоги ДНК и РНК, получаемые при использовании нуклеотидных аналогов. Данный термин охватывает также нетранслируемую последовательность, расположенную как на 3'-, так на 5'-конце кодирующей области гена: по крайней мере, последовательность примерно из 1000 нуклеотидов выше от 5'-конца кодирующей области и, по крайней мере, последовательность примерно из 200 нуклеотидов ниже 3'-конца кодирующей области гена. Молекула нуклеиновой кислоты может быть одноцепочечной или двухцепочечной, но предпочтительно является двухцепочечной ДНК. Молекула «выделенной» нуклеиновой кислоты представляет собой такую молекулу, которая по существу отделена от молекул других нуклеиновых кислот, которые присутствуют в природном источнике нуклеиновой кислоты. Предпочтительно, «выделенная» нуклеиновая кислота по существу свободна от последовательностей, которые в природе фланкируют нуклеиновую кислоту (т. е. последовательности, расположенные на 5'- и 3'-концах нуклеиновой кислоты) в геномной ДНК организ-

5 ма, из которого нуклеиновая кислота происходит. Например, в различных вариантах выполнения изобретения молекула выделенной LMP-нуклеиновой кислоты может
10 содержать менее чем около 5 т. п. н., 4 т. п. н., 3 т. п. н., 2 т. п. н., 1 т. п. н., 0,5 т. п. н. или 0,1 т. п. н. в нуклеотидных последовательностях, которые в природе фланкируют молекулу нуклеиновой кислоты в геномной ДНК клетки, из которой нуклеиновая
15 кислота происходит (напр., клетки *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*). Более того, молекула «выделенной» нуклеиновой кислоты, такая как молекула кДНК, может быть по существу свободной от другого клеточного материала или культуральной среды, когда получена рекомбинантными
20 методами, или от химических предшественников или других химических реактивов, когда химически синтезирована.

20 Молекулу нуклеиновой кислоты согласно настоящему изобретению, напр., молекулу нуклеиновой кислоты, имеющую последовательность, как показано в Приложении, или ее часть, можно выделить, используя стандартные методики молекулярной биологии и предоставленную здесь информацию о последовательностях. Например,
25 кДНК LMP *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum* можно выделить из библиотеки *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*, используя всю или часть одной из
30 последовательностей, показанных в Приложении, в качестве гибридизационного зонда и стандартных методик гибридизации (напр., как описано у Sambrook et al., 1989, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2nd, ed., Cold Spring Harbor Laboratory*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY). Более того, молекула нуклеиновой кислоты, охватывающая всю или часть одной из последовательностей, показанных в Приложении, может быть выделена посредством полимеразной
35 цепной реакции с помощью олигонуклеотидных праймеров, сконструированных основываясь на этой последовательности (напр., молекула нуклеиновой кислоты, охватывающая всю или часть одной из последовательностей, показанных в Приложении, может быть выделена посредством полимеразной цепной реакции с помощью олигонуклеотидных праймеров, сконструированных основываясь на этой же самой последовательности, которая показана в Приложении). Например, мРНК можно выделить из растительных клеток (напр., с помощью процедуры экстракции гуанидин-тиоцианатом по Chirgwin et al., 1979, *Biochemistry* 18:5294-5299), а кДНК можно
40
45
50

приготовить, используя обратную транскриптазу (напр., MLV-обратную транскриптазу Молони, доступную от Gibco/BRL, Bethesda, MD; или AMV-обратную транскриптазу, доступную от Seikagaku America, Inc., St. Petersburg, FL). Синтетические олигонуклеотидные праймеры для полимеразной цепной реакции амплификации могут быть сконструированы, основываясь на одной из нуклеотидных последовательностей, показанных в Приложении. Нуклеиновую кислоту согласно изобретению можно амплифицировать, используя кДНК или, альтернативно, геномную ДНК в качестве матрицы и подходящие олигонуклеотидные праймеры в соответствии со стандартными методиками ПЦР-амплификации. Амплифицированная таким образом нуклеиновая кислота может быть клонирована в подходящий вектор и охарактеризована с помощью анализа ДНК-последовательностей. Кроме того, олигонуклеотиды, соответствующие LMP-нуклеотидной последовательности, могут быть приготовлены по стандартным методикам синтеза, напр., используя автоматический ДНК-синтезатор.

В предпочтительном варианте выполнения выделенная нуклеиновая кислота согласно изобретению включает одну из нуклеотидных последовательностей, показанных в Приложении. Показанные в Приложении последовательности соответствуют кДНК LMP *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum* согласно изобретению. Эти кДНК включают последовательности, кодирующие LMP (т. е. «кодирующую область»), а также 5'-нетранслируемые последовательности и 3'-нетранслируемые последовательности. Альтернативно, молекулы нуклеиновой кислоты могут включать только кодирующую область любой последовательности, приведенной в Приложении, или содержать целые геномные фрагменты, выделенные из геномной ДНК.

Для целей данной заявки следует понимать, что каждой из последовательностей, представленных в Приложении, присвоен идентификационный порядковый номер (напр., VnWRI01). Каждая из этих последовательностей в общем случае может включать три части: 5'-область против хода транскрипции, кодирующую область и последующую по ходу транскрипции область. Кодирующая область этих последовательностей обозначена как «положение OPC (ORF)» (Таблица 3).

В другом предпочтительном варианте выполнения молекула выделенной нуклеиновой кислоты согласно изобретению включает молекулу нуклеиновой кислоты, которая является комплементом одной из нуклеотидных последовательностей, показанных в Приложении, или ее части. Молекула нуклеиновой кислоты, которая комплементарна одной из нуклеотидных последовательностей, показанных в Приложении, является молекулой, которая в достаточной мере комплементарна одной из нуклеотидных последовательностей, показанных в Приложении, чтобы она могла гибридизоваться с одной из показанных в Приложении последовательностей, образуя тем самым стабильный дуплекс.

В еще одном предпочтительном варианте выполнения молекула выделенной нуклеиновой кислоты согласно изобретению включает нуклеотидную последовательность, которая, по меньшей мере, примерно на 50-60%, предпочтительно, по меньшей мере, примерно на 60-70%, более предпочтительно, по меньшей мере, примерно на 70-80%, 80-90% или 90-95%, и еще более предпочтительно, по меньшей мере, примерно на 95%, 96%, 97%, 98%, 99% или более, гомологична нуклеотидной последовательности, показанной в Приложении, или ее части. В еще одном предпочтительном варианте выполнения изобретения молекула выделенной нуклеиновой кислоты согласно изобретению включает нуклеотидную последовательность, которая гибридизуется, напр., гибридизуется при строгих условиях, с одной из нуклеотидных последовательностей, показанных в Приложении, или ее частью. Такие гибридизационные условия включают промывание раствором, имеющим солевую концентрацию примерно 0,02 моля при pH 7 и примерно 60°C.

Более того, молекула нуклеиновой кислоты согласно изобретению может включать только часть кодирующей области одной из последовательностей, показанных в Приложении, например, фрагмент, который может быть использован в качестве зонда или праймера, либо фрагмент, кодирующий биологически активную часть LMP. Нуклеотидные последовательности, полученные в результате клонирования LMP-генов из *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*, позволяют создать зонды или праймеры, предназначенные для применения в идентификации и/или клонировании LMP-гомологов в клетках других типов и организмов, а также LMP-гомологов из других растений или родственных видов. По-

5 этому данное изобретение также обеспечивает соединения, включающие раскрытые
здесь аминокислоты, или их фрагменты. Эти составы включают нуклеиновые кисло-
ты, присоединенные к носителю. Эти носители включают, но не ограничиваются
10 ими, средства для обнаружения, средства для гибридизации, средства для очистки,
средства для доставки, реакционные средства, средства для связывания и т. п.
Зонд/праймер в типичном случае включает по существу очищенный олигонуклео-
15 тид. Олигонуклеотид обычно включает область нуклеотидной последовательности,
которая гибридизуется при строгих условиях с, по меньшей мере, примерно 12,
предпочтительно примерно 25, более предпочтительно примерно 40, 50 или 75 по-
20 следовательно расположенными нуклеотидами смысловой цепи одной из последо-
вательностей, представленных в Приложении, антисмысловой последовательности од-
ной из последовательностей, представленных в Приложении, или встречающимися в
природе их мутантами. Праймеры, основанные на нуклеотидной последовательности,
25 показанной в Приложении, могут быть использованы в ПЦР-реакциях для кло-
нирования гомологов LMP. Зонды, основанные на нуклеотидных последовательности
LMP, можно использовать для обнаружения транскриптов или геномных последо-
вательностей, кодирующих тот же самый или гомологичные белки. В предпочти-
30 тельных вариантах выполнения зонд дополнительно включает присоединенную к
нему метку, например, метка может быть радиоизотопом, флуоресцентным соедине-
нием, ферментом или кофактором фермента. Такие зонды могут использоваться как
часть тест-набора геномных маркеров для идентификации клеток, которые экспрес-
35 сируют LMP, в частности посредством измерения уровня кодирующей LMP нуклеи-
новой кислоты в образце клеток, напр., обнаруживая уровни мРНК LMP или опреде-
ляя, был ли геномный LMP-ген мутирован, или делетирован.

40 В одном варианте выполнения молекула нуклеиновой кислоты согласно изобре-
тению кодирует белок или его часть, включающие аминокислотную последователь-
ность, которая является в достаточной мере гомологичной аминокислотной последо-
45 вательности, кодируемой последовательностью, показанной в Приложении, такой
как белок или его часть, которые выполняют такую же самую или сходную функ-
цию, что и белок дикого типа. Как оно здесь используется, выражение «в достаточ-
ной мере гомологичная» относится к белкам или их частям, которые имеют амино-
50 кислотные последовательности, включающие минимальное количество аминокис-

лотных остатков, идентичных или эквивалентных (напр., аминокислотный остаток, который имеет сходную боковую цепь, что и аминокислотный остаток в одной из ОРС последовательности, показанной в Приложении) аминокислотным остаткам последовательности, такой как белок или его часть, способные принимать участие в метаболизме веществ, необходимых для продуцирования запасных веществ в семенах растений, построения клеточных мембран в микроорганизмах или растениях или для транспорта молекул через мембраны. Регуляторные белки, такие как ДНК-связывающие белки, факторы транскрипции, киназы, фосфатазы или белки-участники метаболических путей, таких как пути биосинтеза липидов, крахмала и белков, или транспортных систем мембран, могут играть роль в биосинтезе запасных веществ семян. Примеры таких активностей здесь описываются (см. предлагаемые аннотации в Таблице 3). Примеры последовательностей нуклеиновых кислот, кодирующих LMP, представлены в Приложении.

Желательно, чтобы измененное или увеличенное продуцирование сахара и/или жирной кислоты в общих чертах было унаследованным в широком круге растений, подобных кукурузе, пшенице, ржи, овсу, тритикале, рису, ячменю, соевым бобам, арахису, хлопчатнику, каноле, маниоку, перцу, подсолнечнику, сахарной свекле и бархатцам, пасленовым растениям типа картофеля, табака, баклажана и помидоров, *Vicia species*, гороху, альфальфе, кустарниковым растениям (кофе, какао, чая), *Salix species*, древесным растениям (гвинейской масличной пальме, кокосовой пальме), многолетним и кормовым культурам. Предпочтительно также, чтобы эти культурные растения являлись мишеневыми растениями для генетической инженерии, как один из дополнительных вариантов осуществления настоящего изобретения.

Части белков, кодируемые молекулами LMP-нуклеиновых кислот согласно изобретению, предпочтительно являются биологически активными частями одного из LMP. Подразумевается, что в том значении, как он здесь используется, термин «биологически активная часть LMP» включает часть, например, домен/мотив LMP, который принимает участие в метаболизме веществ, необходимых для биосинтеза запасных липидов семян или построения клеточных мембран в микроорганизмах или растениях, или в транспорте молекул через эти мембраны, или имеет активность, представленную в Таблице 3. Чтобы определить, принимает ли LMP, или его биологически

активная часть в метаболизме веществ, необходимых для продуцирования запасных веществ семян и построения клеточных мембран, можно выполнить анализ ферментативной активности. Такие методы анализа хорошо известны специалистам в данной области техники и описаны здесь в Примере 14.

Биологически активные части LMP включают пептиды, содержащие аминокислотные последовательности, происходящие из аминокислотной последовательности LMP (напр., аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении, или аминокислотной последовательности белка, гомологичного LMP, которая включает меньше аминокислот, чем последовательность LMP полной длины, или последовательность полной длины белка, гомологичного LMP) и обнаруживают, по крайней мере, одну активность LMP. В типичном случае, биологически активные части (пептиды, напр., пептиды, которые имеют длину, например, в 5, 10, 15, 20, 30, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 50, 100 или более аминокислот) включают домен или мотив с, по крайней мере, одной активностью LMP. Более того, другие биологически активные части, в которых другие области белка делегированы, могут быть получены с помощью рекомбинантных методов и оценены на наличие одной или более описанных здесь активностей. Предпочтительно, биологически активные части LMP включают один или более заданных доменов/мотивов или их частей, обладающих биологической активностью.

Дополнительные фрагменты нуклеиновых кислот, кодирующих биологически активные части LMP, могут быть получены выделением части одной из последовательностей, экспрессирующих кодируемую часть LMP или пептида (напр., посредством рекомбинантной экспрессии *in vitro*) и оценкой активности кодируемой части LMP или пептида.

Далее изобретение охватывает молекулы нуклеиновых кислот, которые отличаются от одной из нуклеотидных последовательностей, показанных в Приложении (и их частей) вследствие вырожденности генетического кода и, таким образом, кодируют такой же самый LMP, что и кодируемый нуклеотидными последовательностями, показанными в Приложении. В дополнительном варианте выполнения молекула нуклеиновой кислоты согласно изобретению кодирует полноразмерный белок, который

является в значительной мере гомологичным аминокислотной последовательности полипептида, кодируемого открытой рамкой считывания, показанной в Приложении. В одном варианте выполнения изобретения полноразмерная нуклеиновая кислота или белок, либо фрагмент нуклеиновой кислоты или белка, происходят из *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*.

Специалистам в данной области техники будет понятно, что помимо нуклеотидных последовательностей LMP *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*, показанных в Приложении, внутри популяции (напр., популяции *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*) может существовать полиморфизм ДНК-последовательностей, который ведет к изменениям в аминокислотных последовательностях LMP. Такой генетический полиморфизм гена LMP может существовать среди особей в популяции благодаря природным вариациям. Как они используются здесь, термины «ген» и «рекомбинантный ген» относятся к молекулам нуклеиновой кислоты, включающим открытую рамку считывания, кодирующую LMP, предпочтительно LMP *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*. Такие природные вариации в типичных случаях могут приводить к изменениям в 1-40% в нуклеотидной последовательности гена LMP. Подразумевается, что каждая и все такие нуклеотидные вариации и получающийся полиморфизм аминокислот в LMP, которые являются результатом природной изменчивости и которые не изменяют функциональной активности LMP, включены в объем данного изобретения.

Молекулы нуклеиновых кислот, соответствующие природным вариантам и не-*Arabidopsis thaliana*-, не-*Brassica napus*-, не-*Glycine max*-, не-*Oryza sativa*- или не-*Triticum aestivum*-ортологам кДНК LMP *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum* согласно изобретению, могут быть выделены на основании их гомологии раскрытой здесь LMP-нуклеиновой кислоте *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*, используя кДНК *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*, или ее часть, в качестве гибридизационного зонда согласно стандартным гибридизационным методикам для строгих условий гибридизации. В том значении, как он здесь используется, термин «ортологи» относится к двум нуклеиновым кислотам

из разных видов, но которые развились от общего анцестрального гена в результате видообразования. В норме, ортологи кодируют белки, имеющие те же самые или сходные функции. Соответственно, в другом варианте выполнения молекула выделенной нуклеиновой кислоты согласно изобретению имеет длину в, по меньшей мере, 15 нуклеотидов и гибридизуется при строгих условиях с молекулой нуклеиновой кислоты, включающей нуклеотидную последовательность, показанную в Приложении. В другом варианте выполнения нуклеиновая кислота имеет длину, по меньшей мере, в 30, 50, 100, 250 или более нуклеотидов. Подразумевается, что термин «гибридуется при строгих условиях», как он здесь используется, описывает условия для гибридизации и промывки, при которых нуклеотидные последовательности, гомологичные одна другой, по меньшей мере, на 60%, остаются, как правило, гибридизованными одна с другой. Предпочтительно, чтобы условия были такими, что последовательности, гомологичные одна другой, по меньшей мере, примерно на 65%, более предпочтительно, что, по меньшей мере, примерно на 70%, и еще более предпочтительно, что, по меньшей мере, примерно на 75% или более, оставались гибридизованными одна с другой. Такие строгие условия известны специалистам в данной области техники, и с ними можно ознакомиться в *Current Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons, N.Y., 1989: 6.3.1-6.3.6. Предпочтительным, но не ограничивающим, примером строгих условий гибридизации является гибридизация в 6X натрий хлориде/натрий цитрате (SSC) при 45°C с последующими одной или более промывками в 0,2 X SSC, 0,1% SDS при 50-65°C. Другой предпочтительный пример строгих условий гибридизации представляет собой гибридизация в 6X растворе при 65°C. Предпочтительно, чтобы молекула выделенной нуклеиновой кислоты согласно изобретению, которая гибридизуется при строгих условиях с последовательностью, показанной в Приложении, соответствовала молекуле встречающейся в природе нуклеиновой кислоты. В том значении, как он здесь используется, термин молекула «встречающейся в природе» нуклеиновой кислоты относится к молекулам РНК и ДНК, имеющим нуклеотидную последовательность, которая имеет место в природе (напр., кодирует природный белок). В одном варианте выполнения нуклеиновая кислота кодирует природный LMP *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*.

5 Специалисту в данной области техники будет понятно, что в дополнение к встречающимся в природе вариантам последовательности LMP, которые могут существовать в популяции, посредством мутации в нуклеотидной последовательности, показанной в Приложении, в нее могут быть введены изменения, что приведет к изменению в аминокислотной последовательности кодируемого LMP без изменения функциональной способности LMP. Например, в последовательности, показанной в Приложении, могут быть произведены нуклеотидные замены, ведущие к заменам «несущественных» аминокислотных остатков. «Несущественный» аминокислотный остаток – это остаток, который может быть изменен в последовательности дикого типа
10 одного из LMP (Приложение) без изменения активности упомянутого LMP, в то время как «существенный» аминокислотный остаток является необходимым для LMP-активности. Другие аминокислотные остатки, тем не менее (напр., те, которые не являются консервативными или являются лишь полуконсервативными в домене, обладающем LMP-активностью), могут быть несущественными для активности и, таким образом, вероятно, подходящими для изменения без изменения LMP-активности.
25

Соответственно, другой аспект изобретения относится к молекулам, кодирующим LMP, которые имеют изменения в аминокислотных остатках, которые не являются
30 существенными для LMP-активности. Такие LMP отличаются по аминокислотной последовательности от последовательности все еще сохраняющей, по меньшей мере, одну из описанных здесь LMP-активностей. В другом варианте выполнения молекула выделенной нуклеиновой кислоты включает нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, причем белок включает аминокислотную последовательность, по меньшей мере, примерно на 50% гомологичную аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении, и способной
35 участвовать в метаболизме веществ, необходимых для продуцирования запасных веществ семян в *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*, или построения клеточных мембран, или имеют одну или более активностей, представленных в Таблице 3. Предпочтительно, чтобы белок, кодируемый молекулой нуклеиновой кислоты, являлся, по меньшей мере, примерно на 50-
40 60% гомологичным одной из последовательностей, кодируемых нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении, более предпочтительно – по меньшей мере, пример-
50

но на 60-70% гомологичным одной из последовательностей, кодируемых нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении, еще более предпочтительно – по меньшей мере, примерно на 70-80%, 80-90%, 90-95% гомологичным одной из последовательностей, кодируемых нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении, и наиболее предпочтительно – по меньшей мере, примерно на 96%, 97%, 98% или 99% гомологичным одной из последовательностей, кодируемых нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении.

Чтобы определить процент гомологии двух аминокислотных последовательностей (напр., одной из последовательностей, кодируемых нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении, и ее мутантной формой) или двух нуклеиновых кислот, последовательности выравниваются с целью их сравнения (напр., в последовательность одного белка или нуклеиновой кислоты для оптимального выравнивания с другим белком или нуклеиновой кислотой могут быть введены пробелы). Затем сравниваются аминокислотные остатки или нуклеотиды в соответственных положениях аминокислот или нуклеотидов. Когда позиция в одной последовательности (напр., одна из последовательностей кодируется нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении) занята таким же самым аминокислотным остатком или нуклеотидом, как в соответствующем положении в другой последовательности (напр., мутантной форме последовательности, взятой из полипептида, кодируемого нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении), молекулы являются гомологичными в данном положении (т. е., как этот термин здесь используется, «гомология» аминокислот или нуклеиновых кислот эквивалентна «идентичности» аминокислот или нуклеиновых кислот). Процент гомологии между двумя последовательностями представляет собой функцию количества идентичных положений, общего для последовательностей (т. е. % гомологии = количество идентичных положений/общее количество положений x 100).

Молекула выделенной нуклеиновой кислоты, кодирующая LMP, гомологичный белковой последовательности, кодируемой нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении, может быть получена введением одной или более замен, вставок или делеций нуклеотидов в нуклеотидную последовательность, показанную в Приложении, так что в кодируемый белок вводятся замены, вставки или делеции аминокислот. Мутации могут быть введены в одну из последовательностей, показанных в Прило-

женин, стандартными методами, такими как сайт-направленный мутагенез и ПЦР-опосредованный мутагенез. Предпочтительно консервативные аминокислотные замены выполняются с одним или более предсказуемо несущественными аминокислотными остатками. «Консервативные замены аминокислот» - это такие замены, при которых данный аминокислотный остаток замещается аминокислотным остатком, имеющим сходную боковую цепь. Семейства аминокислотных остатков, имеющих сходные боковые цепи, в уровне техники определены. Эти семейства включают аминокислоты с основными боковыми цепями (напр., лизин, аргинин, гистидин), кислотными боковыми цепями (напр., аспарагиновая кислота, глутаминовая кислота), незаряженными полярными боковыми цепями (напр., глицин, аспарагин, глутамин, серин, треонин, тирозин, цистеин), неполярными боковыми цепями (напр., аланин, валин, лейцин, изолейцин, пролин, фенилаланин, метионин, триптофан), бета-разветвленными боковыми цепями (напр., треонин, валин, изолейцин) и ароматическими боковыми цепями (напр., тирозин, фенилаланин, триптофан, гистидин). Таким образом, предсказуемый несущественный аминокислотный остаток в LMP предпочтительно замещается другим аминокислотным остатком из семейства с такой же боковой цепью. Альтернативно, в другом варианте выполнения изобретения мутации могут быть введены случайным образом по всей или по части кодирующей LMP последовательности, например, с помощью мутагенеза насыщения, и получаемые мутанты могут быть скринированы на описанную здесь LMP-активность для идентификации мутантов, которые сохраняют эту активность. После мутагенеза одной из последовательностей, показанных в Приложении, кодируемый белок может быть экспрессирован рекомбинантным методом, и активность белка можно определить, используя, например, описанные здесь анализы (см. Примеры 14-15 и 17-18).

Предпочтительно LMP производят рекомбинантными методами. Например, молекулу нуклеиновой кислоты, кодирующую белок, клонируют в экспрессирующий вектор (как описано выше), экспрессирующий вектор вводят в клетку-хозяина (как здесь описывается) и экспрессируют LMP в клетке-хозяине. LMP можно затем выделить из клеток посредством подходящей схемы очистки, используя стандартные методы очистки белков. Альтернативно рекомбинантной экспрессии, LMP или его пептид можно синтезировать химически, используя стандартные методы пептидного синтеза. Более того, нативный LMP можно выделить из клеток, например, используя

анти-LMP-антитело, которое можно получить стандартными методами, используя LMP или его фрагмент согласно данному изобретению.

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

Изобретение также обеспечивает химерные или слитые LMP-белки. Как они используются здесь, термины LMP-«химерный белок» или LMP-«слитый белок» означают LMP-полипептид, оперативно связанный с не-LMP-полипептидом. Термин «LMP-полипептид» относится к полипептиду, имеющему аминокислотную последовательность, соответствующую белку, который по существу не является гомологичным LMP, например, белок, который отличается от LMP и который происходит из того же самого или иного организма. Что касается слитого белка, то подразумевается, что термин «оперативно связанный» указывает, что LMP-полипептид и не-LMP-полипептид слиты один с другим таким образом, что обе последовательности выполняют предполагаемую функцию, свойственную используемой последовательности. Не-LMP-полипептид может быть слит с N-концом или C-концом LMP-полипептида. Например, в одном варианте выполнения слитый белок является белком слияния GST-LMP (с глутатион S-трансферазой), в котором последовательность LMP слита с C-концом последовательностей GST. Такие слитые белки могут облегчить очистку рекомбинантных LMP. В другом варианте выполнения слитый белок является LMP, содержащим гетерологичную сигнальную последовательность на своем N-конце. В некоторых клетках хозяина (например, хозяйских клетках млекопитающих) экспрессия и/или секреция LMP может быть увеличена за счет использование гетерологичной сигнальной последовательности.

Предпочтительно LMP-химерные или слитые белки согласно изобретению получают стандартными методами рекомбинантных ДНК. Например, фрагменты ДНК, кодирующие различные полипептидные последовательности, лигируют вместе в рамку считывания в соответствии со стандартными методами, например, путем использования тупых или ступенчатых концов для лигирования, расщепления рестрикционными ферментами для обеспечения подходящих концов, заполнения сцепляемых концов посредством обработки, когда уместно, щелочной фосфатазой, чтобы избежать нежелательного соединения, и ферментативного сшивания. В другом варианте выполнения слитый ген может быть синтезирован традиционными методами, включая использование автоматических ДНК-синтезаторов. Альтернативно, ПЦР-

амплификацию генных фрагментов можно осуществить, используя якорные праймеры, увеличивающие комплементарные выступы между двумя последовательными генными фрагментами, которые можно последовательно отжигать и реамплифицировать, чтобы создать химерную генную последовательность (см., напр., Current Protocols in Molecular Biology, eds. Ausubel et al., John Wiley & Sons: 1992). Более того, коммерчески доступны многие экспрессирующие векторы, которые уже кодируют слитый продукт (напр., GST-полипептид). Нуклеиновая кислота, кодирующая LMP, может быть клонирована в такой экспрессирующий вектор, чтобы слитый продукт был связан в рамке считывания с LMP.

В дополнение к молекулам нуклеиновых кислот, кодирующим описанные выше LMP, другой аспект относится к молекулам нуклеиновой кислоты, которая является антисмысловой к описанной выше. «Антисмысловая» нуклеиновая кислота включает нуклеотидную последовательность, которая является комплементарной к «смысловой» нуклеиновой кислоте, кодирующей белок, например, комплементарной молекуле, кодирующей цепь молекулы двухцепочечной кДНК, или комплементарной последовательности мРНК. Соответственно, антисмысловая нуклеиновая кислота имеет водородную связь со смысловой нуклеиновой кислотой. Антисмысловая нуклеиновая кислота может быть комплементарной к целой цепи, кодирующей LMP, или только к ее части. В одном варианте выполнения молекула антисмысловой нуклеиновой кислоты является антисмысловой к «кодирующей области» кодирующей нити нуклеотидной последовательности, кодирующей LMP. Термин «кодирующая область» относится к области нуклеотидной последовательности, включающей кодоны, которые транскрибируются в аминокислотные остатки (напр., полная кодирующая область BnWRI01 включает нуклеотиды 1 - 1245). В другом варианте выполнения молекула антисмысловой нуклеиновой кислоты является антисмысловой к «некодирующей области» кодирующей цепи нуклеотидной последовательности, кодирующей LMP. Термин «некодирующая область» относится к 5'- и 3'-последовательностям, которые фланкируют кодирующую область, которая не транскрибируется в аминокислоты (т.е. также относится к 5'- и 3'-нетранслируемым областям).

Поскольку последовательности кодирующей цепи, кодирующей LMP, здесь раскрыты (например, последовательности, представленные в Приложении), антисмысловые

нуклеиновые кислоты согласно изобретению могут быть сконструированы согласно правилам Уотсона и Крика по спариванию оснований. Молекула антисмысловой нуклеиновой кислоты может быть комплементарной полной кодирующей области мРНК LMP, но более предпочтительным является олигонуклеотид, который является антисмысловым только к части кодирующей или некодирующей области мРНК LMP. Например, антисмысловой олигонуклеотид может быть комплементарным области, окружающей сайт старта трансляции мРНК LMP. Антисмысловой олигонуклеотид может быть длиной, например, 5, 19, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45 или 50 нуклеотидов. Антисмысловую или смысловую нуклеиновую кислоту согласно изобретению можно сконструировать, используя химический синтез и реакции ферментативного лигирования с помощью процедур, известных в данной области техники. Например, антисмысловая нуклеиновая кислота (напр., антисмысловой олигонуклеотид) может быть химически синтезирована с помощью встречающихся в природе нуклеотидов или различных модифицированных нуклеотидов, сконструированных для увеличения биологической стабильности молекул или для увеличения физической стабильности дуплекса, образующегося между антисмысловой и смысловой нуклеиновыми кислотами, например, могут быть использованы фосфориоатные производные и акридин-замещенные нуклеотиды. Примеры модифицированных нуклеотидов, которые могут быть использованы для создания антисмысловой нуклеиновой кислоты включают 5-фторурацил, 5-бром урацил, 5-хлорурацил, 5-иодурацил, гипоксантин, ксантин, 4-ацетилцитозин, 5-карбоксиметиламинометилурацил, дигидроурацил, бета-D-галактозилхеозин, инозин, N-6-изопентениладенин, 1-метилгуанин, 1-метилюридин, 2,2-диметилгуанин, 2-метиладенин, 2-метилгуанин, 3-метилцитозин, 5-метилцитозин, N-6-аденин, 7-метилгуанин, 5-метиламинометилурацил, 5-метоксиамино-метил-2-тиоурацил, бета-D-маннозилквеозин, 5-метоксикарбоксиметил-урацил, 5-метоксиурацил, 2-метилтио-N-6-изопентениладенин, урацил-5-оксиуксусная кислота (v), вибутоксозин, псевдоурацил, квеозин, 2-тиоцитозин, 5-метил-2-тиоурацил, 2-тиоурацил, 4-тиоурацил, 5-метилурацил, метиловый эфир урацил-5-оксиуксусной кислоты, урацил-5-оксиуксусная кислота (v), 5-метил-2-тиоурацил, 3-(3-амино-3-N-2-карбокситрол)урацил, (аср3)w и 2,6-диаминопурин. Альтернативно, антисмысловая нуклеиновая кислота может быть продуцирована биологически, с использованием экспрессирующего вектора, в который нуклеиновая кислота субклонирована в антисмысловой

ориентации к представляющей интерес нуклеиновой кислоте, как описано далее в следующем разделе).

5

10

15

В другой разновидности антисмысловой технологии конструкт двухцепочечной вводимой РНК может быть использован, чтобы вызвать даун-регуляцию уровня мРНК LMP и активности LMP в трансгенных растениях. Это требует трансформирования растений химерным конструктом, содержащим часть LMP-последовательности в смысловой ориентации, слитой с антисмысловой последовательностью той же самой части LMP-последовательности. Для разделения смыслового и антисмыслового фрагментов LMP-последовательностей в конструкте может быть использована область линкерной ДНК переменной длины.

20

25

30

35

40

45

Молекулы антисмысловой нуклеиновой кислоты согласно изобретению обычно вводятся в клетку или создаются *in situ* таким образом, что они гибридизуются или связываются с клеточной мРНК и/или геномной ДНК, кодирующей LMP, чтобы тем самым ингибировать экспрессию белка, например, посредством ингибирования транскрипции и/или трансляции. Гибридизация может быть представлена обычной комплементарностью нуклеотидов, приводящей к образованию стабильного дуплекса, или, например, в случае молекулы антисмысловой нуклеиновой кислоты, которая связывается с ДНК-дуплексом, специфическими взаимодействиями в большой бороздке двойной спирали. Антисмысловая молекула может быть модифицирована таким образом, что она будет специфически связываться с рецептором или антигеном, экспрессированным на выбранной поверхности клетки, например, посредством связывания молекулы антисмысловой нуклеиновой кислоты с пептидом или антителом, которое связывается с рецептором на поверхности клетки или антигеном. Молекулу антисмысловой нуклеиновой кислоты можно также доставить в клетки, используя описанные здесь векторы. Предпочтительно, чтобы для достижения достаточных внутриклеточных концентраций антисмысловых молекул векторные конструкции, в которые помещается молекула антисмысловой нуклеиновой кислоты под контролем

50

В еще одном варианте выполнения антисмысловая молекула нуклеиновой кислоты согласно изобретению является α -аномерной молекулой нуклеиновой кислоты. α -Аномерная молекула нуклеиновой кислоты образует специфичные двухцепочечные гибриды с комплементарной РНК, в которых, в противоположность обычным элементам, цепи параллельны одна другой (Gaultier et al., 1987, Nucleic Acids Res. 15:6625-6641). Антисмысловая молекула нуклеиновой кислоты может также включать 2'-о-метил-рибонуклеотид (Inoue et al., 1987, Nucleic Acids Res. 15:6131-6148) или химерный РНК-ДНК-аналог (Inoue et al., 1987, FEBS Lett. 215:327-330).

В еще одном варианте выполнения антисмысловая нуклеиновая кислота согласно изобретению является рибозимом. Рибозимы представляют собой каталитические РНК-молекулы с рибонуклеазной активностью, которые способны расщеплять одноцепочечную нуклеиновую кислоту, такую как мРНК, к которой у них имеется комплементарная область. Таким образом, рибозимы (напр., рибозимы в виде «головки молотка», описанные у Haselhoff & Gerlach, 1988, Nature 334:585-591) могут быть использованы в каталитическом расщеплении транскриптов мРНК LMP для ингибирования трансляции мРНК LMP. Рибозим, имеющий специфичность к кодирующей LMP нуклеиновой кислоте, может быть сконструирован на базе нуклеотидной последовательности раскрываемой здесь кДНК LMP (см., напр., Vn01 в Приложении) или на основе гетерологичной последовательности, выделяемой в соответствии с методами, раскрываемыми в данном изобретении. Например, можно сконструировать производное РНК IVS штамма L-19 *Tetrahymena*, в котором нуклеотидная последовательность активного сайта комплементарна нуклеотидной последовательности, которая должна быть расщеплена в мРНК, кодирующей LMP (см., напр., Cech et al., U.S. Patent No. 4,987,071 and Cech et al., U.S. Patent No. 5,116,742). Альтернативно, мРНК LMP может быть использована для отбора каталитической РНК, имеющей специфичную рибонуклеазную активность, из пула молекул РНК (см., напр., Bartel & Szostak, 1993, Science 261:1411-1418).

Альтернативно, экспрессия LMP-гена может быть ингибирована введением нуклеотидных последовательностей, комплементарных регуляторной области нуклеотидной последовательности LMP (напр., LMP-промотору и/или энхансерам), чтобы сформировать трехспиральные структуры, которые предотвращают транскрипцию

5 LMP-гена в мишеневых клетках (см., напр., Helene, 1991, Anticancer Drug Des. 6:569-84; Helene et al., 1992, Ann. N.Y. Acad. Sci. 660:27-36; и Maher, 1992, Bioassays 14:807-15).

10 Другой аспект изобретения относится к векторам, предпочтительно экспрессирующим векторам, содержащим нуклеиновую кислоту, кодирующую LMP (или его часть). Термин «вектор», как он здесь используется, относится к молекулам нуклеиновых кислот, способным транспортировать другую нуклеиновую кислоту, с которой они связаны. Один тип вектора представляет собой «плазмиду», которая относится к кольцевой петле двухцепочечной ДНК, в которую могут быть лигированы дополнительные сегменты ДНК. Другой тип вектора является вирусным вектором, в котором дополнительные сегменты ДНК могут быть лигированы в вирусный геном. 15 Некоторые векторы способны к автономной репликации в клетке-хозяине, в которую они введены (например, бактериальные векторы и эписомные векторы млекопитающих содержат ориджин репликации). Другие векторы (напр., не-эписомные векторы млекопитающих) интегрируются в геном клетки-хозяина после их введения в клетку-хозяина и, таким образом, реплицируются вместе с геномом хозяина. Более того, некоторые векторы способны направлять экспрессию генов, с которыми они оперативно связаны. Такие векторы называются здесь «экспрессирующими векторами». 20 Как правило, в методах рекомбинантных ДНК используют экспрессирующие векторы в виде плазмид. В описании настоящего изобретения термины «плазида» и «вектор» могут использоваться взаимозаменяемо, поскольку плазида является наиболее часто используемым видом вектора. Тем не менее, подразумевается, что изобретение включает и другие виды экспрессирующих векторов, такие как вирусные векторы (напр., дефектно реплицирующиеся ретровирусы, аденовирусы и аденоассоциированные векторы), которые выполняют эквивалентные функции. 25 30 35 40

45 То, что рекомбинантный экспрессирующий вектор согласно изобретению включает нуклеиновую кислоту согласно изобретению в форме, пригодной для экспрессии этой нуклеиновой кислоты в клетке-хозяине, означает, что этот рекомбинантный экспрессирующий вектор содержит одну или более регуляторных последовательностей, выбранных в соответствии с клетками хозяина, которые будут использоваться для экспрессии, которые оперативно связаны с последовательностью нуклеиновой 50

кислоты, которую предстоит экспрессировать. Что касается рекомбинантного экспрессирующего вектора, то подразумевается, что термин «оперативно связана» означает, что представляющая интерес нуклеотидная последовательность связана с регуляторной(-ыми) последовательностью(-ями) таким способом, который позволяет экспрессировать нуклеотидную последовательность, при этом обе последовательности слиты одна с другой так, что каждая выполняет предназначенную ей функцию (например, в *in vitro*-системе «транскрипция/трансляция» или в клетке-хозяине, когда вектор интродуцирован в клетку-хозяина). Подразумевается, что термин «регуляторная последовательность» охватывает промоторы, энхансеры и другие контролирующие экспрессию элементы (напр., сигналы полиаденилирования). Такие регуляторные последовательности описаны, например, у Goeddel; Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990), или см.: Gruber and Crosby, in: Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, CRC Press, Boca Raton, Florida, eds.: Glick & Thompson, Chapter 7, 89-108, включая имеющиеся там ссылки. Регуляторные последовательности включают последовательности, которые направляют конститутивную экспрессию нуклеотидной последовательности во многих типах клетки-хозяина, и последовательности, которые направляют экспрессию нуклеотидной последовательности только в определенных клетках хозяина или при определенных условиях. Специалистам в данной области техники понятно, что конструкция экспрессирующего вектора зависит от таких факторов, как выбор клетки-хозяина, которую предстоит трансформировать, уровня экспрессии желаемого белка и т. д. Экспрессирующие векторы согласно изобретению могут быть введены в клетки хозяина для продуцирования белков или пептидов, включая слитые белки или пептиды, кодируемые описанными здесь нуклеиновыми кислотами (напр., LMP, мутантные формы LMP, слитые белки и т. д.).

Рекомбинантные экспрессирующие векторы согласно изобретению могут быть сконструированы для экспрессии LMP в прокариотических или эукариотических клетках. Например, LMP-гены могут быть экспрессированы в бактериальных клетках, клетках насекомых (при использовании бакуловирусных экспрессирующих векторов), дрожжей и клетках других грибов (см. Romanos et al., 1992, Foreign gene expression in yeast: a review, Yeast 8:423-488; van den Hondel, C.A.M.J.J. et al. 1991, Heterologous gene expression in filamentous fungi, in: More Gene Manipulations in Fungi, Bennet &

Lasure, eds., p. 396-428: Academic Press: San Diego; и van den Hondel & Punt 1991, Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of Fungi, Peberdy et al., eds., p. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge), водорослей (Falciatore et al., 1999, Marine Biotechnology 1:239-251), цилиат из родов *Holotrichia*, *Peritrichia*, *Spirotrichia*, *Suctorina*, *Tetrahymena*, *Paramecium*, *Colpidium*, *Glaucoma*, *Platyophrya*, *Potomacus*, *Pseudocohnilembus*, *Euplotes*, *Engelmanniella* и *Stylonychia*, особенно вида *Stylonychia lemnae*, с помощью векторов, которые затем используются для трансформации, как описано в WO 98/01572, и в клетках многоклеточных растений (см. Schmidt & Willmitzer, 1988, Plant Cell Rep.:583-586; Plant Molecular Biology and Biotechnology, C Press, Boca Raton, Florida, chapter 6/7, S.71-119 (1993); White et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds.: Kung and Wu, Academic Press 1993, 128-43; Potrykus, 1991, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol. 42:205-225 (и цитируемые в них ссылки), или в клетках млекопитающих. Подходящие клетки-хозяева обсуждаются также у Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA 1990). Альтернативно, рекомбинантный экспрессирующий вектор можно транскрибировать и транслировать *in vitro*, например, используя E7-промоторные регуляторные последовательности и T7-полимеразу.

Экспрессия белков в прокариотах весьма часто выполняется с помощью векторов, содержащих конститутивные или индуцибельные промоторы, направляющие экспрессию слитых либо не-слитых белков. Фьюжн-векторы добавляют ряд аминокислот к кодируемому в них белку, обычно к амино-концу рекомбинантного белка, но также и к С-концу или сливают их с подходящими областями белков. Такие фьюжн-векторы обычно служат одной или более следующих целей: 1) увеличить экспрессию рекомбинантного белка; 2) увеличить растворимость рекомбинантного белка; и 3) способствовать очистке рекомбинантного белка, действуя в качестве лиганда при аффинной очистке. Часто в экспрессирующих фьюжн-векторах сайт протеолитического расщепления вводится в место соединения слитой части с рекомбинантным белком, чтобы дать возможность отделения рекомбинантного белка от слитой с ним части при последующей очистке слитого белка. Такие ферменты и родственные им распознающие последовательности включают фактор Ха, тромбин и энтерокиназу.

Типичные экспрессирующие векторы слияния включают pGEX (Pharmacia Biotech Inc; Smith & Johnson 1988, Gene 67:31-40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) и pRIT5 (Pharmacia, Piscataway, NJ), которые сливают глутатион S-трансферазу (GST), белок, связывающий мальтозу E, или белок A, соответственно, с мишеневым рекомбинантным белком. В одном варианте выполнения изобретения кодирующую последовательность LMP клонируют в pGEX-экспрессирующий вектор для создания вектора, кодирующего слитый белок, включающий, в направлении от N-конца к C-концу, GST – тромбиновый сайт расщепления – белок X. Слитый белок может быть очищен аффинной хроматографией с использованием глутатион-агарозного полимера. Рекомбинантный LMP, не слитый с GST, может быть получен расщеплением слитого белка тромбином.

Примеры подходящих индуцибельных не-слитых экспрессирующих векторов на основе *E. coli* включают pTrc (Amann et al., 1988, Gene 69:301-315) и pET 11d (Studier et al., 1990, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, California 60-89). Экспрессия целевого гена из pTrc-вектора основывается на транскрипции хозяйской РНК-полимеразы от гибридного слитого *trp-lac*-промотора. Экспрессия целевого гена из pET 11d-вектора основывается на транскрипции от слитого T7 *gn10-lac*-промотора, опосредованной коэкспрессией вирусной РНК-полимеразы (T7 *gn1*). Эта вирусная полимераза обеспечивается хозяйскими штаммами BL21 (DE3) или HMS174 (DE3) от резидентного профага, посредством помещения T7 *gn1*-гена под транскрипционный контроль *lacUV 5*-промотора.

Одна стратегия максимизации экспрессии рекомбинантного белка заключается в экспрессии белка в бактерии-хозяине с ослабленной способностью к протеолитическому расщеплению рекомбинантного белка (Gottesman, 1990, Gene Expression Technology: *Methods in Enzymology* 185:119-128, Academic Press, San Diego, California). Другая стратегия состоит в изменении последовательности нуклеиновой кислоты, которая должна быть инсертирована в экспрессирующий вектор таким образом, чтобы индивидуальные кодоны каждой аминокислоты стали такими, которые предпочтительно используются в бактерии, выбранной для экспрессии (Wada et al., 1992, *Nucleic Acids Res.* 20:2111-2118). Такое изменение последовательностей нуклеино-

вой кислоты согласно изобретению может быть выполнено стандартными методами синтеза ДНК.

5

В другом варианте выполнения вектор, экспрессирующий LMP, является дрожжевым экспрессирующим вектором. Приметы векторов для экспрессии в дрожжах *S. cerevisiae* включают pYepSec1 (Baldari et al., 1987, Embo J. 6:229-234), pMFa (Kurjan & Herskowitz, 1982, Cell 30:933-943), pJRY88 (Schultz et al., 1987, Gene 54:113-123), и pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA). Векторы и методы конструирования векторов, пригодных для использования в других грибка, таких как гифомицеты, включают описанные подробно в van den Hondel & Punt, 1991, в: Applied Molecular Genetics of Fungi, Peberdy et al., eds., p. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge.

10

15

20

25

Альтернативно, LMP согласно изобретению можно экспрессировать в клетках насекомых, используя бакуловирусные экспрессирующие векторы. Бакуловирусные векторы, доступные для экспрессии белков в культурах клеток насекомых (напр., Sf 9-клеток), включают pAc-серии (Smith et al., 1983, Mol. Cell Biol. 3:2156-2165) и pVL-серии (Lucklow & Summers, 1989, Virology 170:31-39).

30

35

40

45

В еще одном варианте выполнения нуклеиновую кислоту согласно изобретению экспрессируют в клетках млекопитающих, используя экспрессирующий вектор млекопитающих. Примеры экспрессирующих векторов млекопитающих включают pCDM8 (Seed, 1987, Nature 329:840) и pMT2PC (Kaufman et al., 1987, EMBO J. 6:187-195). При использовании в клетках млекопитающих контрольные функции экспрессирующих векторов часто обеспечиваются вирусными регуляторными элементами. Например, обычно используемые промоторы происходят из полиомы, аденовируса 2, цитомегаловируса и вируса 40 обезьяны. Относительно других подходящих экспрессионных систем как для прокариотических, так и эукариотических клеток см. главы 16 и 17 Руководства Sambrook, Fritsh and Maniatis, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2nd, ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.*

50

В другом варианте выполнения LMP согласно изобретению могут быть экспрессированы в клетках одноклеточных растений (таких как водоросли, см. Falciatore et al.,

1999, *Marine Biotechnology* 1:239-251 и приведенные в ней ссылки) и растительных клетках высших растений (напр., сперматофитов, таких как зерновые растения).
5 Примеры растительных экспрессирующих векторов включают такие, которые подробно описаны у Becker et al., 1992, *Plant Mol. Biol.* 20:1195-1197; Bevan, 1984, *Nucleic Acids Res.* 12:8711-8721; и в *Vectors for Gene Transfer in Higher Plants*; in: *Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization*, eds.: Kung und R. Wu, Academic Press,
10 1993, S. 15-38.

Растительная кассета экспрессии предпочтительно содержит регуляторные последовательности, способные управлять экспрессией генов в клетках растений, которые
15 оперативно связаны, так что каждая последовательность может выполнять свою функцию, такую как терминация транскрипции, включая сигналы полиаденилирования. Предпочтительными сигналами полиаденилирования являются сигналы, происходящие из Т-ДНК *Agrobacterium tumefaciens*, такие как из гена 3, известного как октопинсинтаза Ti-плазмиды pTiACH5 (Gielen et al., 1984, *EMBO J.* 3:835), или его
20 функциональных эквивалентов, но подходящими являются и все другие терминаторы, функционально активные в растениях.

Поскольку экспрессия генов растений часто не ограничивается на транскрипционных
30 уровнях, растительная кассета экспрессии предпочтительно содержит и другие оперативно связанные последовательности, типа трансляционных энхансеров, такие как overdrive-последовательность, содержащая 5'-нетранслируемую лидерную последовательность из вируса мозаики табака, увеличивающую соотношение белок/РНК (Gallie et al., 1987, *Nucleic Acids Res.* 15:8693-8711).
35

Экспрессируемые растительные гены приходится оперативно сцеплять с подходящими промоторами для придания экспрессируемому гену временной, клеточной или
40 тканевой специфичности (Benfey et al., 1989, *EMBO J.* 8:2195-2202), подобными промоторам, происходящих из вирусов растений, типа 35S CaMV (Franck et al., 1980, *Cell* 21:285-294), 19S CaMV (см. патент США № 5,352,605 и WO 84/02913),
45 или растительным промоторами, подобными промотору из малой субъединицы Rubisco, описанному в патенте США № 4,962,028. Еще более предпочтительными являются семя-специфичные промоторы, ведущие экспрессию LMP-белков во время
50

5
10
15
20
25
всех или выбранных стадий развития семян. Семья-специфичные растительные про-
моторы известны средним специалистам в данной области техники и идентифици-
руются и характеризуются, используя библиотеки семья-специфичных мРНК методи-
ки экспрессионных профилей. Семья-специфичные промоторы включают промотор
напинового гена из масличного рапса (патент США № 5,608,152), USP-промотор из
Vicia faba (Baeumlein et al., 1991, Mol. Gen. Genetics 225:459-67), олеозиновый про-
мотор из арабидопсиса (WO 98/45461), фазеолиновый промотор из *Phaseolus vulgaris*
(патент США №. 5,504,200), Все4-промотор из *Brassica* (WO 91/13980) или лигуми-
новый В4-промотор (LeB4; Baeumlein et al., 1992, Plant J. 2:233-239), а также промо-
торы, придающие семья-специфичную экспрессию в однодольных растениях, подоб-
ных кукурузе, ячменю, пшенице, ржи, рису и т. д. Подходящими промоторами, на
которые следует обратить внимание, являются промоторы генов *lpt2* or *lpt1* из ячме-
ня (WO 95/15389 и WO 95/23230) или промоторы, описанные в WO 99/16890 (про-
моторы из гена хордеина ячменя, гена глютеина риса, гена оризина риса, гена про-
ламина риса, гена глиаина пшеницы, гена глютеина пшеницы, гена зеина кукурузы,
гена глютеина овса, гена каризина *Sorgum* и гена секалена ржи).

30
35
40
45
Экспрессия генов в растениях может быть также облегчена с использованием инду-
цибельного промотора (см. обзор у Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol.
Biol. 48:89-108). Химически индуцируемые промоторы особенно подходят, если экс-
прессия гена желательна в специфическое время. Примерами таких промоторов яв-
ляются промотор, индуцируемый салициловой кислотой (WO 95/19443), промотор,
индуцируемый тетрациклином (Gatz et al. 1992, Plant J. 2:397-404), и промотор, ин-
дуцируемый этанолом (WO 93/21334).

40
45
50
Также подходящими промоторами являются промоторы, отвечающие на условия
биотического или абиотического стресса, такие как индуцируемый патогенами про-
мотор гена PRP1 (Ward et al., 1993, Plant. Mol. Biol. 22:361-366), индуцируемый теп-
лом *hsp80*-promoter из помидора (патент США № 5,187,267), индуцируемый холодом
альфа-амилазный промотор из картофеля (WO 96/12814) *wound*-индуцируемый *pinII*-
промотор (EP 375091).

Другими предпочтительными последовательностями для использования в кассетах экспрессии генов растений являются таргетинг-последовательности, необходимые для направления генного продукта в подходящий для него клеточный компартмент (см. обзор у Kermodé, 1996, Crit. Rev. Plant Sci. 15:285-423 и цитируемые там ссылки), такой как вакуоль, ядро, все типы пластид, подобных амилопластам, хлоропластам, хромопластам, внеклеточное пространство, митохондрия, эндоплазматический ретикулум, масляные тельца, пероксисомы, и другие компартменты растительных клеток. Также особенно подходящими являются промоторы, которые придают генам пластид-специфичную экспрессию, так как пластиды являются компартментом, где синтезируются предшественники и некоторые конечные продукты липидного синтеза. Подходящие промоторы, такие как промотор вирусной РНК-полимеразы, описаны в WO 95/16783 и WO 97/06250, и *cpP*-промотор из *Arabidopsis* описан в WO 99/46394.

Изобретение также обеспечивает рекомбинантный экспрессирующий вектор, включающий ДНК-молекулу согласно изобретению, клонированную в экспрессирующий вектор в антисмысловой ориентации. То есть, ДНК-молекулу оперативно сцепляют с регуляторной последовательностью таким образом, чтобы обеспечивалась возможность для экспрессии (посредством транскрипции ДНК-молекулы) РНК-молекулы, которая является антисмысловой к мРНК LMP. Регуляторные последовательности, оперативно связанные с нуклеиновой кислотой, клонированной в антисмысловой ориентации, могут быть выбраны из тех, которые направляют постоянную экспрессию антисмысловой РНК-молекулы во множестве типов клеток. Например, вирусные промоторы и/или энхансеры, или регуляторные последовательности могут быть выбраны из таких, которые направляют конститутивную, тканеспецифичную или специфичную по типу клеток экспрессию антисмысловой РНК. Вектор для антисмысловой экспрессии может быть в виде рекомбинантной плазмиды, фагмиды или ослабленного вируса, с которых антисмысловые нуклеиновые кислоты продуцируются под контролем высокоэффективных регуляторных областей, активность которых может определяться типом клеток, в которые вектор интродуцирован. Относительно обсуждения регуляции генной экспрессии с использованием антисмысловых генов см. Weintraub et al. (1986, Antisense RNA as a molecular tool for genetic analysis, Reviews - Trends in Genetics, Vol. 1) и Mol et al. (1990, FEBS Lett. 268:427-430).

Другой аспект изобретения касается клеток-хозяев, в которые вводится рекомбинантный экспрессирующий вектор согласно изобретению. Термины «клетка-хозяин» и «рекомбинантная клетка-хозяин» используются здесь взаимозаменяемо. Будет понятным, что такие термины относятся не только к конкретной рассматриваемой клетке, но также и к потомству или потенциальному потомству такой клетки. Вследствие либо мутаций, либо воздействий окружающей среды в последующих поколениях могут происходить определенные изменения. Такое потомство, действительно, может не быть идентичным родительской клетке, но все же оно включено в объем данного термина, как он здесь используется. Клетка-хозяин может быть любой прокариотической или эукариотической клеткой. Например, LMP можно экспрессировать в бактериальных клетках, клетках насекомых, клетках грибов, клетках млекопитающих (таких как клетки яичников китайского хомячка (CHO) или COS-клетки), водорослях, цилиатах или клетках растений. Другие подходящие клетки-хозяева известны специалистам в данной области техники.

Векторные ДНК могут вводиться в прокариотические или эукариотические клетки с помощью традиционных методик трансформации или трансфекции. Подразумевается, что термины «трансформация», «трансфекция», «конъюгация» и «трансдукция», как они здесь используются, относятся к множеству общепризнанных в данной области методик введения чужеродной нуклеиновой кислоты (напр., ДНК) в клетку-хозяина, включая осаждение фосфатом кальция или хлоридом кальция, DEAE-декстран-опосредованной трансфекцию, липофекцию, природную компетенцию, опосредованную химическими соединениями передачу или электропорацию. Подходящие методы трансформации или трансфекции клеток-хозяев, включая растительные клетки, можно найти в руководстве Sambrook et al. (1989, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 2nd, ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY) и других лабораторных руководствах, таких как *Methods in Molecular Biology* 1995, Vol. 44, *Agrobacterium protocols*, ed: Gartland and Davey, Humana Press, Totowa, New Jersey.

Относительно стабильной трансфекции клеток млекопитающих и растений известно, что, в зависимости от используемого экспрессирующего вектора или методики

трансфекции, только небольшая фракция клеток может интегрировать в свой геном чужеродную ДНК. Чтобы идентифицировать и отобрать эти интегранты, в клетку-хозяина наряду с представляющим интерес геном обычно вводят ген, который кодирует селективируемый маркер (например, устойчивость к антибиотику). Предпочтительные селективируемые маркеры включают маркеры, которые придают устойчивость к лекарственным средствам, такие как G418, гигромицин, канамицин и метотрексат, или в растениях – которые придают устойчивость к гербициду, такому как глифосат или глюфосинат. Нуклеиновая кислота, кодирующая селективируемый маркер, может быть введена в клетку-хозяина на том же самом векторе, который кодирует LMP, или может быть введена на отдельном векторе. Клетки, стабильно трансфицированные введенной нуклеиновой кислотой, могут быть идентифицированы, например, препаративной селекцией (напр., клетки, которые включают ген селективируемого маркера, выживут, в то время как другие клетки погибнут).

Чтобы создать гомологичный рекомбинантный микроорганизм, готовят вектор, который содержит, по крайней мере, часть LMP-гена, в который могут быть введены делеции, вставки или замещения для модификации, например, нарушения функционирования гена. Предпочтительно, LMP-ген является геном *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*, но он может быть гомологом из родственного растения или даже происходить из млекопитающего, дрожжей или насекомого. В предпочтительном варианте выполнения вектор конструируется таким образом, чтобы при гомологичной рекомбинации эндогенный LMP-ген функционально нарушался (т.е. больше не кодировал функциональный белок; также называемый нокаут-вектором). Альтернативно, вектор может быть сконструирован таким образом, чтобы при гомологичной рекомбинации LMP-ген мутировал или изменился иначе, но все еще кодировал бы функциональный белок (например, можно изменить регуляторную область, расположенную против хода транскрипции, чтобы тем самым изменить экспрессию эндогенного LMP). Для создания точечной мутации посредством гомологичной рекомбинации можно использовать методику, известную как химерапластика (Cole-Strauss et al., 1999, *Nucleic Acids Res.* 27:1323-1330 и Kmiec, 1999, *American Scientist* 87:240-247). Процедуры по гомологичной рекомбинации в *Arabidopsis thaliana* и других зерновых культурах хорошо известны в данной области техники и рассматриваются здесь.

В векторе для гомологичной рекомбинации измененная часть LMP-гена фланкируется на ее 5'- и 3'-концах дополнительной нуклеиновой кислотой LMP-гена для того, чтобы дать возможность произойти гомологичной рекомбинации между экзогенным LMP-геном, который несет вектор, и эндогенным LMP-геном в микроорганизме или растении. Дополнительная фланкирующая LMP-нуклеиновая кислота имеет длину, достаточную для успешной гомологичной рекомбинации с эндогенным геном. В типичном случае, в вектор включается от нескольких сотен пар оснований до тысяч пар, фланкирующей ДНК (как на 5'-, так и на 3'-концах) (что касается описания векторов для гомологичной рекомбинации, см., напр., Thomas & Caprecchi, 1987, Cell 51:503). Вектор вводится в микроорганизм или растительную клетку (напр., с помощью полиэтиленгликоль-опосредованной ДНК). Клетки, в которых введенный LMP-ген произвел гомологичную рекомбинацию с эндогенным LMP-геном, отбирают, используя известные в данной области методики.

В другом варианте выполнения изобретения можно произвести рекомбинантный микроорганизм, который содержит системы отбора, которые позволяют осуществить регулируемую экспрессию введенного гена. Например, включение LMP-гена в вектор с помещением его под контроль lac-оперона, позволяет осуществлять экспрессию этого гена только в присутствии IPTG. Такие регуляторные системы хорошо известны в данной области техники.

Клетка-хозяин по изобретению, такая как культивируемая прокариотическая или эукариотическая клетка-хозяин, может быть использована для продуцирования (т.е. экспрессии) LMP. Соответственно, изобретение далее обеспечивает способы продуцирования LMP, используя клетки хозяина согласно изобретению. В одном варианте выполнения способ включает культивирование клетки-хозяина согласно изобретению (в которую был введен рекомбинантный экспрессирующий вектор, кодирующий LMP, или которая содержит в своем геноме ген дикого типа или измененный LMP-ген) в подходящей среде до тех пор, пока LMP продуцируется. В другом варианте выполнения способ дополнительно включает выделение LMP из среды или клетки-хозяина.

Другой аспект изобретения относится к выделенным LMP и его биологически активным частям. «Выделенный» или «очищенный» белок или его биологически активная часть является по существу свободной от клеточного материала, когда они
5 произведены методами рекомбинантных ДНК, или от химических предшественников или других химических соединений, когда они синтезированы химически. Выражение «по существу свободны от клеточного материала» охватывает препараты
10 LMP, в которых белок отделен от клеточных компонентов клеток, в которых он продуцируется природно или рекомбинантным методом. В одном варианте выполнения изобретения выражение «по существу свободны от клеточного материала» охватывает препараты LMP, содержащие менее чем около 30% (по сухой массе) не-LMP (который здесь также называется «примесной белок»), более предпочтительно менее чем около 20% не-LMP, еще более предпочтительно менее чем около 10% не-LMP, и
15 наиболее предпочтительно менее чем примерно 5% не-LMP. Когда LMP или его биологически активная часть производятся рекомбинантным методом, они также предпочтительно по существу свободны от культуральной среды, т. е. культуральная среда составляет менее чем около 20%, более предпочтительно менее чем около
20 10%, и наиболее предпочтительно менее чем около 5% объема препарата белка. Выражение «по существу свободны от химических предшественников или других химических соединений» охватывает препараты LMP, в которых белок отделен от химических предшественников или других химических соединений, которые включены в синтез белка. В одном варианте выполнения изобретения выражение «по существу свободны от химических предшественников или других химических соединений» охватывает препараты LMP, содержащие менее чем около 30% (по сухой массе) химических предшественников или химических соединений не являющихся
25 LMP, более предпочтительно менее чем около 20% химических предшественников или химических соединений не являющихся LMP, еще более предпочтительно менее чем около 10% химических предшественников или химических соединений не являющихся LMP, и наиболее предпочтительно менее чем около 5% химических предшественников или химических соединений не являющихся LMP. В предпочтительных вариантах выполнения изобретения выделенные белки или их биологически активные части не содержат примесных белков от того же самого организма, из которого LMP происходит. В типичном случае, такие белки продуцируются рекомбинантной экспрессией, например, LMP *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine*
30
35
40
45
50

max, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum* в других растениях, не являющихся *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*, или в микроорганизмах, водорослях или грибах.

5

Выделенный LMP или его часть согласно изобретению могут участвовать в метаболизме веществ, необходимых для продуцирования запасных веществ семян в *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum* или клеточных мембран, или имеют одну либо более активностей, представленных в Таблице 3. В предпочтительных вариантах выполнения изобретения белок или его часть включают аминокислотную последовательность, которая в достаточной мере гомологична аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении, так что блок или его мутанты способны участвовать в метаболизме веществ, необходимых для построения клеточных мембран в *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*, или в транспорте молекул через эти мембраны. Часть белка предпочтительно является биологически активной частью, как описывается здесь. В другом предпочтительном варианте выполнения изобретения LMP согласно изобретению имеет аминокислотную последовательность, кодируемую нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении. В еще одном предпочтительном варианте выполнения LMP имеет аминокислотную последовательность, которая кодируется нуклеотидной последовательностью, гибридизующейся, например, гибридизующейся при строгих условиях, с нуклеотидной последовательностью, показанной в Приложении. В еще одном предпочтительном варианте выполнения изобретения LMP имеет аминокислотную последовательность, которая кодируется нуклеотидной последовательностью, которая, по меньшей мере, примерно на 50-60%, предпочтительно, по меньшей мере, примерно на 60-70% более предпочтительно, по меньшей мере, примерно на 70-80%, 80-90%, 90-95%, и еще более предпочтительно, по меньшей мере, примерно на 96%, 97%, 98%, 99% или более, гомологична одной из аминокислотных последовательностей, кодируемых нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении. Предпочтительные LMP согласно настоящему изобретению также предпочтительно обладают, по меньшей мере, одной из описываемых здесь LMP-активностей. Например, предпочтительный LMP согласно настоящему изобретению включает аминокислотную последовательность, кодируемую нуклеотидной последовательностью, которая гибри-

10

15

20

25

30

35

40

45

50

дизуется, например, гибридизуется при строгих условиях, с нуклеотидной последовательностью, показанной в Приложении и которая может участвовать в метаболизме веществ, необходимых для построения клеточных мембран в *Arabidopsis thaliana*,
5 *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*, или в транспорте молекул через эти мембраны, либо веществ, которые имеют одну или более активностей, представленных в Таблице 3.

10
В других вариантах выполнения изобретения LMP является существенно гомологичным аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении, и сохраняет функциональную активность белка одной из последовательностей, кодируемых нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении, хотя все же отличается по аминокислотной последовательности вследствие природной вариации или мутагенеза, как подробно описано выше. Соответственно, в
15 другом варианте выполнения изобретения LMP представляет собой белок, который включает аминокислотную последовательность, которая, по меньшей мере, примерно на 50-60%, предпочтительно, по меньшей мере, примерно на 60-70%, и более предпочтительно, по меньшей мере, примерно на 70-80%, 80-90%, 90-95%, и наиболее предпочтительно, по меньшей мере, примерно на 96%, 97%, 98%, 99% или более,
20 гомологична полной аминокислотной последовательности и которая имеет, по меньшей мере, одну из описываемых здесь LMP-активностей. В другом варианте выполнения изобретение относится к полному белку *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*, который существенно гомологичен полной аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеиновой кислотой, показанной в Приложении.
25
30
35

40 Для уменьшения активности LMP в трансгенных семенах, чтобы изменить уровни запасных веществ семян, могут быть использованы доминантные негативные мутации или транс-доминантная супрессия. Для достижения этого создают мутацию, которая уничтожает активность LMP, и в трансгенном растении сверхэкспрессируется
45 неактивный, нефункциональный LMP-ген. Неактивный транс-доминантный LMP-белок конкурирует с активным эндогенным LMP-белком как субстрат или взаимодействует с другими белками и ослабляет активность активного LMP. Таким путем
50 уменьшают биологическую активность LMP без действительного изменения экс-

прессии эндогенного LMP-гена. Эта стратегия была использована Pontier et al. для модуляции активности транскрипционных факторов растений (Pontier et al., Plant J 2001 27(6): 529-38).

Гомологи LMP могут быть произведены с помощью мутагенеза, напр., дискретной точечной мутацией или усечением LMP. Термин «гомолог», как он здесь используется, относится к варианту LMP, который действует как агонист или антагонист активности LMP. Агонист LMP может сохранять существенно те же самые, или в подчиненной степени, биологические активности LMP. Антагонист LMP может ингибировать одну или более активностей встречающейся в природе формы LMP посредством, например, конкурентного связывания с элементом, расположенным ниже или выше в метаболическом каскаде компонентов клеточной мембраны, или посредством связывания с LMP, который опосредует транспорт веществ через такие мембраны, тем самым, предотвращая занятие места путем транслокации.

В альтернативном варианте выполнения изобретения гомологи LMP могут быть идентифицированы скринированием комбинаторных библиотек мутантов, например, усеченных мутантов LMP, на активность LMP-агонистов или антагонистов. В одном варианте выполнения изобретения многообразная (variegated) библиотека LMP-вариантов создается комбинаторным мутагенезом на уровне нуклеиновой кислоты и кодируется многообразной библиотекой генов. Многообразная библиотека LMP-вариантов может быть приготовлена, например, ферментативным лигированием смеси синтетических олигонуклеотидов в генные последовательности, так что набор вырожденных потенциальных последовательностей LMP экспрессируется в виде индивидуальных полипептидов или, альтернативно, в виде набора более крупных слитых белков (например, для фагового отображения), содержащих набор последовательностей LMP. Имеется множество методов, которые могут быть использованы для продуцирования библиотек потенциальных LMP-гомологов из вырожденной олигонуклеотидной последовательности. Химический синтез вырожденной генной последовательности может быть осуществлен в автоматическом ДНК-синтезаторе, и затем синтетический ген лигируют в подходящий экспрессирующий вектор. Использование вырожденного набора генов позволяет обеспечить наличие в одной смеси всех последовательностей, кодирующих желаемый набор потенциальных последова-

5 тельностей LMP. Методы синтезирования вырожденных олигонуклеотидов известны в данной области техники (See, e.g., Narang, 1983, Tetrahedron 39:3; Itakura et al., 1984, Annu. Rev. Biochem. 53:323; Itakura et al., 1984, Science 198:1056; Ike et al. 1983, Nucleic Acids Res. 11:477).

10 Кроме того, библиотеки фрагментов последовательностей, кодирующих LMP, могут быть использованы для создания многообразных популяций фрагментов LMP. В одном варианте выполнения изобретения библиотека фрагментов, кодирующих последовательности, может быть создана посредством обработки двухцепочечного ПЦР-фрагмента последовательности, кодирующей LMP, нуклеазой в условиях, когда ник-разрывы возникают только примерно один раз на молекулу, денатурацией двухцепочечной ДНК, ренатурацией ДНК из двухцепочечной ДНК, которая может включать пары смысл/антисмысл от различных продуктов ник-разрывов, удаления одноцепочечных частей из восстановленных дуплексов путем обработки нуклеазой S1 и лигирования полученной библиотеки фрагментов в экспрессирующий вектор. Посредством этого метода может быть создана экспрессионная библиотека, которая кодирует N-концевые, C-концевые и внутренние фрагменты LMP различных размеров.

30 В данной области техники известно несколько методик скринирования генных продуктов комбинаторных библиотек, созданных посредством точечных мутаций или усечения, и скрининга кДНК-библиотек на генные продукты, имеющие заданное свойство. Такие методики приспособлены к быстрому скринингу библиотек генов, созданных с помощью комбинаторного мутагенеза гомологов LMP. Наиболее широко используемые методики, которые пригодны для высокопроизводительного анализа при скрининге больших библиотек генов, обычно включают клонирование библиотеки генов в реплицируемые экспрессирующие векторы, трансформирование подходящих клеток полученной библиотекой векторов и экспрессирование комбинаторных генов в условиях, при которых обнаружение желаемой активности облегчает выделение вектора, кодирующего ген, продукт которого отыскивался. Рекурсивный множественный мутагенез (REM), методика, которая увеличивает частоту функциональных мутантов в библиотеках, может быть использован в сочетании со скрининг-анализом для идентификации гомологов LMP (Arkin & Yourvan, 1992, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:7811-7815; Delgrave et al., 1993, Protein Engineering 6:327-331). В

другом варианте выполнения изобретения анализы, основанные на клетках, могут быть применены к анализу многообразных LMP-библиотек с помощью методов, хорошо известных в данной области техники.

5

Описываемые здесь молекулы нуклеиновых кислот, белки, гомологи белков, слитые белки, праймеры, векторы и клетки-хозяева могут быть использованы в одном или более следующих методов: идентификация *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum* и родственных организмов; картирование геномов организмов, родственных *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*; идентификация и локализация являющихся предметом интереса последовательностей *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*; эволюционные исследования; определение областей LMP, необходимых для функционирования; модуляция активности LMP; модуляция метаболизма в одной или более клеточных функций; модуляция транс-мембранного транспорта одного или более веществ; модуляция накопления запасных веществ семян; модуляция количества и/или размера органов растения; модуляция размера, количества или массы семян; модуляция длины корней и модуляция размеров листьев.

10

15

20

25

Растение *Arabidopsis thaliana* является представителем высших (или семенных) растений. Оно родственно другим растениям, таким как *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* и *Triticum aestivum*, которым необходим свет для осуществления фотосинтеза и роста. Растения, подобные *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*, имеют высокую степень гомологии последовательностей ДНК и уровня полипептидов, что позволяет производить скринирование гетерологичных молекул ДНК с помощью зондов, полученных от других растений или организмов, и создавая, тем самым, производные консенсусной последовательности, подходящие для гетерологичного скринирования или выяснения функций и предсказания функционирования гена в третьем виде. Возможность идентифицировать такие функции, поэтому, может быть весьма пригодной, например, для предсказания субстратной специфичности ферментов. Кроме того, эти молекулы нуклеиновой кислоты могут служить в качестве ссылочных пунктов при картировании генома *Arabidopsis* или геномов родственных организмов.

30

35

40

45

50

Молекулы LMP-нуклеиновых кислот согласно изобретению имеют множество применений. Во-первых, молекулы нуклеиновых кислот и белков согласно изобретению могут служить в качестве маркеров для специфичных областей генома. Это полезно не только для картирования генома, но также и для исследования функций белков *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*. Например, чтобы идентифицировать область генома, с которой частичные ДНК-связывающие белки *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum* связываются, геном *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum* может быть расщеплен, и полученные фрагменты могут быть инкубированы с ДНК-связывающим белком. Те из них, которые связываются с белком, могут быть дополнительно зондированы молекулами нуклеиновой кислоты согласно изобретению, предпочтительно с помощью легко обнаруживаемых меток; связывание такой молекулы нуклеиновой кислоты с фрагментом генома дает возможность локализовать фрагмент на карте генома *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum*, и, когда выполнено много раз с различными ферментами, облегчает быстрое определение последовательности нуклеиновой кислоты, с которой белок связывается. Кроме того, молекулы нуклеиновых кислот согласно изобретению могут быть достаточно гомологичны последовательностям родственных видов, так что эти молекулы нуклеиновых кислот могут служить маркерами для построения карт генома у родственных растений.

Молекулы LMP-нуклеиновых кислот согласно изобретению полезны также для эволюционных исследований и исследования структуры белков. Метаболические процессы и процессы транспорта, в которых молекулы согласно изобретению принимают участие, реализуются широким кругом прокариотических и эукариотических клеток. Сравнивая последовательности молекул нуклеиновых кислот согласно настоящему изобретению, с молекулами, кодирующими сходные ферменты в других организмах, можно оценить степень эволюционного родства организмов. Аналогично, такое сравнение позволяет оценить, какие области последовательности являются консервативными, а какие не являются, что может оказать помощь в определении областей белка, которые являются существенными для функционирования фермен-

та. Этот тип определения весьма ценен для исследований по инженерии белков и может дать указание на то, какой белок может быть устойчивым в условиях мутагеназа без потери функции.

Манипулирование молекулами LMP-нуклеиновых кислот согласно изобретению может привести к получению LMP, отличающихся по функции от LMP дикого типа. Эти белки могут быть улучшены в эффективности или активности, могут быть представлены в большем числе в клетке, чем обычно, или могут быть ослаблены в эффективности или активности.

Имеется ряд механизмов, посредством которых с помощью изменения LMP согласно изобретению можно прямо воздействовать на накопление и/или состав запасных веществ семян. В случае экспрессии LMP в растениях, увеличенный транспорт может вести к изменению накопления веществ или перераспределению растворимых веществ в тканях или органах растений, которое, в конечном счете, могло бы повлиять на накопление одного или более запасных веществ семян в течение их развития. Пример приводится у Mitsukawa et al. (1997, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94:7098-7102), где сверхэкспрессия гена высокоаффинного переносчика фосфата из *Arabidopsis* в культивируемых клетках табака увеличивала рост клеток в условиях с дефицитом фосфатов. Доступность фосфата также значительно влияет на продуцирование сахара и метаболитических посредников (Hurry et al., 2000, Plant J. 24:383-396) и состав липидов в листьях и корнях (Härtel et al., 2000, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 97:10649-10654). Подобно этому, было продемонстрировано, что активность растительной АССазы регулируется фосфорилированием (Savage & Ohlrogge, 1999, Plant J. 18:521-527), и изменения активности киназ и фосфатаз (LMP), которые действуют на АССазу, могут вести к увеличению или уменьшению уровней накопления липидов в семенах. Более того, наличие липид-киназных активностей в мембранах, покрывающих хлоропласты, предполагает, что в оболочках имеются пути сигнальной трансдукции и/или регуляции мембранных белков (см., напр., Müller et al., 2000, J. Biol. Chem. 275:19475-19481 и цитируемую там литературу). *ABI1*- и *ABI2*-гены кодируют два белка серин/треонин фосфатаз 2С, которые являются регуляторами в сигнальном пути абсцизовой кислоты и, тем самым, в раннем и позднем развитии семян (см. Merlot et al., 2001, Plant J. 25:295-303).

Настоящее изобретение обеспечивает также антитела, которые специфично связываются с LMP-полипептидом или его частью, кодируемыми раскрытой или описываемой здесь нуклеиновой кислотой. Антитела могут быть получены многими хорошо известными методами (см., напр., Harlow and Lane, "Antibodies; A Laboratory Manual" Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York, 1988). Если коротко, очищенный антиген может быть введен в животное в количестве и с интервалами, достаточными для вызывания иммунного ответа. Антитела можно очистить непосредственно или можно получить клетки селезенки от животного. Клетки можно затем слить с продолжающейся клеточной линией и произвести скрининг на секрецию антител. Антитела могут быть использованы, чтобы скринировать библиотеки клонов нуклеиновой кислоты клеток, секретирующих антиген. Такие позитивные клоны затем могут быть секвенированы (см., напр., Kelly et al. 1992, Bio/Technology 10:163-167; Bebbington et al., 1992, Bio/Technology 10:169-175).

Выражение «избирательно связываются» в отношении полипептида относится к реакции связывания, которая определяет присутствие белка в гетерологичной популяции белков и других биологических конструкциях. Поэтому при заданных условиях иммуноанализа специфичные антитела, связанные с конкретным белком, не связываются в существенном количестве с другими белками, присутствующими в образце. При избирательном связывании с антителом при таких условиях может потребоваться антитело, которое выбирается по его специфичности к конкретному белку. Для выбора антител, которые избирательно связываются с конкретным белком, может быть использовано множество форматов. Например, твердофазный иммуноанализ ELISA рутинно используется для отбора антител, избирательно иммунореактивных к белку. Что касается описания форматов иммуноанализа и условий, которые могли бы использоваться для определения избирательного связывания, см. Harlow and Lane. "Antibodies, A Laboratory Manual" Cold Spring Harbor Publications, New York (1988). В некоторых случаях желательно приготовить моноклональные антитела от различных хозяев. Описание методики приготовления таких моноклональных антител можно найти у Stites et al., editors, "Basic and Clinical Immunology" (Lange Medical Publications, Los Altos, Calif., Fourth Edition) и в цитированных там ссылках и у Har-

low and Lane ("Antibodies, A Laboratory Manual" Cold Spring Harbor Publications, New York, 1988).

5

По всей данной заявке приводятся ссылки на различные публикации. Содержание всех этих публикаций и цитированных в этих публикациях ссылок во всех их полноте включено в данную заявку посредством ссылки, чтобы более полно описать уровень техники, к которому относится данное изобретение.

10

15

Специалистам в данной области техники будет также понятно, что в настоящем изобретении могут быть произведены различные модификации и вариации, не выходя за объем или сущность изобретения. Из изучения описания и практической стороны раскрываемого здесь изобретения специалистам в данной области будут очевидны и другие варианты выполнения изобретения. Подразумевается, что описание и Примеры рассматриваются лишь как иллюстративные, а действительные объем и сущность изобретения указываются прилагаемыми пунктами формулы изобретения.

20

25

ПРИМЕРЫ

Пример 1

Общие процессы

30

а) Общие процессы клонирования:

Процессы клонирования, такие как, например, рестрикционные расщепления, электрофорез на агарозном геле, очистка фрагментов ДНК, перенос нуклеиновых кислот на нитроцеллюлозные и нейлоновые мембраны, связывание фрагментов ДНК, трансформация *Escherichia coli* и дрожжевых клеток, выращивание бактерий и анализ последовательности рекомбинантной ДНК, выполнялись как описано у Sambrook et al. (1989, Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-309-6) или у Kaiser, Michaelis and Mitchell (1994, "Methods in Yeast Genetics," Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-451-3).

35

40

45

б) реактивы:

Используемые реактивы получали, если в тексте не указано иначе, от компаний Fluka (Нью-Ульм), Merck (Дармштадт), Roth (Карлсруе), Serva (Хайдельберг), and Sigma (Дейзенхофен). Растворы готовились, используя очищенную, свободную от

50

пирогенов воду, обозначенную в дальнейшем тексте как H₂O, из водной системы Milli-Q от завода по очистке воды (Millipore, Эшборн). Рестрикционные эндонуклеазы, ДНК-модифицирующие ферменты и наборы по молекулярной биологии были
5 получены от компаний AGS (Хайдельберг), Amersham (Брауншвейг), Biometra (Геттинген), Boehringer (Манхейм), Genomed (Бад Ойенхаузен), New England Biolabs (Швальбах/Таунус), Novagen (Мэдисон, Висконсин, США), Perkin-Elmer (Вейтерштатт), Pharmacia (Фрейбург), Qiagen (Хильден) and Stratagene (Амстердам, Нидерланды). Они использовались, если не оговорено иначе, в соответствии с инструкциями производителя.

в) растительный материал и выращивание растений:

Растения *Arabidopsis*

Для данного исследования использовались корневой материал, листья, стручки и семена растений дикого типа и мутантных растений *Arabidopsis thaliana*. Мутация *wri1* была выделена из популяции колумбийского экотипа, мутагенизированной этил метансульфонатом, как описано (Benning et al. 1998, Plant Physiol. 118:91-101). Семена *Arabidopsis* дикого типа и *wri1* предварительно инкубировались в течение трех дней в темноте при 4°C, прежде чем их помещали в инкубатор (AR-75, Percival Scientific, Boone, IA) при плотности потока фотонов 60-80 мкмол м⁻² с⁻¹, при светлом периоде
25 16 часов (22°C) и темном периоде 8 часов (18°C). Все растения выращивались на среде MS половинной силы (Murashige & Skoog, 1962, Physiol. Plant. 15, 473-497), pH 6,2, 2% сахарозы and 1,2% агара. Семена стерилизовали в течение 20 минут в 20% обесцвеченного 0,5% тритона X100 и промывались 6 раз в избытке стерильной воды. Растения выращивали, либо как описано выше, или на почве в стандартных условиях, как описано у Focks & Benning (1998, Plant Physiol. 118:91-101).

Brassica napus

Сорта AC Excell и Cresor *Brassica napus* использовались в данном исследовании для
45 создания библиотек кДНК. Ткани семян, семенных коробочек, цветков, листьев, стебля и корней собирались от растений, которые в некоторых случаях были подвергнуты обработке темнотой, солью, теплом и засухой. Однако данное исследование было сосредоточено на использовании тканей семян и семенных коробочек для
50

кДНК-библиотек. Растения, предназначенные для сбора семян, которые собирались спустя 60-75 дней после посадки, помечали с двух временных точек: 1-15 дней и 15-25 дней после цветения. Растения выращивали на Metromix (Scotts, Marysville, OH) при 71°F и фотопериоде 14 дней. В этом исследовании были собраны представляющие интерес ткани шести семян и шести семенных коробочек, чтобы создать следующие кДНК-библиотеки: незрелых семян, зрелых семян, незрелых семенных коробочек, зрелых семенных коробочек, собранных ночью семенных коробочек и семян сорта Cresog (с высоким содержанием эруковой кислоты). Для каждой развивающейся ткани образцы ткани собирались в специфических временных точках, и совокупность образцов в пределах временного диапазона объединялась для возможной экстракции общей РНК. Образцы из незрелых семян собирались между 1-25 днями после цветения, от зрелых семян – между 25-50, от незрелых семенных коробочек – между 1-15, от зрелых семенных коробочек – между 15-50, от собранных ночью семенных коробочек – между 1-50 и семян сорта Cresog – между 5-25 днями после цветения.

Glycine max

Glycine max cv. Resnick использовалась в данном исследовании для создания кДНК-библиотек. Ткани семян, семенных коробочек, цветков, листьев, стебля и корней собирались от растений, которые в некоторых случаях были подвергнуты обработке темнотой, солью, теплом и засухой. В некоторых случаях растения также были инфицированы нематодой. Однако данное исследование было сосредоточено на использовании тканей семян и семенных коробочек для кДНК-библиотек. Растения, предназначенные для сбора семян, помечали по количеству дней после цветения: 5-15, 15-25, 25-35 и 33-50.

Oryza sativa

Oryza sativa ssp. Japonica cv. Nippon-baгге использовалась в данном исследовании для создания кДНК-библиотек. Ткани семян, семенных коробочек, цветков, листьев, стебля и корней собирались от растений, которые в некоторых случаях были подвергнуты обработке темнотой, солью, теплом и засухой. Данное исследование было сосредоточено на использовании тканей зародышей семян для кДНК-библиотек. Зародыш и эндосперм собирались отдельно, чтобы в случае ткани эндосперма можно

было осуществить экстракцию РНК. Растения выращивали в теплице на почве штата Висконсин (имеет высокое содержание органических веществ) при 85°F и 14-тичасовом фотопериоде. Рисовые зародыши вырезали из развивающихся семян.

Triticum aestivum

Triticum aestivum cv. Galeon использовалась в данном исследовании для создания кДНК-библиотек. Ткани семян, цветков, плодов, листьев, стебля и корней собирались от растений, которые в некоторых случаях были подвергнуты обработке темнотой, солью, теплом и засухой. Растения выращивали в теплице на метромиксе при 12-тичасовом фотопериоде и 72°F в течение дневного периода и 65°F в течение ночного периода.

Пример 2

Выделение общей ДНК из растений

Детали выделения общей ДНК относятся к обработке одного грамма сырого веса растительного материала.

СТАВ-буфер: 2% (w/v) N-цетрил-N,N,N-триметиламмоний бромид (СТАВ); 100 мМ Tris HCl pH 8,0; 1,4 М NaCl; 20 мМ EDTA. N-Лауринсаркозиновый буфер: 10% (вес/об) N-лаурилсаркозин; 100 мМ Tris HCl pH 8,0; 20 мМ EDTA.

Растительный материал растирали в ступке в тонкий порошок в атмосфере жидкого азота и переносили в 2мл сосуды Эппендорфа. Замороженный растительный материал затем покрывали слоем 1 мл декомпозиционного буфера (1 ml СТАВ-буфера, 100 мкл N-лауринсаркозинового буфера, 20 мкл β-меркаптоэтанола и 10 мкл раствора протеиназы К, 10 мг/мл) и инкубировали при 60°C в течение одного часа с непрерывным встряхиванием. Полученный гомогенат распределяли по двум сосудам Эппендорфа (2 мл) и дважды экстрагировали посредством встряхивания с таким же объемом хлороформа/изоамилового спирта (24:1). Для разделения фаз производилось центрифугирование при 8000 g при комнатной температуре в течение 15 минут в каждом случае. Затем ДНК осаждали при -70°C в течение 30 минут, используя охлажденный на льду изопропанол. Выпавшую в осадок ДНК седиментировали при 4°C и 10000 g в течение 30 мин и ресуспендировали в 180 мл ТЕ-буфера (Sambrook et

al., 1989, Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-309-6). Для последующей очистки ДНК обрабатывали NaCl (1,2 М конечная концентрация) и осаждали снова при -70°C в течение 30 минут, используя двойной объем чистого этанола. После стадии промывки 70%-ным этанолом, ДНК высушивали и последовательно переносили в 50 мкл смеси H_2O + РНКазы (50 мг/мл конечная концентрация). ДНК растворялась в течение ночи при 4°C , и расщепление РНКазой производилось при 37°C в течение 1 часа. ДНК хранили при 4°C .

Пример 3

Выделение общей РНК и поли-(А) + РНК из растений

Arabidopsis thaliana

Для исследования транскриптов выделялись как общая РНК, так и поли-(А) + РНК. РНК выделяли из стручков растений *Arabidopsis* согласно следующей процедуре:

Приготовление РНК из семян *Arabidopsis* – «горячая» экстракция:

1. Буферы, ферменты и растворы

- 2 М KCl

- Протеиназа К

- Фенол (для РНК)

- Хлороформ:изоамиловый спирт

(Фенол:хлороформ 1:1; рН приспособлен для РНК)

- 4 М LiCl, обработанного DEPC

- обработанная DEPC вода

- 3 М NaOAc, рН 5, обработанного DEPC

- Изопропанол

- 70%-ный этанол (полученный с использованием обработанной DEPC воды)

- Ресуспензионный буфер:

0,5% SDS, 10 мМ Tris рН 7,5, 1 мМ EDTA, полученный с использованием обработанной DEPC воды, поскольку этот раствор может и не быть обработанным DEPC

- Экстракционный буфер:

0,2 М бората Na

30 мМ EDTA

30 мМ EDTA

1% SDS (250 мкл 10%-ного раствора SDS на 2,5 мл буфера)

1% Дезоксихолата (25 мг на 2,5 мл буфера)

2% PVPP (нерастворим – 50 мг на 2,5 мл буфера)

2% PVP 40K (50 мг на 2,5 мл буфера)

10 мМ DTT

100 мМ β-Меркаптоэтанола (свежий, обращаться в вытяжном шкафу – использовать 35 мкл 14,4 М раствора на 5 мл буфера)

2. Экстракция

Экстракционный буфер нагревали до 80°C. Ткани помещали в охлажденную жидким азотом ступку, и порошок ткани переносили в 1,5 мл трубки. Поскольку ткань должна оставаться замороженной, пока не добавляется буфер, образец переносился предварительно охлажденным шпателем, а трубка все время находилась в жидком азоте. Затем в трубку добавляли 350 мкл предварительно нагретого экстракционного буфера (в данном случае, для 100 мг ткани объем буфера составлял 500 мкл для более крупных образцов), трубку встряхивали, нагревали до 80°C в течение приблизительно одной минуты и затем переносили на лед. Образцы встряхивали и затем дополнительно размалывали в электрической ступке.

3. Расщепление

Добавляли протеиназу К (0,15 мг/100 мг ткани). Затем образцы встряхивали и хранили при 37°C в течение одного часа.

Первая очистка

Сначала добавляли 27 мкл 2М KCl, а затем образцы охлаждали на льду в течение 10 минут. После этого образцы центрифугировали при 12000 об/мин в течение 10 минут при комнатной температуре, и затем супернатант переносили в свежие, не содержащие РНКазу трубки. После проведения одной экстракции фенолом осуществляли экстракцию хлороформом:изоамилаэтанолом. Один объем изопропанола добавляли к супернатанту, и смесь охлаждали на льду в течение 10 минут. РНК осаждали центрифугированием (7000 об/мин в течение 10 минут при комнатной температуре). Осадок РНК растворяли в 1 мл 4 М LiCl встряхиванием в течение 10-15 минут, после чего осаждали РНК центрифугированием в течение 5 минут.

Вторая очистка

Осадок ресуспендировали в 500 мкл ресуспензионного буфера. Затем добавляли 500 мкл фенола, и образцы встряхивали. Потом добавляли 250 мкл хлороформа:изоамилалкоголя, образцы встряхивали и центрифугировали в течение 5 минут. Супернатант переносили в свежую трубку, и повторяли экстракцию хлороформом:изоамилалколем до тех пор, пока граница не становилась четкой. Супернатант переносили в свежую трубку, и добавляли 1/10 объема 3 М NaOAs, pH 5 и 600 мкл изопропанола. Образцы хранили при -20°C в течение 20 минут или дольше. РНК осаждали центрифугированием в течение 10 минут. Осадок промывали 70%-ным этанолом. Весь остающийся спирт удаляли до растворения осадка 15-20 мкл обработанной DEPC водой. Количество и качество определялись измерением поглощения разбавленного 1:200 при 260 и 280 нм. 40 мкг РНК/мл = 1 OD260.

РНК от *Arabidopsis* дикого типа и от *wri1*-мутантов выделяли, как описано ранее (Hosein, 2001, Plant Mol. Biol. Rep., 19:65a-65e; Ruuska et al., 2002, Plant Cell, 14:1191-1206). мРНК приготавливали из общей РНК, используя набор для очистки мРНК фирмы Amersham Pharmacia Biotech, в котором применяются олиго(dT)-целлюлозные колонки.

Поли-(A)+ РНК выделяли, используя Dyna Beads® (Dyna, Oslo, Norway), следуя инструкциям производителя. После определения концентрации РНК или поли-(A)+ РНК, РНК осаждали добавлением 1/10 объемов 3 М ацетата натрия, pH 4,6 и 2 объемов этанола и хранили при -70 °С.

Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* и *Triticum aestivum

Семена *Brassica napus* и *Glycine max* отделяли от коробочек, чтобы получить гомогенный материал для кДНК-библиотек семян и семенных коробочек. Ткани измельчали в тонкий порошок под жидким N₂, используя ступку и пестик, и переносили в 50 мл трубку. Образцы тканей хранили при -80 °С до тех пор, пока можно было производить экстрагирование.

В случае *Oryza sativa*, посредством вырезания выделяли 5К – 10К зародышей и эндосперма. Во время вырезания ткани помещали в маленькие трубки или чашки Петри на лед. Контейнеры помещали на сухой лед, затем хранили при -80 °С.

В случае *Triticum aestivum*, образцы проростков семян пшеницы Galeon высаживали на глубине 2” в метромиксе в подстилках размером 20” x 12”. Почву в достаточной мере пропитывали водой и затем поливали ежедневно два раза. Затем, через 3-4 дня, когда coleoptили достигли в длину приблизительно 1 см, сеянцы поливали водой и затеняли. Для создания кДНК-библиотеки цветков собирают равное количество метелок при появлении 30%, 60% и 100% метелок из влагилица каждые два дня. Пыльники еще не показывались. Для получения кДНК-библиотек ткани семян собирались зерна водяной или молочной спелости, в зависимости от положения зерен в колосе. Для семян более поздних стадий развития собирались только колосья семян. Для библиотек корневой ткани собирались только корни. Растения имели один главный стебель и три мощных побега. Растения выращивали в горшках, среду смывали и сохраняли корни для образца. Растения не обрабатывались.

Общую РНК экстрагировали из тканей, используя набор RNeasy Maxi (Qiagen) в соответствии с протоколом производителя, а мРНК вырабатывали из общей РНК, используя набор Oligotex mRNA Purification System (Qiagen), также в соответствии с протоколом производителя. Затем мРНК посылалась в фирму NuSeq Pharmaceuticals Incorporated (Sunnyville, CA) для дальнейшей обработки мРНК от всех типов тканей в кДНК-библиотеках и для использования в их собственных процессах, в которых сходные вставки в плазмиды осуществляют на основании рисунков гибридизации.

Пример 4

Конструирование кДНК- библиотек

Для конструирования библиотек кДНК первую синтезируемую цепь получали, используя обратную транскриптазу вируса лейкемии мышей (Roche, Манхайм, Германия) и олиго-d(T)-праймеры, а вторую цепь – инкубированием с ДНК-полимеразой I, фрагментом Кленова и расщеплением РНКазойН при 12 °С (2 часа), 16 °С (1 час) и 22 °С (1 час). Реакцию останавливали инкубированием при 65 °С и потом переносили на лед. Двухцепочечные молекулы ДНК затупляли T4-ДНК-полимеразой (Roche,

Маннхайм) при 37 °С (30 минут). Нуклеотиды удаляли фенол/хлороформной экстракцией и промыванием на колонках Sephadex G50. EcoRI-адаптеры (Pharmacia, Фрейбург, Германия) лигировали с концами кДНК с помощью T4-ДНК-лигазы (Roche, 12°C, в течение ночи) и фосфорилировали инкубированием с полинуклеотид-киназой (Roche, 12°C, 30 минут). Эту смесь подвергали сепарации на легкоплавком агарозном геле. Молекулы ДНК крупнее 300 пар оснований элюировали из геля, экстрагировали фенолом, концентрировали на Elutip-D-колонках (Schleicher and Schuell, Дассель, Германия) и лигировали с участками вектора и упаковывали в лямбда-ZAPII-фаги или лямбда-ZAP-Express-фаги, используя набор Gigapack Gold (Stratagene, Амстердам, Нидерланды), следуя инструкциям производителя.

кДНК-библиотеки *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* и *Triticum aestivum* создавали в HuSeq Pharmaceuticals Incorporated (Sunnyville, CA). Для сохранения экспрессируемой информации при создании библиотек стадии амплификации не использовались. Геномный подход HuSeq включает группирование генов в кластеры и секвенирование представительных участков из каждого кластера. кДНК-библиотеки создавали из олиго-dT-колонок очищенной мРНК. Колонии от трансформации кДНК-библиотеки в *E. coli* собирали случайным образом, и вставки кДНК амплифицировали с помощью ПЦР и переносили на нейлоновые мембраны. Набор радиомеченых ³³P олигонуклеотидов гибридизовали с клонами и по результирующему рисунку гибридизации определяли, к какому кластеру принадлежит конкретный клон. Клоны кДНК и их ДНК-последовательности получали для использования в сверх-экспрессии в трансгенных растениях и в других описываемых здесь молекулярно-биологических процессах.

Пример 5

Идентификация представляющих интерес LMP-генов, подобных wri1

wri1-мутант *Arabidopsis thaliana*

Wri1-мутант *Arabidopsis* использовался для идентификации генов, кодирующих LMP. *Wri1*-мутант характеризуется 80%-ым уменьшением запасных липидов семян (Focks & Benning, 1998, Plant Physiol. 118:91-101). *WR11*-ген был клонирован и описан ранее (Benning & Cernac, 2002, WO 02/072775 A2).

Brassica napus, Glycine max, Oryza sativa и Triticum aestivum

Данный пример иллюстрирует, каким образом идентифицировали и выделяли клоны кДНК, кодирующие *WRII*-подобные полипептиды *Brassica napus, Glycine max, Oryza sativa* и *Triticum aestivum*.

Чтобы идентифицировать *WRII*-подобные гены, проводился анализ сходства с использованием программы BLAST (Basic Local Alignment Search Tool, Altschul et al., 1990, J. Mol. Biol. 215:403-410). В качестве запроса для поиска использовали аминокислотную последовательность полипептида *WRII Arabidopsis* и выравнивали ДНК базы данных из *Brassica napus, Glycine max, Oryza sativa* и *Triticum aestivum*, которые транслировали во всех шести рамках считывания, используя алгоритм TBLASTN. Такой анализ сходства имеющихся баз данных привел к идентификации многочисленных EST и контигов кДНК.

Данные профилей экспрессии РНК, полученные из *Hyseq*-процесса кластеризации, использовались для определения органной специфичности. Клоны, показывающие более высокую экспрессию в библиотеках семян, сравнимые с клонами библиотек других тканей, отбирали в качестве кандидатов в гены LMP. Клоны *Brassica napus, Glycine max, Oryza sativa* и *Triticum aestivum* отбирали для сверхэкспрессии в *Arabidopsis*, основываясь на их профиле экспрессии.

Пример 6***Клонирование кДНК полной длины и ортологов идентифицированных LMP-генов***

Клоны, соответствующие последовательностям полной длины и частичным кДНК из *Arabidopsis thaliana, Brassica napus, Glycine max, Oryza sativa* и *Triticum aestivum*, идентифицировали в имеющихся базах данных. Клоны секвенировали, используя ABI 377 пластинчатый гель-секвенатор и наборы BigDye Terminator Ready Reaction (PE Biosystems, Foster City, CA). Выравнивания последовательностей осуществлялись для того, чтобы определить, являются ли они клонами полной длины или частичными клонами. В случаях, когда клоны определялись как частичные кДНК, последующая процедура использовалась для выделения последовательностей полной длины. кДНК полной длины выделяли посредством RACE PCR, используя набор

SMART RACE для амплификации кДНК от компании Clontech, позволяющий про-
вести быструю амплификацию как 5'-, так и 3'-концов кДНК (RACE). RACE ПЦР-
5 праймеры конструировали на основании клонов последовательностей. Выделение
кДНК полной длины и используемый протокол RACE ПЦР основывали на указаниях
10 производителя. Фрагменты RACE-продуктов извлекали из агарозного геля с помо-
щью набора QIAquick Gel Extraction (Qiagen) и лигировали в вектор TOPO pCR 2.1
(Invitrogen), следуя инструкциям производителя. Рекомбинантные векторы транс-
формировали в TOPO10-клетки (Invitrogen), используя стандартные условия (Sam-
15 brook et al., 1989). Трансформированные клетки выращивали в течение ночи при
37°C на LB-агаре, содержащем 50 мкг/мл канамицина и разводили с 40 мкл 40мг/мл
маточного раствора X-gal в диметилформамиде для бело-голубой селекции. Едини-
20 чные белые колонии отбирали и инокулировали 3 мл жидкой LB, содержащей 50
мкг/мл канамицина, и выращивали в течение ночи при 37°C. Плазмидную ДНК экст-
рагировали, используя набор QIAprep Spin Miniprep (Qiagen), следуя инструкциям
производителя. Последующие анализы клонов и рестрикционное картирование осу-
ществляли в соответствии со стандартными методиками молекулярной биологии
25 (Sambrook et al., 1989).

кДНК полной длины выделяли и клонировали в бинарные векторы, используя сле-
30 дующую процедуру: специфические генные праймеры конструировали, используя
последовательности полной длины, полученные из клонов последующих продуктов
RACE-амплификации. Последовательности полной длины и гены амплифицировали,
35 используя клоны или кДНК-библиотеки в качестве ДНК-матриц, применяя touch-
down ПЦР. В некоторых случаях праймеры конструировали для добавления Kozak-
подобной последовательности «ААСА» непосредственно выше стартового кодона
40 гена, а два основания ниже, в некоторых случаях, изменяли на GC, чтобы обеспечить
повышенные уровни генной экспрессии (Chandrashekhara et al., 1997, Plant Molecular
Biology 35:993-1001). Циклы реакции ПЦР были следующие: 94 °C, 5 минут; 9 цик-
45 лов 94 °C, 1 минута, 65 °C, 1 минута, 72 °C, 4 минуты и температуру отжига понижа-
ли на 1 °C в каждом цикле; 20 циклов 94 °C, 1 минута, 55 °C, 1 минута, 72 °C, 4 ми-
нуты; ПЦР-цикл закончили на 72 °C, 10 минут. Амплифицированные ПЦР-продукты
очищали от 1%-ного агарозного геля, используя колонки GenElute –EtBr spin
50 (Sigma), и после стандартного ферментативного расщепления лигировали в расти-

5 тельный бинарный вектор pBPS-GB1 для трансформации *Arabidopsis*. Бинарный вектор амплифицировали выращиванием в течение ночи в *E. coli* в среде LB с подходящим антибиотиком, а плазмиду готовили для последующих стадий, используя препаративный ДНК-набор Qiagen MiniPrep. Вставку проверяли различными стадиями клонирования, определяя ее размер посредством рестрикционного расщепления, и вставки секвенировали, чтобы подтвердить, что ожидаемый ген был использован в трансформации *Arabidopsis*.
10

15 Генные последовательности могут быть использованы для идентификации гомологичных или гетерологичных генов (ортологов, тех же самых LMP-генов из другого растения) из кДНК- или геномных библиотек. Это может быть сделано путем конструирования ПЦР-праймеров к консервативным последовательностям, идентифицированным посредством сравнения множества последовательностей. Ортологи часто идентифицируют конструированием вырожденных праймеров к последовательностям полной длины или частичным последовательностям представляющих интерес генов.
20
25

30 Генные последовательности могут быть использованы для идентификации гомологов или ортологов из кДНК- или геномных библиотек. Гомологичные гены (напр., клоны кДНК полной длины) можно выделить посредством гибридизации нуклеиновых кислот, используя, например, кДНК-библиотеки: в зависимости от избытка представляющего интерес гена засевают от 100 000 до 1 000 000 рекомбинантных бактериофагов и переносят на нейлоновые мембраны. После денатурации щелочью ДНК иммобилизуют на мембранах, например, связыванием с помощью ультрафиолетового освещения. Гибридизацию выполняют при условиях высокой строгости. Гибридизацию в водном растворе и промывку производят при ионной силе 1 М NaCl и температуре 68°C. Гибридизационные зонды создают, например, радиоактивным (32P) мечением, используя ник-транскрипцию (High Prime, Roche, Маннхайм, Германия). Сигналы детектируют автордиографией.
35
40
45

50 Частично гомологичные или гетерологичные гены, которые являются родственными, но не идентичны, могут быть идентифицированы процедурой, аналогичной вышеописанной процедуре, посредством гибридизации и промывки в условиях низкой

строгости. Для водной гибридизации ионную силу обычно поддерживают при 1 М NaCl, в то время как температуру постепенно понижают с 68 до 42°C.

5

Выделение генных последовательностей с гомологией (или с идентичностью/сходством последовательностей) только в ограниченном домене (например, из 10-20 аминокислот) можно выполнить, используя синтетические радиомеченые олигонуклеотидные зонды. Радиомеченые олигонуклеотиды готовят фосфорилированием 5-конца праймера и двух комплементарных олигонуклеотидов T4-полинуклеотид киназой. Комплементарные олигонуклеотиды отжигают и лигируют, чтобы получить конкатемеры. Двухцепочечные конкатемеры затем радиометят, например, ник-транскрипцией. Гибридизацию обычно проводят в условиях низкой строгости, используя высокие концентрации олигонуклеотидов.

10

15

20

Олигонуклеотидный гибридизационный раствор:

6 ч SSC

0,01 М фосфата натрия

1 мМ EDTA (pH 8)

25

0,5 % SDS

100 мкг/мл денатурированной ДНК спермы лосося

0,1 % нежирного высушенного молока.

30

Во время гибридизации температуру поэтапно понижают до 5-10°C ниже вычисленной T_m олигонуклеотида или ниже до комнатной температуры, после чего осуществляют промывку и автордиографию. Промывку проводят в условиях низкой строгости, таких как 3 этапа промывки, используя 4x SSC. Дальнейшие подробности описаны у Sambrook et al. (1989, "Molecular Cloning: A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory Press) или у Ausubel et al. (1994, "Current Protocols in Molecular Biology", John Wiley & Sons).

35

40

45

50

Таблица 3

Предполагаемые функции *WRI1*-подобных LMP

(последовательности нуклеиновых кислот полной длины можно найти в Приложении, используя коды последовательностей в Таблице 3)

Seq ID	Название последовательности	Вид	Функция	положение OPC
1	AtWRI01	<i>Arabidopsis thaliana</i>	WRINKLED 1 транскрипционный фактор, вовлеченный в гликолиз/биосинтез масел	117-1406
4	BnWRI22743-1	<i>Brassica napus</i>	Транскрипционный фактор Ap2-домена	6-1340
7	pcw4-1	<i>Brassica napus</i>	WRINKLED 1 транскрипционный фактор, вовлеченный в гликолиз/биосинтез масел	3-1241
10	pcw5a-1	<i>Brassica napus</i>	WRINKLED 1 транскрипционный фактор, вовлеченный в гликолиз/биосинтез масел	3-1232
13	pcw5b-1	<i>Brassica napus</i>	WRINKLED 1 транскрипционный фактор, вовлеченный в гликолиз/биосинтез масел	3-1250
16	BnWRI01	<i>Brassica napus</i>	WRINKLED 1 транскрипционный фактор, вовлеченный в гликолиз/биосинтез масел	62-1306
19	BnWRI08	<i>Brassica napus</i>	Белок развития семяпочки	126-1235
22	psw2	<i>Glycine max</i>	Белок развития семяпочки	206-1753
25	psw6	<i>Glycine max</i>	Aintegumenta - подобный белок	85-1668
28	GmWRI02	<i>Glycine max</i>	Белок развития семяпочки	142-1680
31	GmWRI03	<i>Glycine max</i>	Aintegumenta - подобный белок	235-2385
34	GmWRI05	<i>Glycine max</i>	Aintegumenta - подобный белок	1-1995
37	GmWRI08	<i>Glycine max</i>	Aintegumenta - подобный белок	1-1989
40	OsWRI01	<i>Oryza sativa</i>	Ap2/EREBP - транскрипционный фактор	49-1386
43	OsWRI07	<i>Oryza sativa</i>	Aintegumenta - подобный белок	478-1578
46	OsWRI03	<i>Oryza sativa</i>	aintegumenta белок развития семяпочки	71-1996
49	TaWRI01	<i>Triticum aestivum</i>	Белок развития семяпочки	603-1727
52	GmWRI01-1	<i>Glycine max</i>	Белок развития семяпочки	175-1764
55	GmWRI11	<i>Glycine max</i>	Белок развития семяпочки	120-2027

Пример 7

Идентификация представляющих интерес генов скринингом экспрессионных библиотек антителами

5

10

15

20

Клоны кДНК могут быть использованы для продуцирования рекомбинантного белка, например, в *E. coli* (напр., Qiagen QIAexpress pQE system). Рекомбинантные белки затем обычно подвергаются аффинной очистке с помощью Ni-NTA-аффинной хроматографии (Qiagen). Рекомбинантные белки могут быть использованы для продуцирования специфичных антител, например, с использованием стандартных методик по иммунизации кроликов. Антитела аффинно очищают, используя Ni-NTA-колонки, насыщенные рекомбинантным антигеном, как описано Gu et al. (1994, *Bio-Techniques* 17:257-262). Затем антитела могут быть использованы для скринирования экспрессионных кДНК-библиотек, чтобы идентифицировать гомологичные или гетерологичные гены посредством иммунологического скрининга (Sambrook et al. 1989, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*”, Cold Spring Harbor Laboratory Press or Ausubel et al. 1994, "Current Protocols in Molecular Biology”, John Wiley & Sons).

25

Пример 8

Нозерн-гибридизация

30

35

40

45

Для гибридизации РНК 20 мкг общей РНК или 1 мкг поли-(А)+ РНК отделяется гель-электрофорезом в 1,25% агарозном геле, используя формальдегид, как описано у Amasino (1986, *Anal. Biochem.* 152:304), передается капиллярным притяжением при использовании 10 x SSC к положительно заряженным нейлоновым мембранам (Hybond N+, Amersham, Braunschweig), иммобилизуют ультрафиолетовым освещением и предварительно гибридизуют в течение 3 часов при 68°C, используя гибридизационный буфер (10% декстран сульфата масс/об, 1 M NaCl, 1% SDS, 100 мкг/мл ДНК спермы сельди). Мечение ДНК-зонда с помощью набора мечения ДНК High-prime (Roche, Маннхайм, Германия) выполняют во время предварительной гибридизации, используя альфа-32P dCTP (Amersham, Брауншвейг, Германия). Гибридизацию проводят после добавления меченого ДНК-зонда в том же самом буфере при

50

68°C в течение ночи. Стадии промывки выполняют дважды в течение 15 минут, используя 2 x SSC, и дважды в течение 30 минут, используя 1 x SSC, 1% SDS при 68°C. Выдержку запечатанных фильтров проводят при -70°C в течение периода от 1 до 14 дней.

Пример 9

ДНК-секвенирование и компьютерный функциональный анализ

Библиотеки кДНК можно использовать для секвенирования ДНК в соответствии со стандартными методами, в частности посредством метода терминации цепи, используя набор ABI PRISM Big Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction (Perkin-Elmer, Вайтерштадт, Германия). Случайное секвенирование можно выполнять после восстановления препаративной плазмиды из кДНК-библиотек посредством *in vivo*-масс-экзцизии, ретрансформации и последующего помещения DH10B на агаровые чашки (материал и подробности протокола от Stratagene, Амстердам, Нидерланды). Плазмидная ДНК может быть приготовлена из выращенных в течение ночи культур *E. coli*, которые выращивали на среде Лурия-Брот, содержащей ампициллин (см. Sambrook et al. (1989, Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-309-6), на ДНК-препаративном роботе Qiagene (Qiagen, Hilden), в соответствии с протоколами производителей). Последовательности можно обработать и кратко описать, используя пакет программ EST-MAX, коммерчески поставляемый Bio-Max (Мюнхен, Германия). Программа включает биоинформационные методы, важные для описания функций и структур белковых последовательностей. Для ссылки см. <http://pedant.mips.biochem.mpg.de>.

Наиболее важными алгоритмами, включенным в Genomax and Pedant Pro являются: FASTA: очень чувствительная база данных белковых последовательностей ищет с оценкой статистической значимости (Pearson W.R., 1990, Rapid and sensitive sequence comparison with FASTP and FASTA. *Methods Enzymol.* 183:63-98); BLAST: очень чувствительная база данных белковых последовательностей ищет с оценкой статистической значимости (Altschul S.F. et al., Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* 215:403-410); PREDATOR: высокоточное предсказание вторичной структуры единичных и множественных последовательностей (Frishman & Argos 1997, 75% accuracy in protein secondary structure prediction. *Proteins* 27:329-335); CLUSTALW: вы-

равнивание множества последовательностей (Thompson, J.D. et al., 1994, CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice, *Nucleic Acids Res.* 22:4673-4680); TMAP: предсказание трансмембранных областей из множества выравниваемых последовательностей (Persson B. & Argos P. 1994, Prediction of transmembrane segments in proteins utilizing multiple sequence alignments, *J. Mol. Biol.* 237:182-192); ALOM2: предсказание трансмембранных областей из единичных последовательностей (Klein P., Kanehisa M., and DeLisi C. 1984, Prediction of protein function from sequence properties: A discriminant analysis of a database. *Biochim. Biophys. Acta* 787:221-226. Version 2 by Dr. K. Nakai); PROSEARCH: обнаружение PROSITE паттернов белковых последовательностей (Kolakowski L.F. Jr. et al., 1992, ProSearch: fast searching of protein sequences with regular expression patterns related to protein structure and function. *Biotechniques* 13:919-921); BLIMPS: поиски сходства к базе данных негэпированных блоков (Wallace & Henikoff 1992, PATMAT: A searching and extraction program for sequence, pattern and block queries and databases, *CABIOS* 8:249-254. Written by Bill Alford); PFAM и BLOCKS поиски белковых мотивов и доменов.

Пример 10

Плазмиды для трансформации растений

Для трансформации растений могут быть использованы бинарные векторы, такие как pBinAR (Höfgen & Willmitzer, 1990, *Plant Sci.* 66:221-230). Конструкция бинарных векторов может быть осуществлена лигированием кДНК в смысловой или антисмысловой ориентации в Т-ДНК. Растительный промотор с 5'-конца кДНК активирует транскрипцию кДНК. Последовательность полиаденилирования помещают с 3'-конца кДНК. Ткане-специфичную экспрессию можно достичь, используя специфичный для ткани промотор. Например, семя-специфичной экспрессии можно достичь клонированием напинового промотора либо LeB4- или USP-промотора к 3'-концу кДНК. Также, может быть использован любой другой семя-специфичный промоторный элемент. Для конститутивной экспрессии в целом растении можно использовать CaMV 35S-промотор. Экспрессируемый белок может быть направлен в клеточный компартмент при помощи сигнального пептида, например, для пластид, митохондрий или эндоплазматического ретикулума (Kermode, 1996, *Crit. Rev. Plant Sci.*

15:285-423). Сигнальный пептид клонируют к 5'-концу рамки считывания кДНК, чтобы добиться субклеточной локализации слитого белка.

5

10

15

20

25

30

Дальнейшими примерами бинарных векторов для растений являются векторы pBPS-GB1, pSUN2-GW и pBPS-GB047, в которые клонируют кандидатов в гены LMP. Эти бинарные векторы содержат ген устойчивости к антибиотику, находящийся под контролем AtAct2-I-промотора, и семя-специфичный USP-промотор или PtxA-промотор (в отношении последовательностей см. Приложение) перед геном-кандидатом с NO-SpA-терминатором или OCS-терминатором. Частичную или полную длины кДНК клонируют в сайт множественного клонирования растительного бинарного вектора в смысловой или антисмысловой ориентации позади семя-специфичного USP- или PtxA-промоторов. Рекомбинантный вектор, содержащий представляющий интерес ген, трансформируют в Top10-клетки (Invitrogen), используя стандартные условия. Трансформированные клетки селективируют на LB-агаре, содержащем 50 мкг/мл канамицина, выращивая в течение ночи при 37°C. Плазмидную ДНК экстрагируют, используя набор QIAprep Spin Miniprep (Qiagen), следуя инструкциям производителя. Анализ последовательных клонов и рестрикционное картирование выполняют в соответствии со стандартными методиками молекулярной биологии (Sambrook et al., 1989, Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2nd Edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press. Cold Spring Harbor, NY).

Пример 11

35

Agrobacterium-опосредованная трансформация растений

40

45

Описываемая здесь *Agrobacterium*-опосредованная трансформация растений может быть выполнена с помощью стандартных методик трансформации и регенерации (Gelvin & Schilperoort, Plant Molecular Biology Manual, 2nd ed. Kluwer Academic Publ., Dordrecht 1995 in Sect., Ringbuc Centrale Signatur:BT11-P; Glick, Bernard R. and Thompson, John E. Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, S. 360, CRC Press, Boca Raton 1993). Например, *Agrobacterium*-опосредованную трансформацию можно осуществить, используя штамм GV3 (pMP90) (Koncz & Schell, 1986, Mol. Gen. Genet. 204:383-396) или LBA4404 (Clontech) *Agrobacterium tumefaciens*.

50

Arabidopsis thaliana может быть выращена и трансформирована в соответствии со стандартными условиями (Bechtold, 1993, Acad. Sci. Paris. 316:1194-1199; Bent et al., 1994, Science 265:1856-1860). Кроме того, масличный рапс можно трансформировать LMP-нуклеиновыми кислотами согласно настоящему изобретению посредством семядольной или гипокотильной трансформации (Moloney et al., 1989, Plant Cell Report 8:238-242; De Block et al. 1989, Plant Physiol. 91:694-701). Использование антител для *Agrobacterium* и селекция растений зависят от бинарного вектора и штамма *Agrobacterium*, используемых для трансформации. Обычно селекцию масличного рапса осуществляют, используя селектируемый растительный маркер. Кроме того, можно осуществить *Agrobacterium*-опосредованную передачу генов в лен, используя, например, методику, описанную Mlynarova et al. (1994, Plant Cell Report 13:282-285).

WR11 или *WR11*-подобный ген *Arabidopsis* был клонирован в бинарный вектор и экспрессирован также под управлением PtxA-промотора (промотора *PtxA*-гена *Pisum sativum*, см. Приложение), который является активным во всех жизненно важных тканях растений. Тем не менее, в семенах и цветках экспрессионной активности, обнаруживаемой посредством GUS-индикации, не наблюдается, но с помощью более чувствительного метода RT-PCR (Song et al., 2004, PF 55368-2 US) низкая экспрессионная активность обнаруживается. Только в линиях растений, включающих множество копий трансгенного экспрессирующего конструкта ptxA-промотор/GUS, может быть обнаружена некоторая экспрессия в части цветков и стручков (относительно подробностей см. Song et al., 2004, PF 55368-2 US). Альтернативно, использовались суперпромотор, являющийся конститутивным промотором (Stanton B. Gelvin, патенты США №№ 5,428,147 и 5,217,903), или семя-специфичные промоторы, подобные USP (неизвестный белок семян), из *Vicia faba* (Baeumlein et al., 1991, Mol. Gen. Genetics 225:459-67), или легуминовый B4-промотор (LeB4; Baeumlein et al., 1992, Plant J. 2:233-239), а также промоторы, придающие семя-специфичную экспрессию в однодольных растениях, подобных кукурузе, ячменю, пшенице, ржи, рису и т. д. ANAS (*AtANAS*)-ген *Arabidopsis* использовался в этих конструктах в качестве селектируемого маркера. На фиг. 1 показана схема конструкта бинарного вектора, содержащего *WR11*-подобную последовательность *Arabidopsis* из *Brassica napus*.

5 Трансформацию соевых бобов можно выполнить, используя, например, методику, описанную в EP 0424 047, патент США No. 5,322,783 (Pioneer Hi-Bred International) или в EP 0397 687, патент США No. 5,376,543 или патент США No. 5,169,770 (University Toledo), или путем любой из ряда процедур трансформации, известных в дан-
10 ной области техники. Семена соевых бобов стерилизуют с поверхности 70%-ным этанолом в течение 4 минут при комнатной температуре, непрерывно встряхивая, затем обрабатывают 20% (об/об) CLOROX с добавлением 0,05% (об/об) TWEEN в течение 20 минут, непрерывно встряхивая. Затем семена промывают 4 раза дистиллированной водой и помещают на увлажненной стерильной фильтровальной бумаге
15 в чашку Петри при комнатной температуре на 6-39 часов. Оболочки семян сшелушивают и семядоли отделяют от оси зародыша. Ось зародыша исследуют, чтобы удостовериться, что область меристемы не повреждена. Вырезанные оси зародышей собирают в полужакрытую стерильную чашку Петри и сушат на воздухе, чтобы
20 уменьшить содержание влаги до менее 20% (сырая масса), и хранят в закрытой чашке Петри до дальнейшего использования.

25 Описанный метод трансформации применим также к *Brassica napus* и другим зерновым культурам. В частности, семена канолы стерилизуют с поверхности 70%-ным этанолом в течение 4 минут при комнатной температуре, непрерывно встряхивая, затем обрабатывают CLOROX с добавлением 0,05% (вес/вес) TWEEN в течение 20
30 минут при комнатной температуре, непрерывно встряхивая. Затем семена промывают 4 раза дистиллированной водой и помещают на увлажненной стерильной фильтровальной бумаге в чашку Петри при комнатной температуре на 18 часов. Оболочки
35 семян удаляют, и семена сушат на воздухе в течение ночи в полужакрытой стерильной чашке Петри. В течение этого периода времени семена теряют около 85% содержащейся в них влаги. Затем семена хранят при комнатной температуре в закрытой чашке Петри до дальнейшего использования.
40

45 Культуру *Agrobacterium tumefaciens* готовят из единичной колонии на твердой LB-среде с соответствующими антибиотиками (например, 100 мг/л стрептомицина, 50 мг/л канамицина), после чего выращивают единичную колонию в жидкой LB-среде до оптической плотности 0,8 при 600 нм. Затем культуру осаждают при 7000
50 об/мин в течение 7 минут при комнатной температуре и ресуспендируют в среде MS

(Murashige & Skoog, 1962, *Physiol. Plant.* 15:473-497) с добавлением 100 мМ ацетосинрингона. Перед использованием культуры бактерий инкубировали в этой предварительно индуцированной среде в течение 2 часов при комнатной температуре. Оси зародыша зиготного семени соевых бобов при приблизительном содержании влаги пропитывали в течение 2 часов при комнатной температуре предварительно индуцированной суспензионной культурой *Agrobacterium*. (Насыщение сухих зародышей культурой *Agrobacterium* применимо также к осям зародышей кукурузы). Зародыши удаляли из насыщающей культуры и переносили в чашки Петри, содержащие твердую MS-среду, дополненную 2% сахарозы и инкубировали в течение 2 дней в темноте при комнатной температуре. Альтернативно, зародыши помещали на верхней части увлажненной (жидкой MS-средой) стерильной фильтровальной бумаги в чашку Петри и инкубировали при тех же условиях, как описано выше. После этого зародыши переносили либо на твердую, либо на жидкую MS-среду, дополненную 500 мг/л карбенициллина или 300 мг/л цефотаксима, чтобы убить агробактерии. Жидкую среду используют для увлажнения стерильной фильтровальной бумаги. Зародыши инкубируют в течение 4 недель при 25°C при 440 мкмол м⁻²с⁻¹ и фотопериоде 12 часов. Как только сеянцы дают корни, их переносят на стерильную метромиксовую почву. Среду *in vitro*-растений вымывают перед переносом растений в почву. Растения содержат под пластиковым покрытием в течение 1 недели для благоприятствования процессу акклиматизации. Затем растения переносят в комнату для выращивания, где их инкубируют при 25°C при 440 мкмол м⁻²с⁻¹ интенсивности света и фотопериоде 12 в течение около 80 дней.

Образцы первичных трансгенных растений (T₀) анализируют ПЦР для подтверждения наличия T-ДНК. Эти результаты подтверждают Саузерн-гибридизацией, при которой ДНК подвергают электрофорезу на 1% агарозном геле, и переносят на положительно заряженную нейлоновую мембрану (Roche Diagnostics). Для приготовления меченого дигоксигенином зонда используют набор PCR DIG Probe Synthesis (Roche Diagnostics), осуществляя ПЦР, как рекомендовано производителем.

В качестве примера трансформации для однодольных описывается конструкция рtxA-промотора в комбинации с убиквитиновым интроном кукурузы и молекулами *WR11*- или *WR11*-подобных нуклеиновых кислот. Конструкт ортолога гена рtxA-

WR11 в рUC расщепляют, используя *PacI* и *XmaI*. рBPSMM348 расщепляют, используя *PacI* и *XmaI*, для выделения убиквитинового интрона кукурузы (*ZmUbi*-интрон), после чего применяют электрофорез и набор QIAEX II Gel Extraction (катал. № 20021). *ZmUbi*-интрон лигируют в молекулу рtxA-*WR11*- или *WR11*-подобной нуклеиновой кислоты в рUC, чтобы создать рUC, основанную на конструкте рtxA-*ZmUbi*-интрон-*WR11*- или *WR11*-подобная нуклеиновая кислота, после чего осуществляют рестрикционное ферментативное расщепление с помощью *AfeI* и *PmeI*. Кассету рtxA-*ZmUbi*-интрон-*WR11*- или *WR11*-подобный ген после электрофореза вырезают из плавящегося при низкой температуре агарозного геля Seaplaque (SeaPlaque® GTG® Agarose catalog No. 50110). Вектор, основанный на однодольном, содержащий селектируемую маркерную кассету (Monocot base-вектор), расщепляют *PmeI*. Экспрессионную кассету с молекулой *WR11*- или *WR11*-подобной нуклеиновой кислотой, содержащую рtxA-промотор-*ZmUbi*-интрон, лигируют в Monocot base-вектор для создания конструкта рtxA-*ZmUbi*-интрон-BnWR101 (фиг. 2). Далее молекулу рtxA-*ZmUbi*-интрон-*WR11*- или *WR11*-подобной нуклеиновой кислоты трансформируют в рекомбинантный штамм LBA4404, содержащий рSB1 (супер-*vir*-плазмида), используя электрофорез, следуя общему протоколу в данной области техники. *Agrobacterim*-опосредованную трансформацию в кукурузе осуществляют, используя незрелые зародыши, следуя протоколу, описанному в патенте США № 5,591,616. Для получения линий трансгенной кукурузы применяется имидазолинон-гербицидная селекция. При использовании в экспериментах по GUS-экспрессии конструкции рtxA-промотор:: *ZmUbi*-интрон в кукурузе, сильная экспрессия была описана в эмбрионном каллусе и корнях (Song et al., 2004, PF 55368-2 US).

Как правило, рисовый (или другого однодольного) *WR11*-ген или *WR11*-подобный ген под управлением растительного промотора, подобного рtxA, мог бы быть трансформирован в кукурузу или другое зерновое растение, для создания эффектов *WR11*-генов однодольных в других однодольных либо *WR11*-генов двудольных в других двудольных, либо генов однодольных в двудольных, либо наоборот. Плазмиды, содержащие эти *WR11*- или *WR11*-подобные кодирующие последовательности, промотор на 5'-конце и терминатор на 3'-конце, можно было бы сконструировать способом, подобным тем, которые описаны здесь для конструкций других плазмид.

Пример 12*In vivo-мутагенез*

5 *In vivo*-мутагенез микроорганизмов может быть выполнен введением и передачей
плазмидной (или другой векторной) ДНК через *E. coli* или другие микроорганизмы
(напр., *Bacillus spp.* или дрожжи, такие как *Saccharomyces cerevisiae*), которые обла-
дают способностью поддерживать целостность своей генетической информации.
10 Типичные штаммы-мутаторы имеют мутации в системе репарации ДНК (напр.,
mutHLS, *mutD*, *mutT*, и т. д.; для ссылки см. Rupp, 1996, DNA repair mechanisms, in:
Escherichia coli and *Salmonella*, p. 2277-2294, ASM: Washington). Такие штаммы хо-
15 рошо известны специалистам в данной области техники. Использование таких
штаммов иллюстрируется, например, у Greener and Callahan, 1994, *Strategies* 7:32-34.
Передачу мутированной молекулы ДНК в растения предпочтительно выполняют по-
сле селекции и тестирования в микроорганизме. Трансгенные растения получают в
20 соответствии с различными примерами, приведенными в данном документе.

Пример 13

25 *Оценка экспрессии мРНК и активности рекомбинантного генного продукта в
трансформированном организме*

Активность рекомбинантного генного продукта в трансформированном организме-
30 хозяине может быть измерена на транскрипционном и/или трансляционном уровне.
Полезный метод подтверждения уровня транскрипции гена (индикатор количества
мРНК, доступной для трансляции генного продукта) заключается в проведении Но-
35 зерн-блоттинга (для ссылки см., например, Ausubel et al., 1988, *Current Protocols in
Molecular Biology*, Wiley: New York), в котором праймер, сконструированный для
связывания с представляющим интерес геном, помечают обнаруживаемой меткой
40 (обычно радиоактивной или хемилюминесцентной), так что когда общую РНК куль-
туры организма извлекают, разделяют в геле, переносят на стабильный матрикс и
инкубируют с этим зондом, связывание и количество связавшегося зонда указывает
на присутствие, а также количество мРНК этого гена. Данная информация, по край-
45 ней мере, частично, демонстрирует степень транскрипции трансформированного ге-
на. Общая клеточная РНК может быть приготовлена из растительных клеток, тканей
или органов несколькими методами, хорошо известными в данной области, такими
50 методами, которые описаны у Vormann et al. (1992, *Mol. Microbiol.* 6:317-326).

Для оценки присутствия или относительного количества белка, транслированного из этой мРНК, могут быть применены стандартные методики, такие как Western-блот (см., например, Ausubel et al., 1988, Current Protocols in Molecular Biology, Wiley: New York). В этом процессе целые клеточные белки экстрагируются, разделяются электрофорезом, переносятся на матрикс, такой как нитроцеллюлоза, и инкубируются с зондом, таким как антитело, которое специфично связывается с желаемым белком. Этот зонд обычно помечается хемилюминесцентной или колориметрической меткой, которая может быть легко обнаружена. Присутствие и количество наблюдаемой метки указывает на присутствие и количество желаемого мутантного белка, находящегося в клетке.

Активность LMP, который связывается с ДНК, может быть измерена несколькими хорошо разработанными методами, такими как анализ смещения полос ДНК (так называемый, метод задержки в геле). Воздействие такого LMP на экспрессию других молекул можно измерить, используя анализ репортерного гена (такой, как описан у Kolmar H. et al., 1995, EMBO J. 14:3895-3904 и в ссылках, цитируемых там). Тестовые системы с репортерным геном являются хорошо известными и разработанными для применения как в прокариотических, так и эукариотических клетках. В них используются ферменты, такие как бета-галактозидаза, зеленый флуоресцентный белок и некоторые другие.

Определение активности мембранно-транспортных белков в липидном метаболизме может быть осуществлено в соответствии с методиками, такими как описанные у Gennis R.B. (1989 Pores, Channels and Transporters, in Biomembranes, Molecular Structure and Function, Springer: Heidelberg, pp. 85-137, 199-234 and 270-322).

Пример 14

In vitro-анализ функции WR11 и WR11-подобных генов *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus*, *Glycine max*, *Oryza sativa* или *Triticum aestivum* в трансгенных растениях

Определение активностей и кинетических параметров ферментов хорошо разработано в данной области техники. Эксперименты по определению активности любого данного измененного фермента должны быть приспособлены к специфической ак-

тивности фермента дикого типа, которая вполне доступна специалисту в данной области. Обзоры о ферментах в целом, а также о специфических подробностях, касающихся структуры, кинетики, принципов, методов, применений и примеров определения многих ферментативных активностей можно найти, например, в следующих документах: Dixon & Webb, 1979, *Enzymes*. Longmans: London; Fersht, (1985) *Enzyme Structure and Mechanism*. Freeman: New York; Walsh (1979) *Enzymatic Reaction Mechanisms*. Freeman: San Francisco; Price, N.C., Stevens, L. (1982) *Fundamentals of Enzymology*. Oxford Univ. Press: Oxford; Boyer, P.D., ed. (1983) *The Enzymes*, 3rd ed. Academic Press: New York; Bisswanger, H., (1994) *Enzymkinetik*, 2nd ed. VCH: Weinheim (ISBN 3527300325); Bergmeyer, H.U., Bergmeyer, J., Graßl, M., eds. (1983-1986) *Methods of Enzymatic Analysis*, 3rd ed., vol. I-XII, Verlag Chemie: Weinheim; и Ullmann's *Encyclopedia of Industrial Chemistry* (1987) vol. A9, *Enzymes*. VCH: Weinheim, p. 352-363.

Пример 15

Анализ влияния рекомбинантных белков на продуцирование желаемых запасных веществ в семенах

Семена трансформированных растений *Arabidopsis thaliana* анализировали газовой хроматографией (GC) на общий профиль содержания масел и жирных кислот. GC-анализ показывает, что растения *Arabidopsis*, трансформированные рBPS-GB047, содержащей PtxA-промотор, управляющий *Arabidopsis WR11*-геном, и ANAS-ген в качестве селективируемого маркера, показывают увеличение общего содержания масел в семенах до 10-15% по сравнению с Columbia-2 как в сегрегирующем T2-, так и в мозиготном T3-поколении семян (фиг. 3). Общий уровень содержания белков в семенах был фактически таким же самым, что и уровень у контрольных растений (данные не показаны). *Arabidopsis PtxA::WR11*-сверхэкспрессоры (AtWR101) показали увеличенный процент общего содержания масел из около 35% в Columbia дикого типа и PtxA-пустого векторного контроля до около 40% в T2 и T3 семенах трансгенных линий. Фиг. 4 показывает влияние PtxA::WR11 на содержание олеиновой кислоты (18:1) в семенах. Имеется весьма значительное увеличение в некоторых трансгенных линиях по сравнению с Columbia-2 (генетический фон), GB007 (пустой векторный контроль) и Columbia-24 (высокий контроль масел, использованный в эксперименте). Относительное количество олеиновой кислоты увеличилось от примерно

18% в контроле до 63-65% в некоторых трансгенных *WR11*-сверхэкспрессорах. Воздействие на увеличение олеиновой кислоты, по-видимому, является очень стабильным в поколениях T2 и T3 семян. Из корреляции между увеличением общего содержания масел в семенах и увеличением процентного содержания олеиновой кислоты в поколениях T2 и T3 семян, как показано на фиг. 3, мы заключаем, что этот признак является генетически унаследованным.

Увеличение процентного содержания олеиновой кислоты в семенах сопровождается значительным уменьшением относительного количества линолевой и линоленовой кислоты (фиг. 5). Содержание линолевой кислоты в трансгенных семенах было менее чем 5% относительно содержания в диком типе, а линоленовой кислоты – 20% и менее относительно содержания в диком типе. Параллельно, относительное количество насыщенных жирных кислот (суммарное от 16:0, 18:0, 20:0) уменьшилось в трансгенных семенах на, по крайней мере, 20% по сравнению с количеством в диком типе (фиг. 6).

Тестировалось воздействие сочетаний другого промотора/*WR11*-гена. Трансгенные растения, экспрессирующие *WR11* под управлением семя-специфичного промотора, LeB4 не показали какого-либо заметного влияния на состав жирных кислот в семенах. Результаты дают основание полагать, что сверхэкспрессия *WR11* с промотором, подобным P_{тхА} позволяет управлять общим содержанием масел в семенах и составом жирных кислот, особенно, что касается олеиновой кислоты, линолевой кислоты и линоленовой кислоты.

Влияние генетической модификации в растениях на желаемые запасные вещества семян (такие как сахар, липид или жирная кислота) может быть оценено путем выращивания модифицированного растения в подходящих условиях и анализа семян или других органов растения на увеличенное продуцирование желаемого продукта (т. е. липида или жирной кислоты). Методики такого анализа хорошо известны специалистам в данной области техники и включают спектроскопию, тонкослойную хроматографию, методы окрашивания различного типа, ферментативные и микробиологические методы и аналитическую хроматографию, такую как высокопроизводительная жидкостная хроматография (см., например, Ullman, 1985, Encyclopedia of

Industrial Chemistry, vol. A2, pp. 89-90 and 443-613, VCH: Weinheim; Fallon et al., 1987, Applications of HPLC in Biochemistry in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, vol. 17; Rehm et al., 1993, Product recovery and purification, Biotechnology, vol. 3, Chapter III, pp. 469-714, VCH: Weinheim; Belter, P.A. et al., 1988 Bioseparations: downstream processing for biotechnology, John Wiley & Sons; Kennedy & Cabral, 1992, Recovery processes for biological materials, John Wiley and Sons; Shaeiwitz & Henry, 1988, Biochemical separations in: Ulmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Separation and purification techniques in biotechnology, vol. B3, Chapter 11, pp. 1-27, VCH: Weinheim; and Dechow F.J. 1989).

Помимо упомянутых выше методов, липиды растений экстрагируют из растительного материала, как описано Cahoon et al. (1999, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96, 22:12935-12940) и Browse et al. (1986, Anal. Biochemistry 442:141-145). Qualitative and quantitative lipid or fatty acid analysis is described in Christie, William W., Advances in Lipid Methodology. Ayr/Scotland:Oily Press. - (Oily Press Lipid Library; Christie, William W., Gas Chromatography and Lipids. A Practical Guide - Ayr, Scotland:Oily Press, 1989 Repr. 1992. - IX,307 S. - (Oily Press Lipid Library; and "Progress in Lipid Research, Oxford :Pergamon Press, 1 (1952) – 16 (1977) Progress in the Chemistry of Fats and Other Lipids CODEN.

Неоспоримое доказательство наличия продуктов жирных кислот может быть получено анализом трансгенных растений следующими стандартными процедурами: GC, GC-MS или TLC, как описано Christie и ссылками у него (1997 in: Advances on Lipid Methodology 4th ed.: Christie, Oily Press, Dundee, pp. 119-169; 1998). Подробные способы описаны для листьев у Lemieux et al. (1990, Theor. Appl. Genet. 80:234-240) и для семян Focks & Venning (1998, Plant Physiol. 118:91-101).

Позиционный анализ состава жирных кислот в положениях sn-1, sn-2 or sn-3 цепи глицерола выполняется с помощью липазного расщепления (см., напр., Siebertz & Heinz, 1977, Z. Naturforsch. 32c:193-205, и Christie 1987, Lipid Analysis 2nd Edition, Pergamon Press, Exeter, ISBN 0-08-023791-6).

Общие уровни масел в семенах могут быть измерены любым подходящим способом. Количественное определение содержания масел в семенах часто выполняют традиционными методами, такими как анализ в ближнем инфракрасном диапазоне (NIR) или ядерный магнитный резонанс (NMR). NIR-спектроскопия стала стандартным методом скринирования образцов семян, когда бы интересующие образцы не были подвергнуты анализу. Изученные образцы включают канолу, соевые бобы, кукурузу, пшеницу, рис и другие. Можно использовать NIR-анализ единичных семян (см., напр., Velasco et al., 'Estimation of seed weight, oil content and fatty acid composition in intact single seeds of rapeseed (*Brassica napus* L.) by near-infrared reflectance spectroscopy, 'Euphytica, Vol. 106, 1999, pp. 79-85). NMR также может быть использован для анализа содержания масла в семенах (см., напр., Robertson & Morrison, Journal of the American Oil Chemists Society, 1979, Vol. 56, 1979, pp. 961-964, который полностью включен сюда посредством ссылки).

Типичным способом собрать информацию, касающуюся влияния увеличенной или уменьшенной активностей белков на пути биосинтеза липидов и сахаров, является, например, анализ потоков углерода с помощью исследований мечением листьев или семян, используя ^{14}C -ацетат или ^{14}C -пируват (см., напр., Focks & Benning, 1998, Plant Physiol. 118:91-101; Eccleston & Ohlrogge, 1998, Plant Cell 10:613-621). Распределение ^{14}C липидных и водорастворимых компонентов можно определить, подсчитывая жидкостную сцинтилляцию после соответствующего разделения (например, на ТСХ-пластинках), включая стандарты, подобные ^{14}C -сахарозе и ^{14}C -малату (Eccleston & Ohlrogge, 1998, Plant Cell 10:613-621).

Материал для анализа может быть дезинтегрирован ультразвуком, измельчением со стеклом, жидким азотом, размалыванием или другими подходящими способами. После дезинтеграции материал должен быть центрифугирован. Осадок ресуспендируют в дистиллированной воде, нагревают в течение 10 минут при 100°C , охлаждают на льду и снова центрифугируют, после чего экстрагируют в 0,5 М серной кислоты в метаноле, содержащем 2% диметоксипропана, в течение 1 часа при 90°C , что ведет к гидролизу масел и липидных веществ с результатом в виде трансметилованных липидов. Эти метиловые эфиры жирных кислот экстрагируют в петролейный эфир и в заключение подвергают GC-анализу, используя капиллярную колонку (Chrompack,

WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 м, 0,32 мм), при температурном градиенте между 170°C и 240°C в течение 20 минут, а затем 5 минут при 240°C. Идентичность полученных метилэфиров жирных кислот определяют, используя стандарты, доступные из коммерческих источников (т.е., Sigma). В случае если для жирных кислот стандарты не подходят, молекулярную идентичность показывают через дериватизацию и последующий GC-MS-анализ. Например, локализация тройной связи в жирных кислотах показана посредством GC-MS после дериватизации производным 4,4-диметокси-оксазолина (Christie, Oily Press, Dundee, 1998).

Общий стандартный метод анализа сахаров, особенно крахмала, опубликован Stitt et al. (1989, *Methods Enzymol.* 174:518-552). В отношении других методов см. также Härtel et al. (1998, *Plant Physiol. Biochem.* 36:407-417) и Focks & Benning (1998, *Plant Physiol.* 118:91-101).

Для экстракции растворимых сахаров и крахмала 50 семян гомогенизируют в 500 мкл 80% (об/об) этанола в 1,5-мл полипропиленовой пробирке и инкубируют при 70°C в течение 90 минут. Потом центрифугируют при 16000 g в течение 5 минут. Супернатант переносят в новую тестовую пробирку. Осадок дважды экстрагируют 500 мкл 80%-ного этанола. Растворитель смешанных супернатантов испаряют при комнатной температуре под вакуумом. Осадок растворяют в 50 мкл воды, получая растворимую фракцию углеводов. Осадок, оставшийся от этанольной экстракции, который содержит нерастворимые углеводы, включая крахмал, гомогенизируют в 200 мкл 0,2 н КОН, и суспензию инкубируют при 95°C в течение 1 часа, чтобы крахмал растворился. Затем следуют добавление 35 мкл 1 н уксусной кислоты и центрифугирование в течение 5 минут при 16000 g. Супернатант используют для определения количества крахмала.

Для определения количества растворимых сахаров к 10 мкл сахарного экстракта добавляют 990 мкл реакционного буфера, содержащего 100 мМ имидазола, pH 6,9, 5 мМ MgCl₂, 2 мМ NADP, 1 мМ АТФ и 2 единицы 2 мл⁻¹ глюкозо-6-Р-дегидрогеназы. Для ферментативного определения глюкозы, фруктозы и сахарозы последовательно добавляют 4,5 единицы гексокиназы, 1 единицу фосфоглюкоизомеразы и 2 мкл насыщенного раствора фруктозидазы. Продуктирование NADPH отслеживается фото-

метрически при длине волны 340 нм. Аналогично, крахмал анализируют в 30 мкл нерастворимой фракции углеводов с помощью набора Boehringer Mannheim.

5

Пример анализа содержания белков в листьях и семенах можно найти у Bradford (1976, Anal. Biochem. 72:248-254). Для количественного определения общего белка в семенах 15-20 семян гомогенизируют в 250 мкл ацетона в 1,5-мл полипропиленовой пробирке. Затем центрифугирование при 16000 g, супернатант удаляют, и высушенный под вакуумом осадок ресуспендируют в 250 мкл экстракционного буфера, содержащего 50 мМ Tris-HCl, pH 8,0, 250 мМ NaCl, 1 мМ EDTA и 1% (вес/об) SDS. Затем инкубируют в течение 2 часов при 25°C, гомогенат центрифугируют при 16000 g в течение 5 минут, и 200 мкл супернатанта будет использоваться для измерения количества белка. В данном анализе для калибрования применяется γ -глобулин. Для измерения количества белка используют Lowry DC-белковый анализ (Bio-Rad) или Bradford-анализ (Bio-Rad).

10

15

20

25

30

Ферментативные анализы гексокиназы и фруктокиназы выполняются спектрофотометрически согласно Renz et al. (1993, Planta 190:156-165), анализы фосфоглюкоизомеразы, АТФ-зависимой 6-фосфофруктокиназы, пирофосфат-зависимой 6-фосфофруктокиназы, фруктозо-1,6-бисфосфат альдолазы, глицерал-3-Р дегидрогеназы, фосфоглицерат киназы, фосфоглицерат мутазы, энолазы и пируват киназы выполняют согласно Burrell et al. (1994, Planta 194:95-101) и UDP-глюкозо-пирофосфорилазы – согласно Zrenner et al. (1995, Plant J. 7:97-107).

35

40

Интермедиаты углеводного метаболизма, подобные глюкозо-1-фосфату, глюкозо-6-фосфату, фруктозо-6-фосфату, фосфоенолпирувату, пирувату и АТФ измеряют, как описано у Härtel et al. (1998, Plant Physiol. Biochem. 36:407-417), а метаболиты – как описано Jelitto et al. (1992, Planta 188:238-244).

45

50

Кроме измерения конечного запасного вещества семян (т.е. липида, крахмала или запасного белка) можно также анализировать другие компоненты метаболических путей, используемых для продуцирования желаемого запасного вещества семян, таких как интермедиаты и побочные продукты, чтобы определить полную эффективность продуцирования вещества (Fiehn et al., 2000, Nature Biotech. 18:1447-1161).

Например, можно сконструировать дрожжевые экспрессирующие векторы, включающие раскрытые здесь нуклеиновые кислоты или их фрагменты, и трансформировать их в *Saccharomyces cerevisiae*, используя стандартные протоколы. Полученные трансгенные клетки затем можно анализировать на изменения в содержании сахара, масла, липида или жирной кислоты. Аналогично, можно сконструировать растительные экспрессирующие векторы, включающие раскрытые здесь нуклеиновые кислоты или их фрагменты, и трансформировать их в подходящие клетки растений, таких как *Arabidopsis*, соевые бобы, масличный рапс, рис, кукуруза, пшеница, *Medicago truncatula* и т. д., используя стандартные протоколы. Полученные трансгенные клетки и/или растения, происходящие из них, можно затем проанализировать на изменения в содержании сахара, масла, липида или жирной кислоты.

Кроме того, раскрытые здесь последовательности или их фрагменты могут быть использованы для создания нокаут-мутаций в геномах различных организмов, таких как бактерии, клетки млекопитающих, дрожжевых клетках и клетках растений (Girke et al., 1998, Plant J. 15:39-48). Полученные нокаут-клетки можно затем оценить по их составу и содержанию запасных веществ в семенах, а также воздействие на фенотип и/генотип мутации. Другие методы генной инактивации включают описанные в патенте США № 6,004,804 и у Puttaraju et al. (1999, Nature Biotech. 17:246-252).

Пример 16

Выделение желаемого продукта из трансформированных организмов

LMP могут быть выделены из растительного материала различными методами, хорошо известными в данной области. Органы растений можно отделить от других тканей или органов механически до выделения запасного вещества семян. Затем осуществляют гомогенизацию ткани, клеточный дебрис удаляют центрифугированием и надосадочную фракцию, содержащую растворимые белки сохраняют для последующей очистки желаемого вещества. Если продукт секретруется из клеток, выращенных в культуре, то клетки удаляют из культуры посредством низкоскоростного центрифугирования, а надосадочную фракцию сохраняют для дальнейшей очистки.

Надосадочную фракцию в любом методе очистки подвергают хроматографии с подходящим полимером, в котором желаемая молекула либо остается на хроматографическом полимере, в то время как многие примеси в образце не остаются, либо примеси остаются на полимере, а образец не остается на нем. Такие хроматографические стадии при необходимости можно повторить, используя такие же самые или другие хроматографические полимеры. Специалисту в данной области техники надо быть многоопытным в выборе подходящих хроматографических полимеров и их эффективном применении, чтобы очистить конкретную молекулу. Очищенный продукт можно концентрировать путем фильтрации или ультрафильтрации и хранить при температуре, при которой стабильность продукта максимальна.

Имеется широкий спектр методов очистки, известных в данной области, и подразумевается, что описанный выше не является ограничивающим. Такие методики очистки описаны, например, у Bailey & Ollis, 1986, Biochemical Engineering Fundamentals, McGraw-Hill:New York).

Идентичность и чистота выделенных веществ могут быть оценены с помощью стандартных в данной области методик. Они включают высокопроизводительную жидкостную хроматографию (HPLC), спектроскопические методы, методы окрашивания, тонкослойную хроматографию, аналитическую хроматографию, такую как высокопроизводительная жидкостная хроматография, NIRS, ферментативный или микробиологический анализ. Обзоры таких методов анализа см. у: Patek et al. (1994, Appl. Environ. Microbiol. 60:133-140), Malakhova et al. (1996, Biotekhnologiya 11:27-32), Schmidt et al. (1998, Bioprocess Engineer 19:67-70), Ulmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry (1996, Vol. A27, VCH: Weinheim, p. 89-90, p. 521-540, p. 540-547, p. 559-566, 575-581 and p. 581-587), и у Michal G. (1999, Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley and Sons; Fallon, A. et al. 1987, Applications of HPLC in Biochemistry in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, vol. 17).

Пример 17

Скрининг на увеличенный размер семян

Условная экспрессия *WR11*- и *WR11*-подобных генов зерновых приводила к увеличению размера семян трансгенных растений по сравнению с разновидностями дикого типа этих растений. Трансгенные растения *Arabidopsis*, экспрессирующие *WR11* под контролем PtxA-промотора, получали как описано в Примере 11 и, как обнаруживалось, продуцировали семена более крупные, чем семена растений дикого типа. Это увеличение размера в типичном случае наблюдалось с использованием микроскопа. Кроме того, было обнаружено, что вес семян был увеличенным в PtxA::*WR11*-сверхэкспрессорах. Например, семена *wri1*-мутанта показали 20%-ное уменьшение веса семян по сравнению с диким типом (фиг. 7). В сегрегированном поколении T2 семян независимых трансгенных линий pWriRT-7 и pWriRT-5 вес 100 семян был увеличенным на 30 и 40% соответственно (фиг. 7). В гомозиготном поколении T3 семян вес семян возрос до 60% по сравнению с пустым векторным контролем (данные не показаны). Увеличенный вес семян находил отражение в увеличенном размере семян сверхэкспрессоров *WR11*- или *WR11*-подобных генов. Увеличенный размер семян ведет к более высокому урожаю многих экономически важных зерновых культур. Поэтому увеличенный размер семян является одной из целей генетической инженерии и селекции, использующей молекулы *WR11*- или *WR1*-подобных нуклеиновых кислот, как описано в данной заявке.

Пример 18

Скрининг на увеличенную длину корней

***In vitro*-анализ корней**

Для *in vitro*-анализа корней использовали квадратные пластинки размером 12 см x 12 см. Для каждой пластинки использовали 52 мл MS-среды (0,5X MS-солей, 0,5% сахарозы, 0,5 г/л MES-буфера, 1% Фитагара) без селекции. Пластинкам давали возможность высохнуть в стерильных колпаках в течение одного часа, чтобы в дальнейшем уменьшить конденсацию.

Аликвоты семян стерилизовали в стеклянных флаконах этанолом в течение 5 минут, этанол удаляли и семенам давали возможность высохнуть в стерильных колпаках в течение одного часа. Семена наносили на пластинки, используя Vacuseed Device (Lehle). После того, как семена помещали на пластинки, эти пластинки обертывали Ventwrap и помещали вертикально на решетки в темноте при 4°C на четыре дня,

чтобы стратифицировать семена. Пластинки переносили в ростовую камеру C5 Percival и помещали вертикально. Условия в ростовой камере были: 23°C днем/21°C ночью и 16 часов день/8 часов ночь.

Для сбора данных использовали плоскостное сканирующее устройство высокого разрешения. Анализы корней делали, используя пакет программ WinRhizo. Сравнение длины корней, полученных у *Arabidopsis* дикого типа и *wri1*-мутанта, показало 50%-ное уменьшение длины корней у *wri1*-мутантов. Было обнаружено, что это уменьшение длины корней связано с замедленным прорастанием и уменьшенным количеством листьев в определенной временной точке по сравнению с диким типом (фиг. 8). Сверхэкспрессирующие *WR11*- или *WR11*-подобные гены на фоне дикого типа возможно улучшают прорастание семян, увеличивают длину корней и увеличивают скорость развития листьев и количество листьев. Последнее возможно улучшает проведение фотосинтеза в растениях, приводя к увеличению выхода биомассы и увеличению количества и/или размера семян в связи с увеличенными количествами запасных веществ в семенах, подобных маслам, белкам и сахарам.

Анализ корней в почве

Для анализа корней в почве семена вымачивали в воде при 4°C в течение 2 дней и высаживали прямо в почву без отбора. Использовались глубокие горшки (Hummert D40), заполненные в основании торфяными гранулами (Jiffy 727) и водой, насыщенной Metromix. После посадки горшки покрывались пластиковой оберткой, чтобы предотвратить высыхание. Растения можно было выращивать, используя только воду, присутствующую в среде приготовления, так как воды в почве в этих больших горшках было достаточно для 3 недель выращивания и стимулирования быстрого роста корней. Пластиковую обертку горшков удаляли через 12 дней и документировали морфологические данные. На 17-й день воздушные части растения собирали, сушили (65°C в течение 2 дней) и измеряли сухую массу. Для исследования корней торфяные гранулы выталкивали в направлении к верхней части горшка, чтобы снять почву и корни как единое целое. Затем почва отделялась от корней в поддоне и измерялась максимальная длина корней. Длина корней всех растений всех трансгенных линий усреднялась и сравнивалась со средней длиной корней растений дикого типа.

Специалисты в данной области техники смогут выявить или будут в состоянии обнаружить, используя не более чем рутинное экспериментирование, многие эквиваленты специфических вариантов выполнений описанного здесь изобретения. Предполагается, что такие эквиваленты охватываются пунктами формулы раскрытого и заявленного здесь изобретения.

Приложение

SEQ ID NO:1 – Последовательность нуклеиновой кислоты AtWRI01

15 AAACCACTCTGCTTCCTCTTCCTCTGAGAAATCAAATCACTCACACTCCA
 AAAAAAATCTAACTTTCTCAGAGTTTACGCCCTTGGTACCAAAATCTA
 AACTTTCTCAGAGTTTAATGAAGAAGCGCTTAACCACTTCCACTTGTTCT
 TCTTCTCCATCTTCCTCTGTTTCTTCTTCTACTACTTCCCTCTCCTATTC
 20 AGTCGGAGGCTCCAAGGCCTAAACGAGCCAAAAGGGCTAAGAAATCTT
 CTCCTTCTGGTGATAAATCTCATAACCCGACAAGCCCTGCTTCTACCCGA
 CGCAGCTCTATCTACAGAGGAGTCACTAGACATAGATGGACTGGGAGAT
 TCGAGGCTCATCTTTGGGACAAAAGCTCTTGGAATTCGATTCAGAACAA
 GAAAGGCAAACAAGTTTATCTGGGAGCATATGACAGTGAAGAAGCAGC
 25 AGCACATACGTACGATCTGGCTGCTCTCAAGTACTGGGGACCCGACACC
 ATCTTGAATTTTCCGGCAGAGACGTACACAAAGGAATTGGAAGAAATGC
 AGAGAGTGACAAAGGAAGAATATTTGGCTTCTCTCCGCCGCCAGAGCAG
 TGGTTTCTCCAGAGGCGTCTCTAAATATCGCGGCGTCTAGGCATCAC
 CACAACGGAAGATGGGAGGCTCGGATCGGAAGAGTGTTTGGGAACAAG
 30 TACTTGTACCTCGGCACCTATAATACGCAGGAGGAAGCTGCTGCAGCAT
 ATGACATGGCTGCGATTGAGTATCGAGGCGCAAACGCGGTTACTAATTT
 CGACATTAGTAATTACATTGACCGGTTAAAGAAGAAAGGTGTTTTCCCG
 TTCCCTGTGAACCAAGCTAACCATCAAGAGGGTATTCTTGTTGAAGCCA
 35 AACAAGAAGTTGAAACGAGAGAAGCGAAGGAAGAGCCTAGAGAAGAA
 GTGAAACAACAGTACGTGGAAGAACCACCGCAAGAAGAAGAAGAGAA
 GGAAGAAGAGAAAGCAGAGCAACAAGAAGCAGAGATTGTAGGATATTC
 AGAAGAAGCAGCAGTGGTCAATTGCTGCATAGACTCTTCAACCATAATG
 GAAATGGATCGTTGTGGGGACAACAATGAGCTGGCTTGGAACTTCTGTA
 40 TGATGGATACAGGGTTTTCTCCGTTTTTGGACTGATCAGAATCTCGCGAAT
 GAGAATCCCATAGAGTATCCGGAGCTATTCAATGAGTTAGCATTTGAGG
 ACAACATCGACTTCATGTTTCGATGATGGGAAGCACGAGTGCTTGAACCT
 GGAAAATCTGGATTGTTGCGTGGTGGGAAGAGAGAGCCCACCCTCTTCT
 45 TCTTCACCATTGTCTTGCTTATCTACTGACTCTGCTTCATCAACAACAAC
 AACAACAACCTCGGTTTCTTGTAACCTATTTGGTCTGAGAGAGAGAGCTT
 TGCCTTCTAGTTTGAATTTCTATTTCTTCCGCTTCTTCTTTTTTTTTCTT
 TTGTTGGGTTCTGCTTAGGGTTTGTATTCAGTTTCAGGGCTTGTTCTGTTG

GTTCTGAATAATCAATGTCTTTGCCCTTTTCTAATGGGTACCTGAAG-
GGCGA

5 **SEQ ID NO:2 – Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки считывания AtWRI01**

ATGAAGAAGCGCTTAACCACTTCCACTTGTTCTTCTTCTCCATCTTCCTCT
10 GTTTCTTCTTCTACTACTTCCCTCTCCTATTCAGTCGGAGGCTCCAAG
GCCTAAACGAGCCAAAAGGGCTAAGAAATCTTCTCCTTCTGGGTGATAAA
TCTCATAACCCGACAAGCCCTGCTTCTACCCGACGCAGCTCTATCTACAG
AGGAGTCACTAGACATAGATGGACTGGGAGATTCGAGGCTCATCTTTGG
15 GACAAAAGCTCTTGGAATTCGATTCAGAACAAGAAAGGCAAACAAGTT
TATCTGGGAGCATATGACAGTGAAGAAGCAGCAGCACATACGTACGAT
CTGGCTGCTCTCAAGTACTGGGGACCCGACACCATCTTGAATTTTCCGGC
AGAGACGTACACAAAGGAATTGGAAGAAATGCAGAGAGTGACAAAGG
AAGAATATTTGGCTTCTCTCCGCCGCCAGAGCAGTGGTTTTCTCCAGAGG
20 CGTCTCTAAATATCGCGGCGTCGCTAGGCATCACCACAACGGAAGATGG
GAGGCTCGGATCGGAAGAGTGTTTGGGAACAAGTACTTGTACCTCGGCA
CCTATAATACGCAGGAGGAAGCTGCTGCAGCATATGACATGGCTGCGAT
TGAGTATCGAGGCGCAAACGCGGTTACTAATTTTCGACATTAGTAATTAC
ATTGACCGGTTAAAGAAGAAAGGTGTTTTCCCGTTCCCTGTGAACCAAG
25 CTAACCATCAAGAGGGTATTCTTGTTGAAGCCAAACAAGAAGTTGAAAC
GAGAGAAGCGAAGGAAGAGCCTAGAGAAGAAGTGAAACAACAGTACG
TGGAAGAACCACCGCAAGAAGAAGAAGAGAAGGAAGAAGAGAAAGCA
GAGCAACAAGAAGCAGAGATTGTAGGATATTCAGAAGAAGCAGCAGTG
30 GTCAATTGCTGCATAGACTCTTCAACCATAATGGAAATGGATCGTTGTG
GGGACAACAATGAGCTGGCTTGGAACTTCTGTATGATGGATACAGGGTT
TTCTCCGTTTTTTGACTGATCAGAATCTCGCGAATGAGAATCCCATAGAGT
ATCCGGAGCTATTCAATGAGTTAGCATTTGAGGACAACATCGACTTCAT
GTTTCGATGATGGGAAGCACGAGTGCTTGAACTTGGAAAATCTGGATTGT
35 TGCGTGGTGGGAAGAGAGAGCCACCCTCTTCTTCTTACCATTGTCTTG
CTTATCTACTGACTCTGCTTCATCAACAACAACAACAACCTCGGTTT
CTTGTAACSTATTTGGTCTGA

40 **SEQ ID NO:3 – Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания AtWRI01**

MKKRLTTSTCSSSPSSSVSSSTTTSSPIQSEAPRPKRAKRAKKSSPSGDKSHNP
45 TSPASTRRSSIYRGVTRHRWTGRFEAHLWDKSSWNSIQNKKGKQVYLGAY
DSEEAAAHTYDLAALKYWGPDTILNFAETYTKELEEMQRVTKEEYLASLR
RQSSGFSRGSVSKYRGVARHHHNGRWEARIGRVFGNKYL YLGTYNTQEEAA
AAAYDMAAIEYRGANA VTNFDISNYIDRLKKKG VFPFPVNQANHQEGILVEA
50 KQEVETREAKEEPREEVKQQYVEEPPQEEEEKEEEKAEQQEA EIVGYSEEA

AVVNCCIDSSTIMEMDRCGDNNELAWNFCMMDTGFSPFLTDQNLANENPI
EYPELFNELAFEDNIDFMFDDGKHECLNLENLDCCVVGRESPPSSSSPLSCLS
TDSASSTTTTTTSVSCNYLV

5

SEQ ID NO:4 – Последовательность нуклеиновой кислоты Bn22743-1

CTTGCACACAGTGCCTTTTGGTTTTCTCTTCCTAGGGTTTGTGTTTTGG
10 TTCTGATCATGGCGTCGATGTCGTCGCCGGATCAGGGGCCTAAGACAGA
GGCGGGAGGAGGAGGAGAGCTCGGAGAATGTGTCGGCGAGTGATCA
GATGTTGCTGTATAGAAGTTTTAAGAAGGCGAAGAAGGAGAGAGGATG
CACAGCTAAGGAGCGTATCAGTAAAATGCCGCCCTGCACAGCTGGCAA
15 AAGGAGTTCTATTTACCGTGGAGTCACCAGACATAGATGGACAGGTCGG
TACGAAGCTCACCTTTGGGACAAGAGTACTTGGAACCAAAACCAGAAC
AAGAAGGGCAAACAAGTTTATCTAGGAGCATATGATGATGAAGAGGCT
GCTGCTAGAGCCTACGACCTTGCTGCCTTGAAATACTGGGGACCTGGAA
CACTTATCAATTTTCCGGTGACTGATTACTCTAGGGATTTAGAAGAAATG
20 CAAAGTCTCTCAAGGGAAGAATACCTTGCAACTCTACGTAGAAAAAGCA
GCGGTTTCTCAAGGGGAATAGCCAAATATCGTGGCCTTCAAAGCCGATG
GGAAGCATCAGCCAGTCGGATGCCTGGACCTGAATACTTCGGTAGCCTT
CATTACGGTGATGAACGAGGAGCAGAAGGTGACTTTCTTGGCAGCTTTT
GTCTGGAAAGAAAGATTGATCTAACGGGATACATAAAGTGGTGGGGAG
25 TCAACAAACCCGGTCAACCAGAATCTTCATCAAAGGCATCAGAGGATGC
AAAGGTAGAAGATGCAGGTAAGTACTGAGCTTAAGACACTGGAACACGCTTC
CCAGGCAACAGAGCCATACAAAGCACCAAACTTTGGCGTTCATCATGGC
ACTCAGAGGAAAGGAAAACAATAACATCGCCGTCCTCCACCTCTTCTG
CTTTAAGCATTTTGTCTGCGTCACCTGCTTACAAGAGTCTGGAGGAGAA
30 AGTGATGAAGATCCAAGAAAGTAGCAGCACTAGAGAAAACGATGAGAA
TGCAAACCGTAACATCAATAGTATTGAGAAGAGTCACGGTAAGGAAAT
AGAGAAACCACCGGTCGTGAGTCATGGAGTTTCTCTAGGCAGTGGTGGT
GGTGTGCTCCTGCTGCTGCTGCTTTGTCTCTTCAGAAAAGCATGTACCC
35 ACTTGCCTCTCTCTTAAGTCTGCTCCACTGCTCAGCAATTACAATACATTGG
ATCCCCTTGGAGAGCCTATTCTCTGGACACCGTTCCTTCACCCAGGATCT
TCTCATACTTTAGAGGTGACAAAGACAGAGACAAGTTGTTCCACATACA
GTTACCTCCCACAAGAGAAGTGAGCCGTTCCCCTTTAGACTGTTTGTGA
40 AAATGATCTGAAGCAGGAATGTACAGGTTTTTGTTCAGTGTTTTATGTGTA
TTTTCAGTGTGGAATATATATAGAATCATTATACTTAAATGTAACACAG
GCAAAATTTATGATTATACAGTAGTATAAAGGTTTGCTCTT

45 SEQ ID NO:5 – Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки считывания BnWRI22743-1

ATGGCGTCGATGTCGTCGCCGGATCAGGGGCCTAAGACAGAGGCGGGA
50 GGAGGAGGAGAGAGCTCGGAGAATGTGTCGGCGAGTGATCAGATGTTG
CTGTATAGAAGTTTTAAGAAGGCGAAGAAGGAGAGAGGATGCACAGCT

AAGGAGCGTATCAGTAAAATGCCGCCCTGCACAGCTGGCAAAGGAGT
 TCTATTTACCGTGGAGTCACCAGACATAGATGGACAGGTTCGGTACGAAG
 CTCACCTTTGGGACAAGAGTACTTGGAACCAAACCAGAACAAGAAGG
 5 GCAAACAAGTTTATCTAGGAGCATATGATGATGAAGAGGCTGCTGCTAG
 AGCCTACGACCTTGCTGCCTTCAAATACTGGGGACCTGGAACACTTATC
 AATTTTCCGGTGACTIONACTCTAGGGATTTAGAAGAAATGCAAAGTC
 TCTCAAGGGAAGAATACCTTGCAACTCTACGTAGAAAAAGCAGCGGTTT
 CTCAAGGGGAATAGCCAAATATCGTGGCCTTCAAAGCCGATGGGAAGC
 10 ATCAGCCAGTCGGATGCCTGGACCTGAATACTTCGGTAGCCTTCATTAC
 GGTGATGAACGAGGAGCAGAAGGTGACTTTCTTGGCAGCTTTTGTCTGG
 AAAGAAAGATTGATCTAACGGGATACATAAAGTGGTGGGGAGTCAACA
 AACCCGGTCAACCAGAATCTTCATCAAAGGCATCAGAGGATGCAAAGG
 15 TAGAAGATGCAGGTACTIONTAAAGACACTGGAACACGCTTCCCAGGC
 AACAGAGCCATACAAAGCACCAAACCTTTGGCGTTCATCATGGCACTCAG
 AGGAAAGGAAAACAAATAACATCGCCGTCCTCCACCTCTTCTGCTTTAA
 GCATTTTGTCTGCGTCACCTGCTTACAAGAGTCTGGAGGAGAAAGTGAT
 GAAGATCCAAGAAAGTAGCAGCACTAGAGAAAACGATGAGAATGCAAAA
 20 CCGTAACATCAATAGTATTGAGAAGAGTCACGGTAAGGAAATAGAGAA
 ACCACCGGTCGTGAGTCATGGAGTTTCTCTAGGCAGTGGTGGTGGTGT
 GCTCCTGCTGCTGCTGCTTTGTCTCTTCAGAAAAGCATGTACCCACTTGC
 CTCTCTCTAACTGCTCCACTGCTCAGCAATTACAATACATTGGATCCCC
 25 TTGGAGAGCCTATTCTCTGGACACCGTTCCTTCACCCAGGATCTTCTCAT
 ACTTTAGAGGTGACAAAGACAGAGACAAGTTGTTCCACATACAGTTACC
 TCCCACAAGAGAAGTGA

30 **SEQ ID NO:6 – Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания Bn22743-1**

MASMSSPDQGPKTEAGGGGESSENVASDQMLLYRSFKKAKKERGCTAKE
 35 RISKMPCTAGKRSSYIRGVTRHRWTGRYEAHLWDKSTWNQNNKKGKQ
 VYLGAYDDEEAAARA YDLAALKYWPGTLINFPVTDYSRDLEEMQSLSRE
 EYLATLRRKSSGFSRGI AKYRGLQSRWEASASRMPGPEYFGSLHYGDERGA
 EGDFLGSFCLERKIDLTGYIKWWGVNKPQPESSSKASEDAKVEDAGTELK
 40 TLEHASQATEPYKAPNFGVHHGTQRKKGKQITSPSSSTSSALSILSASPAYKSLE
 EKVMKIQESSSTRENDENANRNINSIEKSHGKEIEKPPVVSHGVSLGSGGGV
 APAAAALSLQKSMYPLASLLTAPLLSNYNLTDPLGEPILWTPFLHPGSSHTL
 EVTKTETSCSTYSYLPQEK

45 **SEQ ID NO:7 – Последовательность нуклеиновой кислоты psw4-1**

TAATGAAGAGACCCTTAACCACTTCTCCTTCTTCCTCCTTCTACTTCTT
 50 CTTCGGCCTGTATACTTCCGACTCAATCAGAGACTCCAAGGCCCAAACG
 AGCCAAAAGGGCTAAGAAATCTTCTCTGCGTTCTGATGTAAACCACAG

AATCCCACCAAGTCCTGCCTCCACCAGACGCAGCTCTATCTACAGAGGAG
 TCACTAGACATAGATGGACAGGGAGATACGAAGCTCATCTATGGGACA
 AAAGCTCGTGGAATTCGATTCAGAACAAGAAAGGCAAACAAGTTTATCT
 5 GGGAGCATATGACAGCGAGGAAGCAGCAGCACATACGTACGATCTAGC
 TGCTCTCAAGTACTGGGGTCCCAACACCATCTTGAACCTTCCGGTTGAGA
 CGTACACAAAGGAGCTGGAGGAGATGCAGAGATGTACAAAGGAAGAGT
 ATTTGGCTTCTCTCCGCCGCCAGAGCAGTGGTTTCTCTAGAGGCGTCTCT
 AAATATCGCGGCGTCGCCAGGCATCACCATAACGGAAGATGGGAAGCT
 10 CGGATTGGAAGGGTGTGTTGGAACAAGTACTTGTACCTCGGCACCTATA
 ATACGCAGGAGGAAGCTGCAGCTGCATATGACATGGCGGCTATAGAGT
 ACAGAGGTGCAAACGCAGTGACCAACTTCGACATTAGTAACTACATCGA
 CCGGTTAAAGAAAAAAGGTGTCTTCCCGTTCCCGTGAGCCAAGCTAAT
 CATCAAGAAGCTGTTCTTGCTGAAACCAACAAGAAGTGGAAAGCTAAA
 15 GAAGAGCCTACAGAAGAAGTGAAGCAGTGTGTGCGAAAAAGAAGAAGCT
 AAAGAAGAGAAGACTGAGAAAAACAACAACAAGAAGTGGAGGAGGC
 GGTGATCACTTGCTGCATTGATTCTTCAGAGAGCAATGAGCTGGCTTGG
 GACTTCTGTATGATGGATTGAGGGTTTGCTCCGTTTTTGACTGATTCAA
 20 TCTCTCGAGTGAGAATCCCATTGAGTATCCTGAGCTTTTCAATGAGATGG
 GTTTTGAGGATAACATTGACTTCATGTTTCGAGGAAGGGAAGCAAGACTG
 CTTGAGCTTGGAGAATCTTGATTGTTGCGATGGTGTGTTGTGGTGGGAA
 GAGAGAGCCCAACTTCATTGTCGTCTTCTCCGTTGTCCTGCTTGTCTACT
 25 GACTCTGCTTCATCAACAACAACAACAGCAACAACAGTAACCTCTGTTT
 CTTGTAACTATTCTGTCTGAGGGGGGAGAGCTTTGCATTTCTAGGTTGAA
 TTTTCTATTTCTTTTGCTTCTTTTTTTTTTTGTTGAGTTCTGCTAGGGTTTGT
 ATTCTGTTTCAGGGCTTACTCATTGGTTCTGACAGTCAATGTTTAGCTCT
 CTTTTCCGCTCGTCTA

30

SEQ ID NO:8 – Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки считывания psw4-1

35 ATGAAGAGACCCTTAACCACTTCTCCTTCTTCCTCCTCTTCTACTTCTTCT
 TCGGCCTGTATACTTCCGACTCAATCAGAGACTCCAAGGCCCAAACGAG
 CAAAAGGGCTAAGAAATCTTCTCTGCGTTCTGATGTTAAACCACAGAA
 TCCCACCAAGTCCTGCCTCCACCAGACGCAGCTCTATCTACAGAGGAGTC
 40 ACTAGACATAGATGGACAGGGAGATACGAAGCTCATCTATGGGACAAA
 AGCTCGTGGAATTCGATTCAGAACAAGAAAGGCAAACAAGTTTATCTGG
 GAGCATATGACAGCGAGGAAGCAGCAGCACATACGTACGATCTAGCTG
 CTCTCAAGTACTGGGGTCCCAACACCATCTTGAACCTTCCGGTTGAGAC
 GTACACAAAGGAGCTGGAGGAGATGCAGAGATGTACAAAGGAAGAGTA
 45 TTTGGCTTCTCTCCGCCGCCAGAGCAGTGGTTTCTCTAGAGGCGTCTCTA
 AATATCGCGGCGTCGCCAGGCATCACCATAACGGAAGATGGGAAGCTC
 GGATTGGAAGGGTGTGTTGGAACAAGTACTTGTACCTCGGCACCTATAA
 TACGCAGGAGGAAGCTGCAGCTGCATATGACATGGCGGCTATAGAGTA
 50 CAGAGGTGCAAACGCAGTGACCAACTTCGACATTAGTAACTACATCGAC
 CGGTTAAAGAAAAAAGGTGTCTTCCCGTTCCCGTGAGCCAAGCTAATC

50

ATCAAGAAGCTGTTCTTGCTGAAACCAAACAAGAAGTGGAAGCTAAAG
 AAGAGCCTACAGAAGAAGTGAAGCAGTGTGTCGAAAAAGAAGAAGCTA
 AAGAAGAGAAGACTGAGAAAAACAACAACAAGAAGTGGAAGGAGGCG
 5 GTGATCACTTGCTGCATTGATTCTTCAGAGAGCAATGAGCTGGCTTGGG
 ACTTCTGTATGATGGATTCAGGGTTTGCTCCGTTTTTACTGATTCAAAT
 CTCTCGAGTGAGAATCCCATTGAGTATCCTGAGCTTTTCAATGAGATGG
 GTTTTGAGGATAACATTGACTTCATGTTTCGAGGAAGGGAAGCAAGACTG
 CTTGAGCTTGGAGAATCTTGATTGTTGCGATGGTGTGTTGTGGTGGGAA
 10 GAGAGAGCCCAACTTCATTGTCGTCTTCTCCGTTGTCCTGCTTGTCTACT
 GACTCTGCTTCATCAACAACAACAACAGCAACAACAGTAACCTCTGTTT
 CTTGTAAC TATTCTGTCTGA

15 **SEQ ID NO:9 – Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания psw4-1**

MKRPLTTSPTSSSSSTSSSACILPTQSETPRPKRAKRAKSSLRSDVKPQNPTSP
 20 ASTRRSSIYRGVTRHRWTGRYEHLWDKSSWNSIQNKKGKQVYLGAYDSE
 EAAAHTYDLAALKYWGPNTILNFPVETYTKLEEMQRCTKEEYLASLRQS
 SGFSRGSVKYRGVARHHHNGRWEARIGRVFGNKYLYLGTYNQEEAAA
 YDMAAIEYRGANAVTNFDISNYIDRLKKKGVPFPVSQANHQEAVLAETKQ
 25 EVEAKEEPTTEEVKQCVEKEEAKEEKTEKKQQQVEEAVITCCIDSSSESNELA
 WDFCMMDSGFAPFLTDSNLSSENPIEYPELNFEMGFEDNIDFMFEEGKQDC
 LLENLDCCDGVVVVGRESPTSLSSSPLSCLSTDSASSTTTTATTVTS-
 VSCNYSV

30 **SEQ ID NO:10 – Последовательность нуклеиновой кислоты psw5a-1**

TAATGAAGAGACCCTTAACCACTTGTACATCTTCTTCTACATCATCTTCT
 35 ACTTCTTCATCTTGTATCCTTCGGAACCAACCAGAGACTCCAAGGCCTAA
 ACGAGCCAAAAGGGCTAAGAAATCATCGCCCCCTTGTGATGTA AACCA
 CAGAACCCGACCAAGTCCTGCCTCTGCCAGACGCAGCTCTATCTACAGAG
 GAGTCACCAGACATAGATGGACTGGGAGATTTGAGGGCTCATCTATGGGA
 TAAAAGCTCTTGGAATTCGATT CAGAACAAGAAAGGCAAACAAGTTTAT
 40 TTGGGAGCATATGACAGCGAGGAAGCAGCTGCACATACGTACGATCTA
 GCTGCTCTCAAGTACTGGGGTCCCGACACCATCTTGAATTTTCCGGTTGA
 GACGTACAAAAAGGAGTTGGATGAAATGCAGAGAGGCACAAAAGAAG
 AGTATTTGGGTTCTCTCCGCCGCCAGAGCAGTGGTTTCTCCAGAGGCGTC
 TCTAAATATCGCGGCGTCGCCAGGCATCACCATAACGGAAGATGGGAG
 45 GCTCGGATTGGAAGAGTTTTTCGGAACAAGTACTTATACCTCGGCACCT
 ATAATACGCAGGAGGAAGCTGCAGAAGCATATGACATGGCTGCGATTG
 AATATAGAGGTGCAAACGCTGTTACCAATTTTGACATTAGTAATTACAT
 CGACCGGCTAAAGAAAAAAGGCGTTTTCCCGTTCCGTGTGGACCAAGCT
 50 AACCATCAAGAGGCTGTTCTTGCTGAAGCCAAACAAGAAGCTAAGAAA
 GAAGTGAAAGAGCACGTGGAAGAAGAACATCAAGAAGAGAAAACAGA

GCAGCATCAAGAAGTGGAGGCGGTCACTTGCGGCATAGATGCTTCAGGC
 ATTATGGAGATGGAACGTTCTTCAGACAGCAATGAGTTGGCTTGGAAC
 TCTGTATGATGGATTTCAGGGTTTGCTCCGTTCTTGACAGATCAAAACCTC
 5 TCGAATGAGAATCCCATAGAGTATCCTGAGCTTTTCAACGAGATGATGG
 GTTTTGAGGATAACGACATAGACTTCATGTTTGAGGAAGCCAAGAACGA
 ATGCTTGAGCTTGGAGAATCTGGATTGTTGTGATGTCGTTGTGGTGGGA
 AGAGAAAGCCCAGCTTCTTTATCGTCTTCTCCGTTGTCTTGCTTTTCTACT
 10 GACTCTGCTTCATCAACAACAACAACAACAACACTCTGTTTCTTGTAAC
 TTCTGTCTGAGGGAGAGAGCTTTGCATTATAGGGTTGAGTTTTCTATTT
 TTTTGCTTCTTGATCTTGTCCCTGTTGAGTTCCGCTAGGGTTTTTGT
 CGTTTCAGGGCTTACTCGTTGGTTCTGAACAATCAATGTCTTCGCCTCA

15 **SEQ ID NO:11 – Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки
 считывания рсw5a-1**

20 ATGAAGAGACCCTTAACCACTTGTACATCTTCTTCTACATCATCTTCTAC
 TTCTTCATCTTGTATCCTTCGGAACCAACCAGAGACTCCAAGGCCTAAAC
 GAGCCAAAAGGGCTAAGAAATCATCGCCCCCTTGTGATGTAAAACCACA
 GAACCCGACCAGTCCTGCCTCTGCCAGACGCAGCTCTATCTACAGAGGA
 25 GTCACCAGACATAGATGGACTGGGAGATTTGAGGCTCATCTATGGGATA
 AAAGCTCTTGGAATTCGATTCAGAACAAGAAAGGCAAACAAGTTTATTT
 GGGAGCATATGACAGCGAGGAAGCAGCTGCACATACGTACGATCTAGC
 TGCTCTCAAGTACTGGGGTCCCGACACCATCTTGAATTTTCCGTTGAGA
 CGTACAAAAGGAGTTGGATGAAATGCAGAGAGGCACAAAAGAAGAGT
 30 ATTTGGGTTCTCTCCGCCGCCAGAGCAGTGGTTTCTCCAGAGGCGTCTCT
 AAATATCGCGGCGTCGCCAGGCATCACCATAACGGAAGATGGGAGGCT
 CGGATTGGAAGAGTTTTTCGGAACAAGTACTTATACCTCGGCACCTATA
 ATACGCAGGAGGAAGCTGCAGAAGCATATGACATGGCTGCGATTGAAT
 ATAGAGGTGCAAACGCTGTTACCAATTTTGACATTAGTAATTACATCGA
 35 CCGGCTAAAGAAAAAAGGCGTTTTCCCGTTCCGTGTGGACCAAGCTAAC
 CATCAAGAGGCTGTTCTTGCTGAAGCCAAACAAGAAGCTAAGAAAGAA
 GTGAAAGAGCACGTGGAAGAAGAACATCAAGAAGAGAAAACAGAGCA
 GCATCAAGAAGTGGAGGCGGTCACTTGCGGCATAGATGCTTCAGGCATT
 40 ATGGAGATGGAACGTTCTTCAGACAGCAATGAGTTGGCTTGGAACCTCT
 GTATGATGGATTTCAGGGTTTGCTCCGTTCTTGACAGATCAAAACCTCTCG
 AATGAGAATCCCATAGAGTATCCTGAGCTTTTCAACGAGATGATGGGTT
 TTGAGGATAACGACATAGACTTCATGTTTGAGGAAGCCAAGAACGAATG
 CTTGAGCTTGGAGAATCTGGATTGTTGTGATGTCGTTGTGGTGGGAAGA
 45 GAAAGCCCAGCTTCTTTATCGTCTTCTCCGTTGTCTTGCTTTTCTACTGAC
 TCTGCTTCATCAACAACAACAACAACAACACTCTGTTTCTTGTAAC-
 TATTCTGTCTGA

50

SEQ ID NO:12 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания rcw5a-1

5 MKRPLTTCTSSSTSSSTSSSCILRNQPETPRPKRAKRAKKSSPPCDVKPQNPT
 SPASARRSSIYRGVTRHRWTGRFEAHLWDKSSWNSIQNKKGKQVYLGAYD
 SEEAAAHTYDLAALKYWGPDTILNFPVETYKKELDEMQRGTKEEYLGSLR
 RQSSGFSRGVSKYRGVARHHHNGRWEARIGRVFGNKYLYLGTYNQEEAA
 10 EAYDMAAIEYRGANAVTNFDISNYIDRLKKKGVFPFRVDQANHQEAVLAE
 AKQEAKKEVKEHVVEEENQEEKTEQHQEVEAVTCGIDASGIMEMERSSDSN
 ELAWNFCMMDSGFAPFLTDQNLSNENPIEYPELFNEMMGFEDNDIDFMFEE
 AKNECLSLENLDCCDVVVVGRESASLSSSPLSCFSTDSASSTTTTTNS-
 VSCNYSV

15

SEQ ID NO:13 – Последовательность нуклеиновой кислоты rcw5b-1

20 TAATGAAGAGACCCTTAACCACTTGTACATCTTCTTCTACATCATCCTCT
 ACTTCTTCATCTTGTATCCTTCCGAACCAACCAGAGACTCCAAGGCCTAA
 ACGAGCCAAAAGGGCTAAGAAATCATCTCCCCCTTGTGATGTA AACCA
 CAGAACCCGACCAGTCTTGCCTCTGCCAGACGCAGCTCTATCTACAGAG
 GAGTCACCAGACATAGATGGACTGGGAGATTTGAGGCTCATCTATGGGA
 25 TAAAAGCTCTTGGAATTCGATTCAGAACAAGAAAGGCAAACAAGTTTAT
 CTGGGAGCATATGACAGCGAGGAAGCAGCTGCACATACGTACGATCTA
 GCTGCTCTCAAGTACTGGGGTCCCGACACCATCTTGAATTTTCCGGTTGA
 GACGTACACAAAGGAGTTGGATGAAATGCAGAGAGGCACAAAAGAAGA
 GTATTTGGCTTCTCTCCGCCGCCAGAGCAGTGGTTTCTCCAGAGGCGTCT
 30 CТАААТATCGCGGCGTCCGCCAGGCATCACCATAACGGAAGATGGGAGG
 CTCGGATTGGAAGAGTTTTTCGGAACAAGTACTTATACTCGGCACCTA
 TAATACGCAGGAGGAAGCTGCTGAAGCTTATGATATGGCTGCGATTGAA
 TATAGAGGTGCAAACGCTGTTACCAATTTTCGACATTAGTAATTACATCG
 ACCGTTTTAAAGAAAAAAGGCGTTTTCCCGTTCCGTGTGGAGCAAGCCAC
 35 TCATCAAGAGGCTGTTCTTGCTGAAGCCAAACAAGAAGCCAAGGAAGA
 AGTGAAGAGCACGTGGAAGAAGAACATCAAGAAGCGAGGGAAGAGA
 CAACAGAGCAGAAACAAGAAGTGGAGGCGGTCACCTTGCGGCGTAGATG
 CTTCAGGCATTATGGAGATGGAACGTTCTTCAGACAGCAATGAGTTGGC
 40 TTGGAACCTTCTGTATGATGGATTCAGGGTTTGCTCCGTTCTTGACAGATC
 AAAACCTCTCGAATGAGAATCCCATAGAGTATCCTGAACTTTTCAACGA
 GATGATGGGTTTTGAGGATAACGACATAGACTTCATGTTTCGAGGAAGCC
 AAGAACGAATGCTTGAGCTTGAGAAATCTGGATTGTTGTGATGTCGTTG
 TGGTGGGAAGAGAAAGCCCAACTTCTTTGTCGTCTTCTCCGTTGTCTTGC
 45 TTTTCTACTGACTCTGCTTCATCAACAACAATAACAACAACAACA
 CCTCTGTTTCTTGTAACCTATTCTGTCTGAGGGAGAGAGCTTTGCATTATA
 GGGTTGAGTTTTCTATTTCTTTGCTTCTTGATCTTGTCTTGTGAGTTC
 CGCTAGGGTTTTTGTTTTTCGTTTTAGGGCTTACTCGTTGGTTCTGAACA
 50 ATCAATGTCTTCGCCTC

SEQ ID NO:14 – Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки считывания pcw5b-1

5 ATGAAGAGACCCTTAACCACTTGTACATCTTCTTCTACATCATCCTCTAC
 TTCTTCATCTTGTATCCTTCCGAACCAACCAGAGACTCCAAGGCCTAAAC
 GAGCCAAAAGGGCTAAGAAATCATCTCCCCCTTGTGATGTA AAAACCACA
 GAACCCGACCAGTCCTGCCTCTGCCAGACGCAGCTCTATCTACAGAGGA
 10 GTCACCAGACATAGATGGACTGGGAGATTTGAGGCTCATCTATGGGATA
 AAAGCTCTTGG AATTCGATTCAGAACAAGAAAGGCAAACAAGTTTATCT
 GGGAGCATATGACAGCGAGGAAGCAGCTGCACATACGTACGATCTAGC
 TGCTCTCAAGTACTGGGGTCCCGACACCATCTTGAATTTTCCGGTTGAGA
 CGTACACAAAGGAGTTGGATGAAATGCAGAGAGGCACAAAAGAAGAGT
 15 ATTTGGCTTCTCTCCGCCGCCAGAGCAGTGGTTTCTCCAGAGGCGTCTCT
 AAATATCGCGGCGTCGCCAGGCATCACCATAACGGAAGATGGGAGGCT
 CGGATTGGAAGAGTTTTTCGGAAACAAGTACTTATACCTCGGCACCTATA
 ATACGCAGGAGGAAGCTGCTGAAGCTTATGATATGGCTGCGATTGAATA
 TAGAGGTGCAAACGCTGTTACCAATTTGACATTAGTAATTACATCGAC
 20 CGTTTAAAGAAAAAAGGCGTTTTCCCGTTCCGTGTGGAGCAAGCCACTC
 ATCAAGAGGCTGTTCTTGCTGAAGCCAAACAAGAAGCCAAGGAAGAAG
 TGAAAGAGCACGTGGAAGAAGAACATCAAGAAGCGAGGGAAGAGACA
 ACAGAGCAGAAACAAGAAGTGGAGGCGGTC ACTTGCGGCGTAGATGCT
 TCAGGCATTATGGAGATGGAACGTTCTTCAGACAGCAATGAGTTGGCTT
 25 GGA ACTTCTGTATGATGGATTCAGGGTTTGCTCCGTTCTTGACAGATCAA
 AACCTCTCGAATGAGAATCCCATAGAGTATCCTGAACTTTTCAACGAGA
 TGATGGGTTTTTGAGGATAACGACATAGACTTCATGTTTCGAGGAAGCCAA
 GAACGAATGCTTGAGCTTGGAGAATCTGGATTGTTGTGATGTCGTTGTG
 30 GTGGGAAGAGAAAGCCCACTTCTTTGTCGTCTTCTCCGTTGTCTTGCTT
 TTCTACTGACTCTGCTTCATCAACAACAATAACAACAACAACAACC
 TCTGTTTCTTGTA ACTATTCTGTCTGA

35 **SEQ ID NO:15 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания pcw5b-1**

MKRPLTTCTSSSTSSSTSSSCILPNQPETPRPKRAKRAKSSPPCDVKPQNPTS
 40 PASARRSSIYRGVTRHRWTGRFEAHLWDKSSWNSIQNKKGKQVYLGAYDS
 EEAAAHTYDLAALKYWGPDTILNFPVETYTKELDEMQRGTKEEYLA SLRR
 QSSGFSRGSVSKYRGVARHHHNGRWEARIGRVFGNKYLYLGTYNQEEAAE
 AYDMAAIEYRGANAVTNFDISNYIDRLKKKGVFPFRVEQATHQEAVLAEA
 KQEAKEEVKEHVEEEHQEAREETTEQKQEVEAVTCGV D ASGIMEMERSSD
 45 SNELAWNFCMMDSGFAPFLTDQNL SNENPIEYPEL FNEMMGFEDNDIDFMF
 EEAKNECLSL ENLDCCDVVVVVGRESPTSLSSSPLSCFSTDSASSTITTTTT-
 TSVSCNYSV

50

SEQ ID NO:16 - Последовательность нуклеиновой кислоты ВпWRI01

5 GATTTTCGTATTCCCCCAAACACACAAAATCTCATTCTCTTTTTTTTCTCATA
 GTTTTTTTTAATGAAGAGACCCTTAACCACTTCTCCTTCTACCTCCTCTTC
 TACTTCTTCTTCGGCTTGTATACTTCCGACTCAACCAGAGACTCCAAGGC
 CCAAACGAGCCAAAAGGGCTAAGAAATCTTCTATTCCCTACTGATGTTAA
 ACCACAGAATCCCACCAGTCCTGCCTCCACCAGACGCAGCTCTATCTAC
 10 AGAGGAGTCACTAGACATAGATGGACAGGGAGATACGAGGCTCATCTA
 TGGGACAAAAGCTCGTGGAATTCGATTCAGAACAAGAAAGGCAAACAA
 GTTTATCTGGGAGCATATGACAGCGAGGAAGCAGCAGCGCATACGTAC
 GATCTAGCTGCTCTCAAGTACTGGGGTCCCGACACCATCTTGAACTTTCC
 GGCTGAGACGTACACAAAGGAGTTGGAGGAGATGCAGAGATGTACAAA
 15 GGAAGAGTATTTGGCTTCTCTCCGCCGCCAGAGCAGTGGTTTCTCTAGA
 GCGCTCTCTAAATATCGCGGCGTCCGAGGCATCACCATAACGGAAGAT
 GGAAGCTAGGATTGGAAGGGTGTGGAAACAAGTACTTGTACCTCGG
 CACTTATAATACGCAGGAGGAAGCTGCAGCTGCATATGACATGGCGGCT
 ATAGAGTACAGAGGCGCAAACGCAGTGACCAACTTCGACATTAGTAACT
 20 ACATCGACCGGTTAAAGAAAAAAGGTGTCTTCCCATTCCCTGTGAGCCA
 AGCCAATCATCAAGAAGCTGTTCTTGCTGAAGCCAAACAAGAAGTGGA
 AGCTAAAGAAGAGCCTACAGAAGAAGTGAAGCAGTGTGTGCGAAAAAGA
 AGAACCGCAAGAAGCTAAAGAAGAGAAGACTGAGAAAAACAACAAC
 25 AACAAGAAGTGGAGGAGGCGGTGGTCACTTGCTGCATTGATTCTTCGGA
 GAGCAATGAGCTGGCTTGGGACTTCTGTATGATGGATTGAGGGTTTGCT
 CCGTTTTTGACGGATTCAAATCTCTCGAGTGAGAATCCCATTGAGTATCC
 TGAGCTTTTCAATGAGATGGGGTTTGAGGATAACATTGACTTCATGTTTCG
 AGGAAGGGAAGCAAGACTGCTTGAGCTTGGAGAATCTGGATTGTTGCG
 30 ATGGTGTGTTGTGGTGGGAAGAGAGAGCCCAACTTCATTGTGCTCTTC
 ACCGTTGTCTTGCTTGTCTACTGACTCTGCTTCATCAACAACAACAACA
 CAATAACCTCTGTTTCTTGTAATACTATTCTGTCTGAGGGGGGAGAGCTTTCG
 CATTTCTAGGTTGAATTTTCTATTTCTTTTGCTTCTTTTTTTTTTTGTTGAGT
 35 TCTGCTAGGGTTTGTATTCTGTTTCAGGGCTTACTCATTGGTTCTGACAG
 TCAATGTTTAGCTCTCTTTTCCGCTCGTCTA

SEQ ID NO:17 - Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки считывания ВпWRI01

40 ATGAAGAGACCCTTAACCACTTCTCCTTCTACCTCCTCTTCTACTTCTTCT
 TCGGCTTGTATACTTCCGACTCAACCAGAGACTCCAAGGCCCAAACGAG
 CCAAAGGGCTAAGAAATCTTCTATTCCCTACTGATGTTAAACCACAGAA
 45 TCCCACCAGTCTGCCTCCACCAGACGCAGCTCTATCTACAGAGGAGTC
 ACTAGACATAGATGGACAGGGAGATACGAGGCTCATCTATGGGACAAA
 AGCTCGTGGAATTCGATTCAGAACAAGAAAGGCAAACAAGTTTATCTGG
 GAGCATATGACAGCGAGGAAGCAGCAGCGCATACGTACGATCTAGCTG
 50 CTCTCAAGTACTGGGGTCCCGACACCATCTTGAACTTTCCGGCTGAGAC

GTACACAAAGGAGTTGGAGGAGATGCAGAGATGTACAAAGGAAGAGTA
 TTTGGCTTCTCTCCGCCGCCAGAGCAGTGGTTTCTCTAGAGGCGTCTCTA
 AATATCGCGGCGTTCGCCAGGCATCACCATAACGGAAGATGGGAAGCTA
 5 GGATTGGAAGGGTGTGGAAACAAGTACTTGTACCTCGGCACTTATAA
 TACGCAGGAGGAAGCTGCAGCTGCATATGACATGGCGGCTATAGAGTA
 CAGAGGCGCAAACGCAGTGACCAACTTCGACATTAGTAACTACATCGAC
 CGGTAAAGAAAAAAGGTGTCTTCCATTCCCTGTGAGCCAAGCCAATC
 ATCAAGAAGCTGTTCTTGCTGAAGCCAAACAAGAAGTGGAAGCTAAAG
 10 AAGAGCCTACAGAAGAAGTGAAGCAGTGTGTGCGAAAAAGAAGAACCGC
 AAGAAGCTAAAGAAGAGAAGACTGAGAAAAACAACAACAAGAA
 GTGGAGGAGGCGGTGGTCACTTGCTGCATTGATTCTTCGGAGAGCAATG
 AGCTGGCTTGGGACTTCTGTATGATGGATTCAAGGGTTTGCTCCGTTTTTG
 15 ACGGATTCAAATCTCTCGAGTGAGAATCCCATTGAGTATCCTGAGCTTTT
 CAATGAGATGGGGTTTGAGGATAACATTGACTTCATGTTTCGAGGAAGGG
 AAGCAAGACTGCTTGAGCTTGGAGAATCTGGATTGTTGCGATGGTGTG
 TTGTGGTGGGAAGAGAGAGCCCAACTTCATTGTCGTCTTCACCGTTGTCT
 TGCTTGTCTACTGACTCTGCTTCATCAACAACAACAACAATAACCTC
 20 TGTTTCTTGTAACCTATTCTGTCTGA

SEQ ID NO:18 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания ВпWRI01

25 MKRPLTTSPTSSSTSSSACILPTQPETPRPKRAKRAKKSSIPTDVKPQNPTSP
 ASTRRSSIYRGVTRHRWTGRYEAHLWDKSSWNSIQNKKGKQVYLGAYDSE
 EAAAHTYDLAALKYWGPDTILNFP AETYTKELEEMQRCTKEEYLASLRRQS
 30 SGFSRGSVSKYRGVARHHHNGRWEARIGRVFGNKYLYLGTYNQEEAAA
 YDMAAIEYRGANAVTNFDISNYIDRLKKKGVFPFPVSQANHQEAVLAEAK
 QEVEAKEEPTEEVKQCVEKEEPQEAKEEKTEKKQQQEVVEEAVVTCIDSS
 ESNELAWDFCMMDSGFAPFLTDSNLSSENPIEYPELFNEMGFEDNIDFMFEE
 GKQDCLLENLDCCDGVVVVGRESPTSLSSSPLSCLSTDSASSTTTTTITS-
 35 VSCNYSV

SEQ ID NO:19 – Последовательность нуклеиновой кислоты ВпWRI08

40 AGAGTATTTGGGACACGTGGTGGAAATCTTCCGGTGGTCCGGAGCTTGGT
 TTTCACGGTGGAGCTAACAACGGAGGAGCTTTGTCACTTGGTGTAAACG
 TTAACAACCTCTAATCACAGGACTAGTGATGATCATACTCAGATCACTGA
 GTATCATTACCGAGGAAATAACAATGGTGAAAGAACCAACAACGAGAA
 45 GACGGTTTCTGAGAAGGAGAAGCCTGTTGTGGCTGTGGAGACATCAGAT
 TGTTCTAACAAGAAGATCGCTGATACGTTTGGACAAAGGACTTCCATCT
 ACAGAGGAGTTACAAGACATAGATGGACGGGAAGATATGAAGCTCATC
 TATGGGATAATAGCTGTAGGCGAGAAGGTCAAGCCAGGAAAGGACGTC
 AAGTATACTTGGGTGGATATGACAAAGAAGACAAGGCAGCTCGAGCTT
 50 ATGATTATAGCAGCTCTTAAGTACTGGAATGCTACTGCTACCACCAATTT

CCCTATTACAAACTACTCAAAGAAGACTAGAGGAAATGAAGCACATGAC
 CAAACAAGAGTTCATTGCTTCCCTTAGGAGGAAGAGTAGCGGATTCTCT
 AGAGGAGCCTCAATATACAGAGGTGTGACAAGGCATCATCAACAAGGA
 5 CGTTGGCAAGCAAGGATAGGCCGTGTAGCCGGGAACAAAGATCTTTACC
 TAGGAACATTTGCAACGGAAGAGGAAGCAGCCGAGGCATACGACATAG
 CAGCGATCAAATTCAGGGGAATAAACGCTGTAACAACTTTGAGATGA
 ACCGTTACGACGTTGAGGCCATCATGAAGAGTGCACCTCCCATTGGTGG
 TGCAGCAAAACGTCTTAAGCTCTCTTTAGAAGCTGCAGAGCAGAAACCA
 10 ATCCTCGGTCATCAACATCAACTCCACCCTCCAGCAACAACAGCAGC
 AACAGATTCAGTCCTCTCCGAACCACAGTAGCATTAACTTCGCTCAATCT
 CAGATGATTCCTGTGGGATCCCTTTTGAAGCTGCTGCTCTCTACCATCAT
 CAACAGCAACAACAGCAGCAGCAGCAACAGAACTTCTTCCAGCATTTTC
 15 CGGCGAATGTTTCGAGCTACTGACTCGACCGGTTCTAATAATAACTCCAA
 CGTTCAAGGTTCAATGGGACTTATGGTGCCGAATCAGGCTGAGTTCTTC
 CTCTGGCCTAACCAGTCTTACTAGAATCAATCATGTTATGTTTTTTGTTTT
 TTTTTTTTTGTTTTAGTTTTTAATGGTTTTTAAGGGATAACAACCTTCTTTC
 TAATGTTCAACTTCTTGATTCTAGCTAACCCATAAGCTGACTANAAGG
 20 ATATGAAAATCTCACTTGTNCCGNGTACTCNGTTTCCATTTAATGAAAT
 GNGTTTCTGTTTANGTA

25 **SEQ ID NO:20 – Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки
 считывания ВpWRI08**

ATGATCATACTCAGATCACTGAGTATCATTACCGAGGAAATAACAATGG
 TGAAAGAACCAACAACGAGAAGACGGTTTCTGAGAAGGAGAAGCCTGT
 30 TGTGGCTGTGGAGACATCAGATTGTTCTAACAAGAAGATCGCTGATACG
 TTTGGACAAAGGACTTCCATCTACAGAGGAGTTACAAGACATAGATGGA
 CGGGAAGATATGAAGCTCATCTATGGGATAATAGCTGTAGGCGAGAAG
 GTCAAGCCAGGAAAGGACGTCAAGTATACTTGGGTGGATATGACAAAG
 AAGACAAGGCAGCTCGAGCTTATGATTATAGCAGCTCTAAGTACTGGA
 35 ATGCTACTGCTACCACCAATTTCCCTATTACAAACTACTCAAAGAAGCT
 AGAGGAAATGAAGCACATGACCAACAAGAGTTCATTGCTTCCCTTAGG
 AGGAAGAGTAGCGGATTCTCTAGAGGAGCCTCAATATACAGAGGTGTG
 ACAAGGCATCATCAACAAGGACGTTGGCAAGCAAGGATAGGCCGTGTA
 40 GCCGGGAACAAAGATCTTTACCTAGGAACATTTGCAACGGAAGAGGAA
 GCAGCCGAGGCATACGACATAGCAGCGATCAAATTCAGGGGAATAAAC
 GCTGTAACAACTTTGAGATGAACCGTTACGACGTTGAGGCCATCATGA
 AGAGTGCACCTCCCATTGGTGGTGCAGCAAAACGTCTTAAGCTCTCTTTA
 GAAGCTGCAGAGCAGAAACCAATCCTCGGTCATCAACATCAACTCCACC
 45 ACTTCCAGCAACAACAGCAGCAACAGATTCAGTCCTCTCCGAACCACAG
 TAGCATTAACTTCGCTCAATCTCAGATGATTCCTGTGGGATCCCTTTTGA
 AGCTGCTGCTCTCTACCATCATCAACAGCAACAACAGCAGCAGCAGCAA
 CAGAACTTCTTCCAGCATTTTCCGGCGAATGTTTCGAGCTACTGACTCGAC
 50 CGGTTCTAATAATAACTCCAACGTTCAAGGTTCAATGGGACTTATGGTG

CCGAATCAGGCTGAGTTCTTCCTCTGGCCTAACCCAGTCTTACTAGAATCA
ATCATGTTATGTTTTTTGTTTTTTTTTTTTTTGTTTTAG

5

SEQ ID NO:21 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания ВпWRI08

10

MIILRSLSIITEEITMVKEPTRRRFLRRRSLLWLWRHQIVLTRRSLIRLDKGL
PSTEELQDIDGREDMKLIYGHAVGEKVKPGKDVKYTWVDMTKKTRQLEL
MIIAALKYWNATATTNFPITNYSKELEEMKHMTKQEFIASLRKSSGFSRGA
SIYRGVTRHHQQGRWQARIGRVAGNKDL YLGTFAEEEEAEA YDIAAIKFR
GINAVTNFEMNRYDVEAIMKSALPIGGA AKRLKLSLEAAEQKPILGHQHQL
HHFQQQQQQIQSSPNHSSINFAQSQMIPVGSLLKLLLSTIINSNNSSSSNRTS
SSIFRRMFELLTRPVLITPTFKVQWDLWCRIRLSSSSGLTSLTRINHVMF-
FVFFFLF

15

20

SEQ ID NO:22 – Последовательность нуклеиновой кислоты psw2

25

AAGCAGTGGTAACAACGCAGAGTACGCGGGATTCAAGTACTTCTTCTTT
GTAACCAAATAAAACCTCTTGATTTATTGTTTCATTTAATCAAATAGTA
GTAATAATATCACCAACCGCACCGACATGGAGTAGAAGTAGCTCTTCATT
CAAAGAGTAACGCCTCTCCAGAGACTAGTACTTCATTTTGCACCATTGA
TATCTCAAATGGCTCGTGCTTCGACTAACTGGCTATCGTTCTCTCTCTCC
CCCATGGAAATGCTCCGAACCCCGAACCTCAGTTCGTTCAATACGACG
CCGCTTCCGACACTTCCTCGCATCACTACTACCTCGACAACCTTGACACC
AACGGGTGGGGGAACGGGAGCCTCAAGTTTGAGCAGAATCTGAACCAC
AGCGACGTGAGTTTCGTTGAATCGTCGTCGACAGAGCGTCAGCCACGCGC
CGCCGAAGCTGGAGGATTTTCTCGGCGACTCCTCCGCTGTTATGCGTTAC
TCCGACAGCCAGACGGAGACGCAGGACTCGTCGCTGACGCACATCTACG
ACCACCACCACCACCACCACCACCACCACCACGGTTCTTCTGCGTA
CTTCGGCGGTGACCACCAGGATCTCAAGGCCATTA CTGGATTCCAAGCT
TTTTCGACTAACTCTGGCTCCGAGGTTGATGATTCTGCATCGATCGGAAA
GGCGCAGGGCAGCGAGTTCGGGACTCACTCTATTGAGTCTCCGTC AAC
GAGTTCGCCGCGTTCTCCGGTGGCACC AACACCGGTGGAACCTTGTCGC
TCGCCGTCGCGCAGAGCTCCGAGAAGGCCGTCGCTGCTGCGGCGGAGTC
CGATCGCTCGAAGAAGGTTGTGGATACCTTCGGCCAGCGGACTTCTATA
TACAGAGGTGTCACTAGGCACCGATGGACAGGAAGATATGAAGCGCAT
CTATGGGACAATAGTTGCAGAAGGGAGGGTCAAGCTAGAAAAGGGCGT
CAAGTTTATTTGGGTGGATATGATAAGGAAGAAAAGGCCGCTAGATCTT
ATGATTTGGCAGCTCTGAAGTACTGGGGTCCC ACTGCTACCACCACTT
CCCTGTTTCCAATTATTCAAAGGAAGTGGAGGAGATGAAACATGTAACA
AAGCAGGAATTTATCGCATCATTGCGAAGGAAAAGTAGTGGTTTCTCCA
GGGGAGCTTCCATATACAGAGGTGTTACAAGGCATCATCAACAGGGTAG
GTGGCAAGCAAGAATTGGCCGTGTAGCTGGAAACAAAGATCTTACTTG
GGAACATTCGCAACCGAGGAGGAAGCAGCAGAGGCATATGATATTGCA

40

45

50

GCCATTAAGTTCAGAGGTGCAAACGCGGTAACCAACTTTGAGATGAATA
 GATATGATGTGGAAGCTATAATGAAGAGTTCTCTTCCAGTGGGTGGGGC
 AGCAAAGCGCTTGAAGCTTTCCCTTGAATCAGAGCAGAAAGCTCTTCCT
 5 GTGAGCAGCAGCAGCAGCAGCAATCAACAGCAGAATCCACAGTGTGGA
 AACGTGAGTGCCAGCATCAATTTCTCATCCATTCATCAGCCAATTGCTTC
 TATCCCTTGTGGAATTCCCTTTGATTCAACAACAGCATATTATCATCACA
 ACCTTTTCCAACATTTTCACCTACCAACGCTGGCACAGCAGCGTCTGCT
 10 GTTACTTCTGCCAATGCAAATGCACTAACTGCACTGCCACCAACAGCAG
 CAGCTGAGTTCTTTATTTGGCCTCATCAGTCTTATTGAAAAAAGAAAA
 GAAAAAAAGAGGAGGTTTTTGTAGTTGGCTAGTCTTGGTTACAGTAGGA
 AGCTGGATATGTAATACTGCTTAAGAAATGAGAAATATTTTCGTGCAT
 CATAATTTTGCACAAGAAAAAAAAGA

15

SEQ ID NO:23 – Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки считывания psw2

20 ATGGCTCGTGCTTCGACTAACTGGCTATCGTTCTCTCTCTCCCCATGGA
 AATGCTCCGAACCCCCGAACCTCAGTTCGTTCAATACGACGCCGCTTCC
 GACTTTCCTCGCATCACTACTACCTCGACAACCTTGTACACCAACGGGT
 GGGGGAACGGGAGCCTCAAGTTTGAGCAGAATCTGAACCACAGCGACG
 25 TGAGTTTCGTTGAATCGTCGTCGAGAGCGTCAGCCACGCGCCGCCGAA
 GCTGGAGGATTTTCTCGGCGACTCCTCCGCTGTTATGCGTACTCCGACA
 GCCAGACGGAGACGCAGGACTCGTCGCTGACGCACATCTACGACCACC
 ACCACCACCACCACCACCACCACCACGGTTCCTTCTGCGTACTTCGG
 CGGTGACCACCAGGATCTCAAGGCCATTACTGGATTCCAAGCTTTTTCG
 30 ACTAACTCTGGCTCCGAGGTTGATGATTCTGCATCGATCGGAAAGGCGC
 AGGGCAGCGAGTTCGGGACTCACTCTATTGAGTCCTCCGTCAACGAGTT
 CGCCGCGTTCTCCGGTGGCACCAACACCGGTGGAACCTTGTCGCTCGCC
 GTCGCGCAGAGCTCCGAGAAGGCCGTCGCTGCTGCGGCGGAGTCCGATC
 GCTCGAAGAAGGTTGTGGATACTTCGGCCAGCGGACTTCTATATACAG
 35 AGGTGTCACTAGGCACCGATGGACAGGAAGATATGAAGCGCATCTATG
 GGACAATAGTTGCAGAAGGGAGGGTCAAGCTAGAAAAGGGCGTCAAGT
 TTATTTGGGTGGATATGATAAGGAAGAAAAGGCCGCTAGATCTTATGAT
 TTGGCAGCTCTGAAGTACTGGGGTCCCACTGCTACCACCAACTTCCCTGT
 40 TTCCAATTATTCAAAGGAAGTGGAGGAGATGAAACATGTAACAAAGCA
 GGAATTTATCGCATCATTGCGAAGGAAAAGTAGTGGTTTCTCCAGGGGA
 GCTTCCATATACAGAGGTGTTACAAGGCATCATCAACAGGGTAGGTGGC
 AAGCAAGAATTGGCCGTGTAGCTGGAAACAAAGATCTTTACTTGGGAAC
 ATTCGCAACCGAGGAGGAAGCAGCAGAGGCATATGATATTGCAGCCAT
 45 TAAGTTCAGAGGTGCAAACGCGGTAACCAACTTTGAGATGAATAGATAT
 GATGTGGAAGCTATAATGAAGAGTTCTCTTCCAGTGGGTGGGGCAGCAA
 AGCGCTTGAAGCTTTCCCTTGAATCAGAGCAGAAAGCTCTTCCCTGTGAG
 CAGCAGCAGCAGCAGCAATCAACAGCAGAATCCACAGTGTGGAAACGT
 50 GAGTGCCAGCATCAATTTCTCATCCATTCATCAGCCAATTGCTTCTATCC
 CTTGTGGAATTCCCTTTGATTCAACAACAGCATATTATCATCACAACCTT

TTCCAACATTTTCACCCTACCAACGCTGGCACAGCAGCGTCTGCTGTTAC
 TTCTGCCAATGCAAATGCACTAACTGCACTGCCACCAACAGCAGCAGCT
 GAGTTCTTTATTTGGCCTCATCAGTCTTATTGA

5

SEQ ID NO:24 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания psw2

10 MARASTNWLSFSLSPMEMLRTPPEPQFVQYDAASDTSSHYYLDNLYTNGW
 GNGSLKFEQNLNHSADVSVFVSSSQSVSHAPPKLEDFLGDSSAVMRYSDSQT
 ETQDSSLTHIYDHHHHHHHHHHHGGSSAYFGGDHQDLKAITGFQAFSTNSGS
 EVDDASIGKAQGSEFGTHSIESSVNEFAAFSGGTNTGGTSLSLAVAQSSEKA
 15 VAAAAESDRSKKVVDTFGQRTSIYRGVTRHRWTGRYEAHLWDNSCRREG
 QARKGRQVYLGGYDKEEKAARSYDLAALKYWGPTATTNFPVSNYSKEVE
 EMKHVTKQEFIASLRKSSGFSRGASIYRGVTRHHQQGRWQARIGRVAGN
 KDLYLGTFAEEEEAEA YDIAAIKFRGANAVTNFEMNRYDVEAIMKSSLPV
 20 GGAARKRLKLSLESEQKALPVSSSSSNQQQNPQCGNVSASINFSSIHQPIASIP
 CGIPFDSTTAYYHHNLFQHFHPTNAGTAASAVTSANANALTALPP-
 TAAAEFFIWP HQSY

SEQ ID NO:25 – Последовательность нуклеиновой кислоты psw6

25

GATAGATTGCAGTTTCCAAAGAACCCAACCTCAACTTCAAACCCCATAA
 TAATCTCTCTTTGACATTCATAAAAAACACACACCATGGACTCTTGTTCA
 TCACCGCCAAACAACAACCTCCCTCGCTTTCTCTCTTTCCAATCACTTTCC
 30 CAACCCTTCCTCCTCTCCCCTCTCCCTTTTCCAACCTTCACCTATCCATC
 TCTCTCTCTCACAGGAAGCCACACGGCGGATGCACCTCCTGAGCCCATC
 GCCGGCGGAGGAGCGACCAACCTCTCCATATTCACCGGCGCCCCAAGT
 TCGAGGACTTTCTGGGCGGTTCTCCGCAACAGCCACCGCCACCACGTG
 TGCACCGCCACAGCTTCCGCAGTTCTCCACCGACAACAACAACCACTG
 35 TACGATTCGGAGCTGAAGACAACAATAGCCGCGTGCTTCCCTCGCGCCT
 TTGCCGCCGAACCAACCACCGAACCTCAGAAACCCTCTCAAAGAAAAC
 CGTCGACACCTTCGGCCAACGCACCTCCATCTACCGCGGCGTCACCCGA
 CATAGATGGACGGGAAGATACGAAGCTCATCTATGGGACAATAGTTGTA
 40 GAAGAGAAGGCCAAAGCAGGAAAGGAAGACAAGTTTACCTGGGTGGTT
 ATGACAAGGAAGATAAGGCAGCCAGGGCTTACGATCTCGCAGCTCTCA
 AGTACTGGGGTCCAACCTACCACCACCAACTTTCCCATTTCCAACCTATGA
 GAAGGAACCTGGAGGAGATGAAGAACATGACCAGGCAAGAGTTTGTGTC
 TTCTCTACGAAGGAAGAGCAGTGGTTTCTCTAGGGGGGCCTCTATATAC
 45 AGAGGAGTGACGAGACACCACCAGCATGGCCGATGGCAGGCGAGAATA
 GGCAGAGTTGCCGGAACAAAGACCTCTACCTTGGAACCTTTCAGCACCC
 AAGAAGAAGCTGCTGAGGCCTATGACATTGCTGCTATCAAATTCAGGGG
 ATTAATGCAGTCACAACTTTGACATGAGTCGCTACGATGTAAAGAGC
 50 ATTGCAAATAGCACTCTTCCAATTGGAGGTTTATCTGGCAAGAACAAGA
 ACTCCACAGATTCTGCATCTGAGAGCAAGAGCCACGAGGCAAGCCGATC

CGACGAACGAGATCCATCAGCGGCTTCATCCGTGACCTTTGCATCACAG
 CAACAGCCTTCGAGCTCCACCTTAAGCTTTGCCATACCCATTAAGCAAG
 ACCCTTCAGATTACTGGTCCATCCTGGGGTACCATAATTCTCCCCTTGAC
 5 AACACTGGCATCAGGAACACTACTAGTGTTACTGCAACTTCTTTTCCATC
 CTCCAACAATGGCACTACTAGTAGTTTGACACCCTTCCACATGGAATTCT
 CAAATGCCCCCAAGTACCGGCAGTGATAACGATGCCGCGTTTTTTCAG
 TGGAGGAGGCATCTTTGTTTCAGCAACAAAGTGGTCATGGTAATGGTCAT
 10 GGAAGTGGAAGCAGTGGTTCCTCCTCTTCTTCTTTAAGCTGTTCAATCCC
 ATTCGCCACGCCCATCTTTTCTCTAAATAGCAATACTAGTTATGAGAACA
 GTGCTGGTTATGGAACTGGATTGGACCTACCCTGCACACATTCCAATC
 CCATGCAAAACCAAGTCTCTTTCAAACGCCAATATTTGGAATGGAATGA
 GCTCATGCACGAGGTGGGATGAGAATCTGTGCATATAATGATGAAAGG
 15 GGAAGGGCAATAGTGGTGATGGTGTTTTAGCATGCAAAAGAAGCAAGG
 ACGAACTAGTACCTTTAGCTGATGCAGTATTTGAATGAGTTGGACTGAC
 AGTCATAATTTTCATGAGAAGCGTAGCTATACCTAGCAGCAGCTGACACT
 GACTAACTCAAAGTTCCTTTGTTATGTTTTGGATGAATTTTCTTTTTTTT
 CTTTTTCGCCCCCTTTTTAGCTTTTTGTCCCTGTTAATACTGACATCAT
 20 TTCAAATGAGTATAATGGGAAGAAAAAAGAAAAATCCTTTTGTAATCCCC
 TTTCATCTCATTTTTGTTAGTATTA AAAACTTGCTATATCTATGCGAAAG
 GCATTCAATGCCTATATATAGA

25 **SEQ ID NO:26 - Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки
 считывания psw6**

ATGGACTCTTGTTTCATCACCGCCAAACAACAACCTCCCTCGCTTTCTCTCT
 30 TTCCAATCACTTTCCCAACCCTTCCTCCTCTCCCCTCTCCCTTTTCCACTC
 CTTACCTATCCATCTCTCTCTCTCACAGGAAGCCACACGGCGGATGCAC
 CTCCTGAGCCCATCGCCGGCGGAGGAGCGACCAACCTCTCCATATTCAC
 CGGCGCCCCCAAGTTCGAGGACTTTCTGGGCGGTTCCCTCCGCAACAGCC
 ACCGCCACCACGTGTGCACCGCCACAGCTTCCGCAGTTCTCCACCGACA
 35 ACAACAACCACCTGTACGATTTCGGAGCTGAAGACAACAATAGCCGCGT
 GCTTCCCTCGCGCCTTTGCCGCCGAACCAACCACCGAACCTCAGAAACC
 CTCTCCAAGAAAACCGTCGACACCTTCGGCCAACGCACCTCCATCTAC
 CGCGGCGTCACCCGACATAGATGGACGGGAAGATACGAAGCTCATCTAT
 40 GGGACAATAGTTGTAGAAGAGAAGGCCAAAGCAGGAAAGGAAGACAA
 GTTTACCTGGGTGGTTATGACAAGGAAGATAAGGCAGCCAGGGCTTACG
 ATCTCGCAGCTCTCAAGTACTGGGGTCCAACCTACCACCACCAACTTTCCC
 ATTTCCAACCTATGAGAAGGAACTGGAGGAGATGAAGAACATGACCAGG
 CAAGAGTTTGTGCTTCTCTACGAAGGAAGAGCAGTGGTTTCTCTAGGG
 45 GGGCCTCTATATACAGAGGAGTGACGAGACACCACCAGCATGGCCGAT
 GGCAGGCGAGAATAGGCAGAGTTGCCGGAAACAAAGACCTCTACCTTG
 GAACTTTCAGCACCCAAGAAGAAGCTGCTGAGGCCTATGACATTGCTGC
 TATCAAATTCAGGGGATTAATGCAGTCACAACTTTGACATGAGTCGC
 50 TACGATGTAAAGAGCATTGCAAATAGCACTCTTCCAATTGGAGGTTTAT
 CTGGCAAGAACAAGAACTCCACAGATTCTGCATCTGAGAGCAAGAGCC

ACGAGGCAAGCCGATCCGACGAACGAGATCCATCAGCGGCTTCATCCGT
 GACCTTTGCATCACAGCAACAGCCTTCGAGCTCCACCTTAAGCTTTGCCA
 TACCCATTAAGCAAGACCCTTCAGATTACTGGTCCATCCTGGGGTACCA
 5 TAATTCTCCCCTTGACAACACTGGCATCAGGAACACTACTAGTGTTACTG
 CAACTTCTTTTCCATCCTCCAACAATGGCACTACTAGTAGTTTGACACCC
 TTCCACATGGAATTCTCAAATGCCCCACAAGTACCGGCAGTGATAACG
 ATGCCGCGTTTTTCAGTGGAGGAGGCATCTTTGTTTCAGCAACAAAGTGG
 TCATGGTAATGGTCATGGAAGTGGAAAGCAGTGGTTCCTCCTCTTCTTCTT
 10 TAAGCTGTTCAATCCCATTGCGCCACGCCCATCTTTTCTCTAAATAGCAAT
 ACTAGTTATGAGAACAGTGCTGGTTATGGAAACTGGATTGGACCTACCC
 TGCACACATTCCAATCCCATGCAAAACCAAGTCTCTTTCAAACGCCAAT
 ATTTGGAATGGAATGA

15

SEQ ID NO:27 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания psw6

20 MDSCSSPPNNNSLAFSLSNHFPNPSSSPLSLFHSFTYPSLSLTGSHTADAPPEP
 IAGGGATNLSIFTGAPKFEDFLGGSSATATATTCAPPQLPQFSTDNNNHL YD
 SELKTTIAACFPRAFAAEPTTEPQKPSPKKTVDTFGQRTSIYRGVTRHRWTG
 RYEAHLWDNSCRREGQSRKGRQVYLGGYDKEDKAARAYDLAALKYWGP
 TTTTNFPISNYEKELEEMKNMTRQEFVASLRRKSSGFSRGASIYRGVTRHHQ
 25 HGRWQARIGRVAGNKDLYLGTTFSTQEEAAEA YDIAAIKFRGLNAVTFNDM
 SRYDVKSIANSTLPIGGLSGKNKNSTDSASESKSHEASRSDERDPSAASSVTF
 ASQQQPSSSTLSFAIPIKQDPSDYWSILGYHNSPLDNTGIRNTTSVTATSFPS
 NNGTSSSLTPFHMEFSNAPTSTGSDNDAAFFSGGGIFVQQQSGHGNHGHGSG
 30 SSGSSSSSLSCSIPFATPIFSLNSNTSYENSAGYGNWIGPTLHTFQSHAKP-
 SLFQTPIFGME

35

SEQ ID NO:28 - Последовательность нуклеиновой кислоты GmWRI02

CCTCTTGATTTATTGTTTCATTTAATCAAATAGTAGTAATAATATCACCA
 CCGCGCCGACATGGAGTAGAAGTAGCTCTTCATTCAAAGAGTAACGCCT
 CTCCAGAGACTAGTACTTCATTTTGCACCATGATATCTCAAATGGCTCG
 40 TGCTTCGACTAACTGGCTATCGTTCTCTCTCTCCCCCATGGAAATGCTCC
 GAACCCCCGAACCTCAGTTCGTTCAATACGACGCCGCTTCCGACACTTC
 CTCGCATCACTACTACCTCGACA ACTTGTACACCAACGGGTGGGGGAAC
 GGGAGCCTCAAGTTTGAGCAGAATCTGAACCACAGCGACGTGAGTTTCG
 TTGAATCGTCGTCGCAGAGCGTCAGCCACGCGCCGCGAAGCTGGAGGA
 45 TTTTCTCGGCGACTCCTCCGCTGTTATGCGT TACTCCGACAGCCAGACGG
 AGACGCAGGACTCGTCGCTGACGCACATCTACGACCACCACCACCA
 CCACCACCACCACCACCGGTTCTTCTGCGTACTTCGGCGGTGACCAC
 CAGGATCTCAAGGCCATTACTGGATTCCAAGCTTTTTCGACTAACTCTGG
 50 CTCCGAGGTTGATGATTCTGCATCGATCGGAAAGGCGCAGGGCAGCGAG
 TTCGGGACTCACTCTATTGAGTCTCCTCCGTCAACGAGTTCGCCGCGTTCTC

CGGTGGCACCAACACCGGTGGAACCTTGTCGCTCGCCGTCGCGCAGAGC
 TCCGAGAAGGCCGTCGCTGCTGCGGCGGAGTCCGATCGCTCGAAGAAG
 GTTGTGGATACCTTCGGCCAGCGGACTTCTATATACAGAGGTGTCATA
 5 GGCACCGATGGACAGGAAGATATGAAGCGCATCTATGGGACAATAGTT
 GCAGAAGGGAGGGTCAAGCCAGAAAAGGGCGTCAAGTTTATTTGGGTG
 GATATGATAAGGAAGAAAAGGCCGCGAGAGCTTATGATTTGGCAGCTCT
 AAAGTACTGGGGTCCCCTGCTACCACCAACTTCCCTGTTTCCAATTATT
 10 CGAAGGAAGTGGAGGAGATGAAACATGTAACAAAGCAAGAATTTATTG
 CATCATTGCGGAGGAAAAGTAGTGGTTTCTCCAGGGGAGCTTCCATATA
 CAGAGGTGTTACAAGGCATCATCAACAGGGTAGGTGGCAAGCAAGAAT
 TGGCCGTGTAGCTGGAAACAAAGATTTATACTTGGGAACATTCGCAACC
 GAGGAGGAAGCAGCAGAGGCATATGATATTGCAGCCATAAAGTTCAGA
 15 GGTGCAAACGCGGTAACCAACTTTGAGATGAATAGATATGATGTGGAA
 GCTATAATGAAGAGTTCTCTTCCAGTGGGTGGGGCAGCAAACGCTTGA
 GGCTTTCCCTTGAATCAGAGCAGAAAGCTCCTCCTGTGAACAGCAGCAG
 TCAGCAGCAGAATCCACAGTGTGGTAACGTGAGTGGTAGCATCAATTC
 TCAGCCATTCATCAGCCAATTGCTTCAATCCCTTGTGGAATTCCGTTTGA
 20 TTCAACAACAGCATATTATCCTCACAACTTTTCCAACATTTTCACCCTA
 CCAACGCTGGTGCAGCAGCGTCTGCTGTTACTTCTGCCAATGCAACCGC
 ACTAACTGCACTGCCAGCATCAGCAGCAACTGAGTTCTTTATTTGGCCTC
 ATCAGTCTTATTGA

25

SEQ ID NO:29 - Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки считывания GmWRI02

30 ATGGCTCGTGCTTCGACTAACTGGCTATCGTTCTCTCTCTCCCCCATGGA
 AATGCTCCGAACCCCCGAACCTCAGTTCGTTCAATACGACGCCGCTTCC
 GACACTTCCCTCGCATCACTACTACCTCGACAACCTTGTACACCAACGGGT
 GGGGGAACGGGAGCCTCAAGTTTGAGCAGAATCTGAACCACAGCGACG
 35 TGAGTTTCGTTGAATCGTCGTCGACAGAGCGTCAGCCACGCGCCCGCAA
 GCTGGAGGATTTTCTCGGCGACTCCTCCGCTGTTATGCGTTACTCCGACA
 GCCAGACGGAGACGCAGGACTCGTCGCTGACGCACATCTACGACCACC
 ACCACCACCACCACCACCACCACCACCACGGTTCTTCTGCGTACTTCCGG
 CGGTGACCACCAGGATCTCAAGGCCATTACTGGATTCCAAGCTTTTTTCG
 40 ACTAACTCTGGCTCCGAGGTTGATGATTCTGCATCGATCGGAAAGGCGC
 AGGGCAGCGAGTTCGGGACTCACTCTATTGAGTCCTCCGTCAACGAGTT
 CGCCGCGTTCTCCGGTGGCACCACACCGGTGGAACCTTGTCGCTCGCC
 GTCGCGCAGAGCTCCGAGAAGGCCGTCGCTGCTGCGGCGGAGTCCGATC
 GCTCGAAGAAGGTTGTGGATACCTTCGGCCAGCGGACTTCTATATACAG
 45 AGGTGTCACTAGGCACCGATGGACAGGAAGATATGAAGCGCATCTATG
 GGACAATAGTTGCAGAAGGGAGGGTCAAGCCAGAAAAGGGCGTCAAGT
 TTATTTGGGTGGATATGATAAGGAAGAAAAGGCCGCGAGAGCTTATGAT
 TTGGCAGCTCTAAAGTACTGGGGTCCCCTGCTACCACCAACTTCCCTGT
 50 TTCCAATTATTGCAAGGAAGTGGAGGAGATGAAACATGTAACAAAGCA
 AGAATTTATTGCATCATTGCGGAGGAAAAGTAGTGGTTTCTCCAGGGGA

GCTTCCATATACAGAGGTGTTACAAGGCATCATCAACAGGGTAGGTGGC
 AAGCAAGAATTGGCCGTGTAGCTGGAAACAAAGATTTATACTTGGGAAC
 ATTCGCAACCGAGGAGGAAGCAGCAGAGGCATATGATATTGCAGCCAT
 5 AAAGTTCAGAGGTGCAAACGCGGTAACCAACTTTGAGATGAATAGATAT
 GATGTGGAAGCTATAATGAAGAGTTCTCTTCCAGTGGGTGGGGCAGCAA
 AACGCTTGAGGCTTTCCCTTGAATCAGAGCAGAAAGCTCCTCCTGTGAA
 CAGCAGCAGTCAGCAGCAGAATCCACAGTGTGGTAACGTGAGTGGTAG
 10 CATCAATTTCTCAGCCATTCATCAGCCAATTGCTTCAATCCCTTGTGGAA
 TTCCGTTTGATTCAACAACAGCATATTATCCTCACAACCTTTTCCAACAT
 TTTCACCCTACCAACGCTGGTGCAGCAGCGTCTGCTGTTACTTCTGCCAA
 TGCAACCGCACTAACTGCACTGCCAGCATCAGCAGCAACTGAGTTCTTT
 ATTTGGCCTCATCAGTCTTATTGA

15

SEQ ID NO:30 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания GmWRI02

20 MARASTNWLSFSLSPMEMLRTPPEPQFVQYDAASDTSSHYYLDNLYTNGW
 GNGSLKFEQNLNHSDFVVESSQSVSHAPKLEDFLGDSSAVMRYSDSQT
 ETQDSSLTHIYDHHHHHHHHHHHGGSSAYFGGDHQDLKAITGFQAFSTNSGS
 EVDDASIGKAQGSEFGTHSIESSVNEFAAFSGGTNTGGTSLSLAVAQSSEKA
 25 VAAAESDRSKKVVDTFGQRTSIYRGVTRHRWTGRYEAHLWDNSCRREG
 QARKGRQVYLGGYDKEEKAARA YDLAALKYWGPTATTNFPVSNYSKEVE
 EMKHVTKQEFIASLRKSSGFSRGASIYRGVTRHHQQGRWQARIGRVAGN
 KDLYLGTFAEEEEAAEAYDIAAIKFRGANAVTNFEMNRYDVEAIMKSSLPV
 30 GGAAKRLRLSLESEQKAPPVNSSSQQNPQCGNVSGSINFSAIHQPIASIPCGI
 PFDSTTAYYPHNLQHFHPTNAGAAASAVTSANATALPALPASAATEFFI-
 WPHQSY

SEQ ID NO:31 - Последовательность нуклеиновой кислоты GmWRI03

35 CCTTGCTGTAGCTAAACAACAAAACCAAGTCTTCATTGGTAACAAGAA
 GATTATTATTTTTATATGATTTGTTATTTATCACCCAATGATTGACTTTG
 CCTAGCTGCAGCTGCTACGAGAGAAGATACTGCTGGTGGTGGTGGTGGTGGT
 40 AATAGCAAGTTTAAAGTTCAAACCTTTTTCAAGTAATTTATAAGTTGAG
 AAAGAAAAGAAAAACCAAGAAAAAAGAAGCAAAGATGAAGTCCAT
 GAATGATAGTAACACCGTTGATGATGGGAACAATCATAATAACTGGTTG
 GGATTCTCTCTCTCACCCACATGAAAATGGATGTTGTTACTTCTTCTAC
 45 TACCACTGGTCCTCATCATCCCCACCAACACCATCATCATCACTACT
 ATCATCACCCCTACGAGGCTTCTGCTGCAGCTTGCAACAACAACAACA
 CACTGTTCCCACTAACTTCTATATGTCACCCTCGCACCTCAACACCTCTG
 GAATATGTTATGGTGTGGAGAAAACAGTGCCTTTCACTCCTTTGGCC
 50 ATGATGCCTCTCAAGTCAGATGGGTCACTTTGCATTATGGAGGCTCTAA
 CAAGATCACAAACCCAAATGATGGTGCCAACCTTCATCTCCAAAACCTGA

GGACTTCCTAGGTGGTGGCAACTATGGGGGCTCAAGACTATGGAACCCAT
 GAGAGAGAAGCAATGGCTCTAAGCCTAGACAGTATCTACTACAGCAAC
 CAGAATGCTGAACCTGAAACCAACAGGGACCATTCATCTTCTCTTGACC
 5 TTCTTTCTGACCATTTCAAGGCACCAAACCCATCATCACCCATATTA
 GGACTTGGGATTTACCAAGTGGAGGAAGAAGAAACCAAGGAACAACCA
 CACGTTGCAGTTTGCAGCTCCCAAATGCCTCAAGTGGTTGAAGGCAGCA
 TTGCTTGCTTCAAAA
 10 ACTGAGCAGAATCTGGAGCAGCATCAAGTGAATAGTAGTAGCAGTGGT
 GGCCTTGGAGAGGATAATAATGTAGCTTATGGGAATGTTGGTGTGGTA
 GTAGTGTGGTTGTGGTGTGAGTTACAGTCTTTGAGTTTGTCTATGAGTCT
 GGTTCTCAATCAAGCTGTGTCACTGTTCCA
 15 AACTGACTCAGTTGCTGTGGATGCCAAAAGAGAGGCTCTTCTAAGCTT
 GGACAGAAGCAACCTGTGCATAGGAAATCCATCGACACATTTGGTCAA
 GAACTTCTCAGTATAGAGGTGTCACAAGGCATAGATGGACTGGTAGATA
 TGAAGCACATTTGTGGGATAACAGTTGCAAGAAGGAAGGGCAAACAAG
 GAAAGGACGACAAGTGTATTTGGGTGGTTATGATATGGAAGAGAAAGC
 TGCAAGGGCTTATGATCTTGC
 20 CACATAAACTTCCCGCTAGAAAATTACCAA
 AGAATATGAGTAGGCAGGAATACGTGGCCCACTTGAGAAGAAAGAGTA
 GTGGGTTTTCAAGGGGTGCCTCAATGTACAGAGGAGTGACAAGGCACCA
 CCAACATGGCAGGTGGCAAGCAAGGATAGGCAGAGTTGCAGGAAATAA
 GGACCTTTATCTTGGGACATTCAGCACTCAAGAGGAAGCAGCTGAAGCA
 25 TATGATGTAGCTGCAATCAAATTCGTGGGGTGAATGCTGTCACTCA
 TTGACATATCAAGATACGACGTTGAGAGAATAATGGCCAGCAACACCCT
 TCTAGCTGGAGAGCTAGCTAGAAGAAACAAGAACAGTGAGCCAAGAAC
 CGAGGCCATAGAGTACAATGTTGTGTCAAGCCAACAAGTCATAAGCAAC
 30 AGGGAAGAAGTTCACGAGACTGTGAACAACAACAATAATAATAGT
 GAAAATGGTTCATCATCAGATTGGAAGATGAGTTTGTATCATCATCAGC
 AACAGTCAAACA
 ATAGAGGTGGTGTCTTTCTCTGTGTCCCTACAAGATCTCATTGGGATT
 GACTCAGTAGGATCTAGCCAAGGCATGATGGATGAGTCTACTAAGATAG
 35 GGACTCATTTTTCAAACCCTTCCTCGCTGGTCAACAGTTTAAGCAGCTCA
 AGGGAAGGTAGCCCTGATAAAATGGGCCCACTTTGCTCATTCCAAAGC
 CTCCAATGGGGTCAAAGATTGTTACTAGCCCTACTGTTGCCAATGGTGT
 ACTGTTGGCTCTTGGTTTCCCTCTCAAATGAGGCCAGTCTCAATGTCTCA
 40 CTTGCCAGTTTTTGTCTGCTTGGAGTGATGCCTAG

SEQ ID NO:32 - Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки считывания GmWRI03

45 ATGAAGTCCATGAATGATAGTAACACCGTTGATGATGGGAACAATCATA
 ATA
 ACTGGTTGGGATTCTCTCTCTCACCCACATGAAAATGGATGTTGTT
 ACTTCTTCTACTACCACTGGTCTCATCATCCCCACCAACACCATCATCA
 50 TCATCACTACTATCATCACCTCACGAGGCTTCTGCTGCAGCTTGCAACA
 ACAACAACA
 AACTGTTCCCACTAACTTCTATATGTCACCTCGCACCTC

AACACCTCTGGAATATGTTATGGTGTGGAGAAAACAGTGCCTTTCACA
 CTCCTTTGGCCATGATGCCTCTCAAGTCAGATGGGTCACTTTGCATTATG
 GAGGCTCTAACAAGATCACAAACCCAAATGATGGTGCCAACTTCATCTC
 5 CAAAACCTTGAGGACTTCCTAGGTGGTGCAACTATGGGGGCTCAAGACTA
 TGGAACCCATGAGAGAGAAGCAATGGCTCTAAGCCTAGACAGTATCTAC
 TACAGCAACCAGAATGCTGAACCTGAAACCAACAGGGACCATTCATCTT
 CTCTTGACCTTCTTTCTGACCATTTTCAGGCACCAAACCCATCATCACCCA
 TATTACTIONCAGGACTTGGGATTTACCAAGTGGAGGAAGAAGAAACCAAG
 10 GAACAACCACACGTTGCAGTTTGCAGCTCCCAAATGCCTCAAGTGGTTG
 AAGGCAGCATTGCTTGCTTCAAAAACCTGGGTGCCAACAAGGGAATACTC
 TTCTTCTTCCACTCAGCAGAATCTGGAGCAGCATCAAGTGAATAGTAGT
 AGCAGTGGTGGCCTTGGAGAGGATAATAATGTAGCTTATGGGAATGTTG
 GTGTTGGTAGTAGTGTGGTTGTGGTGAGTTACAGTCTTTGAGTTTGTCT
 15 ATGAGTCCCTGGTTCTCAATCAAGCTGTGTCACTGTTCCAACCTCAGATCTC
 ATCTTCTGGAACCTGACTCAGTTGCTGTGGATGCCAAAAAGAGAGGCTCT
 TCTAAGCTTGGACAGAAGCAACCTGTGCATAGGAAATCCATCGACACAT
 TTGGTCAAAGAACCTTCTCAGTATAGAGGTGTCACAAGGCATAGATGGAC
 20 TGGTAGATATGAAGCACATTTGTGGGATAACAGTTGCAAGAAGGAAGG
 GCAAACAAGGAAAGGACGACAAGTGTATTTGGGTGGTTATGATATGGA
 AGAGAAAGCTGCAAGGGCTTATGATCTTGCGGCTCTCAAGTATTGGGGA
 CCTTCAACACACATAAACTTCCCGCTAGAAAATTACCAAACCTCAACTTG
 AAGAAATGAAGAATATGAGTAGGCAGGAATACGTGGCCCACTTGAGAA
 25 GAAAGAGTAGTGGGTTTTCAAGGGGTGCCTCAATGTACAGAGGAGTGA
 CAAGGCACCACCAACATGGCAGGTGGCAAGCAAGGATAGGCAGAGTTG
 CAGGAAATAAGGACCTTTATCTTGGGACATTCAGCACTCAAGAGGAAGC
 AGCTGAAGCATATGATGTAGCTGCAATCAAATTTTCGTGGGGTGAATGCT
 30 GTCACCAACTTTGACATATCAAGATACGACGTTGAGAGAATAATGGCCA
 GCAACACCCTTCTAGCTGGAGAGCTAGCTAGAAGAAACAAGAACAGTG
 AGCCAAGAACCGAGGCCATAGAGTACAATGTTGTGTCAAGCCAACAAG
 TCATAAGCAACAGGGAAGAAGTTCACGAGACTGTGAACAACAACA
 ATAATAATAGTGAATAATGGTTCATCATCAGATTGGAAGATGAGTTTGT
 35 TCATCATCAGCAACAGTCAAACAACCTGTGACCAGAAAACCATCAAGTGT
 GAAAATTATAATAGAGGTGGTGCTGCTTTCTCTGTGTCCCTACAAGATCT
 CATTGGGATTGACTCAGTAGGATCTAGCCAAGGCATGATGGATGAGTCT
 ACTAAGATAGGGACTCATTTTTCAAACCCTTCCTCGCTGGTCACCAGTTT
 40 AAGCAGCTCAAGGGAAGGTAGCCCTGATAAAATGGGCCCCACTTTGCTC
 ATTCCAAAGCCTCCAATGGGGTCAAAGATTGTTACTAGCCCTACTGTTG
 CCAATGGTGTCACTGTTGGCTCTTGGTTTCCCTCTCAAATGAGGCCAGTC
 TCAATGTCTCACTTGCCAGTTTTTGGCTGCTTGGAGTGATGCCTAG

45

SEQ ID NO:33 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания GmWRI03

50

MKSMNDSNTVDDGNHNNWLGFSLSPHMKMDVVTSSSTTTGPHHPHQHH
 HHHHYYHHPHEASAAACNNNNNTVPTNFYMSPSHLNTSGICYGVGENSAF

HTPLAMMPLKSDGSLCIMEALTRSQTQMMVPTSSPKLEDFLGGATMGAQD
 YGTHEAMALSLSIYYSNQNAEPETNRDHSSSLDLLSDHFRHQTHHPY
 YSGLGIYQVEEEETKEQPHVAVCSSQMPQVVEGSIACFKNWVPTREYSSSST
 5 QQNLEQHQVNSSSSGGLGEDNNVAYGNVGVGSSVGCCELQSLSLSMSPGS
 QSSCVTVPTQISSSGTDSVAVDKKGSSKLGQKQPVHRKSIDTFGQRTSQY
 RGVTRHRWTGRYEAHLWDNSCKKEGQTRKGRQVYLGGYDMEEKAARAY
 DLAALKYWGPSTHINFPLENYQTQLEEMKNMSRQEYVAHLRRKSSGFSRG
 10 ASMYRGVTRHHQHGRWQARIGRVAGNKDLYLGTFFSTQEEAAEAYDVAAI
 KFRGVNAVTFNFDISRYDVERIMASNTLLAGELARRNKNSEPRTEAIEYNVV
 SSQQVISNREEVHETVNNNNNNNSENSSSDWKMSLYHHQQQSNNCDQKT
 IKCENYNRGGAAFSVSLQDLIGIDSVGSSQGMMDSTKIGTHFSNPSSLVTSL
 15 SSSREGSPDKMGPTLLIPKPPMGSKIIVTSPTVANGVTVGSWFPSQMRPVSM-
 SHLPVFAAWSDA

SEQ ID NO:34 - Последовательность нуклеиновой кислоты GmWRI05

20 ATGAAGAGTATGGAAAATGATGACAATGCTGACCTTAATAATCAAAAC
 AATTGGTTGGGTTTCTCACTCTCTCCTCAAATGCATAATATAGGAGTTTC
 TTCACACTCACAACCTTCCTCTGCTGCTGAAGTGGTTCCTACAAGCTTTT
 ACCACCACACTGCTCCACTTAGTAGCTATGGTTTCTACTATGGACTTGAA
 25 GCTGAAAATGTTGGATTGTATTCAGCTTTGCCAATCATGCCCTCAAATC
 TGATGGCTCTCTCTATGGATTGGAACTTTAAGCAGGTCACAAGCACAA
 GCAATGGCTACTACTTCAACACCAAACTGGAGAACTTCTTAGGTGGGG
 AAGCCATGGGGACCCCTCATCACTACGAATGTAGTGCCACAGAAACAAT
 GCCTCTGAGCTTAGACAGTGTTTTTACATCCAACCTCACGCCGTGACC
 30 CAAATAATAACCAACCTACCAAAAACCATGTTCAACACATTAGCACCAA
 CCAACAACAACAACAGCAAGAGCTTCAAGCATATTACTCTACCTTGAGA
 AACCATGATATGATATTAGAAGGGTCAAAGCAAAGCCAACTTCTGACA
 ACAACAATCTTCATGTTCAAACATGGGTGGTGATGATGCCGTTCTGT
 35 CCTGGCCTCAAGAGTTGGGAAGTGAGGAACTTCCAAGCTAGCCATGCAC
 ATGAGTCAAAGATGATTGTTCTCATGTGGAGGAAAATGCTGGTGAATC
 AGGGTCCATTGGATCAATGGCTTATGGTGACTTGCAATCGTTGAGCTTGT
 CCATGAGTCCTAGCTCTCAGTCTAGCAGTGTCAAGTTCTCACCGTGCT
 TCACCTGCTGTCGTTGATTCTGTTGCCATGGATACTAAGAAAAGGGGGC
 40 CTGAAAAGGTTGACCAGAAGCAAATTGTTTCATAGGAAGTCCATTGACAC
 CTTTGGACAAAGAACCTCCCAGTATAGAGGAGTAACAAGGCATAGGTG
 GACTGGGAGATATGAAGCTCATCTTTGGGACAACAGCTGCAAGAAAGA
 GGGGCAAAGCAGGAAAGGAAGACAAGTTTATCTAGGGGGTTATGATAT
 GGAAGAAAAGCTGCGAGAGCTTATGATCTAGCGGCACTCAAGTATTG
 45 GGGACCCTCCACTCACATAAACTTTCCTTTGGAAAATTATCAAAATGAA
 CTTGAGGAAATGAAGAACATGACTAGACAAGAGTATGTTGCTCATTTGA
 GAAGAAAAGCAGCGGATTCTCAAGAGGGGCTTCCATGTACAGAGGAG
 TAACAAGACACCACCAACATGGAAGGTGGCAAGCTCGAATTGGTAGAG
 50 TGGCTGGAACAAAGATCTATATCTTGAACCTTTAGTACACAAGAGGA

AGCAGCTGAAGCCTATGATATTGCTGCTATAAAAATTCCGAGGAGCGAAT
 GCTGTAACCAACTTTGACATCACAAGATATGATGTGGAGAAAATCATGG
 CAAGCAGCAACCTCCTTAGCAGTGAGCTAGCTAGGGCGCAACCGAGAGA
 5 CGGACAATGAAACTCAGTGCATTGATCAAAATCACAATAAGCCTTCTGC
 ATATGAGGACACTCAAGAAGCTATTCTAATGCACCAGAAGAGCTGTGAG
 AGCGAAAATGATCAGTGGAAGATGGTTCTCTACCAATCCTCTCAGCAAC
 TTGAGCAGAATCCACCAACAATTGAGAGTGACAGAACTAACCAGTCCTT
 CGCAGTGGCTTTGGACAACATGTTTCATCAGGAAGTAGAGGAATCAAGT
 10 AAGGCGAGGACGCATGTGTCAAATCCTTCTTCATTGGCCACAAGTTTGA
 GCAGCTCAAGAGAAGGTAGCCCTGATAGGACAAGCTTGCCAATGCTCTC
 TGGAATGCCTTCAACTGCATCAAAACTATTGGCTACTAATCCAAATAAC
 GTGAATTCTTGGGACCCTTCACCCCATTTGAGGCCAGCACTTACTTTGCC
 TCAAATGCCAGTTTTTGCAGCTTGGACAGATGCATAGTTCATAGCTCAAT
 15 AGTCCTTTTAATTTTTTGTCTCTCAAGTGAAATTTCAATCCTTTTTTATT
 GTCTTTTTTTGCATGCATGAACAACACAAGAGGAAGGGGTTGTAGCTAG
 TCAAATGGAGGGTCTAAATATTATATCATCACATCACTGTCAGCAAGTT
 TAATTTAAACTTTCAAATCATCCGACACGCAGCGGCCGCTCTAGAGGAT
 20 CCAAGCTTACGTACGCGTGCATGCGACGTCATAGCTCTTCTATAGG-
 CACC

25 **SEQ ID NO:35 - Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки
 считывания GmWRI05**

ATGAAGAGTATGGAAAATGATGACAATGCTGACCTTAATAATCAAAAC
 AATTGGTTGGGTTTCTCACTCTCTCCTCAAATGCATAATATAGGAGTTTC
 30 TTCACACTCACAACCTTCTCTGCTGCTGAAGTGGTTCCACAAAGCTTTT
 ACCACCACACTGCTCCACTTAGTAGCTATGGTTTCTACTATGGACTTGAA
 GCTGAAAATGTTGGATTGTATTCAGCTTTGCCAATCATGCCCTCAAATC
 TGATGGCTCTCTCTATGGATTGGAACTTTAAGCAGGTCACAAGCACAA
 GCAATGGCTACTACTTCAACACCAAAACTGGGAGAACTTCTTAGGTGGGG
 35 AAGCCATGGGGACCCCTCATCACTACGAATGTAGTGCCACAGAAACAAT
 GCCTCTGAGCTTAGACAGTGTTTTTTACATCCAACCCTCACGCCGTGACC
 CAAATAATAACCAAACCTACCAAACCATGTTCAACACATTAGCACCAA
 CCAACAACAACAACAGCAAGAGCTTCAAGCATATTACTCTACCTTGAGA
 40 AACCATGATATGATATTAGAAGGGTCAAAGCAAAGCCAAACTTCTGACA
 ACAACAATCTTCATGTTCAAACATGGGTGGTGTGATGATGCCGTTCTGT
 CCTGGCCTCAAGAGTTGGGAAGTGAGGAACTTCCAAGCTAGCCATGCAC
 ATGAGTCAAAGATGATTGTTCTCATGTGGAGGAAAATGCTGGTGAATC
 AGGGTCCATTGGATCAATGGCTTATGGTGACTTGCAATCGTTGAGCTTGT
 45 CCATGAGTCCTAGCTCTCAGTCTAGCAGTGTCACAAGTTCTCACCGTGCT
 TCACCTGCTGTCGTTGATTCTGTTGCCATGGATACTAAGAAAAGGGGGC
 CTGAAAAGGTTGACCAGAAGCAAATTGTTTCATAGGAAGTCCATTGACAC
 CTTTGGACAAAGAACCTCCAGTATAGAGGAGTAACAAGGCATAGGTG
 50 GACTGGGAGATATGAAGCTCATCTTTGGGACAACAGCTGCAAGAAAGA
 GGGGCAAAGCAGGAAAGGAAGACAAGTTTATCTAGGGGGTTATGATAT

5 GGAAGAAAAAGCTGCGAGAGCTTATGATCTAGCGGCACTCAAGTATTG
 GGGACCCTCCACTCACATAAACTTTCCTTTGGAAAATTATCAAAATGAA
 CTTGAGGAAATGAAGAACATGACTAGACAAGAGTATGTTGCTCATTTGA
 10 GAAGAAAAAGCAGCGGATTCTCAAGAGGGGCTTCCATGTACAGAGGAG
 TAACAAGACACCACCAACATGGAAGGTGGCAAGCTCGAATTGGTAGAG
 TGGCTGGAAACAAAGATCTATATCTTGGAACCTTTAGTACACAAGAGGA
 AGCAGCTGAAGCCTATGATATTGCTGCTATAAAATTCCGAGGAGCGAAT
 GCTGTAACCAACTTTGACATCACAAGATATGATGTGGAGAAAATCATGG
 15 CAAGCAGCAACCTCCTTAGCAGTGAGCTAGCTAGGCGCAACCGAGAGA
 CGGACAATGAAACTCAGTGCATTGATCAAAATCACAATAAGCCTTCTGC
 ATATGAGGACACTCAAGAAGCTATTCTAATGCACCAGAAGAGCTGTGAG
 AGCGAAAATGATCAGTGGAAAGATGGTTCTCTACCAATCCTCTCAGCAAC
 TTGAGCAGAATCCACCAACAATTGAGAGTGACAGAATAACCAGTCCTT
 20 CGCAGTGGCTTTGGACAACATGTTTCATCAGGAAGTAGAGGAATCAAGT
 AAGGCGAGGACGCATGTGTCAAATCCTTCTTCATTGGCCACAAGTTTGA
 GCAGCTCAAGAGAAGGTAGCCCTGATAGGACAAGCTTGCCAATGCTCTC
 TGGAATGCCTTCAACTGCATCAAACTATTGGCTACTAATCCAAATAAC
 GTGAATTCTTGGGACCCTTCACCCCATTTGAGGCCAGCACTTACTTTGCC
 TCAAATGCCAGTTTTTGCAGCTTGGACAGATGCATAG

25 **SEQ ID NO:36 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания GmWRI05**

30 MKSMENDDNADLNNQNNWLGFSLSPQMHNIGVSSHSPSSAAEVVPTSFY
 HHTAPLSSYGFYYGLEAENVGLYSALPIMPLKSDGSLYGLETLRSQAQAM
 ATTSTPKLENFLGGEAMGTPHHYECSATETMPLSLDSVFYIQPSRRDPNNNQ
 TYQNHVQHISTNQQQQQELQAYYSTLRNHDMILEGSKQSQTSNNDNLHV
 QNMGGDDAVPVPGLKSWEVRNFQASHAHESKMIVPHVEENAGESGSIGSM
 35 AYGDLQSLSLSMSPSSQSSSVTSSHRASPAVVDSVAMDTKKRGPEKVDQKQ
 IVHRKSIDTFGQRTSQYRGVTRHRWTGRYEAHLWDNSCKKEGQSRKGRQV
 YLGGYDMEEKAARAYDLAALKYWGPSTHINFPLENYQNELEEMKNMTRQ
 EYVAHLRRKSSGFSRGASMYRGVTRHHQHGRWQARIGRVAGNKDLYLGT
 FSTQEEAAEAYDIAAIKFRGANAVTNFDITRYDVEKIMASSNLLSSELARN
 RETDNETQCIDQNHNKPSAYEDTQEAILMHQKSCSENDQWKMVLYQSSQ
 40 QLEQNPPTIESDRTNQSFAVALDNMFHQEVEESSKARTHVSNPSSLATSLSS
 SREGSPDRTSLPMLSGMPSTASKLLATNPNNVNSWDPSPHLRPAL TLPQM-
 PVFAAWTDA

45 **SEQ ID NO:37 - Последовательность нуклеиновой кислоты GmWRI08**

50 ATGAAGCGCATAAATGAGAGTAACAACACCGATGATGGAAACAATCAT
 AACTGGTTGGGGTTCTCTCTCTCACCCACATGAAAATGGAGGCTACTTC
 AGCAGCCACTGTTCCGACAACCTTCTACATGTCCCCTTCTCAATCTCACT

TGTCCA ACTTCGGAATGTGTTACGGTGTCCGAGAAAATGGTAACTTCCA
 TTCTCCACTTACGGTTATGCCTCTCAAGTCTGATGGGTCACCTTGTATCTT
 GGAAGCTCTCAAAAGATCACAAACGCAAGTGATGGTGCCA ACTTCGTCT
 5 CCGAAATTGGAGGACTTTCTAGGTGGTGCAACTATGGGAACTCACGAAT
 ATGGAAGCCACGAGAGAGGTTTGAGCCTAGACAGCATCTATTATAACTC
 CAAAACGCAGAGGCTCAACCCAACAGAGACCTTCTTTCACAACCCTTC
 AGGCAACAAGGTCATATGAGTGTCCAAACACACCCTTATTACTCAGGCC
 TTGCTTGCCATGGTTTATATCAAGCACCGTTGGAGGAAGAAACAACAAA
 10 GGAAACGCACGTGTCGGATTGCAGCTCCCTAATGCCTCAAATGACAGAA
 GGCTTGAAA ACTGGGTGGCTCCAACAAGGGAGTTTTCAACTCACCAGC
 AGGTTTTGGAGCAGCAAATGAATTGTGGCATGGGGAATGAGAGAAATG
 GTGTGTCTTTAGGATCTGTGGGGTGTGGAGAGTTACAGTCTCTAAGCTTA
 TCTATGAGTCCTGGTTCTCAGTCTAGTTGTGTCACTGCTCCTTCTGGAAC
 15 AGATTCTGTTGCTGTGGATGCAAAGAAGAGAGGGCATGCTAAACTTGGT
 CAGAAGCAGCCTGTGCATAGAAAATCTATCGACACATTTGGGCAAAGA
 ACCTCGCAGTATAGAGGTGTCAACAAGGCATAGATGGACTGGTAGGTATG
 AAGCGCATTTGTGGGATAATAGTTGCAAGAAGGAAGGGCAA ACTTAGGA
 20 AAGGACGACAAGTGTATTTGGGGGGTTATGATATGGAGGAGAAAGCTG
 CAAGAGCCTATGATCTCGCGGCCCTTAAGTACTGGGGACCTTCAACGCA
 TATAAACTTTTCGATAGAGAATTACCAAGTTCAACTTGAGGAAATGAAG
 AACATGAGCAGACAGGAATACGTTGCACACTTGAGAAGAAAAAGCAGC
 GGGTTTTCTAGAGGTGCTTCAATATACAGAGGGGTCAACAAGGCATCACC
 25 AACATGGAAGATGGCAAGCGAGGATAGGCAGAGTTGCTGGGAACAAAG
 ACCTTTACCTTGGGACGTTCAGCACCCAAGAGGAAGCAGCAGAAGCATA
 CGATGTAGCGGCGATCAAATTTTCGCGGCGCAAATGCAGTCACAACTTT
 GACATTTCAAGATACGATGTGGAGAGAATCATGGCCAGTAGCAATCTCC
 30 TCGCTGGGGAGCTTGCAAGGCGTAAGAAAGATAACGATCCTAGAAACA
 AGGACATAGACTACAACAAGAGTGTAGTAACAAGTGTGAACAATGAGG
 AAACGGTTCAAGTTCAAGCAGGAAACAACAATAATGAAAACGACTCAG
 AGTGGAAGATGGTTTTATTTAACCACCCTTCACAGCAGCAACAGGCAA
 TGGCAATGGCAGTGACCAAAAAATAATGAACTGTGGAAATTACAGAAA
 35 CAGTGCATTTTCTATGGCCCTACAAGATCTTATTGGGATTGATTTCGGTGG
 GTTCTGGGCAGCATAATATGCTGGACGAGTCTAGCAAAATTGGGACTCA
 TTTTTCAAACACGTCATCGCTGGTGACAAGTTTAAGCAGCTCAAGAGAG
 GCTAGTCCTGAGAAAAGGGGTCCCTCGCTTCTGTTCCAATGCCTCCAAT
 40 GGAAACAAAGATTGTGAACCCCATTTGGTACCAGTGTACCTCTTGGCTA
 CCCTACCAACGGTTCAAATGAGGCCTTCTCCTGCTATCTCTTTGTCTCA
 CTTGCCAGTTTTTGTCTTCTTGGACTGATACTTAAATGGAGATAGGCACGG
 TCCATTTTTCATGTTATGTTATGTA ACTAAAATTTACTTTTTTCCTTCATC
 TTTTATTTCTAATTTGATTTCCCTAAGTTTAAAAGCTTTAAATAAAAAAAA
 45 AAAAAAAACCGAACCA

SEQ ID NO:38 - Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки
 считывания GmWRI08

50

ATGAAGCGCATAAATGAGAGTAACAACACCGATGATGGAAACAATCAT
AACTGGTTGGGGTTCTCTCTCTCACCCACATGAAAATGGAGGCTACTTC
AGCAGCCACTGTTCCGACAACCTTCTACATGTCCCCTTCTCAATCTCACT
5 TGCCAACCTTCGGAATGTGTTACGGTGTCCGAGAAAATGGTAACTTCCA
TTCTCCACTTACGGTTATGCCTCTCAAGTCTGATGGGTCACTTTGTATCTT
GGAAGCTCTCAAAGATCACAAACGCAAGTGATGGTGCCAACCTTCGTCT
CCGAAATTGGAGGACTTTCTAGGTGGTGCAACTATGGGAACTCACGAAT
10 ATGGAAGCCACGAGAGAGGTTTGAGCCTAGACAGCATCTATTATAACTC
CCAAAACGCAGAGGCTCAACCCAACAGAGACCTTCTTTCACAACCCTTC
AGGCAACAAGGTCATATGAGTGTCCAAACACACCCTTATTACTCAGGCC
TTGCTTGCCATGGTTTATATCAAGCACCGTTGGAGGAAGAAACAACAAA
GGAAACGCACGTGTCGGATTGCAGCTCCCTAATGCCTCAAATGACAGAA
15 GGCTTGAAAACTGGGTGGCTCCAACAAGGGAGTTTTCAACTCACCAGC
AGGTTTTGGAGCAGCAAATGAATTGTGGCATGGGGAATGAGAGAAATG
GTGTGTCTTTAGGATCTGTGGGGTGTGGAGAGTTACAGTCTCTAAGCTTA
TCTATGAGTCCTGGTTCTCAGTCTAGTTGTGTCACTGCTCCTTCTGGAAC
AGATTCTGTTGCTGTGGATGCAAAGAAGAGAGGGCATGCTAAACTTGGT
20 CAGAAGCAGCCTGTGCATAGAAAATCTATCGACACATTTGGGCAAAGA
ACCTCGCAGTATAGAGGTGTCACAAGGCATAGATGGACTGGTAGGTATG
AAGCGCATTTGTGGGATAATAGTTGCAAGAAGGAAGGGCAAACCTAGGA
AAGGACGACAAGTGTATTTGGGGGGTTATGATATGGAGGAGAAAGCTG
CAAGAGCCTATGATCTCGCGGCCCTAAGTACTGGGGACCTTCAACGCA
25 TATAAACTTTTCGATAGAGAATTACCAAGTTCAACTTGAGGAAATGAAG
AACATGAGCAGACAGGAATACGTTGCACACTTGAGAAGAAAAAGCAGC
GGGTTTTCTAGAGGTGCTTCAATATACAGAGGGGTCAACAAGGCATCACC
AACATGGAAGATGGCAAGCGAGGATAGGCAGAGTTGCTGGGAACAAAG
30 ACCTTTACCTTGGGACGTTTCAGCACCCAAGAGGAAGCAGCAGAAGCATA
CGATGTAGCGGCGATCAAATTTTCGCGGCGCAAATGCAGTCACAACTTT
GACATTTCAAGATACGATGTGGAGAGAATCATGGCCAGTAGCAATCTCC
TCGCTGGGGAGCTTGCAAGGCGTAAGAAAGATAACGATCCTAGAAACA
AGGACATAGACTACAACAAGAGTGTAGTAACAAGTGTGAACAATGAGG
35 AAACGGTTCAAGTTCAAGCAGGAAACAACAATAATGAAAACGACTCAG
AGTGGAAGATGGTTTTATTTAACCACCCTTCACAGCAGCAACAGGCAAA
TGGCAATGGCAGTGACCAAAAAATAATGAACTGTGGAAATTACAGAAA
CAGTGCATTTTCTATGGCCCTACAAGATCTTATTGGGATTGATTCCGGTGG
40 GTTCTGGGCAGCATAATATGCTGGACGAGTCTAGCAAAAATTGGGACTCA
TTTTTCAAACACGTCATCGCTGGTGACAAGTTTAAGCAGCTCAAGAGAG
GCTAGTCCTGAGAAAAGGGGTCCCTCGCTTCTGTTCCCAATGCCTCCAAT
GGAAACAAAGATTGTGAACCCCATTTGGTACCAGTGTACCTCTTGGCTA
CCCTCACCAACGGTTCAAATGAGGCCTTCTCCTGCTATCTCTTTGTCTCA
45 CTTGCCAGTTTTTGTCTTCTTGGACTGATACTTAA

SEQ ID NO:39 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания GmWRI08

50

MKRINESNNTDDGNNHNWLGFSLSPHMKMEATSAATVPTTFYMSPSQSHL
 SNFGMCYGVGENGNFHSPLTVMPLKSDGSLCILEALKRSQTQVMVPTSSPK
 LEDFLGGATMGTHEYGSHERGLSLDSIYYNSQNAEAQPNRDLLSQPFRQQG
 5 HMSVQTHPYYSGLACHGLYQAPLEEETTKETHVSDCSSLMPQMTEGLKNW
 VAPTREFSTHQQVLEQQMNCGMGNERNGVSLGSVGCGELQSLSLSMSPGS
 QSSCVTAPSGTDSVAVDAAKKRGHAKLGQKQPVHRKSIDTFGQRTSQYRGV
 TRHRWTGRYEAHLWDNSCKKEGQTRKGRQVYLGGYDMEEKAARAYDLA
 10 ALKYWGPSTHINFSIENYQVQLEEMKNMSRQEYVAHLRRKSSGFSRGASIY
 RGVTRHHQHGRWQARIGRVAGNKDLYLGTFTSQEEAAEA YDVA AIKFRG
 ANAVTNFDISR YDVERIMASSNLLAGELARRKKDNDPRNKDIDYNKSVVTS
 VNNEETVQVQAGNNNNENDSEWKMVLFNHPSQQQQANGNGSDQKIMNC
 GNYRNSAFSMALQDLIGIDSVGSGQHNMLDESSKIGTHFSNTSSLVTSLS
 15 REASPEKRGPSLLFPMPPMETKIVNPIGTSVTSWLPSP TVQMRPSP AISL-
 SHLPVFASWTD T

SEQ ID NO:40 - Последовательность нуклеиновой кислоты OsWRI01

20 GGCCTCTCCTCCTCCTCCTCACCTGCACCTGCACCAACGCGAGAGATCAT
 GGCGAAGAGATCGTCTCCTGATCCTGCATCATCTTCTCCATCTGCATCAT
 CCTCGCCGTCGTCTCCTTCTCCTCCTCCTCCGAGGATTCCTCTTCGCCCA
 25 TGTCGATGCCCTGCAAGAGGAGGGCGAGGCCGAGGACGGAGAAGAGCA
 CCGGCAAGGCCAAGAGGCCCAAGAAGGAGAGCAAGGAGGTGGCTGATC
 CTTCTTCCAATGGCGGGCGGCGGCGGCAAGAGGAGTTCTATCTACAGGGG
 AGTCACCAGGCATCGGTGGACTGGCAGATTTGAGGCCCATCTGTGGGAC
 AAGAATTGCTCCACTTCACTTCAGAACAAGAAGAAAGGGAGGCAAGTC
 30 TATTTGGGGGCTTATGATAGTGAGGAAGCAGCTGCTCGTGCATATGACC
 TTGCAGCTCTTAAGTACTGGGGTCTGAGACAGTGCTCAATTTCCCACTG
 GAGGAATATGAGAAGGAGAGGTCGGAGATGGAGGGCGTGTTCGAGGGA
 GGAGTACCTGGCCTCCCTCCGCCCGGAGCAGCGGTTTCTCCAGGGGT
 GTCTCCAAGTACAGAGGCGTTGCCAGGCATCACCACAATGGGGCGGTGGG
 35 AGGCACGGATAGGGCGGGTCTGGGGAACAAGTACCTCTACCTGGGTA
 CTTTCGATACTCAAGAGGAGGCAGCCAAGGCCTATGATCTTGCTGCAAT
 TGAATACCGAGGTGCCAATGCGGTAACCAACTTCGACATCAGCTGCTAC
 CTGGACCAGCCACAGTTACTGGCACAGCTGCAACAGGAACCACAGTTAC
 40 TGGCACAACCTGCAACAAGAGCTACAGGTGGTGCCAGCATTACATGAAG
 AGCCTCAAGATGATGACCGAAGTGAGAATGCAGTCCAAGAGCTCAGTTC
 CAGTGAAGCAAATACATCAAGTGACAACAATGAGCCACTTGCAGCCGA
 TGACAGCGCTGAATGCATGAATGAACCCCTTCCAATTGTTGATGGCATT
 GAAGAAAGCCTCTGGAGCCCTTGCTTGGATTATGAATTGGATAACAATGC
 45 CTGGGGCTTACTTCAGCAACTCGATGAATTTCAAGTGAATGGTTCAATGA
 TGAGGCTTTCGAAGGCGGCATGGAGTACCTATTTGAAGGGTGCTCCAGT
 ATA ACTGAAGGCGGCAACAGCATGGATAACTCAGGTGTGACAGAATAC
 AATTTGTTTGAGGAATGCAATATGTTGGAGAAGGACATTTTCAGATTTTTT
 50 AGACAAGGACATTTTCAGATTTTTTAGATAAGGACATTTCAATTTTCAGAT

AGGGAGCGAATATCTCCTCAAGCAAACAATATCTCCTGCCCTCAAAAAA
 TGATCAGTGTGTGCAACTGAATTCTCTCTGTGTGCGTGTTTCTGGGTGTT
 GAAAATCTTGAGATATACAGGGAAGTTTTTCAGGTTTTTA

5

SEQ ID NO:41 - Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки считывания OsWRI01

10 ATGGCGAAGAGATCGTCTCCTGATCCTGCATCATCTTCTCCATCTGCATC
 ATCCTCGCCGTCGTCTCCTTCTCCTCTTCTCCTCCGAGGATTCCTCTTCGCC
 CATGTTCGATGCCCTGCAAGAGGAGGGCGAGGCCGAGGACGGAGAAGAG
 CACCGGCAAGGCCAAGAGGCCCAAGAAGGAGAGCAAGGAGGTGGCTG
 15 ATCCTTCTTCCAATGGCGGGCGGGCGGCAAGAGGAGTTCTATCTACAG
 GGGAGTCACCAGGCATCGGTGGACTGGCAGATTTGAGGCCCATCTGTGG
 GACAAGAATTGCTCCACTTCACTTCAGAACAAGAAGAAAGGGAGGCAA
 GTCTATTTGGGGGCTTATGATAGTGAGGAAGCAGCTGCTCGTGCATATG
 ACCTTGCAGCTCTTAAGTACTGGGGTCCCTGAGACAGTGCTCAATTTCCCA
 20 CTGGAGGAATATGAGAAGGAGAGGTCCGAGATGGAGGGCGTGTTCGAGG
 GAGGAGTACCTGGCCTCCCTCCGCCCGCCGAGCAGCGGTTTCTCCAGGG
 GTGTCTCCAAGTACAGAGGCGTTGCCAGGCATCACCACAATGGGCGGTG
 GGAGGCACGGATAGGGCGGGTCCCTGGGGAACAAGTACCTCTACCTGGG
 TACTTTCGATACTCAAGAGGAGGCAGCCAAGGCCTATGATCTTGCTGCA
 25 ATTGAATACCGAGGTGCCAATGCGGTAACCAACTTCGACATCAGCTGCT
 ACCTGGACCAGCCACAGTACTGGCACAGCTGCAACAGGAACCACAGTT
 ACTGGCACAACCTGCAACAAGAGCTACAGGTGGTGCCAGCATTACATGA
 AGAGCCTCAAGATGATGACCGAAGTGAGAATGCAGTCCAAGAGCTCAG
 30 TTCCAGTGAAGCAAATACATCAAGTGACAACAATGAGCCACTTGCAGCC
 GATGACAGCGCTGAATGCATGAATGAACCCCTTCCAATTGTTGATGGCA
 TTGAAGAAAGCCTCTGGAGCCCTTGCTTGGATTATGAATTGGATACAAT
 GCCTGGGGCTTACTTCAGCAACTCGATGAATTTCAAGTGAATGGTTCAAT
 GATGAGGCTTTCGAAGGCGGCATGGAGTACCTATTTGAAGGGTGCTCCA
 35 GTATAACTGAAGGCGGCAACAGCATGGATAACTCAGGTGTGACAGAAT
 ACAATTTGTTTGAGGAATGCAATATGTTGGAGAAGGACATTTTCAGATTT
 TTAGACAAGGACATTTTCAGATTTTTTAGATAAGGACATTTCAATTTTCAG
 ATAGGGAGCGAATATCTCCTCAAGCAAACAATATCTCCTGCCCTCAAAA
 40 AATGATCAGTGTGTGCAACTGA

SEQ ID NO:42 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания OsWRI01

45 MAKRSSPDPASSSPSASSSPSSPSSSSSEDS SSPMSMPCKRRARPRTEKSTGK
 AKRPKKESEVADPSSNGGGGKRSS IYRGVTRHR WTGRFEAHLWDKNCS
 TSLQNKKKGRQVYLGAYDSEEAAARAYDLAALKYWGPETVLNFPLEEYE
 KERSEMEGVSREEYLA SLRRRSSGFSRGVSKYRGVARHHHNGRWEARIGR
 50 VLGNKYLYLGTFTQEEAAKAYDLAAIEYRGANAVTNFDISCYLDQPQLL

AQLQQEPQLLAQLQQELQVVPALHEEPQDDDRSENAVQELSSSEANTSSDN
 NEPLAADDSAECMNEPLPIVDGIEESLWSPCLDYELDTMPGAYFSNSMNFSE
 WFNDEAFEGGMEYLFEGCSSITEGGNSMDNSGVTEYNLFEECNMLEKDISD
 5 FLDKDISDFLDKDISISDRERISPQANNISCPQKMISVCN

SEQ ID NO:43 - Последовательность нуклеиновой кислоты OsWRI07

10 CGAGCTCGGATCCACTAGTAACGGCCGCCAGTGTGCTGGAATTCGCCCT
 TAAGCAGTGGTAACAACGCAGAGTACGCGGGGAGAAAATAATAATAAG
 AAGAACAGATTGTATAATCTGGGGTATTTTTCTCCCAACTTTCCTCTCT
 CGGTTTCCCCGAGAAATTTCTTGTTGTTTCCCGCATCACTCCCCACTGAG
 15 CCGCCTCCTTGCTCGCCGCTCGCGTTCGTTCGTTCGTTCGTTCGTTCCTCACA
 ATCAATTTGACGTCGCCCCATTTATGTCTGCCTCGGTAGTTGATTCTCT
 CCCCATTTCTGTTGCCTCTCGCGGTTGTGGTAATCGACGCTGTAGGATTT
 TTTTCTTCTTCTTCTTTTGGGTCTTCGGAGGAGGCGTCCGGATCTTTCGTCT
 CCCATCGATCCCTTCCGGCCACGGACATTTTCGTGGGTAGAGCGATTGAT
 20 TGGTGGCTTAGGGTTAATATTGGGCAGGAAATGGAGAGCTCTTTGAAAG
 AGGAGAAGGCTGCGGGCGAATCAGGGGATGATGAGAAGGCGGAGAGG
 AGCTCCCCTATCAATCTGAATTCGTTGCCAGCAACTGCGGCGTGTGCGG
 CGACCGCCCCGGATGAGGATGGCTTGCACCTCTGCAGTGGAGTCAGGAGC
 25 TAAGGATTCGAACACCACGAAGGGAGTTGAGTCTCTTGGTACTGGTCAC
 AAGAAGATCCCGAAACGTGAGGTAGTTGATGAAGTTGATGTTTCAGACCT
 GTGCCGAAGGAAAGAACGATTCAGTGGTCCCTTCAAGCAGCAAGAACC
 CTATCAATGATAAGAATGCAAAGGCAAATGTGGCAGAGAATGGACAGT
 CTGCTGATGGTATCCCTGAGGATCAGAGAGTTACTATTCTTAGTGTTGTC
 30 AAGAAGGATGAGCCTGCTGATGATGTTAGAGATTCAGTTAATCCTGTAA
 CAGTCGTAGGTTATAGAGATGAGAAGGGTGGAACTAGTGGTACTGCTGG
 AACTACGGCTGTGCGACCTGCAGGCACCCGGTCATCTAGTTTCCATGGT
 GTGACCAGGCATAGATGGAGTGGAAAATATGAAGCTCATCTGTGGGAC
 AGTTCGTGCAGAATGGAAGGGCGGAGAAGAAAGGGAAGGCAAGTTTAT
 35 TTAGGAAGTTATGATACCGAGGAAAAAGCTGCCAGGTCATATGATGTTG
 CAGCTCTTAAATACTGGGGCCAAAATACAAAGCTGAATTTCTCGGTTTC
 AGAATACGAAAGGGAACCTGGAGGACATAAGGGACATGTCTCGAGAGGA
 ATGCGTAACATAACCTAAGAAGAAGAAGTAGCTGCTTCTCAAGAGGGGCT
 40 TCTATTTATAGAGGAGTTACTAGAAGGCAGAAAGATGGGAGGTGGCAG
 GCACGCATAGGACTGGTTGCTGGAACAAGAGACATTTACCTGGGAACTT
 TCAAAACTGAGGAAGAAGCAGCGGAGGCTTACGACATTGCTGCTATTGA
 GATCCGTGGCAAAAATGCGGTGACCAACTTTGATCGAAGCAACTACATG
 GAGAAGGGTATGCACTGTATAGAAGGGGCAGGCTTGAAGCTGCTTGGCT
 45 CTAAGCCAGAATGAAAACCTTACTTGGTGGAGCCGCATCGCATATTAGG
 GTTGTTCAGTCATATTTGGAGCTTANTGGTACATACAGATACAACTGGT
 TGCAGCTTGTTAATATCTCTGCGTTATAATCTACAAATTACAGCTCAATT
 TTCGATTGACTAGCAAATTCGTCTCAGCAAGAAAGATTTTGAGCATGTA

50

TTATAGGTTGAGTAGGGTAGATCTGTACAACACCTGAGCAACTCAATAT
TTATGTTCTGCTCAATATAACCTATCATTCC

5 **SEQ ID NO:44 - Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки считывания OsWRI07**

ATGGAGAGCTCTTTGAAAGAGGAGAAGGCTGCGGGCGAATCAGGGGAT
10 GATGAGAAGGCGGAGAGGAGCTCCCCTATCAATCTGAATTCGTTGCCAG
CAACTGCGGCGTGTGCGGCGACCGCCCCGGATGAGGATGGCTTGCCTC
TGCAGTGGAGTCAGGAGCTAAGGATTCGAACACCACGAAGGGAGTTGA
GTCTCTTGGTACTGGTCACAAGAAGATCCCGAAACGTGAGGTAGTTGAT
15 GAAGTTGATGTTTCAGACCTGTGCCGAAGGAAAGAACGATTCAGTGGTCC
CTTCAAGCAGCAAGAACCCTATCAATGATAAGAATGCAAAGGCAAATG
TGGCAGAGAATGGACAGTCTGCTGATGGTATCCCTGAGGATCAGAGAGT
TACTATTCTTAGTGTGTCAGAAGGATGAGCCTGCTGATGATGTTAGA
GATTCAGTTAATCCTGTAACAGTCGTAGGTTATAGAGATGAGAAGGGTG
20 GAACTAGTGGTACTGCTGGAACCTACGGCTGTGCGACCTGCAGGCACCCG
GTCATCTAGTTTCCATGGTGTGACCAGGCATAGATGGAGTGGAAAATAT
GAAGCTCATCTGTGGGACAGTTCGTGCAGAATGGAAGGGCGGAGAAGA
AAGGGAAGGCAAGTTTATTTAGGAAGTTATGATACCGAGGAAAAAGCT
GCCAGGTCATATGATGTTGCAGCTCTTAAATACTGGGGCCAAAATACAA
25 AGCTGAATTTCTCGGTTTCAGAATACGAAAGGGAACTGGAGGACATAAG
GGACATGTCTCGAGAGGAATGCGTAACATAACCTAAGAAGAAGAAGTAG
CTGCTTCTCAAGAGGGGCTTCTATTTATAGAGGAGTTACTAGAAGGCAG
AAAGATGGGAGGTGGCAGGCACGCATAGGACTGGTTGCTGGAACAAGA
30 GACATTTACCTGGGAACTTTCAAACTGAGGAAGAAGCAGCGGAGGCTT
ACGACATTGCTGCTATTGAGATCCGTGGCAAAAATGCGGTGACCAACTT
TGATCGAAGCAACTACATGGAGAAGGGTATGCACTGTATAGAAGGGGC
AGGCTTGAAGCTGCTTGCCTCTAAGCCAGAATGA

35 **SEQ ID NO:45 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания OsWRI07**

MESSLKEEKAAGESGDDEKAERSSPINLNSLPATAACAATAPDEDGLHSAV
40 ESGAKDSNTTKGVESLGTGHKKIPKREVVDVQVTC AEGKNDSVVPSSSK
NPINDKNAKANVAENGQSADGIPEDQRV TILSVVKKDEPADDDRDSVNPVT
VVG YRDEKGGTSGTAGTTAVRPAGTRSSSFHGVTRHRWSGKYEAHLWDSS
CRM EGRRRKGRQVYLG SYDTEEKAARSYDVAALKYWGQNTKLNFSVSEY
45 ERELEDIRDMSREECV TYLRRRSSCF SRGASIYRGVTRRQKDGRWQARIGL
VAGTRDIYLGTFKTEEEAAEAYDIAAIEIRGKNAVTFNFD RSNYMEKGMHCI
EGAGL KLLASKPE

50 **SEQ ID NO:46 - Последовательность нуклеиновой кислоты OsWRI03**

GGAGAGAGCAACGCAAGAACGGCACGAGAGGCTGGCAGCGAGCGAGC
GTGTGCATGGTTGGTGCGAGCAAATGGCCAGCGGCGGCGGCAGCAGCA
ACTGGTTAGGCTTCTCGCTCTCCCCGCACATGCCGGCCATGGAGGTGCC
5 GTCCTCCTCTGAGCCATCGACTGCTGCTCATCATCATCATCATCATC
CACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCCGGAGCCATGTTCGTCTCCTCCCGACAGC
GCCACGACCTGCAACTTCCTCTTCTCCCTCCTGCAGCACAGATGGTCCG
TCCTTCACCTGGCTACTACTACGTCGGCGGCGCCTACGGAGACGGGACC
10 AGCACCGCCGGCGTCTACTACTCGCACCTCCCTGTCATGCCTATCAAGTC
CGATGGCTCCCTCTGCATCATGGAAGGCATGATGCCGTCGTCATCGCCA
AAGCTCGAGGACTTCTTGGGGTGTGGCAATGGCAGTGGCCATGACCCGG
CCACCTACTATAGCCAGGGCCAAGAAGCAGAGGATGCAAGCAGGGCGG
CCTACCAGCACCACCAGCTAGTCCCCTACAACCTACCAGCCATTGACGGA
15 AGCAGAGATGCTGCAAGAGGCCGCGCAGCGGCGCCAATGGAGGACGCAAT
GGCGGCGGCCAAGAACTTCCTCGTCACCAGCTACGGCGCCTGCTACGGC
AACCAGGAGATGCCGCGAGCCGCTCAGCCTCTCCATGAGCCCAGGGTCCC
AGTCCAGCAGCTGCGTCAGTGCAGCTCCCCAGCAGCATCAGCAGATGGC
GGTGGTCGCTGCAGCTGCTGCTGCTGGTGTGATGGCCAGGGAAGCAACAGT
20 AATGACGGTGGCGAGCAGCGTGTGCGGAAGAAGAGGGGGCACCCGGGAAA
GGGGGCCAAAAGCAGCCTGTTACCCGGAAGTCCATTGACACGTTTGGGC
AGAGGACATCGCAGTATAGGGGCGTCACCAGGCACAGGTGGACTGGAA
GATATGAAGCCCACCTCTGGGATAACAGTTGCAAAAAGGATGGACAGA
25 CAAGGNAAGGGAAGGCAAGTATATCTAGGTGGTTAGACACTGAAGATA
AAGCTGCGAGGGCTTATGATCTGGCTGCGCTGAAATACTGGGGGCTATC
TACGCATATAAATTTCCCGTTAGAAAACCTACCGAGATGAGATCGAGGAG
ATGGAAGGATGACAAGGCAAGAATATGTTGCGCACTTGAGAAGGAGA
AGCAGCGGGTTCTCTCGCGGTGCTTCCATCTACCCGGGGAGTAACAAGGC
30 ATCACCAGCATGGAAGATGGCAAGCTCGGATTGGCAGGGTTGCTGGCA
ACAAGGACTTGTATCTCGGCACTTTCAGCACTCAAGAAGAAGCAGCAGA
GGCATAACGACATTGCTGCCATCAAGTTCCGTGGCCTGAACGCGGTGACG
AACTTTGACATCACAAAGGTACGACGTGGACAAGATCATGGAGAGCAGC
35 TCGCTGCTGCCTGGTGAGGCAGCGCGTAAGGTGAAGGCGATCGAGGCA
GCGCCGGACCATGTGCCAATAGGCCGCGAGCTCGGTGCGACCGAGGAA
GCGAGCGCTGCTACTGTCACGGGCACCGACTGGAGAATGGTGCTCCATG
GATCACAGCAGCAGCAAGCTGCAGCGTGCACCGAAGCAACGGCAGATC
TTCAGAAGGGCTTCATGGGTGACGCGCACTCGGCTCTCCACGGCATTGT
40 CGGGTTCGACGTCGAGTCGGCGGCAGCTGACGAGATCGATGTCCCGGGA
GGGAAGATCAGTGGCATCAACTTCTCGAACTCGTCTTCGCTGGTACTA
GCCTGAGCAACTCGAGGGAGGGGAGCCCTGAGAGGCTTGGCCTCGCCA
TGCTCTACGCCAAGCATCATCCCACCGCCGTCAGCCTCGCCGCCATGAA
CCCCTGGATGCCGATGCCGGCGCCGGCCGAGCTCACGTGATGAGGCCG
45 CCGAGTGCCATTGCTCATCTCCCTGTTTTTGCAGCCTGGACAGATGCTTA
ATTAGAGCCATGTTGCTGCTTGTCTGATCTTGCTTTTGATCGGCTCTTTTT
GTAACTAAAGCAAGATCAGCAGCAATCAGGTGCTTATGGTACTTAAAT
TAGCTGGAAGCCTGGAGTAGCATACTTGGTTATGATGGTAAGCACTAGG
50

CTGGTGGTGTAAAGTGTTTAACCAGTAAACCCATAGGTAGGACATT-
CAAGCA

5 **SEQ ID NO:47 - Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки считывания OsWRI03**

10 ATGGCCAGCGGCGGGCGGCAGCAGCAACTGGTTAGGCTTCTCGCTCTCCC
CGCACATGCCGGCCATGGAGGTGCCGTCCTCCTCTGAGCCATCGACTGC
TGCTCATCATCATCATCATCATCCACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCCG
15 GAGCCATGTCGTCTCCTCCCGACAGCGCCACGACCTGCAACTTCCTCTTC
TCCCCTCCTGCAGCACAGATGGTCGCTCCTTCACCTGGCTACTACTACGT
CGGCGGGCGCCTACGGAGACGGGACCAGCACCGCCGGCGTCTACTACTCG
CACCTCCCTGTCATGCCTATCAAGTCCGATGGCTCCCTCTGCATCATGGA
20 AGGCATGATGCCGTCGTCATCGCCAAAGCTCGAGGACTTCTTGGGGTGT
GGCAATGGCAGTGGCCATGACCCGGCCACCTACTATAGCCAGGGCCAA
GAAGCAGAGGATGCAAGCAGGGCGGCCTACCAGCACCACCAGCTAGTC
CCCTACAACCTACCAGCCATTGACGGAAGCAGAGATGCTGCAAGAGGCC
25 GCAGCGGCGCCAATGGAGGACGCAATGGCGGCGGCCAAGAACTTCCTC
GTCACCAGCTACGGCGCCTGCTACGGCAACCAGGAGATGCCGCAGCCCG
TCAGCCTCTCCATGAGCCCAGGGTCCCAGTCCAGCAGCTGCGTCAGTGC
AGCTCCCCAGCAGCATCAGCAGATGGCGGTGGTCGCTGCAGCTGCTGCT
30 GCTGGTGATGGCCAGGGAAGCAACAGTAATGACGGTGGCGAGCAGCGT
GTCGGGAAGAAGAGGGGCACCGGGAAAGGGGGCCAAAAGCAGCCTGTT
CACCGGAAGTCCATTGACACGTTTGGGCAGAGGACATCGCAGTATAGGG
GCGTCACCAGGCACAGGTGGACTGGAAGATATGAAGCCCACCTCTGGG
ATAACAGTTGCAAAAAGGATGGACAGACAAGGNAAGGGAAGGCAAGT
35 ATATCTAGGTGGTTAGACACTGAAGATAAAGCTGCGAGGGCTTATGATC
TGGCTGCGCTGAAATACTGGGGGCTATCTACGCATATAAATTTCCCGTT
AGAAAACCTACCGAGATGAGATCGAGGAGATGGAAAGGATGACAAGGCA
AGAATATGTTGCGCACTTGAGAAGGAGAAGCAGCGGGTTCTCTCGCGGT
GCTTCCATCTACCGGGGAGTAACAAGGCATCACCAGCATGGAAGATGGC
40 AAGCTCGGATTGGCAGGGTTGCTGGCAACAAGGACTTGTATCTCGGCAC
TTTCAGCACTCAAGAAGAAGCAGCAGAGGCATACGACATTGCTGCCATC
AAGTTCCGTGGCCTGAACGCGGTGACGAACTTTGACATCACAAAGGTACG
ACGTGGACAAGATCATGGAGAGCAGCTCGCTGCTGCCTGGTGAGGCAG
CGCGTAAGGTGAAGGCGATCGAGGCAGCGCCGGACCATGTGCCAATAG
GCCGCGAGCTCGGTGCGACCGAGGAAGCGAGCGCTGCTACTGTCACGG
GCACCGACTGGAGAATGGTGCTCCATGGATCACAGCAGCAGCAAGCTG
45 CAGCGTGCACCGAAGCAACGGCAGATCTTCAGAAGGGCTTCATGGGTG
ACGCGCACTCGGCTCTCCACGGCATTGTCGGGTTCGACGTCGAGTCGGC
GGCAGCTGACGAGATCGATGTCCCAGGAGGGAAGATCAGTGGCATCAA
CTTCTCGAACTCGTCTTCGCTGGTGAAGCTGAGCAACTCGAGGGAG
GGGAGCCCTGAGAGGCTTGGCCTCGCCATGCTCTACGCCAAGCATCATC
50 CCACCGCCGTCAGCCTCGCCGCCATGAACCCCTGGATGCCGATGCCGGC

GCCGGCCGCAGCTCACGTGATGAGGCCGCCGAGTGCCATTGCTCATCTC
CCTGTTTTTGCAGCCTGGACAGATGCTTAA

5 **SEQ ID NO:48 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания OsWRI03**

MASGGGSSNWLGFSLSPHMPAMEVPSSEPTAAHHHHHHHPPAAAAAAG
10 AMSSPPDSATTCNFLFSPPAAQMVAPSPGYYYVGGAYGDGTSTAGVYYSH
LPVMPIKSDGSLCIMEGMMPSSSPKLEDFLGCGNGSGHDPATYYSQQEAE
DASRAAYQHHQLVPYNYQPLTEAEMLQEAAAAPMEDAMAAAKNFLVTSY
GACYGNQEMPQPLSLSMSPGSQSSSCVSAAPQQHQQMAVVAAAAAAGDG
15 QGSNSNDGGEQRVGGKRGTKGGQKQPVHRKSIDTFGQRTSQYRGVTRHR
WTGRYEAHLWDNSCKKDGQTRXGKASISRWLDTEDKAARAYDLAALKY
WGLSTHINFPLENYRDEIEEMERMTRQEYVAHLRRRSSGFSRGASIYRGVTR
HHQHGRWQARIGRVAGNKDLYLGTFFSTQEEAAEAYDIAAIKFRGLNAVTN
FDITRYDVKIMESSLLPGEAARKVKAIEAAPDHVPIGRELGATEEASAAT
20 VTGTDWRMVLHGSQQQAAACTEATADLQKGFMGDAHSALHGIVGFDVE
SAAADEIDVPGGKISGINFSNSSLVTLSNSREGSPERLGLAMLYAKHHPTA
VSLAAMNPWMPMPAPAAAHVMRPPSAIAHLPVFAAWTDA

25 **SEQ ID NO:49 - Последовательность нуклеиновой кислоты ТаWRI01**

ATTTTCGTATTAATAAAAACGAGCACTATTTTATTTTTCTACTGTATTTTACT
CCTGGTGTAGTGCTGCCAGAAACCGCTGCAGGTGGTAGCAGTAAAAGAT
30 CCAGCAAATATCCGATGGTTTCAGAGCGCCAGTGCGGGCGGCCCTGTC
AAGCGCGAGATAAAAATCCGCCGGACCCCGCGATTTCCCCCACTCCGCG
TTTCCTCTCTCGATTTGTCCAAATCTTTTGTCTCCTTCTCCACCGGCGAT
TAGTTTGTGTTTCCGGCATCACTCCGCACTAGGCCGCCCTCGCCCGCG
CTGGCCTCGTCGTTTCCTTCCCCAATTCGCCCGCCCCACCCCGCCCGATA
35 TTTATTTCTGCTCGGTATCCATTTCCGTTGATAGATTTTCCAGCTTTC
GCTGCCTCGCCGTTGCTGCTAATATCCGCGCTGGGATATTTCTTCTTTG
CTTTCTTGGCCGCGCGGCTCGGCCCGTCCCCCTGGAGGCCTCCGGATCTT
TCGATCGCGGCGAGCAGGCGGCTCAAGATAGTTCGTGAATAGGAAGGC
40 TGATAGGTAGGTTAGGGTTTTGGGAGTTGTTTTTGTCTCTGCTCCAGTAC
ATAGATGATGAAATCCGGGGAGGAAGTTAGTCAGGGTCAGCAAATGAA
CGGTTTTGTGGAGGAGAAAGCTGCTGGGGAATCTGGGGATGGTTCGGAA
GATCGAGAGGAGCCCTTCCATCAATCTGAATTCCTTGCCTGCAATTGCC
CTGCCACTACGGAGATTGGTGTCTTGCCTGTGCAGTGGAGTCAGAGGC
45 CAACGATGCAAGCACTCAGAAGGGAGATGAGTCCAGTGGCACTGATCA
GAAGAAGGTCCCGAAGAATGAGGAGGTTGATGAAGGTGAAGTTCAGGC
CTGTGCAGATGTGAAGAGCCACTCGGTTGACCCTTTGAATAGCGAGAAC
CATGCCGGGGAGAAGGATGCTTTGGTAACTGTGCCAGAAAATGAGGGTT
50 GTGCGGATGGTGGCGATAATTATAAGGGAGTTCAAGTTCTCAGCATTGT
CAAAAAGGACGAGTCTGAGGAAATTGTTGATTCTATTAATCCTGTGACG

GTTGCGGAGTATAGAGAGGAGAAGGGCACCGCCGGTTCTACTTCTGCAA
 TTA CTGCGGTGCGAGCACCTGGCTCCCGCTCATCTTGT TCCATGGTGTG
 ACCAGGCATAGGTGGAGTGGGAAATATGAAGCTCATTTGTGGGACAGT
 5 ACTTG CAGAGTAGAAGGACGGAGAAGGAAAGGAAAGCAAGTTTATTTA
 GGAAGTTATGATACTGAGCAAAAAGCTGCCAGGGGCATATGATGTTGCAG
 CTCTTAAATTCTTTGGACTAAATACAAAGCTGAACTTCTCAATTTTCGGAA
 TATGAGAAGGAACTGGCGGACATACAAGACATGTCTCCAGAGGAATGT
 10 GTGACATACTGGGAAGGGGGGAGTAGTTGCTTCTCAAGAGGGGGCGTCTA
 TTTACAGAGGAGTTACAAGGAGGCAGAAAGATGGTCGATGGCAGGCAC
 GCATAGGACTGATTGCTGGA ACTAGAGACATTTACCTTGGA ACTTTCAA
 AACTGAGGAAGAAGCCGCAGAAGCTTATGATATTGCTGCCATCGAGATA
 CGCGGCAAAAATGCGGTGACCAACTTTGACAGAAGCAACTACATGGAC
 15 AGGGGCATGCATTGTATAGAAGGCGCAGGGTTGAAGCTGCTTGAACCA
 AGCCAGAATAGTACCTGATTTGGCATCGTATATTGAACAGATTTGGTTG
 GCCGTATTTTGGAGCCTAGTGGTACATACAGATAGAAGA ACTGGTCGCA
 GCCTGTCATTATCCGCTGCTGTATGATTCTTCAGATTATATATAGTTCTTT
 CAGATAGAATTT CAGTAATTTAGCATGCTTTGTGTCCAGACAAGATTTTG
 20 ACCATGCATTACTGTTATAGTGT TTTGTAGGCTAGAGTTGCAGTGGAAAG
 TGTTGCTTCATTTACATGTCTAAATCGGAGAATACGTTTTACTTCTAAG
 TTTTGATGCTTGGTTTAATGAAATATTCAAGTGTATGTTCCAAAAA
 AAAAAAAGCGGCCGC

25

SEQ ID NO:50 - Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки считывания TaWRI01

30 ATGATGAAATCCGGGGAGGAAGTTAGTCAGGGTCAGCAAATGAACGGT
 TTTGTGGAGGAGAAAGCTGCTGGGGAATCTGGGGATGGTCGGAAGATC
 GAGAGGAGCCCTTCCATCAATCTGAATTCCTTGCCTGCAATTGCCCTGC
 CACTACGGAGATTGGTGTCTTGC ACTGTGCAGTGGAGTCAGAGGCCAAC
 35 GATGCAAGCACTCAGAAGGGAGATGAGTCCAGTGGCACTGATCAGAAG
 AAGGTCCCGAAGAATGAGGAGGTTGATGAAGGTGAAGTTCAGGCCTGT
 GCAGATGTGAAGAGCCACTCGGTTGACCCTTTGAATAGCGAGAACCATG
 CCGGGGAGAAGGATGCTTTGGTAACTGTGCCAGAAAATGAGGGTTGTGC
 GGATGGTGGCGATAATTATAAGGGAGTTCAAGTTCTCAGCATTGTCAA
 40 AAGGACGAGTCTGAGGAAATTGTTGATTCTATTAATCCTGTGACGGTTG
 CGGAGTATAGAGAGGAGAAGGGCACCGCGGTTCTACTTCTGCAATTAC
 TCGCGGTGCGAGCACCTGGCTCCCGCTCATCTTGT TCCATGGTGTGACCA
 GGCATAGGTGGAGTGGGAAATATGAAGCTCATTTGTGGGACAGTACTTG
 CAGAGTAGAAGGACGGAGAAGGAAAGGAAAGCAAGTTTATTTAGGAAG
 45 TTATGATACTGAGCAAAAAGCTGCCAGGGGCATATGATGTTGCAGCTCTT
 AAATTCTTTGGACTAAATACAAAGCTGAACTTCTCAATTTTCGGAATATG
 AGAAGGAACTGGCGGACATACAAGACATGTCTCCAGAGGAATGTGTGA
 CATACTTGAGAAGGAGGAGTAGTTGCTTCTCAAGAGGGGGCGTCTATTTA
 50 CAGAGGAGTTACAAGGAGGCAGAAAGATGGTCGATGGCAGGCACGCAT
 AGGACTGATTGCTGGA ACTAGAGACATTTACCTTGGA ACTTTCAA AACT

GAGGAAGAAGCCGCAGAAGCTTATGATATTGCTGCCATCGAGATACGC
 GGCAAAAATGCGGTGACCAACTTTGACAGAAGCAACTACATGGACAGG
 GGCATGCATTGTATAGAAGGCGCAGGGTTGAAGCTGCTTGCAACCAAG-
 CCAGAATAG

5

SEQ ID NO:51 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания TaWRI01

MMKSGEEVSQGQQMNGFVEEKAAGESGDGRKIERSPSINLNSLPAIAPATT
 EIGVLHCAVESEANDASTQKGDDESSGTDQKKVPKNEEVDEGEVQACADV
 SHSVDPLNSENHAGEKDALVTPENEGCADGGDNYKGVQVLSIVKKDESE
 EIVDSINPVTVAEYREEKGTAGSTSAITAVRAPGSRSSCFHGVTRHRWSGKY
 EAHLWDSTCRVEGRRRKGGKQVYLGSYDTEQKAARA YDVAALKFFGLNTK
 LNFSISEYEKELADIQDMSPEECVTYLRRRSCFSRGASIYRGVTRRQKDGR
 WQARIGLIAGTRDIYLGTFKTEEEAAEAYDIAAIEIRGKNAVTNFRS NYMD
 RGMHCIEGAGLKLATKPE

10

15

20

SEQ ID NO:52 - Последовательность нуклеиновой кислоты GmWRI01-1

GCCCTTAAGCAGTGGTAACAACGCAGAGTACGCGGGGATTCATTTTCAT
 TCAACCCTTCTCTCTCTCTCTCAGATAGATTCTATAAGATCGCAGTTT
 CCAAGAAGCTAACTGAAGTTCAAACCCCATACCTCTCTTTACGTT
 CCTCAACGACACATAAAACACACACCATGGACTCTTCTTCTTCATCACC
 GCCAAACAGCACCAACAACAACCTCCCTCGCTTTCTCTCTTTCCAATCACT
 TTCCCAACCCTTCTTCTCTCCCTTTCTCTCTTCCACTCCTTCACCTATC
 CATCTCTCTCTCTCACAGGCAGCAACACGGTGGACGCACCGCCTGAGCC
 CACCGCTGGAGCAGGACCGACCAACCTCTCCATATTCACCGGCGGCCCC
 AAGTTCGAGGACTTTCTGGGCGGTTCGCGCAACAGCCACCACCGTCCG
 CGTGTGCACCGCCACAGCTTCCGCAGTTCTCCACCGACAACAACAACCA
 CCTATACGATTTCGGAGCTGAAGTCAACAATAGCCGCGTGCTTCCCTCGC
 GCCTTGGCCGCCGAACAAGCACCGAACCGCAAAAACCATCCCCAAG
 AAAACCGTCGACACCTTCGGGCAACGCACCTCCATCTACCGCGGCGTGA
 CCCGACATAGATGGACTGGGAGATACGAAGCTCATCTATGGGACAATA
 GTTGCAGAAGGGAAGGTCAAAGCAGGAAAGGAAGGCAAGTTTACTTGG
 GTGGTTATGACAAGGAGGATAAGGCAGCCAGAGCTTATGATCTCGCAGC
 TCTCAAGTACTGGGGTCCAACCTACCACCTAACTTTCCATTTCCAACCT
 ATGAGAAGGAACTGGAGGAGATGAAGAACATGACTAGGCAAGAGTTTG
 TTGCTTCTCTTCGTAGGAAGAGCAGTGGTTTCTCTAGAGGGGCCTCTATA
 TACAGAGGAGTAACGAGACACCACAGCATGGCCGATGGCAGGCGAGA
 ATAGGCAGAGTTGCCGGAACAAGACCTCTACCTTGGCACTTTCAGCA
 CCCAAGAAGAAGCTGCTGAGGCCTATGACATTGCTGCTATCAAATTCAG
 GGGATTAATGCAGTAACAACCTTTGACATGAGTCGCTACGACGTGAAG
 AGCATTGCAAATAGTACTCTTCCCTATTGGTGGTTTATCTGGCAAGAACA
 AGAACTCCACAGATTCTGCATCTGAGAGCAAAAGCCATGAGCCAAGCC
 AATCCGATGGAGATCCATCATCGGCTTCATCGGTGACCTTTGCATCACA

25

30

35

40

45

50

GCAACAACCTTCAAGCTCCAACTTAAGCTTTGCCATAACCCATTAAGCAA
 GACCCTTCAGATTACTGGTCCATCTTGGGGTACCATAATACTCCCCTTGA
 CAACAGTGGCATCAGGAACAATACTAGTACTGTTACTACAATACTTTT
 5 CCATCCTCCAACAATGGCACTGCTAGTAGTTTGACACCCTTCAACATGG
 AGTTCTCAAGTGCCCCCTCAAGTACCGGCAGCGATAACAATGCCGCGTT
 TTTCAGTGGAGGAGGCATCTTTGTTTCAGCAACAATACTAGTCATGGTCAT
 GGAAATGCAAGCAGTGGTTCCTCCTCTTCTTTAAGCTGTTCAATCCC
 10 ATTCGCCACGCCATATTTTCTCTAAATAGCAATACTAGTTATGAGAGCA
 GTGCTGGTTATGGAACTGGATTGGACCTACCCTGCACACATTCCAATC
 CCATGCAAAAACCAAGTCTCTTTCAAACGCCAATATTTGGAATGGAATGA
 GCTCATGCACGAGCTGGGATGAGAATCTGTGCATATAATGATGAAAGGG
 GAAGAAGGACAATAGTGGTGTGGTGTTTTAGCATGCAAAGAAGCAAAA
 15 GGACGGACTAGTCCCTTTAGCTGATGCAGTATTTGAATGAGTTGGACTG
 ACAGTCATAATTTTCATGAGAATCGTAGCTATACCTAGCAGCTGACACTG
 TACTAACTCAAACCTTCTTTGTTATGTTTTGAATGAATTTTCTTTTTCTT
 TTTCGCCCCTTTATTAGCTTTTTGGTCCTGTTAATACTGACATTATATC
 AAATGAGGATAATGGGAAGAAAAAAAATCCTTTTTGTT

SEQ ID NO:53 - Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки считывания GmWRI01-1

25 ATGGACTCTTCTTCTTCATCACCGCCAAACAGCACCAACAACAACCTCCCT
 CGCTTTCTCTTTTCCAATCACTTTCCCAACCCTTCTTCTCTCCCCTTTCT
 CTCTTCCACTCCTTACCTATCCATCTCTCTCTCACAGGCAGCAACAC
 30 GGTGGACGCACCGCCTGAGCCCACCGCTGGAGCAGGACCGACCAACCT
 CTCCATATTCACCGGCGGCCCAAGTTCGAGGACTTTCTGGGCGGTTCC
 GCCGCAACAGCCACCACCGTCGCGTGTGCACCGCCACAGCTTCCGCACT
 TCTCCACCGACAACAACAACCACCTATACGATTCGGAGCTGAAGTCAAC
 AATAGCCGCGTGCTTCCCTCGCGCCTTGGCCGCGAACAAGCACCGAA
 35 CCGCAAAAACCATCCCCAAGAAAACCGTCGACACCTTCGGGCAACGC
 ACCTCCATCTACCGCGGCGTGACCCGACATAGATGGACTGGGAGATACG
 AAGCTCATCTATGGGACAATAGTTGCAGAAGGGAAGGTCAAAGCAGGA
 AAGGAAGGCAAGTTTACTTGGGTGGTTATGACAAGGAGGATAAGGCAG
 40 CCAGAGCTTATGATCTCGCAGCTCTCAAGTACTGGGGTCCAACCTACCAC
 CACTAACTTTCTATTTCCAACCTATGAGAAGGAACTGGAGGAGATGAAG
 AACATGACTAGGCAAGAGTTTGTGCTTCTCTTCGTAGGAAGAGCAGTG
 GTTTCTCTAGAGGGGCCTCTATATACAGAGGAGTAACGAGACACCACCA
 45 GCATGGCCGATGGCAGGCGAGAATAGGCAGAGTTGCCGGAACAAGA
 CCTCTACCTTGGCACTTTCAGCACCCAAGAAGAAGCTGCTGAGGCCTAT
 GACATTGCTGCTATCAAATTCAGGGGATTAATGCAGTAACAACCTTTG
 ACATGAGTCGCTACGACGTGAAGAGCATTGCAAATAGTACTCTTCCTAT
 TGGTGGTTTATCTGGCAAGAACAAGAACTCCACAGATTCTGCATCTGAG
 50 AGCAAAAAGCCATGAGCCAAGCCAATCCGATGGAGATCCATCATCGGCTT
 CATCGGTGACCTTTGCATCACAGCAACAACCTTCAAGCTCCAACCTAAG

CTTTGCCATAACCCATTAAGCAAGACCCTTCAGATTAAGTGGTCCATCTTGG
 GGTACCATAATACTCCCCTTGACAACAGTGGCATCAGGAACACTACTAG
 TACTGTTACTACAACACTTTTCCATCCTCCAACAATGGCACTGCTAGTA
 5 GTTTGACACCCTTCAACATGGAGTTCTCAAGTGCCCCCTCAAGTACCGG
 CAGCGATAACAATGCCGCGTTTTTCAGTGGAGGAGGCATCTTTGTTTCA
 CAACAACACTAGTCATGGTCATGGAAATGCAAGCAGTGGTTCCTCCTCTT
 CTTCTTTAAGCTGTTCAATCCCATTGCGCCACGCCCATATTTTCTCTAAAT
 10 AGCAATACTAGTTATGAGAGCAGTGCTGGTTATGGAAACTGGATTGGAC
 CTACCCTGCACACATTTCCAATCCCATGCAAAAACCAAGTCTCTTTCAAAC
 GCCAATATTTGGAATGGAATGA

15 **SEQ ID NO:54 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания GmWRI01-1**

MDSSSSSPPNSTNNSLAFSLSNHFPNPSSSPLSLFHSFTYPSLSLTGSNTVDA
 20 PPEPTAGAGPTNLSIFTGGPKFEDFLGSSAATATTVACAPPQLPQFSTDNNN
 HLYDSELKSTIAACFPRALAAEQSTEPQKPSPKKTVDTFGQRTSIYRGVTRH
 RWTGRYEAHLWDNSCRREGQSRKGRQVYLGGYDKEDKAARAYDLAALK
 YWGPTTTTTNFPISNYEKELEEMKNMTRQEFVASLRRKSSGFSRGASIYRGVT
 RHHQHGRWQARIGRVAGNKDLYLGTFTSTQEEAAEAYDIAAIKFRGLNAV
 25 NFDMSRYDVKSIANSTLPIGGLSGKNKNSTDSASESKSHEPSQSDGDPSSASS
 VTFASQQQPSSNLSFAIPIKQDPSDYWSILGYHNTPLDNSGIRNTTSTVTTTT
 FPSSNNGTASSLTPFNMEFSSAPSSSTGSDNNAFFSGGGIFVQQQTSHGHGN
 ASSGSSSSSLSCSIPFATPIFSLNSNTSYESSAGYGNWIGPTLHTFQSHAKP-
 30 SLFQTPIFGME

SEQ ID NO:55 - Последовательность нуклеиновой кислоты GmWri11

35 GGGCTGTTTCCGTCGATGAGACCACAACCTCGACTGTGTAACAGGGTAAT
 CAAAATAGATAAAAATAAAAAATATACTTCTTTGACCGGTGACCGTGCG
 AACCGGTTTCGAAGTTGGAACCATGAGAGAGATAATGTTTATATATTCCA
 TCATCTGTTCCGTTTGGATCCTCTCACCTCTCTCTCTCTCTCTCTGG
 40 TGCCATGGAATCCGGTAGTGCCCGATGTTTATATTCTCTCTGTTTCTGAA
 ATCATCGCCGAGGAAATAACAAATGCAGCCTCCAAACCTCGCGAAGCTT
 CCTTCACACACTTCTTCTATTCCTTGTTTCGTCGAACAAGCTCTTTAACAT
 TCCATCACCACAACCTTCTACCTACACCTTCCGATATTGCATCTTCAACT
 GTTTGGTTACATTTACACCGTAATAATTATTGTTTCTTTCGATTGGATCG
 45 GTCGGAACCATCGCTCGAAGAGAATCTCCGGAGACGTAGAAGCAATAT
 CAGTTTACTGTATGTATTGGTTCGGATTAATAATAATAACGAAAAAATA
 GAAAGAAAATCAGAGTTGAAAATAGCCAGAAGAAGATTAAGCGCGATG
 TTGGATCTTAATCTGAATGCCGAGTCGACTCAGAACAACGAGTCGCTGG
 50 TGCTGTTGGACAAGTTTCCCGAAGCTTCGTTGGGAACCTTCGAATTCCTCC

GTCGTGAATGCGGAGGGATCGAGCAACGAGGACTCGTGCTCCACACGC
 GCCGGCGACGTGTTTCGCCTTCAGTTTCGGAATCCTTAAGGTGGAAGGCG
 CGAACGAAGTCGTCGCCACGGCGACGAAGGAGCTGTTTCCGGTGAGCTC
 5 GGAGAATTGGCAGGGGCAGAGTTCGACGTCGTCGTCTCAGGCGAGGAA
 GAATTTAATGGATCTCCCCTGGATCATCAAACGGTGAGGTGAAGGTG
 GTTCAGGTTACGCCACAGCCTCAGGTGAAGAAGAGTAGGAGAGGTCCA
 AGGTCTCGGAGCTCTCAGTACAGAGGAGTCACTTTCTACAGAAGGACCG
 GAAGATGGGAATCGCATATCTGGGATTGCGGGAAGCAAGTCTATTTGGG
 10 TGGATTTGACACCGCTCATATTGCTGCTAGGGCCTATGATCGAACTGCTA
 TTAAGTTCAGGGGACTTGATGCTGATATCAATTTTGATCTCGTTGATTAT
 GAGGAGGATCTAAAACAGATGAAGAATCTTTCAAGCAGGAGTTCGTGC
 ACATACTTCGCCGCCACAGTACCGGTTCTCANGGGCAGTTCGAAATACC
 15 NGGGATACACTTCACAAGTGGCCTTGGGAACTCGATGGGNATTCCTGGC
 AGAAGCTATACAGGCACTTCAGTGCATAAANAAGNTGTCCTACTTNACC
 ATNTTGNACGNAGAACNGAGCTTCATCCTGGANAGGTAGCAGGCGTTT
 CANGCAAGAGNAGGTNCCCTATTGAGCCAGAATNGGGAGGAGAGAACC
 GGAGTNTNAAGAAGNGGCNTCCGGCCTGGNCTCAATTGGGCNAGCAAC
 20 CCNAGACATGTCCCAAAGAAAATAGGGNCTTTTCAGTTCAGTCCATC
 CNTTACAACATGCATCCGGGAAGAAGTTCAAGNATGGGAGACTAATGTTA
 ATTCGGTTATTGGTGATCCTTCTTNGAAAAGGCTGGTTGTACGAAGAGC
 GTCCTTCTGTATATTCCACTTTCTTTCCCAATCTGGAAAGAGCAGAGAGA
 25 ATGGGCATAGATCCTTCAAAGGAGTTCCAAACCTGGGCGTGGCAGACA
 AATGGCCAGGTTAATGCCACCCAGTACCACCGTTCTCTACTGCAGCAT
 CATCAGGATTCTCAATTTAGCTACTTTTCCATCAACTGCCATCTTTCCA
 AAAAAATCCATGAACCCAATTTCCCAGAGCTTCTGTTTCACTTCACACA
 GCACACCAGGTAGCAATGCACCTCAATTCTATTACGAGGTCAAGTCCTC
 30 GCAGGCACCATCCCAGCCTCTATCTTGTAATACAAGTATAAATGGTAGC
 CCACCACACAAGTTCTGAAGTTCAATTCTCAAACGACAGTTAAACTT
 TTTTTTTTTTTTTTCTGTTTGCATGATTTAGGGATCGGTACAATGTTGTT
 GCTCATGGTATGTTTGTATGTGATGAAAAGATTTTTTCTTCAGAGAGAA
 35 AGTGAAGAAAGAAAAAATGCATGATGTGTTTTA

SEQ ID NO:56 - Последовательность нуклеиновой кислоты открытой рамки считывания GmWRI1

40 ATGAGAGAGATAATGTTTATATATTCCATCATCTGTTCCGTTTGGATCCT
 CTCACCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTGGTGCCATGGAATCCGGTAGTGC
 CCGATGTTTATATTCTCTCTGGTTCTGAAATCATCGCCGAGGAAATAACA
 45 AATGCAGCCTCCAAACCTCGCGAAGCTTCCTTCACACACTTCCTTCTATT
 CCTTGTTTCGTCGAACAAGCTCTTTAACATTCATCACCAACTTCCTAC
 CTACACCTTCCGATATTGCATCTTCAACTGTTTGGTTACATTTACACAGT
 AATAATTATTGTTTCTTTTCGATTGGATCGGTCGGAACCATCGCTCGAAGA
 50 GAATCTCCGGAGACGTAGAAGCAATATCAGTTTACTGTATGTATTGGTT
 CGGATTAATAATAATAACGAAAAAATAGAAAGAAAATCAGAGTTGAAA

ATAGCCAGAAGAAGATTAAGCGCGATGTTGGATCTTAATCTGAATGCCG
 AGTCGACTCAGAACAACGAGTCGCTGGTGTGTTGGACAAGTTTCCCGA
 AGCTTCGTTGGGAACCTCGAATTCCTCCGTCGTGAATGCGGAGGGATCG
 5 AGCAACGAGGACTCGTGCTCCACACGCGCCGCGACGTGTTTCGCCTTCA
 GTTTCGGAATCCTTAAGGTGGAAGGCGCGAACGAAGTCGTCGCCACGGC
 GACGAAGGAGCTGTTTCCGGTGAGCTCGGAGAATTGGCAGGGGCAGAG
 TTCGACGTCGTCGTCTCAGGCGAGGAAGAATTTAATGGATCTCCCGCTG
 10 GATCATCAAAACGGTGAGGTGAAGGTGGTTCAGGTTTCAGCCACAGCCTC
 AGGTGAAGAAGAGTAGGAGAGGTCCAAGGTCTCGGAGCTCTCAGTACA
 GAGGAGTCACTTTCTACAGAAGGACCGGAAGATGGGAATCGCATATCTG
 GGATTGCGGGAAGCAAGTCTATTTGGGTGGATTTGACACCGCTCATATT
 GCTGCTAGGGCCTATGATCGAACTGCTATTAAGTTCAGGGGACTTGATG
 15 CTGATATCAATTTTGATCTCGTTGATTATGAGGAGGATCTAAAACAGAT
 GAAGAATCTTTCAAGCAGGAGTTCGTGCACATACTTCGCCGCCACAGTA
 CCGGTTCTCANGGGCAGTTCGAAATACCNGGGATACACTTCACAAGTGG
 CCTTGGGAACCTCGATGGGNATTCCTGGCAGAAGCTATACAGGCACTTCA
 GTGCATAANAAGNTGTCCTACTTNACCATNTTGNACGNAGAACNGAG
 20 CTTCATCCTGGANAGGTAGCAGGCGTTTCANGCAAGAGNAGGTNCCCTA
 TTGAGCCAGAATNGGGAGGAGAGAACCGGAGTNTNAAGAAGNGGCNTC
 CGGCCTGGNCTCAATTGGGCNAGCAACCCNAGACATGTCCCAAAGAAA
 ATAGGGNCNTTTTCAGTTCAGTCCATCCNTTACAACATGCATCCGGGA
 25 AGAAGTTCAGNATGGAGACTAATGTTAATTCGGTTATTGGTGATCCTT
 CTTNGAAAAGGCTGGTTGTACGAAGAGCGTCCTTCTGTATATTCCACTTT
 CTTTCCCAATCTGGAAAGAGCAGAGAGAATGGGCATAGATCCTTCAAAA
 GGAGTTCCAAACTGGGCGTGGCAGACAAATGGCCAGGTAAATGCCACCC
 CAGTACCACCGTTCTCTACTGCAGCATCATCAGGATTCTCAATTTAGCT
 30 ACTTTTCCATCAACTGCCATCTTTCCAACAAAATCCATGAACCCAATTCC
 CCAGAGCTTCTGTTTCACTTCACACAGCACACCAGGTAGCAATGCACCT
 CAATTCTATTACGAGGTCAAGTCCTCGCAGGCACCATCCCAGCCTCTATC
 TTGTAATACAAGTATAAATGGTAGCCCACCACACAAGTTCTGA

35

SEQ ID NO:57 - Аминокислотная последовательность открытой рамки считывания GmWRI11

40 MREIMFIYSIICSVWILSPLSLSLVPWNPVVPDVYILSGSEIIAEEITNAASK
 PREASFTHFLFLVVRTSSLTFHHNFLPTPSDIASSTVWLHFTRNNYCFRRL
 DRSEPSLEENLRRRRSNISLLYVLVRINNNNEKIERKSELKIARRRLSAMLDL
 NLNAESTQNNESLVLLDKFPEASLGTSNSSVVNAEGSSNEDSCSTRAGDVF
 45 AFSFGILKVEGANEVVATATKELFPVSSENWQQQSSTSSSQARKNLMDLPL
 DHQNGEVKVVQVQPQVKKSRRGPRSRSSQYRGVTFYRRTGRWESHIWD
 CGKQVYLGGFDTAHIAARAYDRTAIKFRGLDADINFDLVDYEEDLKQMKN
 LSSRSSCTYFAATVPVLXGSSKYXGYTSQVALGTRWXFLAEAIQALQCIXK
 XSYXTIXRRTELHPGXVAGVVSXKXRPIEPEXGGENRSXKKXXPAWXQL
 50 GXQPXTCPKENRXXFSSSPSXTTCIREEVQXWRLMLIRLLVILLXKGWLYEE

RPSVYSTFFPNLERAERMGIDPSKGVPNWA WQTNGQVNATPVPPFSTAASS
 GFSISATFPSTAIFPTKSMNPIPQSFCFTSHSTPGSNAPQFYEVKSSQAPSQPL
 SCNTSINGSPPHKF

5

SEQ ID NO:58 – Последовательность нуклеиновой кислоты PtxA-промотора

CGCAATTTTTTGTGAAGCTGAGGGAGGATTGGATTTTACACCTATTCAA
 AAGTCATTCAAAGTTTGTCCCTCCATTCAAGGATGAATGTAGATTTTCA
 10 AGCATCAAACACAAGAATCACTAGCATAACATGCTTTGAAACCCACACA
 CTAAATTAATGTTAGGAATATCAAATCCAATATAAAATCATAGTTGTC
 AATTACATACTCAATCAAGTCCCTTTCTTTTACCCAATAAACATCAACAT
 ATTGCTTCTTCCATTAAGCATATAAACATCAAAGTCTAAAAGTAGCAAA
 15 ATGTTGTTTTTAGGATGACACATTTTCATACATAGTTTAAAAGATACTTGA
 TTCGATTACAAAAGAAATTACCAATAGTTTAGCACAAAGTCTAAAGCA
 TAATTAAAGCATCACATGTGCAGATTTATGAAAAAAGATTAAGATTGC
 CCCTTTCATCACGGGTCGAATAATAGCACTACTTGTCACTACATGTTAAA
 AAAATGTCCTCTAGTACATCAAACTTTTTCCATTGATTCCCCTTATCCAT
 20 GAAAAAATAAACAAATTCTTAAGACACAAAAAATGGCCCCACATCC
 TTTTTTCTGGCCTAGTTTGTGTTGAATTCATTCTAACTCTTGAATATGTAAC
 GAGGCCCACTAAAAATCAATCAATGATTTAACATAAAAAATGAATAGTT
 TAATTCCAATTTGCTGCAACATGGTCCGTGAATATGACTCACGAGAAAG
 25 ATATATCAAATATCAAATTTTCATAGTTTTTTTACCATATAAACCTCA
 TCACTCATTCTATTTTTTTAAGTGCAAAGCTTCATAGTTA

30

35

40

45

50

Перечень последовательностей

- <110> BASF PLANT SCIENCE GMBH
- <120> МОЛЕКУЛЫ НУКЛЕИНОВЫХ КИСЛОТ, КОДИРУЮЩИЕ WRINKLED1-ПОДОБНЫЕ ПОЛИПЕПТИДЫ,
5 И СПОСОБЫ ИХ ПРИМЕНЕНИЯ В РАСТЕНИЯХ
- <130> 16313-0369
- <140> PCT/US05/021500
- 10 <141> 2004-06-16
- <150> 60/580,334
- <151> 2004-06-16
- <150> 60/600,466
- 15 <151> 2004-11-08
- <160> 58
- <170> PatentIn Ver. 3.3
- <210> 1
- 20 <211> 1577
- <212> ДНК
- <213> Arabidopsis thaliana
- <400> 1
- 25 aaaccactct gcttcctctt cctctgagaa atcaaatcac tcacactcca aaaaaaaatc 60
- taaactttct cagagtttac gcccttggtt ccaaatac aaactttctcag agtttaaatga 120
- agaagcgctt aaccacttc acttggtctt cttctccatc ttctctggtt tcttcttcta 180
- ctactacttc ctctcctatt cagtcggagg tccaaggcc taaacgagcc aaaagggcta 240
- agaaatcttc tcttctggtt gataaatctc ataaccgac aagccctgct tctaccgac 300
- gcagctctat ctacagagga gtcactagac atagatggac tgggagattc gaggctcatc 360
- tttgggacaa aagctcttgg aattcgattc agaacaagaa aggcaaaca gtttatctgg 420
- 30 gagcatatga cagtgaagaa gcagcagcac atacgtacga tctggctgct ctcaagtaact 480
- ggggaccoga caccatcttg aattttccgg cagagacgta cacaaaggaa ttggaagaaa 540
- tgagagaggt gacaaaggaa gaatatttgg ctctctcccg ccgccagagc agtggtttct 600
- ccagaggcgt ctctaaatat cgcggcgtcg ctaggcatca ccacaacgga agatggggagg 660
- ctcggatcgg aagagtgttt gggaacaagt acttgtaact cggcacctat aatacgcagg 720
- aggaagctgc tgcagcatat gacatggctg cgattgagta tgcaggcgca aacgcggtta 780
- 35 ctaatttoga cattaagtaac tacattgacc ggttaaagaa gaaagggtgtt ttcccgttcc 840
- ctgtgaacca agctaaccat caagagggta ttcttggtga agccaaaca gaagttgaaa 900
- cgagagaagc gaaggaagag cctagagaag aagtgaaaca acagtacgtg gaagaaccac 960
- cgcaagaaga agaagagaag gaagaagaga aagcagagca acaagaagca gagattgtag 1020
- gatattcaga agaagcagca gtggtcaatt gctgcataga ctcttcaacc ataattgaaa 1080
- tggatcggtg tggggacaac aatgagctgg cttggaactt ctgtatgatg gatacagggt 1140
- 40 tttctccggt tttgactgat cagaatctcg cgaatgagaa tcccatagag tatccggagc 1200
- tattcaatga gttagcattt gaggacaaca tgcacttcat gttcgatgat ggggaagcacg 1260
- agtgcttgaa cttggaaaat ctggattgtt gcgtgggtggg aagagagagc ccaccctctt 1320
- cttcttcaacc attgtcttgc ttatctactg actctgcttc atcaacaaca acaacaaca 1380
- cctcggtttc ttgtaactat ttggtctgag agagagagct ttgccttcta gtttgaattt 1440
- ctatttcttc cgttcttctt tctttttttt cttttggtgg gttctgctta gggtttgtat 1500
- 45 ttcagtttca gggcttgctt gttggttctg aataatcaat gtctttgccc ctttttctaat 1560
- gggtacctga agggcga 1577

50

<210> 2
 <211> 1293
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

5 <400> 2
 atgaagaagc gcttaaccac ttocacttgt tcttcttctc catcttctctc tgttttcttct 60
 tctactacta cttcctctcc tattcagtcg gaggtcccaa ggctaaaacg agccaaaagg 120
 gctaagaaat cttctccttc tggtgataaa tctcataacc cgacaagccc tgcttctacc 180
 cgacgcagct ctatctacag aggagtcact agacatagat ggactgggag attogaggct 240
 catctttggg acaaaaagctc ttggaattcg attcagaaca agaaaggcaa acaagtttat 300
 10 ctgggagcat atgacagtga agaagcagca gcacatacgt acgatctggc tgctctcaag 360
 tactgggggac cgcacacccat cttgaattht cggcgagaga cgtacacaaa ggaattggaa 420
 gaaatgcaga gagtgacaaa ggaagaatat ttggcttctc tccgccgcca gagcagtggt 480
 ttctccagag gcgtctctaa atatcgcggc gtcgctaggc atcaccacaa cggaagatgg 540
 gaggtctcga tcggaagagt gtttgggaac aagtacttgt acctcggcac ctataatacg 600
 caggaggaag ctgctgcagc atatgacatg gctgcgattg agtatcgagg cgcaaacgcg 660
 15 gttactaatt tcgacattag taattacatt gaccgggtaa agaagaaagg tgttttcccg 720
 ttccctgtga accaagctaa ccatcaagag ggtattcttg ttgaagccaa acaagaagtt 780
 gaaacgagag aagcgaagga agagcctaga gaagaagtga aacaacagta cgtggaagaa 840
 ccaccgcaag aagaagaaga gaaggaagaa gagaaagcag agcaacaaga agcagagatt 900
 gtaggatatt cagaagaagc agcagtggtc aattgctgca tagactcttc aaccataatg 960
 gaaatggatc gttgtgggga caacaatgag ctggcttggg acttctgtat gatggataca 1020
 20 gggttttctc cgtttttgac tgatcagaat ctgcgcaatg agaatcccat agagtatccg 1080
 gagctattca atgagttagc atttgaggac aacatcgact tcatgttcga tgatgggaag 1140
 cacgagtgct tgaacttggg aaatctggat tgttgcgctgg tgggaagaga gagcccaccc 1200
 tcttcttctt caccattgtc ttgcttatct actgactctg cttcatcaac aacaacaaca 1260
 acaacctcgg tttcttgtaa ctatthtggtc tga 1293

25 <210> 3
 <211> 430
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

30 <400> 3
 Met Lys Lys Arg Leu Thr Thr Ser Thr Cys Ser Ser Ser Pro Ser Ser
 1 5 10 15
 Ser Val Ser Ser Ser Thr Thr Thr Ser Ser Pro Ile Gln Ser Glu Ala
 20 25 30
 35 Pro Arg Pro Lys Arg Ala Lys Arg Ala Lys Lys Ser Ser Pro Ser Gly
 35 40 45
 Asp Lys Ser His Asn Pro Thr Ser Pro Ala Ser Thr Arg Arg Ser Ser
 50 55 60
 40 Ile Tyr Arg Gly Val Thr Arg His Arg Trp Thr Gly Arg Phe Glu Ala
 65 70 75 80
 His Leu Trp Asp Lys Ser Ser Trp Asn Ser Ile Gln Asn Lys Lys Gly
 85 90 95
 45 Lys Gln Val Tyr Leu Gly Ala Tyr Asp Ser Glu Glu Ala Ala Ala His
 100 105 110
 Thr Tyr Asp Leu Ala Ala Leu Lys Tyr Trp Gly Pro Asp Thr Ile Leu
 115 120 125

50

RU 2 385 347 C2

Asn Phe Pro Ala Glu Thr Tyr Thr Lys Glu Leu Glu Glu Met Gln Arg
 130 135 140

5 Val Thr Lys Glu Glu Tyr Leu Ala Ser Leu Arg Arg Gln Ser Ser Gly
 145 150 155 160

Phe Ser Arg Gly Val Ser Lys Tyr Arg Gly Val Ala Arg His His His
 165 170 175

10 Asn Gly Arg Trp Glu Ala Arg Ile Gly Arg Val Phe Gly Asn Lys Tyr
 180 185 190

Leu Tyr Leu Gly Thr Tyr Asn Thr Gln Glu Glu Ala Ala Ala Tyr
 195 200 205

15 Asp Met Ala Ala Ile Glu Tyr Arg Gly Ala Asn Ala Val Thr Asn Phe
 210 215 220

Asp Ile Ser Asn Tyr Ile Asp Arg Leu Lys Lys Lys Gly Val Phe Pro
 225 230 235 240

20 Phe Pro Val Asn Gln Ala Asn His Gln Glu Gly Ile Leu Val Glu Ala
 245 250 255

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

25 Val Lys Gln Gln Tyr Val Glu Glu Pro Pro Gln Glu Glu Glu Lys
 275 280 285

Glu Glu Glu Lys Ala Glu Gln Gln Glu Ala Glu Ile Val Gly Tyr Ser
 290 295 300

30 Glu Glu Ala Ala Val Val Asn Cys Cys Ile Asp Ser Ser Thr Ile Met
 305 310 315 320

Glu Met Asp Arg Cys Gly Asp Asn Asn Glu Leu Ala Trp Asn Phe Cys
 325 330 335

35 Met Met Asp Thr Gly Phe Ser Pro Phe Leu Thr Asp Gln Asn Leu Ala
 340 345 350

Asn Glu Asn Pro Ile Glu Tyr Pro Glu Leu Phe Asn Glu Leu Ala Phe
 355 360 365

Glu Asp Asn Ile Asp Phe Met Phe Asp Asp Gly Lys His Glu Cys Leu
 370 375 380

40 Asn Leu Glu Asn Leu Asp Cys Cys Val Val Gly Arg Glu Ser Pro Pro
 385 390 395 400

Ser Ser Ser Ser Pro Leu Ser Cys Leu Ser Thr Asp Ser Ala Ser Ser
 405 410 415

45 Thr Thr Thr Thr Thr Thr Ser Val Ser Cys Asn Tyr Leu Val
 420 425 430

50

<210> 4
 <211> 1509
 <212> ДНК
 <213> Brassica napus

5 <400> 4
 cttgcacaca gtgogtcttt ggttttctct ttcttagggg ttgtgttttg gttctgatca 60
 tggcgtcgat gtcgtcgccg gatcaggggg ctaagacaga ggcgggagga ggaggagaga 120
 gctcggagaa tgtgtcggcg agtgatcaga tgttgctgta tagaagtttt aagaaggcga 180
 agaaggagag aggatgcaca gctaaggagc gtatcagtaa aatgccgccc tgcacagctg 240
 gcaaaaggag ttctatttac cgtggagtca ccagacatag atggacaggt cggtagcaag 300
 10 ctacacctttg ggacaagagt acttgggaacc aaaaccagaa caagaagggc aaacaagttt 360
 atctaggagc atatgatgat gaagaggctg ctgctagagc ctacgacctt gctgccttga 420
 aatactgggg acctggaaca cttatcaatt ttccgggtgac tgattactct agggatttag 480
 aagaaatgca aagtctctca aggggaagaat acctgcaac tctacgtaga aaaagcagcg 540
 gtttctcaag gggaaatagcc aaatatcgtg gccttcaaag ccgatgggaa gcatcagcca 600
 gtcggatgcc tggacctgaa tacttcggta gccttcatta cggatgatgaa cgaggagcag 660
 15 aagggtgactt tcttggcagc ttttgtctgg aaagaagat tgatctaacg ggatacataa 720
 agtgggtgggg agtcaacaaa cccgggtcaac cagaatcttc atcaaaggca tcagaggatg 780
 caaaggtaga agatgcaggt actgagctta agacactgga acacgcttcc caggcaacag 840
 agccatacaa agcaccaaaac tttggcgctt atcatggcac tcagaggaaa ggaaaacaaa 900
 taacatcgcc gtccctccacc tcttctgctt taagcatttt gtctgogtca cctgcttaca 960
 agagtctgga ggagaaagtg atgaagatcc aagaaagttag cagcactaga gaaaacgatg 1020
 20 agaatgcaaa ccgtaacatc aatagttatt agaagagtca cggtaaggaa atagagaaac 1080
 caccggctcgt tagtcatgga gtttctctag gcagtggtag tggtgttgct cctgctgctg 1140
 ctgctttgtc tcttcagaaa agcatgtacc cacttgctc tctcttaact gctccactgc 1200
 tcagcaatta caatacattg gatccccctg gagagcctat tctctggaca ccgttccttc 1260
 acccaggatc ttctcatact ttagagggtga caaagacaga gacaagttgt tccacataca 1320
 gttacctccc acaagagaag tgagccgctc ccctttagac tgtttgtgaa aatgatctga 1380
 25 agcaggaatg tacagggtttt tgtcagtggt ttatgtgtat tttcagtggt gaatatatat 1440
 agaatcatta tactttaatg taaaacaggc aaaatttatg attatacagt agtataaagg 1500
 tttgctctt 1509

<210> 5
 <211> 1284
 <212> ДНК
 <213> Brassica napus

30 <400> 5
 atggcgtcga tgtogtgcgc ggatcagggg cctaagacag aggcgggagg aggaggagag 60
 agctcggaga atgtgtcggc gaggatcag atgttgctgt atagaagttt taagaaggcg 120
 35 aagaaggaga gaggatgcac agctaaggag cgtatcagta aaatgccgcc ctgcacagct 180
 ggcaaaaggga gttctattta ccgtggagtc accagacata gatggacagc tcggtagcaa 240
 gctcaccttt gggacaagag tacttggaac caaaaccaga acaagaaggc caaacaagtt 300
 tatctaggag catatgatga tgaagaggct gctgctagag cctacgacct tgctgccttg 360
 aaatactggg gacctggaac acttatcaat ttccgggtga ctgattactc tagggattta 420
 gaagaaatgc aaagtctctc aagggagaa taccttgcaa ctctacgtag aaaaagcagc 480
 40 ggtttctcaa ggggaatagc caaatatcgt ggcttcaaa gccgatggga agcatcagcc 540
 agtcggatgc ctggacctga atacttcggt agccttcatt acggatgatga acgaggagca 600
 gaaggtgact ttcttggcag cttttgtctg gaaagaaaga ttgatctaac gggatacata 660
 aagtgggtggg gagtcaacaa acccgggtcaa ccagaatctt catcaaaggc atcagaggat 720
 gcaaaggtag aagatgcagg tactgagctt aagacactgg aacacgcttc ccaggcaaca 780
 gagccataca aagcaccaaa ctttggcgct catcatggca ctcagaggaa aggaaaacaa 840
 45 ataacatcgc cgtccctccac ctcttctgct ttaagcattt tgtotgogtc acctgcttac 900
 aagagtctgg aggagaaagt gatgaagatc caagaaagt gacgactag agaaaacgat 960
 gagaatgcaa accgtaacat caatagtatt gagaagagtc acggtaaggc aatagagaaa 1020
 ccaccggctg tgagtcagtg agtttctcta ggcagtgggt gtgggtgttg cctctgctgct 1080
 gctgctttgt ctcttcagaa aagcatgtac ccacttgct ctctctaac tgctccactg 1140

50

ctcagcaatt acaatacatt ggatcccctt ggagagccta ttctctggac accgttcctt 1200
 caccaggat cttctcatac tttagaggtg acaaagacag agacaagttg ttccacatac 1260
 agttacctcc cacaagagaa gtga 1284

5 <210> 6
 <211> 427
 <212> PRT
 <213> Brassica napus

<400> 6

10 Met Ala Ser Met Ser Ser Pro Asp Gln Gly Pro Lys Thr Glu Ala Gly
 1 5 10 15

Gly Gly Gly Glu Ser Ser Glu Asn Val Ser Ala Ser Asp Gln Met Leu
 20 25 30

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

Lys Glu Arg Ile Ser Lys Met Pro Pro Cys Thr Ala Gly Lys Arg Ser
 50 55 60

20 Ser Ile Tyr Arg Gly Val Thr Arg His Arg Trp Thr Gly Arg Tyr Glu
 65 70 75 80

Ala His Leu Trp Asp Lys Ser Thr Trp Asn Gln Asn Gln Asn Lys Lys
 85 90 95

25 Gly Lys Gln Val Tyr Leu Gly Ala Tyr Asp Asp Glu Glu Ala Ala Ala
 100 105 110

Arg Ala Tyr Asp Leu Ala Ala Leu Lys Tyr Trp Gly Pro Gly Thr Leu
 115 120 125

30 Ile Asn Phe Pro Val Thr Asp Tyr Ser Arg Asp Leu Glu Glu Met Gln
 130 135 140

Ser Leu Ser Arg Glu Glu Tyr Leu Ala Thr Leu Arg Arg Lys Ser Ser
 145 150 155 160

35 Gly Phe Ser Arg Gly Ile Ala Lys Tyr Arg Gly Leu Gln Ser Arg Trp
 165 170 175

Glu Ala Ser Ala Ser Arg Met Pro Gly Pro Glu Tyr Phe Gly Ser Leu
 180 185 190

40 His Tyr Gly Asp Glu Arg Gly Ala Glu Gly Asp Phe Leu Gly Ser Phe
 195 200 205

Cys Leu Glu Arg Lys Ile Asp Leu Thr Gly Tyr Ile Lys Trp Trp Gly
 210 215 220

45 Val Asn Lys Pro Gly Gln Pro Glu Ser Ser Ser Lys Ala Ser Glu Asp
 225 230 235 240

Ala Lys Val Glu Asp Ala Gly Thr Glu Leu Lys Thr Leu Glu His Ala
 245 250 255

50

Ser Gln Ala Thr Glu Pro Tyr Lys Ala Pro Asn Phe Gly Val His His
 260 265 270

Gly Thr Gln Arg Lys Gly Lys Gln Ile Thr Ser Pro Ser Ser Thr Ser
 275 280 285

Ser Ala Leu Ser Ile Leu Ser Ala Ser Pro Ala Tyr Lys Ser Leu Glu
 290 295 300

Glu Lys Val Met Lys Ile Gln Glu Ser Ser Ser Thr Arg Glu Asn Asp
 305 310 315 320

Glu Asn Ala Asn Arg Asn Ile Asn Ser Ile Glu Lys Ser His Gly Lys
 325 330 335

Glu Ile Glu Lys Pro Pro Val Val Ser His Gly Val Ser Leu Gly Ser
 340 345 350

Gly Gly Gly Val Ala Pro Ala Ala Ala Leu Ser Leu Gln Lys Ser
 355 360 365

Met Tyr Pro Leu Ala Ser Leu Leu Thr Ala Pro Leu Leu Ser Asn Tyr
 370 375 380

Asn Thr Leu Asp Pro Leu Gly Glu Pro Ile Leu Trp Thr Pro Phe Leu
 385 390 395 400

His Pro Gly Ser Ser His Thr Leu Glu Val Thr Lys Thr Glu Thr Ser
 405 410 415

Cys Ser Thr Tyr Ser Tyr Leu Pro Gln Glu Lys
 420 425

<210> 7
 <211> 1392
 <212> ДНК
 <213> Brassica napus

<400> 7
 taatgaagag acccttaacc acttctcctt cttcctcctc ttctacttct tcttgggctt 60
 gtatacttcc gactcaatca gagactccaa ggcccaaacg agccaaaagg gctaagaaat 120
 cttctctgcg ttctgatggt aaaccacaga atcccaccag tcttgctctc accagacgca 180
 gctctatcta cagaggagtc actagacata gatggacagg gagatacгаа gctcatctat 240
 gggacaaaag ctctgtggaat tcgattcaga acaagaaagg caaacaagtt tatctgggag 300
 catatgacag cgaggaagca gcagcacata cgtacgatct agctgctctc aagtactggg 360
 gtcccaaac catcttgaac tttccgggtg agacgtacac aaaggagctg gaggagatgc 420
 agagatgtac aaaggaagag tatttggctt ctctccgccc ccagagcagt ggtttctcta 480
 gaggcgtctc taaatatcgc ggcgtcgcca ggcacacca taacggaaga tgggaagctc 540
 ggattggaag ggtgtttgga aacaagtact tgtacctcgg cacctataat acgcaggagg 600
 aagctgcagc tgcatatgac atggcggcta tagagtacag aggtgcaaac gcagtgacca 660
 acttcgacat tagtaactac atcgaccggt taaagaaaaa aggtgtcttc ccgttccccg 720
 tgagccaagc taatcatcaa gaagctgttc ttgctgaaac caacaagaa gtggaagcta 780
 aagaagagcc tacagaagaa gtgaagcagt gtgtcgaaaa agaagaagct aaagaagaga 840
 agactgagaa aaaacaacaa caagaagtgg aggaggcggg gatcacttgc tgcattgatt 900
 cttcagagag caatgagctg gcttgggact tctgtatgat ggattcaggg tttgctccgt 960
 ttttgactga ttcaaatctc tcgagtгaga atcccattga gtatcctgag cttttcaatg 1020
 agatggggtt tgaggataac attgacttca tgttcgagga agggaagcaa gactgcttga 1080
 gcttggagaa tcttgattgt tgcgatgggt ttgttgtggt ggggaagagag agcccaactt 1140

cattgtcgtc ttctccgttg tctgtcttgt ctactgactc tgcttcatca acaacaacaa 1200
 cagcaacaac agtaacctct gtttcttgta actattctgt ctgagggggg agagctttgc 1260
 atttctaggt tgaattttct atttcttttg cttctttttt ttttgttgag ttctgctagg 1320
 gtttgtattc tgtttcaggg cttactcatt ggttctgaca gtcaatgttt agctctcttt 1380
 tccgctcgtc ta 1392

5

<210> 8
 <211> 1242
 <212> ДНК
 <213> Brassica napus

10

<400> 8
 atgaagagac ccttaaccac ttctccttct tctcctctct ctacttcttc ttgggctgt 60
 atacttccga ctcaatcaga gactccaagg cccaaacgag ccaaaagggc taagaaatct 120
 totctgcggt ctgatgttaa accacagaat cccaccagt ctgctctccac cagacgcage 180
 tctatctaca gaggagtac tagacataga tggacagggg gatacgaagc tcatctatgg 240
 gacaaaagct cgtggaattc gattcagaac aagaaaggca aacaagttaa tctgggagca 300
 tatgacagcg aggaagcagc agcacatacg tacgatctag ctgctctcaa gtactggggg 360
 cccaacacca tcttgaactt tccgggttgag acgtacacaa aggagctgga ggagatgcag 420
 agatgtacaa aggaagagta tttggcttct ctccgcccgc agagcagtgg tttctctaga 480
 ggcgtctcta aatatcgcgg cgtcgccagg catcaccata acggaagatg ggaagctcgg 540
 attggaaggg tgtttgaaa caagtacttg tacctcggca cctataatac gcaggaggaa 600
 gctgcagctg catatgacat ggcggctata gactacagag gtgcaaacgc agtgaccaac 660
 ttcgacatta gtaactacat cgaccgggta aagaaaaaag gtgtcttccc gttccccgtg 720
 agccaagcta atcatcaaga agctgttctt gctgaaacca aacaagaagt ggaagctaaa 780
 gaagagccta cagaagaagt gaagcagtgt gtcgaaaaag aagaagctaa agaagagaag 840
 actgagaaaa aacaacaaca agaagtggag gaggcggtga tcaacttgctg cattgattct 900
 tcagagagca atgagctggc ttgggacttc tgatgatgg attcaggggt tgctccggtt 960
 ttgactgatt caaatctctc gagtgagaat cccattgagt atcctgagct tttcaatgag 1020
 atgggttttg aggataacat tgacttcatg ttcgaggaag ggaagcaaga ctgcttgagc 1080
 ttggagaatc ttgattgttg cgatgggtgt gttgtggtgg gaagagagag cccaacttca 1140
 ttgtcgtctt ctccgttgtc ctgcttctct actgactctg cttcatcaac aacaacaaca 1200
 gcaacaacag taacctctgt ttcttgtaac tattctgtct ga 1242

30

<210> 9
 <211> 413
 <212> PRT
 <213> Brassica napus

35

<400> 9
 Met Lys Arg Pro Leu Thr Thr Ser Pro Ser Ser Ser Ser Thr Ser
 1 5 10 15
 Ser Ser Ala Cys Ile Leu Pro Thr Gln Ser Glu Thr Pro Arg Pro Lys
 20 25 30
 Arg Ala Lys Arg Ala Lys Lys Ser Ser Leu Arg Ser Asp Val Lys Pro
 35 40 45
 Gln Asn Pro Thr Ser Pro Ala Ser Thr Arg Arg Ser Ser Ile Tyr Arg
 50 55 60
 Gly Val Thr Arg His Arg Trp Thr Gly Arg Tyr Glu Ala His Leu Trp
 65 70 75 80
 Asp Lys Ser Ser Trp Asn Ser Ile Gln Asn Lys Lys Gly Lys Gln Val
 85 90 95

50

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

50

5
 <210> 10
 <211> 1375
 <212> ДНК
 <213> Brassica napus

<400> 10
 10
 15
 20
 25
 таатгааgag acccttaacc acttgtacat cttctttctac atcatcttct acttcttcat 60
 cttgtatcct tcggaaccaa ccagagactc caaggcctaa acgagccaaa agggctaaga 120
 аатсатсgcc cccttgtgat gtaaaaccac agaacccgac cagtctgcc tctgccagac 180
 gcagctctat ctacagagga gtcaccagac atagatggac tgggagattt gaggctcatc 240
 таtgggataa aagctcttgg aattcgattc agaacaagaa aggcaaacia gtttatttgg 300
 gagcatatga cagcgaggaa gcagctgcac atacgtacga tctagctgct ctcaagtact 360
 ggggtcccga caccatcttg aatthtccgg ttgagacgta caaaaaggag ttggatgaaa 420
 tgcagagagg cacaaaagaa gagtatttgg gttctctccg ccgccagagc agtggtttct 480
 ccagaggcgt ctctaaatat cgcggcgtcg ccaggcatca ccataacgga agatgggagg 540
 ctccgattgg aagagthttc ggaaacaagt acttatacct cggcacctat aatacgcagg 600
 aggaagctgc agaagcatat gacatggctg cgattgaata tagagggtca aacgctgtta 660
 ccaatthttga cattagtaat tacatcgacc ggctaaagaa aaaaggcgtt tcccgttcc 720
 gtgtggacca agctaaccat caagaggctg ttcttgctga agccaaacia gaagctaaga 780
 aagaagtgaa agagcacgtg gaagaagaac atcaagaaga gaaaacagag cagcatcaag 840
 аagtggaggc ggtcacttgc ggcatagatg cttcaggcat tatggagatg gaacgttctt 900
 cagacagcaa tgagtthgct tggaaacttct gtatgatgga ttcagggttt gctccgttct 960
 tgacagatca aaacctctcg aatgagaatc ccatagagta tcctgagctt tccaacgaga 1020
 tgatgggttt tgaggataac gacatagact tcatgtttga ggaagccaag aacgaatgct 1080
 tgagcttggg gaactctggat tgttgtgatg togttgtggt gggaaagagaa agcccagctt 1140
 ctttatcgtc ttctccgttg tcttgctttt ctactgactc tgcttcatca acaacaacia 1200
 caacaaactc tgthtcttgt aactattctg tctgaggggag agagcttthc attatagggg 1260
 tgagthtttct atthtctthtг cttcttgatc ttgtccttgt tgagttccgc tagggthttt 1320
 gthtttctgtt tcagggtcta ctcgthggtt ctgaacaatc aatgtcttct cctca 1375

30
 <210> 11
 <211> 1233
 <212> ДНК
 <213> Brassica napus

<400> 11
 35
 40
 45
 atgaagagac ccttaaccac ttgtacatct tctttctacat catctttctac ttcttcatct 60
 tgtatccttc ggaaccaacc agagactcca aggcctaaac gagccaaaag ggctaagaaa 120
 tcatcgcccc cttgtgatgt aaaaccacag aacccgacca gtcttgctc tcgccagagc 180
 agctctatct acagaggagt caccagacat agatggactg ggagatttga ggctcatcta 240
 tgggataaaa gctcttggaa ttcgattcag aacaagaaaag gcaaacaagt ttatttggga 300
 gcatatgaca gcgaggaagc agctgcacat acgtacgac tagctgctct caagtactgg 360
 ggtcccgaca ccacttggaa thttccgggt gagacgtaca aaaaggagt ggatgaaatg 420
 cagagaggca caaaaagaaga gtatttgggt tctctccgcc gccagagcag tggthtctcc 480
 agaggcgtct ctaaatatcg cggcgtcgcc aggcatacacc ataacggaag atgggaggct 540
 cggattggaa gagtthtctg aaacaagtac ttatacctcg gcacctataa tacgcaggag 600
 gaagctgcag aagcatatga catggctgcg attgaaatata gaggtgcaaa cgctgttacc 660
 aatthttgaca ttagtaatta catcgaccgg ctaaagaaaa aaggcgttht cccgttccgt 720
 gtggaccaag ctaaccatca agaggctggt cttgctgaag ccaaacaaga agctaagaaa 780
 gaagtgaaag agcacgtgga agaagaacat caagaagaga aaacagagca gcatcaagaa 840
 gtggaggcgg tcacttgcgg catagatgct tcaggcatta tggagatgga acgttcttca 900
 gacagcaatg agthggttg gaacttctgt atgatggatt cagggtthtgc tccgttcttg 960
 acagatcaaa acctctcgaa tgagaatccc atagagtatc ctgagcttht caacagatg 1020
 atgggtthttg aggataacga catagacttc atgtthgag aagccaagaa cgaatgcttg 1080
 agctthggaga atctggattg ttgtgatgct gthtgggtgg gaagagaaaag cccagcttct 1140

50

ttatcgtctt ctcggttgtc ttgcttttct actgactctg cttcatcaac aacaacaaca 1200
 acaaactctg tttcttgtaa ctattctgtc tga 1233

5 <210> 12
 <211> 410
 <212> PRT
 <213> Brassica napus

<400> 12
 10 Met Lys Arg Pro Leu Thr Thr Cys Thr Ser Ser Ser Thr Ser Ser Ser
 1 5 10 15
 Thr Ser Ser Ser Cys Ile Leu Arg Asn Gln Pro Glu Thr Pro Arg Pro
 20 25 30
 15 Lys Arg Ala Lys Arg Ala Lys Lys Ser Ser Pro Pro Cys Asp Val Lys
 35 40 45
 Pro Gln Asn Pro Thr Ser Pro Ala Ser Ala Arg Arg Ser Ser Ile Tyr
 50 55 60
 20 Arg Gly Val Thr Arg His Arg Trp Thr Gly Arg Phe Glu Ala His Leu
 65 70 75 80
 Trp Asp Lys Ser Ser Trp Asn Ser Ile Gln Asn Lys Lys Gly Lys Gln
 85 90 95
 25 Val Tyr Leu Gly Ala Tyr Asp Ser Glu Glu Ala Ala Ala His Thr Tyr
 100 105 110
 Asp Leu Ala Ala Leu Lys Tyr Trp Gly Pro Asp Thr Ile Leu Asn Phe
 115 120 125
 30 Pro Val Glu Thr Tyr Lys Lys Glu Leu Asp Glu Met Gln Arg Gly Thr
 130 135 140
 Lys Glu Glu Tyr Leu Gly Ser Leu Arg Arg Gln Ser Ser Gly Phe Ser
 145 150 155 160
 35 Arg Gly Val Ser Lys Tyr Arg Gly Val Ala Arg His His His Asn Gly
 165 170 175
 Arg Trp Glu Ala Arg Ile Gly Arg Val Phe Gly Asn Lys Tyr Leu Tyr
 180 185 190
 40 Leu Gly Thr Tyr Asn Thr Gln Glu Glu Ala Ala Glu Ala Tyr Asp Met
 195 200 205
 Ala Ala Ile Glu Tyr Arg Gly Ala Asn Ala Val Thr Asn Phe Asp Ile
 210 215 220
 45 Ser Asn Tyr Ile Asp Arg Leu Lys Lys Lys Gly Val Phe Pro Phe Arg
 225 230 235 240
 Val Asp Gln Ala Asn His Gln Glu Ala Val Leu Ala Glu Ala Lys Gln
 245 250 255
 50 Glu Ala Lys Lys Glu Val Lys Glu His Val Glu Glu Glu His Gln Glu

	260		265		270	
	Glu Lys Thr	Glu Gln His	Gln Glu Val	Glu Ala Val	Thr Cys Gly	Ile
	275		280		285	
5	Asp Ala Ser	Gly Ile Met	Glu Met Glu	Arg Ser Ser	Asp Ser Asn	Glu
	290		295		300	
	Leu Ala Trp	Asn Phe Cys	Met Met Asp	Ser Gly Phe	Ala Pro Phe	Leu
	305		310		315	320
10	Thr Asp Gln	Asn Leu Ser	Asn Glu Asn	Pro Ile Glu	Tyr Pro Glu	Leu
		325		330		335
	Phe Asn Glu	Met Met Gly	Phe Glu Asp	Asn Asp Ile	Asp Phe Met	Phe
		340		345		350
15	Glu Glu Ala	Lys Asn Glu	Cys Leu Ser	Leu Glu Asn	Leu Asp Cys	Cys
		355		360		365
	Asp Val Val	Val Val Gly	Arg Glu Ser	Pro Ala Ser	Leu Ser Ser	Ser
	370		375		380	
20	Pro Leu Ser	Cys Phe Ser	Thr Asp Ser	Ala Ser Ser	Thr Thr Thr	Thr
	385		390		395	400
	Thr Asn Ser	Val Ser Cys	Asn Tyr Ser	Val		
		405		410		
25	<210> 13 <211> 1392 <212> ДНК <213> Brassica napus					
30	<400> 13 taatgaagag acccttaacc acttgtacat cttcttctac atcatcctct acttcttcat 60 cttgtatcct tccgaaccaa ccagagactc caaggcctaa acgagccaaa agggctaaga 120 aatcatctcc cccttgtgat gtaaaaccac agaaccgcac cagtctgcc tctgccagac 180 gcagctctat ctacagagga gtcaccagac atagatggac tgggagattt gaggctcatc 240 tatgggataa aagctcttgg aattcgattc agaacaagaa aggcaaacia gtttatctgg 300 gagcatatga cagcgaggaa gcagctgcac atacgtacga tctagctgct ctcaagtact 360 ggggtcccga caccatcttg aatthtccgg ttgagacgta cacaaaggag ttggatgaaa 420 tgcagagagg cacaaaagaa gattatthgg cttctctccg ccgccagagc agtggtttct 480 ccagaggcgt ctctaaatat cgcggcgtcg ccaggcatca ccataacgga agatgggagg 540 ctcgattgg aagagthttc ggaaacaagt acttatacct cggcacctat aatacgcagg 600 aggaagctgc tgaagcttat gatatggctg cgattgaata tagaggtgca aacgctgta 660 ccaatttcga cattagtaat tacatcgacc gtttaaagaa aaaaggcgtt tccccgttcc 720 gtgtggagca agccactcat caagaggctg ttcttgctga agccaaacia gaagccaagg 780 aagaagtgaa agagcacgtg gaagaagaac atcaagaagc gagggaagag acaacagagc 840 agaaacaaga agtggaggcg gtcacttgcg gcgtagatgc ttcaggcatt atggagatgg 900 aacgttcttc agacagcaat gagttggctt ggaacttctg tatgatggat tcagggtttg 960 ctccgttctt gacagatcaa aacctctoga atgagaatcc catagagtat cctgaacttt 1020 tcaacgagat gatgggtttt gaggataacg acatagactt catgttcgag gaagccaaga 1080 acgaatgctt gagcttggag aatctggatt gttgtgatgt cgttgtggtg ggaagagaaa 1140 gcccaacttc tttgtcgtct tctccgttgt cttgcttttc tactgactct gttcatcaa 1200 caacaataac aacaacaaca acaacctctg tttcttgtaa ctattctgtc tgagggagag 1260 agctttgcat tatagggttg agthttctat ttcttttgct tcttgatctt gtccttgttg 1320 agttccgcta gggthtttgt ttttcgthttc agggcttact cgttggttct gaacaatcaa 1380					
50						

tgtcttcgcc tc

1392

5
 <210> 14
 <211> 1251
 <212> ДНК
 <213> Brassica napus

<400> 14
 atgaagagac ccttaaccac ttgtacatct tcttctacat catcctctac ttcttcatct 60
 10 tgtatccttc cgaaccaacc agagactcca aggcctaaac gagccaaaag ggctaagaaa 120
 tcctctcccc cttgtgatgt aaaaccacag aacccgacca gtcttgctc tgccagacgc 180
 agctctatct acagaggagt caccagacat agatggactg ggagattga ggctcatcta 240
 tgggataaaa gctcttgaa ttcgattcag aacaagaaag gcaaacaagt ttatctggga 300
 gcatatgaca gcgaggaagc agctgcacat acgtacgac tagctgctct caagtactgg 360
 ggtcccgcaca ccatcttgaa ttttccgggt gagacgtaca caaaggagtt ggatgaaatg 420
 cagagaggca caaaagaaga gtatttggct tctctccgcc gccagagcag tggtttctcc 480
 15 agaggcgtct ctaaatatcg cggcgtcgcc aggcacacc ataacggaag atgggaggct 540
 cggattggaa gagtttcgg aaacaagtac ttatacctcg gcacctataa tacgcaggag 600
 gaagctgctg aagcttatga tatggctgcg attgaaata gaggtgcaaa cgctgttacc 660
 aatttcgaca ttagtaatta catcgaccgt ttaaagaaaa aaggcgtttt cccgttccgt 720
 gtggagcaag cactcatca agaggctgtt cttgctgaag ccaaacaaga agccaaggaa 780
 gaagtgaag agcacgtgga agaagaacat caagaagcga ggaagagac aacagagcag 840
 20 aaacaagaag tggaggcggc cacttgccgc gtagatgctt caggcattat ggagatggaa 900
 cgttcttcag acagcaatga gttggcttgg aacttctgta tgatggattc agggtttgct 960
 ccgttcttga cagatcaaaa cctctcgaat gagaatccca tagagtatcc tgaacttttc 1020
 aacgagatga tgggttttga ggataacgac atagacttca tgttcgagga agccaagaac 1080
 gaatgcttga gcttgagaa tctggattgt tgtgatgtcg ttgtggtggg aagagaaagc 1140
 ccaacttctt tgtcgtcttc tccgttgtct tgcttttcta ctgactctgc ttcacaca 1200
 25 acaataacaa caacaacaac aacctctggt tcttgtaact attctgtctg a 1251

30
 <210> 15
 <211> 416
 <212> PRT
 <213> Brassica napus

<400> 15
 Met Lys Arg Pro Leu Thr Thr Cys Thr Ser Ser Ser Thr Ser Ser Ser
 1 5 10 15
 35 Thr Ser Ser Ser Cys Ile Leu Pro Asn Gln Pro Glu Thr Pro Arg Pro
 20 25 30
 Lys Arg Ala Lys Arg Ala Lys Lys Ser Ser Pro Pro Cys Asp Val Lys
 35 40 45
 40 Pro Gln Asn Pro Thr Ser Pro Ala Ser Ala Arg Arg Ser Ser Ile Tyr
 50 55 60
 Arg Gly Val Thr Arg His Arg Trp Thr Gly Arg Phe Glu Ala His Leu
 65 70 75 80
 45 Trp Asp Lys Ser Ser Trp Asn Ser Ile Gln Asn Lys Lys Gly Lys Gln
 85 90 95
 Val Tyr Leu Gly Ala Tyr Asp Ser Glu Glu Ala Ala Ala His Thr Tyr
 100 105 110

50

RU 2 385 347 C2

Asp Leu Ala Ala Leu Lys Tyr Trp Gly Pro Asp Thr Ile Leu Asn Phe
 115 120 125

5 Pro Val Glu Thr Tyr Thr Lys Glu Leu Asp Glu Met Gln Arg Gly Thr
 130 135 140

Lys Glu Glu Tyr Leu Ala Ser Leu Arg Arg Gln Ser Ser Gly Phe Ser
 145 150 155 160

10 Arg Gly Val Ser Lys Tyr Arg Gly Val Ala Arg His His His Asn Gly
 165 170 175

Arg Trp Glu Ala Arg Ile Gly Arg Val Phe Gly Asn Lys Tyr Leu Tyr
 180 185 190

15 Leu Gly Thr Tyr Asn Thr Gln Glu Glu Ala Ala Glu Ala Tyr Asp Met
 195 200 205

Ala Ala Ile Glu Tyr Arg Gly Ala Asn Ala Val Thr Asn Phe Asp Ile
 210 215 220

20 Ser Asn Tyr Ile Asp Arg Leu Lys Lys Lys Gly Val Phe Pro Phe Arg
 225 230 235 240

Val Glu Gln Ala Thr His Gln Glu Ala Val Leu Ala Glu Ala Lys Gln
 245 250 255

25 Glu Ala Lys Glu Glu Val Lys Glu His Val Glu Glu Glu His Gln Glu
 260 265 270

Ala Arg Glu Glu Thr Thr Glu Gln Lys Gln Glu Val Glu Ala Val Thr
 275 280 285

30 Cys Gly Val Asp Ala Ser Gly Ile Met Glu Met Glu Arg Ser Ser Asp
 290 295 300

Ser Asn Glu Leu Ala Trp Asn Phe Cys Met Met Asp Ser Gly Phe Ala
 305 310 315 320

35 Pro Phe Leu Thr Asp Gln Asn Leu Ser Asn Glu Asn Pro Ile Glu Tyr
 325 330 335

Pro Glu Leu Phe Asn Glu Met Met Gly Phe Glu Asp Asn Asp Ile Asp
 340 345 350

Phe Met Phe Glu Glu Ala Lys Asn Glu Cys Leu Ser Leu Glu Asn Leu
 355 360 365

40 Asp Cys Cys Asp Val Val Val Val Gly Arg Glu Ser Pro Thr Ser Leu
 370 375 380

Ser Ser Ser Pro Leu Ser Cys Phe Ser Thr Asp Ser Ala Ser Ser Thr
 385 390 395 400

45 Thr Ile Thr Thr Thr Thr Thr Thr Ser Val Ser Cys Asn Tyr Ser Val
 405 410 415

<210> 16

50

<211> 1457
 <212> ДНК
 <213> Brassica napus

<400> 16

5 gatttcgatat tcccccaaac acacaaaate tcattctctt tttttctcat agtttttttt 60
 aatgaagaga cccttaacca cttctccttc tacctcctct tctacttctt cttcggcttg 120
 tatacttccg actcaaccag agactccaag gcccaaacga gccaaaaggg ctaagaaatc 180
 ttctattcct actgatgtta aaccacagaa tcccaccagt cctgcctcca ccagacgcag 240
 ctctatctac agaggagtca ctagacatag atggacaggg agatacgagg ctcatctatg 300
 ggacaaaagc tCGTggaatt cGattcagaa caagaaaggg aaacaagttt atctggggagc 360
 10 atatgacagc gaggaagcag cagcgcatac gacgatcta gctgctctca agtactgggg 420
 tccccgacacc atcttgaact ttccggctga gacgtacaca aaggagtTgg aggagatgca 480
 gagatgtaca aaggaagagt atttggcttc tctccgccc cagagcagtg gtttctctag 540
 aggcgtctct aaatatcgcg gcgtcgccag gcatcaccat aacggaagat ggggaagctag 600
 gattggaagg gtgtttggaa acaagtactt gtacctcggc acttataata cgcaggagga 660
 agctgcagct gcatatgaca tggcggctat agagtacaga ggcgcaaacg cagtgaccaa 720
 15 cttcgacatt agtaactaca tCGaccgggt aaagaaaaaa ggtgtcttcc cattccctgt 780
 gagccaagcc aatcatcaag aagctgttct tgctgaagcc aaacaagaag tgggaagctaa 840
 agaagagcct acagaagaag tgaagcagtg tgcgaaaaa gaagaaccgc aagaagctaa 900
 agaagagaag actgagaaaa aacaacaaca acaagaagtg gaggaggcgg tggtcacttg 960
 ctgcattgat tcttcggaga gcaatgagct ggcttggggac ttctgtatga tggattcagg 1020
 gtttgctccg tttttgacgg attcaaactc ctcgagtga aatccattg agtattcagg 1080
 20 gcttttcaat gagatggggg ttgaggataa cattgacttc atgttcgagg aagggagca 1140
 agactgcttg agcttggaga atctggattg ttgcgatggt gttgttTgtgg tgggaagaga 1200
 gagcccaact tcattgtcgt cttaaccggt gtcttgcttg tctactgact ctgcttcac 1260
 aacaacaaca acaacaataa cctctgtttc ttgtaactat tctgtctgag gggggagagc 1320
 tttgcatTtc taggttgaat tttctatttc ttttgcttct tttttttttg ttgagttctg 1380
 ctagggtttg tattctgTtt cagggccttac tcattggTtc tgacagtcaa tgtttagctc 1440
 25 tcttttccgc tCGtcta 1457

<210> 17
 <211> 1248
 <212> ДНК
 <213> Brassica napus

<400> 17

30 atgaagagac ccttaaccac ttctccttct acctcctctt ctactttctt ttcggcttTgt 60
 atacttccga ctcaaccaga gactccaagg cccaaacgag ccaaaagggc taagaaatct 120
 tctattccta ctgatgttaa accacagaat cccaccagt cTgcctccac cagacgcagc 180
 tctatctaca gaggagtcac tagacataga tggacagggg gatacgaggc tcatctatgg 240
 35 gacaaaagct cgtggaatto gattcagaac aagaaaggca aacaagttta tctgggagca 300
 tatgacagcg aggaagcagc agcgcatacg tacgatctag ctgctctcaa gtactggggT 360
 cccgacacca tcttgaactt tccggctgag acgtacacaa aggagtTgga ggagatgcag 420
 agatgtacaa aggaagagta tttggcttct ctccgcccgc agagcagtgTg tttctctaga 480
 ggcgtctcta aatatcgcg cgctcgccagg catcaccata acggaagatg ggaagctagg 540
 attggaaggg tgtttggaaa caagtacttg tacctcggca cttataatac gcaggaggaa 600
 40 gctgcagctg catatgacat ggccggctata gagtacagag gcgcaaaccg agtgaccaac 660
 ttcgacatta gtaactacat cgaccggTta aagaaaaaag gtgtcttccc attccctgtg 720
 agccaagcca atcatcaaga agctgttctt gctgaagcca aacaagaagt ggaagctaaa 780
 gaagagccta cagaagaagt gaagcagTgt gtcgaaaaaag aagaaccgca agaagctaaa 840
 gaagagaaga ctgagaaaaa acaacaacaa caagaagtgg aggaggcggT ggtcactTgc 900
 tgcattgatt cttcggagag caatgagctg gcttgggact tctgtatgat ggattcaggg 960
 45 tttgctccgt ttttgacgga ttcaaactc tCGagtgaga atccattga gtatcctgag 1020
 cttttcaatg agatgggggt tgaggataac attgacttca tgttcgagga agggaaagca 1080
 gactgcttga gcttggagaa tctggattgt tgcgatggTg ttgttTgtgg gggaaagag 1140
 agcccaactt cattgtcgtc ttcaccgttg tcttgctTgt ctactgactc tgcctcatca 1200
 acaacaacaa caacaataac ctctgtttct tgtaaactatt ctgtctga 1248

50

<210> 18
 <211> 415
 <212> PRT
 <213> Brassica napus

5 <400> 18
 Met Lys Arg Pro Leu Thr Thr Ser Pro Ser Thr Ser Ser Ser Thr Ser
 1 5 10 15
 Ser Ser Ala Cys Ile Leu Pro Thr Gln Pro Glu Thr Pro Arg Pro Lys
 20 25 30
 10 Arg Ala Lys Arg Ala Lys Lys Ser Ser Ile Pro Thr Asp Val Lys Pro
 35 40 45
 Gln Asn Pro Thr Ser Pro Ala Ser Thr Arg Arg Ser Ser Ile Tyr Arg
 50 55 60
 15 Gly Val Thr Arg His Arg Trp Thr Gly Arg Tyr Glu Ala His Leu Trp
 65 70 75 80
 Asp Lys Ser Ser Trp Asn Ser Ile Gln Asn Lys Lys Gly Lys Gln Val
 85 90 95
 20 Tyr Leu Gly Ala Tyr Asp Ser Glu Glu Ala Ala Ala His Thr Tyr Asp
 100 105 110
 Leu Ala Ala Leu Lys Tyr Trp Gly Pro Asp Thr Ile Leu Asn Phe Pro
 115 120 125
 25 Ala Glu Thr Tyr Thr Lys Glu Leu Glu Glu Met Gln Arg Cys Thr Lys
 130 135 140
 Glu Glu Tyr Leu Ala Ser Leu Arg Arg Gln Ser Ser Gly Phe Ser Arg
 145 150 155 160
 30 Gly Val Ser Lys Tyr Arg Gly Val Ala Arg His His His Asn Gly Arg
 165 170 175
 Trp Glu Ala Arg Ile Gly Arg Val Phe Gly Asn Lys Tyr Leu Tyr Leu
 180 185 190
 35 Gly Thr Tyr Asn Thr Gln Glu Glu Ala Ala Ala Ala Tyr Asp Met Ala
 195 200 205
 Ala Ile Glu Tyr Arg Gly Ala Asn Ala Val Thr Asn Phe Asp Ile Ser
 210 215 220
 40 Asn Tyr Ile Asp Arg Leu Lys Lys Lys Gly Val Phe Pro Phe Pro Val
 225 230 235 240
 Ser Gln Ala Asn His Gln Glu Ala Val Leu Ala Glu Ala Lys Gln Glu
 245 250 255
 45 Val Glu Ala Lys Glu Glu Pro Thr Glu Glu Val Lys Gln Cys Val Glu
 260 265 270

50

Lys Glu Glu Pro Gln Glu Ala Lys Glu Glu Lys Thr Glu Lys Lys Gln
 275 280 285
 5
 Gln Gln Gln Glu Val Glu Glu Ala Val Val Thr Cys Cys Ile Asp Ser
 290 295 300
 Ser Glu Ser Asn Glu Leu Ala Trp Asp Phe Cys Met Met Asp Ser Gly
 305 310 315 320
 10
 Phe Ala Pro Phe Leu Thr Asp Ser Asn Leu Ser Ser Glu Asn Pro Ile
 325 330 335
 Glu Tyr Pro Glu Leu Phe Asn Glu Met Gly Phe Glu Asp Asn Ile Asp
 340 345 350
 15
 Phe Met Phe Glu Glu Gly Lys Gln Asp Cys Leu Ser Leu Glu Asn Leu
 355 360 365
 Asp Cys Cys Asp Gly Val Val Val Val Gly Arg Glu Ser Pro Thr Ser
 370 375 380
 20
 Leu Ser Ser Ser Pro Leu Ser Cys Leu Ser Thr Asp Ser Ala Ser Ser
 385 390 395 400
 Thr Thr Thr Thr Thr Ile Thr Ser Val Ser Cys Asn Tyr Ser Val
 405 410 415
 25
 <210> 19
 <211> 1389
 <212> ДНК
 <213> Brassica napus
 30
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1318)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое
 35
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1342)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое
 40
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1346)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое
 45
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1354)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое
 50
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1374)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое

<220>
 <221> МОДИФИЦИРОВАННОЕ ОСНОВАНИЕ
 <222> (1386)
 <223> а, с, г, т, неизвестное или другое

5 <400> 19
 agagtattttg ggacacgtgg tggaaatcttc cgggtgggccc gagcttggtt ttcacgggtgg 60
 agctaacaac ggaggagctt tgtcacttgg tgtaaacgtt aacaactcta atcacaggac 120
 tagtgatgat catactcaga tcaactgagta tcattaccga ggaaataaca atgggtgaaag 180
 aaccaacaac gagaagacgg tttctgagaa ggagaagcct gttgtggctg tggagacatc 240
 agattgttct aacaagaaga tcgctgatac gtttggacaa aggacttcca tctacagagg 300
 10 agttacaaga catagatgga cgggaagata tgaagctcat ctatgggata atagctgtag 360
 gcgagaaggt caagccagga aaggacgtca agtatacttg ggtggatag acaaagaaga 420
 caaggcagct cgagcttatg attatagcag ctcttaagta ctggaatgct actgctacca 480
 ccaatttccc tattacaaac tactcaaaag aactagagga aatgaagcac atgaccaaac 540
 aagagttcat tgcttccctt aggaggaaga gtageggatt ctctagagga gcctcaatat 600
 acagaggtgt gacaaggcat catcaacaag gacgttggca agcaaggata ggccgtgtag 660
 15 ccgggaacaa agatctttac ctaggaacat ttgcaacgga agaggaagca gccgagggcat 720
 acgacatagc agcgatcaaa ttcaggggaa taaacgctgt aacaacttt gagatgaacc 780
 gttacgacgt tgaggccatc atgaagagtg cacttcccac tgggtggtgca gcaaaacgctc 840
 ttaagctctc tttagaagct gcagagcaga aaccaatcct cggctcatcaa catcaactcc 900
 accacttcca gcaacaacag cagcaacaga ttcagtcctc tccgaaccac agtagcatta 960
 acttctgctca atctcagatg attcctgtgg gatccctttt gaagctgctg ctctctacca 1020
 20 tcatcaacag caacaacagc agcagcagca acagaacttc tccagcatt tccggcaga 1080
 tgttcgagct actgactcga ccggttctaa taataactcc aacgttcaag gttcaatggg 1140
 acttatggtg ccgaatcagg ctgagttctt cctctggcct aaccagtctt actagaatca 1200
 atcatgttat gttttttggt tttttttttt tgttttagtt tttaatggtt ttttaagggat 1260
 aacaacttct ttctaagtgt caacttcttg attctagcta accccataag ctgactanaa 1320
 ggatagaaa atctcacttg tnccgngtta ctngtttcc atttaatgaa atgngtttct 1380
 25 gtttangta 1389

<210> 20
 <211> 1113
 <212> ДНК
 <213> Brassica napus

30 <400> 20
 atgatcatac tcagatoact gagtatcatt accgaggaaa taacaatggt gaaagaacca 60
 acaacgagaa gacggtttct gagaaggaga agcctgttgt ggctgtggag acatcagatt 120
 gttctaacaa gaagatcgct gatacgtttg gacaaaggac ttccatctac agaggagtta 180
 caagacatag atggacggga agatatgaag ctcatctatg ggataatagc tgtaggcgag 240
 35 aaggccaagc caggaaagga cgtcaagtat acttgggtgg atatgacaaa gaagacaagg 300
 cagctcgagc ttatgattat agcagctctt aagtactgga atgctactgc taccaccaat 360
 ttccctatta caaactactc aaaagaacta gaggaaatga agcacatgac caaacaagag 420
 ttcattgctt cccttaggag gaagagtagc ggattctcta gaggagcctc aatatacaga 480
 ggtgtgacaa ggcacatca acaaggacgt tggcaagcaa ggataggccg tgtagccggg 540
 aacaagatc tttacctagg aacatttgca acggaagagg aagcagccga ggcatacgac 600
 40 atagcagcga tcaaattcag gggaataaac gctgtaacaa actttgagat gaaccggtac 660
 gacgttgagg ccatcatgaa gagtgcactt cccattggtg gtgcagcaaa acgtcttaag 720
 ctctcttag aagctgcaga gcagaaacca atcctcggtc atcaacatca actccaccac 780
 tccagcaac aacagcagca acagattcag tctctccga accacagtag cattaacttc 840
 gctcaatctc agatgattcc tgtgggatcc cttttgaagc tgetgctctc taccatcctc 900
 aacagcaaca acagcagcag cagcaacaga acttcttcca gcattttccg gcgaatgttc 960
 45 gagctactga ctogaccggg tctaataata actccaacgt tcaaggttca atgggactta 1020
 tggtgccgaa tcaggctgag ttcttctctc ggctaacca gtcttactag aatcaatcat 1080
 gttatgtttt ttgttttttt ttttttgggt tag 1113

50

<210> 21
 <211> 370
 <212> PRT
 <213> Brassica napus

5
 <400> 21
 Met Ile Ile Leu Arg Ser Leu Ser Ile Ile Thr Glu Glu Ile Thr Met
 1 5 10 15

10
 Val Lys Glu Pro Thr Thr Arg Arg Arg Phe Leu Arg Arg Arg Ser Leu
 20 25 30

15
 Leu Trp Leu Trp Arg His Gln Ile Val Leu Thr Arg Arg Ser Leu Ile
 35 40 45

20
 Arg Leu Asp Lys Gly Leu Pro Ser Thr Glu Glu Leu Gln Asp Ile Asp
 50 55 60

25
 Gly Arg Glu Asp Met Lys Leu Ile Tyr Gly Ile Ile Ala Val Gly Glu
 65 70 75 80

30
 Lys Val Lys Pro Gly Lys Asp Val Lys Tyr Thr Trp Val Asp Met Thr
 85 90 95

35
 Lys Lys Thr Arg Gln Leu Glu Leu Met Ile Ile Ala Ala Leu Lys Tyr
 100 105 110

40
 Trp Asn Ala Thr Ala Thr Thr Asn Phe Pro Ile Thr Asn Tyr Ser Lys
 115 120 125

45
 Glu Leu Glu Glu Met Lys His Met Thr Lys Gln Glu Phe Ile Ala Ser
 130 135 140

50
 Leu Arg Arg Lys Ser Ser Gly Phe Ser Arg Gly Ala Ser Ile Tyr Arg
 145 150 155 160

55
 Gly Val Thr Arg His His Gln Gln Gly Arg Trp Gln Ala Arg Ile Gly
 165 170 175

60
 Arg Val Ala Gly Asn Lys Asp Leu Tyr Leu Gly Thr Phe Ala Thr Glu
 180 185 190

65
 Glu Glu Ala Ala Glu Ala Tyr Asp Ile Ala Ala Ile Lys Phe Arg Gly
 195 200 205

70
 Ile Asn Ala Val Thr Asn Phe Glu Met Asn Arg Tyr Asp Val Glu Ala
 210 215 220

75
 Ile Met Lys Ser Ala Leu Pro Ile Gly Gly Ala Ala Lys Arg Leu Lys
 225 230 235 240

80
 Leu Ser Leu Glu Ala Ala Glu Gln Lys Pro Ile Leu Gly His Gln His
 245 250 255

85
 Gln Leu His His Phe Gln Gln Gln Gln Gln Gln Ile Gln Ser Ser
 260 265 270

90
 Pro Asn His Ser Ser Ile Asn Phe Ala Gln Ser Gln Met Ile Pro Val
 275 280 285

RU 2 385 347 C2

Gly Ser Leu Leu Lys Leu Leu Leu Ser Thr Ile Ile Asn Ser Asn Asn
 290 295 300

Ser Ser Ser Ser Asn Arg Thr Ser Ser Ser Ile Phe Arg Arg Met Phe
 305 310 315 320

Glu Leu Leu Thr Arg Pro Val Leu Ile Ile Thr Pro Thr Phe Lys Val
 325 330 335

Gln Trp Asp Leu Trp Cys Arg Ile Arg Leu Ser Ser Ser Ser Gly Leu
 340 345 350

Thr Ser Leu Thr Arg Ile Asn His Val Met Phe Phe Val Phe Phe Phe
 355 360 365

Leu Phe
 370

<210> 22
 <211> 1892
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

<400> 22

aagcagtggt aacaacgcag agtacgcggg attcaagtac ttcttctttg taaccaaact 60
 aaaacctctt gatttattgt ttcatttaat caaatagtag taataatatac accaccgcac 120
 cgacatggag tagaagtagc tcttcattca aagagtaacg cctctccaga gactagtact 180
 tcattttgca ccattgatata ctcaaattggc tegtgettcg actaactggc tctcgttctc 240
 tctctcccc atggaaatgc tccgaacccc cgaacctcag ttcggtcaat acgacgccgc 300
 ttccgacact tctctgcata actactacct cgacaacttg tacaccaacg ggtgggggaa 360
 cgggagcctc aagtttgagc agaattctgaa ccacagcgac gtgagtttcg ttgaatcgtc 420
 gtcgcagagc gtcagccacg cgcgcgcgaa gctggaggat tttctcggcg actcctccgc 480
 tgttatgctg tactccgaca gccagacgga gacgcaggac tcgctcgtga cgcacatcta 540
 cgaccaccac caccaccacc accaccacca ccaccacggt tcttctcgtt acttcggcgg 600
 tgaccaccag gatctcaagg ccattactgg attccaagct ttttcgacta actctggctc 660
 cgagggtgat gattctgcat cgatcggaaa ggcgcagggc agcaggttcg ggactcactc 720
 tattgagctc tccgtcaacg agttcgcgc gttctcgggt ggcaccaaca ccggtggaac 780
 cttgtcgtc gccgtcgcgc agagctccga gaaggccgtc gctgctcggc cggagtccga 840
 tcgctcgaag aagggtgtgg ataccttcgg ccagcggact tctatataca gaggtgtcac 900
 taggcaccga tggacaggaa gatatgaagc gcactatagg gacaatagtt gcagaagggg 960
 gggcaagct agaaaagggc gtcaagttta tttgggtgga tatgataagg aagaaaaggc 1020
 cgctagatct tatgatttg cagctctgaa gtactggggc cccactgcta ccaccaactt 1080
 ccctggttcc aattattcaa aggaagtgga ggagatgaaa catgtaacaa agcaggaatt 1140
 tatcgcataca ttgcgaagga aaagttagtg tttctccagg ggagcttcca tatacagagg 1200
 tgttacaagg catcatcaac agggtaggtg gcaagcaaga attggccgtg tagctggaaa 1260
 caaagatctt tacttgggaa cattcgcac cgaggaggaa gcagcagagg catatgatat 1320
 tgcagccatt aagttcagag gtgcaaacgc ggtaaccaac tttgagatga atagatatga 1380
 tgtggaagct ataatagaaga gttctcttcc agtgggtggg gcagcaaagc gcttgaagct 1440
 ttcccttgaa tcagagcaga aagctcttcc tgtgagcagc agcagcagca gcaatcaaca 1500
 gcagaatcca cagtggtgaa acgtgagtg cagcatcaat ttctcatcca ttcacagcc 1560
 aattgcttct atcccttggt gaattccctt tgattcaaca acagcatatt atcatcaaca 1620
 ccttttccaa cattttcacc ctaccaacgc tggcacagca gcgtctgctg ttacttctgc 1680
 caatgcaaat gcactaactg cactgccacc aacagcagca gctgagttct ttatttggcc 1740
 tcatcagctt tattgaaaaa agaaaaagaa aaaaaagagg aggtttttga gttggctagt 1800
 cttggttaca gtaggaagct ggatatgtaa ctaactgctt aagaaatgag aaatatttgc 1860
 tgcatacaaa ttttgcacaa gaaaaaaaaa ga 1892

<210> 23
 <211> 1551
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

5 <400> 23
 atggctcgtg cttcgactaa ctggctatcg ttctctctct ccccatgga aatgctccga 60
 acccccgaac ctcagttcgt tcaatacgac gccgcttccg acacttctc gcatcactac 120
 tacctcgaca acttgtagac caacgggtgg ggaacggga gcctcaagtt tgagcagaat 180
 ctgaaccaca gcgacgtgag ttctggtgaa tcgctcgtcg agagcgtcag ccacgcgccg 240
 ccgaagctgg aggattttct cggcgactcc tccgctgta tgcgttactc cgacagccag 300
 10 acggagacgc aggactcgtc gctgacgcac atctacgacc accaccacca ccaccaccac 360
 caccaccacc acggttcttc tgcgtacttc ggcggtgacc accaggatct caaggccatt 420
 actggattcc aagcttttcc gactaactct ggctccgagg ttgatgattc tgcacgatc 480
 ggaaggcgc agggcagcga gttcgggact cactctattg agtcctccgt caacgagttc 540
 gccgcggtct ccggtggcac caacaccggt ggaaccttgt cgctcgccgt cgcgcagagc 600
 tccgagaagg ccgctcgtgc tgcggcggag tccgatcgtc cgaagaaggt tgtggatacc 660
 15 ttcgccagc ggacttctat atacagaggt gtcactaggc accgatggac aggaagatat 720
 gaagcgcac tatgggacaa tagttgcaga agggagggtc aagctagaaa agggcgtcaa 780
 gtttatttgg gtggatatga taaggaagaa aaggccgcta gatcttatga tttggcagct 840
 ctgaagtact ggggtcccac tgctaccacc aacttccctg tttccaatta ttcaaaggaa 900
 gtggaggaga tgaacatgt aacaaagcag gaatttatcg catcattgcg aaggaaaagt 960
 agtggtttct ccaggggagc ttccatatac agaggtgta caaggcatca tcaacagggt 1020
 20 aggtggcaag caagaattgg ccgtgtagct ggaacaaaag atctttactt gggaacattc 1080
 gcaaccgagg aggaagcagc agaggcatat gatattgcag ccattaagtt cagagggtgca 1140
 aacgcggtaa ccaactttga gatgaataga tatgatgagg aagctataat gaagagttct 1200
 cttccagtgg gtggggcagc aaagcgttg aagctttccc ttgaatcaga gcagaaagct 1260
 cttcctgtga gcagcagcag cagcagcaat caacagcaga atccacagtg tggaaacgtg 1320
 agtgccagca tcaatttctc atccattcat cagccaattg cttctatccc ttgtggaatt 1380
 25 ccctttgatt caacaacagc atattatcat cacaacctt tccaacattt taccctacc 1440
 aacgctggca cagcagcgtc tgctgttact tctgccaatg caaatgcact aactgcactg 1500
 ccaccaacag cagcagctga gttctttatt tggcctcatc agtcttattg a 1551

<210> 24
 <211> 516
 <212> PRT
 <213> Glycine max

30 <400> 24
 Met Ala Arg Ala Ser Thr Asn Trp Leu Ser Phe Ser Leu Ser Pro Met
 1 5 10 15
 35 Glu Met Leu Arg Thr Pro Glu Pro Gln Phe Val Gln Tyr Asp Ala Ala
 20 25 30
 Ser Asp Thr Ser Ser His His Tyr Tyr Leu Asp Asn Leu Tyr Thr Asn
 35 40 45
 40 Gly Trp Gly Asn Gly Ser Leu Lys Phe Glu Gln Asn Leu Asn His Ser
 50 55 60
 Asp Val Ser Phe Val Glu Ser Ser Ser Gln Ser Val Ser His Ala Pro
 65 70 75 80
 45 Pro Lys Leu Glu Asp Phe Leu Gly Asp Ser Ser Ala Val Met Arg Tyr
 85 90 95

50

RU 2 385 347 C2

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

50

Glu Gln Lys Ala Leu Pro Val Ser Ser Ser Ser Ser Ser Asn Gln Gln
 420 425 430

Gln Asn Pro Gln Cys Gly Asn Val Ser Ala Ser Ile Asn Phe Ser Ser
 435 440 445

Ile His Gln Pro Ile Ala Ser Ile Pro Cys Gly Ile Pro Phe Asp Ser
 450 455 460

Thr Thr Ala Tyr Tyr His His Asn Leu Phe Gln His Phe His Pro Thr
 465 470 475 480

Asn Ala Gly Thr Ala Ala Ser Ala Val Thr Ser Ala Asn Ala Asn Ala
 485 490 495

Leu Thr Ala Leu Pro Pro Thr Ala Ala Ala Glu Phe Phe Ile Trp Pro
 500 505 510

His Gln Ser Tyr
 515

<210> 25
 <211> 2088
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

<400> 25
 gatagattgc agttttcaaaa gaacccaact caacttcaaaa aoccataat aatctctctt 60
 tgacattcat aaaaaacaca caccatggac tcttgttcat caccgcaaaa caacaactcc 120
 ctcgctttct ctcttttcaa tcactttccc aacccttctt cctctcccct ctcccttttc 180
 cactccttca cctatccatc tctctctctc acaggaagcc acacggcgga tgcacctcct 240
 gagccatcg cgggcgagg agcgaccaac ctctccatat tcaccggcgc cccaagtcc 300
 gaggactttc tgggcggttc ctccgcaaca gccaccgcca ccacgtgtgc accgccacag 360
 ctccgcagt tctccaccga caacaacaac cacctgtaag attcggagct gaagacaaca 420
 atagccggt gcttccctcg cgcttttgcc gccgaaccaa ccaccgaacc tcagaaaccc 480
 tctccaaaga aaaccgtcga caccttcggc caacgcacct ccactctacc cggcgtcacc 540
 cgacaatgat ggacgggaag atacgaagct catctatggg acaatagttg tagaagagaa 600
 ggccaaagca ggaaaggaag acaagtttac ctgggtggtt atgacaagga agataaggca 660
 gccagggctt acgatctcgc agctctcaag tactgggggtc caactaccac caccaacttt 720
 cccatttcca actatgagaa ggaactggag gagatgaaga acatgaccag gcaagagttt 780
 gttgcttctc tacgaaggaa gagcagtggt ttctctaggg gggcctctat atacagagga 840
 gtgacgagac accaccagca tggccgatgg caggcgagaa taggcagagt tgccggaaac 900
 aaagacctct accttggaac ttccagcacc caagaagaag ctgctgaggc ctatgacatt 960
 gctgctatca aattcagggg attaaatgca gtcacaaaact ttgacatgag tcgctacgat 1020
 gtaaagagca ttgcaaatag cactcttcca attggagggt tatctggcaa gaacaagaac 1080
 tccacagatt ctgcatctga gagcaagagc cacgaggcaa gccgatccga cgaacgagat 1140
 ccacagcgg ctccatccgt gacctttgca tcacagcaac agccttcgag ctccacctta 1200
 agctttgcca taccatttaa gcaagaccct tcagattact ggtccatcct ggggtacat 1260
 aattctcccc ttgacaacac tggcatcagg aacactacta gtgttactgc aacttctttt 1320
 ccacctcca acaatggcac tactagtagt ttgacaccct tccacatgga attctcaaat 1380
 gccccacaa gtaccggcag tgataacgat gccgcgtttt tcagtggagg aggcactctt 1440
 gttcagcaac aaagtgggtca tggtaatggt catggaagtg gaagcagtgg ttccctcctc 1500
 tcttctttaa gctgttcaat cccattcgcc acgcccactt tttctctaaa tagcaatact 1560
 agttatgaga acagtgctgg ttatggaaac tggattggac ctaccctgca cacattccaa 1620
 tccatgcaa aaccaagtct ctttcaaacg ccaatatttg gaatggaatg agctcatgca 1680
 cgaggtggga tgagaatctg tgcatataat gatgaaaggg gaagggcaat agtgggtgat 1740
 gtgttttagc atgcaaaaaga agcaaggacg aactagtacc tttagctgat gcagtatattg 1800

50

aatgagttgg actgacagtc ataatttcat gagaagcgtg gctataccta gcagcagctg 1860
 acaactgtact aactcaaagt tccttttgta tgttttggat gaattttctt ttttttcttt 1920
 ttcgccccct ttttagcttt ttgtccctgt taatatactg acatcatttc aaatgagtat 1980
 aatgggaaga aaaaagaaaa tccttttgta atcccccttc atctcatttt tgtttagtatt 2040
 aaaaacttgc tataatctatg cgaaaggcat tcaatgccta tatataga 2088

5

<210> 26
 <211> 1587
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

10

<400> 26
 atggactctt gttcatcacc gccaaacaac aactccctcg ctttctctct tccaatcac 60
 tttccaacc ctctctctc tccctctcc cttttccact ccttcacctt tccatctctc 120
 tctctcacag gaagccacac gggggatgca cctcctgagc ccatcgccgg cggaggagcg 180
 accaacctct ccatattcac cggcgcccc aagttcgagg actttctggg cggttcctcc 240
 gcaacagcca ccgccaccac gtgtgcaccg ccacagcttc cgcagttctc caccgacaac 300
 aacaaccacc tgtacgattc ggagctgaag acaacaatag ccgctgtgct cctcgcgcc 360
 tttgcccggc aaccaaccac cgaacctcag aaacctctc caaagaaaac cgtcgacacc 420
 ttcggccaac gcacctccat ctaccgccc gtcacccgac atagatggac ggaagatac 480
 gaagctcatc tatgggacaa tagttgtaga agagaaggcc aaagcaggaa aggaagacaa 540
 gtttacctgg gtggttatga caaggaagat aaggcagcca ggggttacga tctcgcagct 600
 ctcaagtact ggggtccaac taccaccacc aactttcca tttccaacta tgagaaggaa 660
 ctggaggaga tgaagaacat gaccaggcaa gagttgttg cttctctacg aaggaagagc 720
 agtggttctc ctaggggggc ctctatatac agaggagtga cgagacacca ccagcatggc 780
 cgatggcagg cgagaatagg cagagttgcc ggaacaaaag acctctacct tggaaacttc 840
 agcacccaag aagaagctgc tgaggcctat gacattgctg ctatcaaatt caggggatta 900
 aatgcagtca caaactttga catgagtcgc tacgatgtaa agagcattgc aaatagcact 960
 cttccaattg gaggtttatc tggcaagaac aagaactcca cagattctgc atctgagagc 1020
 aagagccacg aggcaagccg atccgacgaa cgagatccat cagcggcttc atccgtgacc 1080
 tttgcatcac agcaacagcc ttcgagctcc accttaagct ttgccatacc cattaagcaa 1140
 gacccttcag attactgggc catcctgggg taccataatt ctccccttga caaactggc 1200
 atcaggaaca ctactagtgt tactgcaact tcttttccat cctccaacaa tggcaactact 1260
 agtagtttga cacccttcca catggaattc tcaaatgccc ccacaagtac cggcagtgat 1320
 aacgatgccg cgtttttcag tggaggagge atctttgttc agcaacaaag tggctatggc 1380
 aatggtcatg gaagtggag cagtggttcc tcctctctt ctttaagctg ttcaatcca 1440
 ttcgccacgc ccatcttttc tctaaatagc aatactagtt atgagaacag tgctggttat 1500
 ggaaactgga ttggacctac cctgcacaca tccaatccc atgcaaaacc aagtctcttt 1560
 caaacgcca tttttggaat ggaatga 1587

35

<210> 27
 <211> 528
 <212> PRT
 <213> Glycine max

40

<400> 27
 Met Asp Ser Cys Ser Ser Pro Pro Asn Asn Asn Ser Leu Ala Phe Ser
 1 5 10 15

Leu Ser Asn His Phe Pro Asn Pro Ser Ser Ser Pro Leu Ser Leu Phe
 20 25 30

45

His Ser Phe Thr Tyr Pro Ser Leu Ser Leu Thr Gly Ser His Thr Ala
 35 40 45

Asp Ala Pro Pro Glu Pro Ile Ala Gly Gly Gly Ala Thr Asn Leu Ser
 50 55 60

50

RU 2 385 347 C2

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

50

5 cttgaatcag agcagaaaagc tcctcctgtg aacagcagca gtcagcagca gaatccacag 1440
 tgtggtaacg tgagtggtag catcaatttc tcagccattc atcagccaat tgcttcaatc 1500
 ccttgtggaa ttccgtttga ttcaacaaca gcatattatc ctcacaacct tttccaacat 1560
 tttcaccccta ccaacgctgg tgcagcagcg tctgctgtta cttctgcaa tgcaacogca 1620
 ctaactgcac tgccagcatc agcagcaact gagttcttta tttggcctca tcagtottat 1680
 tga 1683

<210> 29

<211> 1542

<212> ДНК

<213> Glycine max

<400> 29

15 atggctcgtg cttcgactaa ctggctatcg ttctctctct ccccatgga aatgctccga 60
 acccccgaac ctgagttcgt tcaatacagac gccgcttcg acacttctc gcatcactac 120
 tacctcgaca acttgtagac caacgggtgg ggaacggga gcctcaagtt tgagcagaat 180
 ctgaaccaca gcgacgtgag ttctggtgaa tcgctcgtcg agagcgtcag ccacgcgccg 240
 ccgaagctgg aggattttct cggcgactcc tccgctgtta tgcgttactc cgacagccag 300
 acggagacgc aggactcgtc gctgacgcac atctacgacc accaccacca ccaccaccac 360
 caccaccacc acggttcttc tgcgtaactc gccggtgacc accaggatct caaggccatt 420
 actggattcc aagctttttc gactaactct ggctccgagg ttgatgattc tgcacgac 480
 ggaagggcgc aggtgagcac gttcgggact cactctattg agtctccgt caacgagttc 540
 gccgcgttct ccggtgagcac caacaccggg ggaaccttgt cgctcgccgt cgcgcagagc 600
 20 tccgagaagg ccgtcgctgc tgcggcggag tccgatcgct cgaagaaggt tgtggatacc 660
 ttccggccagc ggacttctat atacagaggt gtcactaggc accgatggac aggaagatat 720
 gaagcgcac tatgggacaa tagttgcaga agggagggtc aagccagaaa agggcgtcaa 780
 gtttatttgg gtggatatga taaggaagaa aaggccgcga gagcttatga tttggcagct 840
 ctaaagtact ggggtcccac tgctaccacc aacttccctg tttccaatta ttcgaaggaa 900
 25 gtggaggaga tgaacatgt aacaaagcaa gaatttattg catcattgag gaggaaaagt 960
 agtggtttct ccaggggagc ttccatatac agaggtgtta caaggcatca tcaacagggt 1020
 aggtggcaag caagaattgg ccgtgtagct ggaacaaaag atttatactt gggaacattc 1080
 gcaaccgagg aggaagcagc agaggcatat gatattgag ccataaagtt cagagggtgca 1140
 aacgcggtaa ccaactttga gatgaataga tatgatgg aagctataat gaagagttct 1200
 cttccagtgg gtggggcagc aaaacgcttg aggtttccc ttgaatcaga gcagaaagct 1260
 30 cctcctgtga acagcagcag tcagcagcag aatccacagt gtggtaacgt gagggttagc 1320
 atcaatttct cagccattca tcagccaatt gcttcaatcc cttgtggaat tccgtttgat 1380
 tcaacaacag catattatcc tcacaacctt ttccaacatt ttcaccctac caacgctggg 1440
 gcagcagcgt ctgctgttac ttctgccaat gcaaccgcac taactgcact gccagcatca 1500
 gcagcaactg agttctttat ttggcctcat cagtcttatt ga 1542

<210> 30

<211> 513

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 30

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

50

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

50

RU 2 385 347 C2

	370		375		380	
	Asn Phe Glu Met	Asn Arg Tyr Asp Val Glu Ala	Ile Met Lys Ser Ser			
	385	390	395		400	
5	Leu Pro Val Gly	Gly Ala Ala Lys Arg Leu Arg	Leu Ser Leu Glu Ser			
		405	410		415	
	Glu Gln Lys Ala	Pro Pro Val Asn Ser Ser Ser	Gln Gln Gln Asn Pro			
		420	425		430	
10	Gln Cys Gly Asn	Val Ser Gly Ser Ile Asn Phe Ser	Ala Ile His Gln			
		435	440		445	
	Pro Ile Ala Ser	Ile Pro Cys Gly Ile Pro Phe Asp	Ser Thr Thr Ala			
		450	455		460	
15	Tyr Tyr Pro His	Asn Leu Phe Gln His Phe His Pro	Thr Asn Ala Gly			
		465	470		475	480
	Ala Ala Ala Ser	Ala Val Thr Ser Ala Asn Ala Thr	Ala Leu Thr Ala			
		485	490		495	
20	Leu Pro Ala Ser	Ala Ala Thr Glu Phe Phe Ile Trp	Pro His Gln Ser			
		500	505		510	
	Tyr					
25	<210> 31					
	<211> 2388					
	<212> ДНК					
	<213> Glycine max					
	<400> 31					
30	ccttgctgta gctaaacaac	aaaaaccaag tcttcattgg	taacaagaag attattattt	60		
	ttatatgatt tgtttattta	tcacccaatg attgactttg	cctagctgca gctgctacga	120		
	gagaagatac tgctggtggt	ggtgctagca atagcaagt	taaagttcaa acctttttca	180		
	agtaatttat aagttgagaa	agaaaagaaa aaaccaagaa	aaaaagaagc aaagatgaag	240		
	tccatgaatg atagtaacac	cgttgatgat gggacaatc	ataataactg gttgggattc	300		
	tctctctcac cccacatgaa	aatggatggt gttacttctt	ctactaccac tggtoctcat	360		
35	catccccacc aacaccatca	tcatcatcac tactatcatc	accctcacga ggcttctgct	420		
	gcagcttgca acaacaacia	caacactggt cccactaact	tctatatgtc accctcgcac	480		
	ctcaacacct ctggaatatg	ttatggtggt ggagaaaaca	gtgcctttca cactcctttg	540		
	gccatgatgc ctctcaagtc	agatgggtca ctttgcatta	tggaggctct aacaagatca	600		
	caaaccctaaa tgatggtgcc	aaotctcatct ccaaaaactg	aggacttctt aggtggtgca	660		
	actatggggg ctcaagacta	tggaacccat gagagagaag	caatggctct aagcctagac	720		
40	agtatctact acagcaacca	gaatgctgaa cctgaaacca	acagggacca ttcactctct	780		
	cttgaccttc tttctgacca	tttcaggcac caaacccatc	atcacccata ttactcagga	840		
	cttgggattt accaagtgga	ggaagaagaa accaaggaac	aaccacacgt tgcagtttgc	900		
	agctcccaaa tgcctcaagt	ggttgaaggc agcattgctt	gcttcaaaaa ctgggtgcca	960		
	acaagggaaat actcttcttc	ttccactcag cagaatctgg	agcagcatca agtgaatagt	1020		
	agtagcagtg gtggccttgg	agaggataat aatgtagctt	atgggaatgt tgggtttggt	1080		
	agtagtggtg gttgtggtga	gttacagtct ttgagtttgt	ctatgagtoc tggttctcaa	1140		
45	tcaagctgtg tcaactgttcc	aactcagatc tcatcttctg	gaactgactc agttgctgtg	1200		
	gatgccaaaa agagaggctc	ttctaagctt ggacagaagc	aacctgtgca taggaaatcc	1260		
	atcgacacat ttggtcaaag	aacttctcag tatagaggtg	tcacaaggca tagatggact	1320		
	ggtagatatg aagcacattt	gtgggataac agttgcaaga	aggaagggca aacaaggaaa	1380		

50

5
 10
 15

```

ggacgcacaag tgtatTTggg TggTtatgat atggaagaga aagctgcaag ggcttatgat 1440
cttgcggctc tcaagtattg gggaccttca acacacataa acttcccgct agaaaattac 1500
caaaactcaac ttgaagaaat gaagaatatg agtaggcagg aatacgtggc ccacttgaga 1560
agaaagagta gtgggttttc aaggggtgcc tcaatgtaca gaggagtgac aaggcaccac 1620
caacatggca ggtggcaagc aaggataggg agagttgcag gaaataagga cctttatctt 1680
gggacattca gcaactcaaga ggaagcagct gaagcatatg atgtagctgc aatcaaattt 1740
cgtgggggtga atgctgtcac caactttgac atatcaagat acgacgttga gagaataatg 1800
gccagcaaca cccttctagc tggagagcta gctagaagaa acaagaacag tgagccaaga 1860
accgaggcca tagagtacaa tgttTgtTca agccaacaag tcataagcaa caggggaagaa 1920
gttcacgaga ctgtgaacaa caacaacaat aataatagtT aaaatggTtc atcatcagat 1980
tggaagatga gtttTtatca tcatcagcaa cagtcaaaca actgtgacca gaaaaccatc 2040
aagtTgaaa attataatag aggtTgtTct gctttctctg Tgtccctaca agatctcatt 2100
gggattgact cagtaggatc tagccaaggg atgatggatg agtctactaa gatagggact 2160
catttttcaa acccttctcTc gctggTcacc agtttaagca gctcaagggg aggtagccct 2220
gataaaatgg gccccacttt gctcattcca aagcctccaa TggggTcaaa gattgttact 2280
agccctactg ttgccaatgg Tgtcactgtt ggctctTggT tccctctca aatgaggcca 2340
gtctcaatgt ctcactTgcc agttttTgtc gctTggagtg atgcctag 2388
    
```

<210> 32
 <211> 2154
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

20
 25
 30
 35
 40
 45
 50

```

<400> 32
atgaagtcca tgaatgatag taacaccgTt gatgatggga acaatcataa taactggTtg 60
ggattctctc totcaccoca catgaaaatg gatgtTgtta cttcttctac taccactggT 120
cctcatcatc cccaaccaaca ccatcatcat catcactact atcatcacc taccgaggct 180
tctgtTgcag cttgcaacaa caacaacaac actgttcca ctaacttcta tatgtcacc 240
tcgcacctca acacctctgg aatatgttat ggtgtTggag aaaacagtgc ctttcacact 300
cctttggcca Tgatgcctct caagtcagat ggtcacttt gcattatgga ggctctaaca 360
agatcacaaa cccaaatgat ggtgccaact tcatctccaa aactTgagga ctTcctaggt 420
ggtgcaacta Tgggggctca agactatgga acccatgaga gagaagcaat ggctctaagc 480
ctagacagta tctactacag caaccagaat gctgaacctg aaaccaacag ggaccattca 540
tcttctctTg accttcttTc Tgaccattc aggcaccaa cccatcatca cccatattc 600
tcaggactTg ggatttacca agTggaggaa gaagaaacca aggaacaacc caactTgca 660
gtttgcagct cccaaatgcc tcaagtggTt gaaggcagca TtgctTgctt caaaaactgg 720
gtgccaacaa gggaaactc tcttcttcc actcagcaga atctggagca gcatcaagtT 780
aatagtagta gcagtggTgg cctTggagag gataaataatg tagcttatgg gaatgtTggT 840
gtTggtagta gtgtTggTtg TggTgagTta cagtctTtga gttTgtctat gagtctggT 900
tctcaatcaa gctgtTcac Tgttccaact cagatctcat cttctggaac TgactcagTt 960
gctgtTgatg ccaaaaagag aggctcttct aagctTggac agaagcaacc Tgtgcatagg 1020
aaatccatcg acacattTgg tcaagaact tctcagtata gaggtTgcac aaggcataga 1080
TggactggTa gatatgaagc acattTgtgg gataacagTt gcaagaagga agggcaaca 1140
aggaaaggac gacaagtTgT tTgggtggTt tatgatatgg aagagaaagc Tgcaagggct 1200
tatgatctTg cggctctcaa gtattgggga ccttcaacac acataaactt cccgctagaa 1260
aattaccaaa ctcaactTga agaaatgaag aatagagTa ggcaggaata cgtggcccac 1320
ttgagaagaa agagtagtgg gtttTcaagg ggtgcctcaa Tgtacagagg agTgcaagTg 1380
caccaccaac atggcaggtg gcaagcaagg ataggcagag Ttgcaggaaa taaggacctt 1440
tatctTggga cattcagcac tcaagaggaa gcagctgaag catatgatgt agctgcaatc 1500
aaattTcgtg gggTgaatgc Tgtcaccaac tTtgacatat caagatacga cgtTgagaga 1560
ataatggcca gcaacaccct tctagctgga gagctagcta gaagaaacaa gaacagtTgag 1620
ccaagaaccg aggccataga gtacaatgtt gtgtcaagcc aacaagTcat aagcaacagT 1680
gaagaagTtc acgagactgt gaacaacaac aacaataata atagtGaaaa TggTtcatca 1740
tcagattgga agatgagTtt gtatcatcat cagcaacagT caaacaactg Tgaccagaaa 1800
accatcaagT gtgaaaatta taatagaggt ggtgctgctt tctctgtTc cTacaagat 1860
ctcattggga TtgactcagT aggatctagc caagcatga TggatgagTc tactaagata 1920
gggactcatt tttcaaacc tctctgctg gTcagcagTt taagcagctc aagggaaagT 1980
agccctgata aaatgggccc cactttgtc attccaaagc ctccaatggg Tcaaaagatt 2040
    
```


RU 2 385 347 C2

	260					265					270					
	Asn	Val	Ala	Tyr	Gly	Asn	Val	Gly	Val	Gly	Ser	Ser	Val	Gly	Cys	Gly
			275					280					285			
5	Glu	Leu	Gln	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Met	Ser	Pro	Gly	Ser	Gln	Ser	Ser
		290					295					300				
	Cys	Val	Thr	Val	Pro	Thr	Gln	Ile	Ser	Ser	Ser	Gly	Thr	Asp	Ser	Val
	305					310					315					320
10	Ala	Val	Asp	Ala	Lys	Lys	Arg	Gly	Ser	Ser	Lys	Leu	Gly	Gln	Lys	Gln
					325										335	
	Pro	Val	His	Arg	Lys	Ser	Ile	Asp	Thr	Phe	Gly	Gln	Arg	Thr	Ser	Gln
				340					345						350	
15	Tyr	Arg	Gly	Val	Thr	Arg	His	Arg	Trp	Thr	Gly	Arg	Tyr	Glu	Ala	His
			355					360						365		
	Leu	Trp	Asp	Asn	Ser	Cys	Lys	Lys	Glu	Gly	Gln	Thr	Arg	Lys	Gly	Arg
		370					375					380				
20	Gln	Val	Tyr	Leu	Gly	Gly	Tyr	Asp	Met	Glu	Glu	Lys	Ala	Ala	Arg	Ala
	385						390					395				400
	Tyr	Asp	Leu	Ala	Ala	Leu	Lys	Tyr	Trp	Gly	Pro	Ser	Thr	His	Ile	Asn
				405						410					415	
25	Phe	Pro	Leu	Glu	Asn	Tyr	Gln	Thr	Gln	Leu	Glu	Glu	Met	Lys	Asn	Met
				420					425					430		
	Ser	Arg	Gln	Glu	Tyr	Val	Ala	His	Leu	Arg	Arg	Lys	Ser	Ser	Gly	Phe
			435					440					445			
30	Ser	Arg	Gly	Ala	Ser	Met	Tyr	Arg	Gly	Val	Thr	Arg	His	His	Gln	His
			450				455					460				
	Gly	Arg	Trp	Gln	Ala	Arg	Ile	Gly	Arg	Val	Ala	Gly	Asn	Lys	Asp	Leu
	465						470					475				480
35	Tyr	Leu	Gly	Thr	Phe	Ser	Thr	Gln	Glu	Glu	Ala	Ala	Glu	Ala	Tyr	Asp
				485								490				495
	Val	Ala	Ala	Ile	Lys	Phe	Arg	Gly	Val	Asn	Ala	Val	Thr	Asn	Phe	Asp
				500					505					510		
40	Ile	Ser	Arg	Tyr	Asp	Val	Glu	Arg	Ile	Met	Ala	Ser	Asn	Thr	Leu	Leu
			515					520					525			
	Ala	Gly	Glu	Leu	Ala	Arg	Arg	Asn	Lys	Asn	Ser	Glu	Pro	Arg	Thr	Glu
			530					535					540			
45	Ala	Ile	Glu	Tyr	Asn	Val	Val	Ser	Ser	Gln	Gln	Val	Ile	Ser	Asn	Arg
	545						550					555				560
	Glu	Glu	Val	His	Glu	Thr	Val	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn	Ser	Glu
				565						570					575	
50																

RU 2 385 347 C2

Asn Gly Ser Ser Ser Asp Trp Lys Met Ser Leu Tyr His His Gln Gln
 580 585 590

Gln Ser Asn Asn Cys Asp Gln Lys Thr Ile Lys Cys Glu Asn Tyr Asn
 595 600 605

Arg Gly Gly Ala Ala Phe Ser Val Ser Leu Gln Asp Leu Ile Gly Ile
 610 615 620

Asp Ser Val Gly Ser Ser Gln Gly Met Met Asp Glu Ser Thr Lys Ile
 625 630 635 640

Gly Thr His Phe Ser Asn Pro Ser Ser Leu Val Thr Ser Leu Ser Ser
 645 650 655

Ser Arg Glu Gly Ser Pro Asp Lys Met Gly Pro Thr Leu Leu Ile Pro
 660 665 670

Lys Pro Pro Met Gly Ser Lys Ile Val Thr Ser Pro Thr Val Ala Asn
 675 680 685

Gly Val Thr Val Gly Ser Trp Phe Pro Ser Gln Met Arg Pro Val Ser
 690 695 700

Met Ser His Leu Pro Val Phe Ala Ala Trp Ser Asp Ala
 705 710 715

<210> 34
 <211> 2259
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

<400> 34

atgaagagta tggaaaatga tgacaatgct gaccttaata atcaaaacaa ttggttgggt 60
 ttctcactct ctctcaaat gcataatata ggagtttctt cacactcaca accttctct 120
 gctgctgaag tggttcctac aagcttttac caccacactg ctccacttag tagctatgg 180
 ttctactatg gacttgaagc tgaaaatggt ggattgtatt cagctttgoc aatcatgccc 240
 ctcaaatctg atggctctct ctatggattg gaaactttaa gcaggtcaca agcacaagca 300
 atggctacta cttcaacacc aaaactggag aacttcttag gtggggaagc catggggacc 360
 cctcatcact acgaatgtag tgccacagaa acaatgcctc tgagcttaga cagtgttttt 420
 tacatccaac cctcacgccc tgacccaaat aataaccaa cctaccaaaa ccatgttcaa 480
 cacattagca ccaaccaaca acaacaacag caagagcttc aagcatatta ctctacctg 540
 agaaaccatg atatgatatt agaaggggtca aagcaaagcc aaacttctga caacaacaat 600
 cttcatgttc aaaacatggg tggatgatgat gccgttctctg ttcttggcct caagagttgg 660
 gaagtgagga acttccaagc tagccatgca catgagtcaa agatgattgt tctcatgtg 720
 gaggaaaatg ctggtgaatc aggggtccatt ggatcaatgg cttatgggtga cttgcaatcg 780
 ttgagcttgt ccatgagtcc tagctctcag tctagcagtg tcacaagttc tcaccogtgc 840
 tcacctgctg tcggtgatcc tgttgccatg gatactaaga aaagggggcc tgaaaaggtt 900
 gaccagaagc aaattgttca taggaagtcc attgacacct ttggacaaag aacctcccag 960
 tatagaggag taacaaggca taggtggact gggagatatg aagctcatct ttgggacaac 1020
 agctgcaaga aagaggggca aagcaggaaa ggaagacaag tttatctagg gggttatgat 1080
 atggaagaaa aagctgagag agcttatgat ctagcggcac tcaagtattg gggaccctcc 1140
 actcacataa actttccttt ggaaaattat caaatgaac ttgaggaaat gaagaacatg 1200
 actagacaag agtatgttgc tcatttgaga agaaaaagca gccgattctc aagaggggct 1260
 tccatgtaca gaggagtaac aagacaccac caacatggaa ggtggcaagc tcgaattggg 1320
 agagtggctg gaaacaaaga tctatatctt ggaaccttta gtacacaaga ggaagcagct 1380
 gaagcctatg atattgctgc tataaaatc cgaggagcga atgctgtaac caactttgac 1440
 atcacaagat atgatgtgga gaaaatcatg gcaagcagca acctccttag cagttagcta 1500

gctaggcgca accgagagac ggacaatgaa actcagtgca ttgatcaaaa tcacaataag 1560
 ccttctgcat atgaggacac tcaagaagct attctaattgc accagaagag ctgtgagagc 1620
 gaaaatgac agtgggaagat ggttctctac caatcctctc agcaacttga gcagaatcca 1680
 ccaacaattg agagtgacag aactaaccag tccttcgcag tggctttgga caacatgttt 1740
 catcaggaag tagaggaatc aagtaaggcg aggacgcatg tgtcaaatcc ttcttcattg 1800
 5 gccacaagtt tgagcagctc aagagaagggt agccctgata ggacaagctt gccaatgctc 1860
 tctggaatgc cttcaactgc atcaaaacta ttggctacta atccaaataa cgtgaattct 1920
 tgggaccctt caccocattt gaggccagca cttactttgc ctcaaagcc agtttttgca 1980
 gcttggacag atgcatagtt catagctcaa tagtcctttt aattttttgt tctctcaagt 2040
 gaaatctcaa tcctttttta ttgtcttttt ttgcatgcat gaacaacaca agaggaaggg 2100
 10 gttgtagcta gtcaaatgga ggttctaaat attatatcat cacatcactg tcagcaagtt 2160
 taatttaaac tttcaaatca tccgacacgc agcggccgct ctagaggatc caagcttaag 2220
 tacgcgtgca tgcgacgtca tagctcttct ataggcacc 2259

<210> 35
 <211> 1998
 15 <212> ДНК
 <213> Glycine max

<400> 35
 atgaagagta tggaaaatga tgacaatgct gaccttaata atcaaaacaa ttggttgggt 60
 ttctcactct ctctcaaat gcataatata ggagtttctt cacactcaca accttctct 120
 20 gctgctgaag tggttcctac aagcttttac caccacactg ctccacttag tagctatggt 180
 ttctactatg gacttgaagc tgaaaatggt ggattgtatt cagctttgcc aatcatgccc 240
 ctcaaatctg atggctctct ctatggattg gaaactttaa gcaggtcaca agcacaagca 300
 atggctacta cttcaacacc aaaactggag aacttcttag gtggggaagc catggggacc 360
 cctcatcact acgaatgtag tgccacagaa acaatgcctc tgagcttaga cagtgttttt 420
 tacatccaac cctcaacacc tgacccaaat aataaccaaa cctaccaaaa ccatgttcaa 480
 25 cacattagca ccaaccaaca acaacaacag caagagcttc aagcatatta ctctaccttg 540
 agaaaccatg atatgatatt agaagggtca aagcaaagcc aaacttctga caacaacaat 600
 cttcatgttc aaaacatggg tggtgatgat gccgttctctg ttcttggcct caagagttgg 660
 gaagtgagga acttccaagc tagccatgca catgagtcaa agatgattgt tctcatgtg 720
 gaggaaaatg ctggtgaatc agggctcatt ggatcaatgg cttatgggtga cttgcaatcg 780
 ttgagcttgt ccatgagtc tagctctcag tctagcagtg tcacaagttc tcaccgtgct 840
 30 tcacctgctg tcggtgatcc tgttgccatg gatactaaga aaagggggcc tgaaaagggt 900
 gaccagaagc aaattggtca taggaagtcc attgacacct ttggacaaag aacctcccag 960
 tatagaggag taacaaggca taggtggact gggagatatg aagctcatct ttgggacaac 1020
 agctgcaaga aagaggggca aagcaggaaa ggaagacaag tttatctagg gggttatgat 1080
 atggaagaaa aagctgagag agcttatgat ctagcggcac tcaagtattg gggaccctcc 1140
 actcacataa actttccttt ggaaaattat caaatgaac ttgaggaaat gaagaacatg 1200
 35 actagacaag agtatgttgc tcaattgaga agaaaaagca gcggattctc aagaggggct 1260
 tccatgtaca gaggagtaac aagacaccac caacatggaa ggtggcaagc tcgaattggt 1320
 agagtggctg gaaacaaaga tctatatctt ggaaccttta gtacacaaga ggaagcagct 1380
 gaagcctatg atattgctgc tataaaatcc cgaggagcga atgctgtaac caactttgac 1440
 atcacaagat atgatgtgga gaaaatcatg gcaagcagca acctccttag cagtgaagta 1500
 gctaggcgca accgagagac ggacaatgaa actcagtgca ttgatcaaaa tcacaataag 1560
 40 ccttctgcat atgaggacac tcaagaagct attctaattgc accagaagag ctgtgagagc 1620
 gaaaatgac agtgggaagat ggttctctac caatcctctc agcaacttga gcagaatcca 1680
 ccaacaattg agagtgacag aactaaccag tccttcgcag tggctttgga caacatgttt 1740
 catcaggaag tagaggaatc aagtaaggcg aggacgcatg tgtcaaatcc ttcttcattg 1800
 gccacaagtt tgagcagctc aagagaagggt agccctgata ggacaagctt gccaatgctc 1860
 tctggaatgc cttcaactgc atcaaaacta ttggctacta atccaaataa cgtgaattct 1920
 tgggaccctt caccocattt gaggccagca cttactttgc ctcaaagcc agtttttgca 1980
 45 gcttggacag atgcatag 1998

<210> 36
 <211> 665

50

<212> PRT
 <213> Glycine max

<400> 36

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

RU 2 385 347 C2

	290		295		300														
	Ile	Val	His	Arg	Lys	Ser	Ile	Asp	Thr	Phe	Gly	Gln	Arg	Thr	Ser	Gln			
	305					310					315					320			
5	Tyr	Arg	Gly	Val	Thr	Arg	His	Arg	Trp	Thr	Gly	Arg	Tyr	Glu	Ala	His			
					325					330					335				
	Leu	Trp	Asp	Asn	Ser	Cys	Lys	Lys	Glu	Gly	Gln	Ser	Arg	Lys	Gly	Arg			
				340					345					350					
10	Gln	Val	Tyr	Leu	Gly	Gly	Tyr	Asp	Met	Glu	Glu	Lys	Ala	Ala	Arg	Ala			
			355					360					365						
	Tyr	Asp	Leu	Ala	Ala	Leu	Lys	Tyr	Trp	Gly	Pro	Ser	Thr	His	Ile	Asn			
	370						375					380							
15	Phe	Pro	Leu	Glu	Asn	Tyr	Gln	Asn	Glu	Leu	Glu	Glu	Met	Lys	Asn	Met			
	385					390					395					400			
	Thr	Arg	Gln	Glu	Tyr	Val	Ala	His	Leu	Arg	Arg	Lys	Ser	Ser	Gly	Phe			
				405						410					415				
20	Ser	Arg	Gly	Ala	Ser	Met	Tyr	Arg	Gly	Val	Thr	Arg	His	His	Gln	His			
				420					425					430					
	Gly	Arg	Trp	Gln	Ala	Arg	Ile	Gly	Arg	Val	Ala	Gly	Asn	Lys	Asp	Leu			
			435					440					445						
25	Tyr	Leu	Gly	Thr	Phe	Ser	Thr	Gln	Glu	Glu	Ala	Ala	Glu	Ala	Tyr	Asp			
	450						455					460							
	Ile	Ala	Ala	Ile	Lys	Phe	Arg	Gly	Ala	Asn	Ala	Val	Thr	Asn	Phe	Asp			
	465					470					475					480			
30	Ile	Thr	Arg	Tyr	Asp	Val	Glu	Lys	Ile	Met	Ala	Ser	Ser	Asn	Leu	Leu			
				485						490					495				
	Ser	Ser	Glu	Leu	Ala	Arg	Arg	Asn	Arg	Glu	Thr	Asp	Asn	Glu	Thr	Gln			
				500					505					510					
35	Cys	Ile	Asp	Gln	Asn	His	Asn	Lys	Pro	Ser	Ala	Tyr	Glu	Asp	Thr	Gln			
			515					520					525						
	Glu	Ala	Ile	Leu	Met	His	Gln	Lys	Ser	Cys	Glu	Ser	Glu	Asn	Asp	Gln			
	530						535					540							
40	Trp	Lys	Met	Val	Leu	Tyr	Gln	Ser	Ser	Gln	Gln	Leu	Glu	Gln	Asn	Pro			
	545					550					555					560			
	Pro	Thr	Ile	Glu	Ser	Asp	Arg	Thr	Asn	Gln	Ser	Phe	Ala	Val	Ala	Leu			
					565					570					575				
45	Asp	Asn	Met	Phe	His	Gln	Glu	Val	Glu	Glu	Ser	Ser	Lys	Ala	Arg	Thr			
				580					585					590					
	His	Val	Ser	Asn	Pro	Ser	Ser	Leu	Ala	Thr	Ser	Leu	Ser	Ser	Ser	Arg			
			595					600					605						

50

RU 2 385 347 C2

Glu Gly Ser Pro Asp Arg Thr Ser Leu Pro Met Leu Ser Gly Met Pro
 610 615 620

Ser Thr Ala Ser Lys Leu Leu Ala Thr Asn Pro Asn Asn Val Asn Ser
 625 630 635 640

Trp Asp Pro Ser Pro His Leu Arg Pro Ala Leu Thr Leu Pro Gln Met
 645 650 655

Pro Val Phe Ala Ala Trp Thr Asp Ala
 660 665

<210> 37
 <211> 2125
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

<400> 37
 atgaagcgca taaatgagag taacaacacc gatgatggaa acaatcataa ctgggtgggg 60
 ttctctctct caccacacat gaaaatggag gctacttcag cagccactgt tccgacaacc 120
 ttctacatgt ccccttctca atctcacttg tccaacttcg gaatgtgtta cgggtgcgga 180
 gaaaatggta acttccattc tccacttacg gttatgcctc tcaagtctga tgggtcactt 240
 tgtatcttgg aagctctcaa aagatcacia acgcaagtga tggtgccaac ttcgtctccg 300
 aaattggagg actttctagg tggtgcaact atgggaactc acgaatatgg aagccacgag 360
 agaggtttga gcctagacag catctattat aactcccaaa acgcagaggc tcaacccaac 420
 agagaccttc ttccacaacc cttcaggcaa caaggtcata tgagtgtcca aacacacct 480
 tattactcag gccttgcttg ccatggttta tatcaagcac cgttggagga agaaacaaca 540
 aaggaaacgc acgtgtcgga ttgcagctcc ctaatgcctc aaatgacaga aggcttgaaa 600
 aactgggtgg ctccaacaag ggagttttca actcaccagc aggttttggg gcagcaaagt 660
 aattgtggca tggggaatga gagaaatggg gtgtctttag gatctgtggg gtgtggagag 720
 ttacagtctc taagcttatc tatgagtcct ggttctcagt ctagtgtgtg cactgctcct 780
 tctggaacag attctgttgc tgtggatgca aagaagagag ggcatgctaa acttggtcag 840
 aagcagcctg tgcatagaaa atctatcgac acatttgggc aaagaacctc gcagtataga 900
 ggtgtcaciaa ggcatagatg gactggtagg tatgaagcgc atttgtggga taatagttgc 960
 aagaaggaag ggcaaactag gaaaggacga caagtgtatt tgggggggta tgatatggag 1020
 gagaaagctg caagagccta tgatctcgcg gcccttaagt actggggacc ttcaacgcat 1080
 ataaactttt cgatagagaa ttaccaagtt caacttgagg aaatgaagaa catgagcaga 1140
 caggaatcag ttgcacactt gagaagaaaa agcagcgggt tttctagagg tgcttcaata 1200
 tacagagggg tcacaaggca tcaccaacat ggaagatggc aagcagggat aggcagagtt 1260
 gctgggaaca aagaccttta ccttgggacg ttcagcacc aagaggaagc agcagaagca 1320
 tacgatgtag cggcgatcaa atttcgoggc gcaaatgcag tcacaaactt tgacatttca 1380
 agatacgatg tggagagaat catggccagt agcaatctcc tcgctgggga gcttgcgaagg 1440
 cgtaagaaag ataacgatcc tagaaacaag gacatagact acaacaagag tgtagtaaca 1500
 agtgtgaaca atgaggaaac ggttcaagtt caagcaggaa acaacaataa tgaaaacgac 1560
 tcagagtgga agatggtttt atttaaccac ccttcacagc agcaacaggc aaatggcaat 1620
 ggcagtgacc aaaaaataat gaactgtgga aattacagaa acagtgcatt ttctatggcc 1680
 ctacaagatc ttattgggat tgattcggtg ggttctgggc agcataatat gctggacgag 1740
 tctagcaaaa ttgggactca tttttcaaac acgtcatcgc tggtgacaag ttttaagcagc 1800
 tcaagagagg ctagtccctga gaaaaggggt ccctcgcttc tgttcccaat gcctccaatg 1860
 gaaacaaaga ttgtgaaccc cattggtaacc agtgttacct cttggctacc ctccaacag 1920
 gttcaaatga ggcttctcc tgctatctct ttgtctcact tgccagtttt tgcttcttgg 1980
 actgatactt aaatggagat aggcacggtc catttttcat gttatgttat gtaactaaaa 2040
 tttacttttt tccttcactt tttatttcta atttgatttc ctaagtttaa aagctttaa 2100
 taaaaaaaaa aaaaaaaccc aacca 2125

<210> 38
 <211> 1992

<212> ДНК
 <213> Glycine max

<400> 38

5 atgaagcgca taaatgagag taacaacacc gatgatggaa acaatcataa ctggttgggg 60
 ttctctctct caccoccat gaaaaatggag gctacttcag cagccactgt tccgacaacc 120
 ttctacatgt ccccttctca atctcacttg tccaacttcg gaatgtgtta cgggtgcgga 180
 gaaaaatggta acttccattc tccacttacg gttatgcctc tcaagtctga tgggtcactt 240
 tgtatcttgg aagctctcaa aagatcacaa acgcaagtga tggtgccaac ttcgtctocg 300
 aaattggagg actttctagg tggtgcaact atgggaactc acgaatatgg aagccaacgag 360
 agaggtttga gcctagacag catctattat aactcccaa acgcagaggc tcaacccaac 420
 10 agagaccttc tttcacaacc cttcaggcaa caaggtcata tgagtgtcca aacacacct 480
 tattactcag gccttgcttg ccatggttta tatcaagcac cgttgaggga agaaacaaca 540
 aaggaaacgc acgtgtcggg ttgcagctcc ctaatgcctc aaatgacaga aggcttgaaa 600
 aactgggtgg ctccaacaag ggagttttca actcaccagc aggttttggg gcagcaaatg 660
 aattgtggca tggggaatga gagaaatggg gtgtctttag gatctgtggg gtgtggagag 720
 ttacagtctc taagcttatt tatgagctct ggttctcagt ctagtgtgtg cactgctcct 780
 15 tctggaacag attctgttgc tgtggatgca aagaagagag ggcatgctaa acttggtcag 840
 aagcagcctg tgcatagaaa atctatcgac acatttgggc aaagaacctc gcagtataga 900
 ggtgtcacia ggcatagatg gactggtagg tatgaagcgc atttgtggga taatagttgc 960
 aagaaggaag ggcaactag gaaaggacga caagtgtatt tggggggtta tgatatggag 1020
 gagaaagctg caagagccta tgatctcgcg gcccttaagt actggggacc ttcaacgcag 1080
 ataaactttt cgatagagaa ttaccaagtt caacttgagg aaatgaagaa catgagcaga 1140
 20 caggaatagc ttgcacactt gagaagaaaa agcagcgggt tttctagagg tgcttcaata 1200
 tacagagggg tcacaaggca tcaccaacat ggaagatggc aagcagggat aggcagagtt 1260
 gctgggaaca aagaccttta ccttgggacg ttcagcacc aagaggaagc agcagaagca 1320
 tacgatgtag cggcgatcaa atttcgcggc gcaaatgcag tcacaaaactt tgacatttca 1380
 agatacgatg tggagagaat catggccagt agcaatctcc tcgctgggga gcttgcaagg 1440
 cgtaagaaag ataacgatcc tagaaacaag gacatagact acaacaagag tgtagtaaca 1500
 25 agtgtgaaca atgaggaaac ggttcaagtt caagcaggaa acaacaataa tgaaaacgac 1560
 tcagagtgga agatggtttt atttaaccac ccttcacagc agcaacaggc aaatggcaat 1620
 ggcagtgacc aaaaaataat gaactgtgga aattacagaa acagtgcatt ttctatggcc 1680
 ctacaagatc ttattgggat tgattcgggtg ggttctgggc agcataatat gctggacgag 1740
 tctagcaaaa ttgggactca tttttcaaac acgtcatcgc tggtgacaag ttttaagcagc 1800
 tcaagagagg ctagtcctga gaaaaggggt ccctcgcttc tgttccaat gcctccaatg 1860
 30 gaaacaaaga ttgtgaaccc cattggtacc agtgttacct cttggctacc ctcaacaacg 1920
 gttcaaatga ggcttctcc tgctatctct ttgtctcact tgccagttt tgcttcttgg 1980
 actgatactt aa 1992

<210> 39
 <211> 663
 35 <212> PRT
 <213> Glycine max

<400> 39

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

50

RU 2 385 347 C2

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

50

RU 2 385 347 C2

Ala His Leu Arg Arg Lys Ser Ser Gly Phe Ser Arg Gly Ala Ser Ile
 385 390 395 400

5 Tyr Arg Gly Val Thr Arg His His Gln His Gly Arg Trp Gln Ala Arg
 405 410 415

Ile Gly Arg Val Ala Gly Asn Lys Asp Leu Tyr Leu Gly Thr Phe Ser
 420 425 430

10 Thr Gln Glu Glu Ala Ala Glu Ala Tyr Asp Val Ala Ala Ile Lys Phe
 435 440 445

Arg Gly Ala Asn Ala Val Thr Asn Phe Asp Ile Ser Arg Tyr Asp Val
 450 455 460

15 Glu Arg Ile Met Ala Ser Ser Asn Leu Leu Ala Gly Glu Leu Ala Arg
 465 470 475 480

Arg Lys Lys Asp Asn Asp Pro Arg Asn Lys Asp Ile Asp Tyr Asn Lys
 485 490 495

20 Ser Val Val Thr Ser Val Asn Asn Glu Glu Thr Val Gln Val Gln Ala
 500 505 510

Gly Asn Asn Asn Asn Glu Asn Asp Ser Glu Trp Lys Met Val Leu Phe
 515 520 525

25 Asn His Pro Ser Gln Gln Gln Gln Ala Asn Gly Asn Gly Ser Asp Gln
 530 535 540

Lys Ile Met Asn Cys Gly Asn Tyr Arg Asn Ser Ala Phe Ser Met Ala
 545 550 555 560

30 Leu Gln Asp Leu Ile Gly Ile Asp Ser Val Gly Ser Gly Gln His Asn
 565 570 575

Met Leu Asp Glu Ser Ser Lys Ile Gly Thr His Phe Ser Asn Thr Ser
 580 585 590

35 Ser Leu Val Thr Ser Leu Ser Ser Ser Arg Glu Ala Ser Pro Glu Lys
 595 600 605

Arg Gly Pro Ser Leu Leu Phe Pro Met Pro Pro Met Glu Thr Lys Ile
 610 615 620

Val Asn Pro Ile Gly Thr Ser Val Thr Ser Trp Leu Pro Ser Pro Thr
 625 630 635 640

40 Val Gln Met Arg Pro Ser Pro Ala Ile Ser Leu Ser His Leu Pro Val
 645 650 655

Phe Ala Ser Trp Thr Asp Thr
 660

45 <210> 40
 <211> 1458
 <212> ДНК
 <213> Oryza sativa

50

<400> 40
 ggctctctct cctcctcctc acctgcacct gcaccaacgc gagagatcat ggcgaagaga 60
 tcgtctcctg atcctgcatc atcttctcca tctgcatcat cctcgccgctc gtctccttcc 120
 tcctcttctc ccgaggattc ctcttcgccc atgtcgatgc cctgcaagag gagggcgagg 180
 ccgaggacgg agaagagcac cggcaaggcc aagaggcca agaaggagag caaggagtg 240
 5 gctgatcctt cttccaatgg cggcgcgggc ggcaagagga gttctatcta caggggagtc 300
 accaggcatc ggtggactgg cagatttgag gccatctgt gggacaagaa ttgctcact 360
 tcacttcaga acaagaagaa agggaggcaa gtctatttgg gggcttatga tagtgaggaa 420
 gcagctgctc gtgcatatga ccttgcaget cttaaagtact ggggtcctga gacagtgtc 480
 aatttcccac tggaggaata tgagaaggag aggtcggaga tggagggcgt gtcgagggag 540
 gagtacctgg cctcctcctc ccgcccggagc agcggtttct ccaggggtgt ctccaagtac 600
 10 agaggcggtg ccaggcatca ccacaatggg cgggtgggagg cacggatagg gcgggtcctg 660
 ggaacaagt acctctacct gggtactttc gatactcaag aggaggcagc caaggcctat 720
 gatcttgctg caattgaata ccgagggtgc aatgvcggtaa ccaacttoga catcagctgc 780
 tacctggacc agccacagt actggcacag tgcacaacagg aaccacagtt actggcaca 840
 ctgcaacaag agctacaggt ggtgccagca ttacatgaag agcctcaaga tgatgaccga 900
 agtgagaatg cagtccaaga gctcagttcc agtgaagcaa atacatcaag tgacaacaat 960
 15 gagccacttg cagccgatga cagcgtgaa tgcataatg aacctctcc aattgttgat 1020
 ggcattgaag aaagcctctg gagccttgc ttggattatg aattggatac aatgcctggg 1080
 gcttacttca gcaactcgat gaatttcagt gaatggttca atgatgaggc tttcgaaggc 1140
 ggcattggag acctatttga aggggtgctcc agtataactg aaggcggcaa cagcatggat 1200
 aactcaggtg tgacagaata caatttgttt gaggaaatgca atatgttggga gaaggacatt 1260
 tcagattttt tagacaagga catttcagat tttttagata aggacatttc aatttcagat 1320
 20 agggagcgaa tatctcctca agcaaaacaat atctcctgcc ctcaaaaaat gatcagtggtg 1380
 tgcaactgaa ttctctctgt gtgcgtgttt ctgggtgttg aaaatcttga gatatacagg 1440
 gaagttttca ggttttta 1458

<210> 41
 25 <211> 1341
 <212> ДНК
 <213> *Oryza sativa*

<400> 41
 atggcgaaga gatcgtctcc tgatcctgca tcactctctc catctgcate atcctcgccg 60
 30 tcgtctcctt cctcctcttc ctccgaggat tcctcttctc ccatgtogag gccctgcaag 120
 aggaaggcga ggcggaggac ggagaagagc accggcaagg ccaagaggcc caagaaggag 180
 agcaaggagg tggctgatcc ttcttccaat ggcggcggcg gcggcaagag gatttctatc 240
 tacaggggag tcaccaggca tcggtggact ggcagatttg aggcccatct gtgggacaag 300
 aattgctcca cttcacttca gaacaagaag aaaggaggc aagtctattt gggggcttat 360
 gatagtgagg aagcagctgc tcgtgcatat gaccttgag ctcttaagta ctggggctct 420
 gagacagtgc tcaatttccc actggaggaa tatgagaagg agaggtcgga gatggagggc 480
 35 gtgtcgaggg aggagtacct ggcctcctc gcggcggga gcagcggttt ctccaggggt 540
 gtctccaagt acagaggcgt tgccaggcat caccacaatg ggcgggtggga ggcacggata 600
 gggcgggtcc tggggaacaa gtacctctac ctgggtactt tcgatactca agaggaggca 660
 gccaaaggct atgatcttgc tgcaattgaa taccgagggt ccaatgcggt aaccaacttc 720
 gacatcagct gctacctgga ccagccacag ttactggcac agctgcaaca ggaaccacag 780
 ttactggcac aactgcaaca agagctacag gtggtgccag cattaatga agagcctcaa 840
 40 gatgatgacc gaagtgagaa tgcagtccaa gagctcagtt ccagtgaagc aaatacatca 900
 agtgacaaca atgagccact tgcagccgat gacagcgtg aatgcatgaa tgaacctctt 960
 ccaattgttg atggcattga agaaagcctc tggagcctt gcttgatta tgaattggat 1020
 acaatgcctg gggcttactt cagcaactcg atgaatttca gtgaatggtt caatgatgag 1080
 gctttcgaag gcggcatgga gtacctattt gaagggtgct ccagtataac tgaaggcggc 1140
 aacagcatgg ataactcagg tgtgacagaa tacaatttgt ttgaggaatg caatagtgtg 1200
 45 gagaaggaca tttcagattt ttagacaag gacatttcag attttttaga taaggacatt 1260
 tcaatttcag atagggagcg aatatctcct caagcaaaaca atatctcctg ccctcaaaaa 1320
 atgatcagtg tgtgcaactg a 1341

50

<210> 42
 <211> 446
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa

5 <400> 42
 Met Ala Lys Arg Ser Ser Pro Asp Pro Ala Ser Ser Ser Pro Ser Ala
 1 5 10 15

Ser Ser Ser Pro Ser Ser Pro Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Ser Ser
 20 25 30

10 Ser Pro Met Ser Met Pro Cys Lys Arg Arg Ala Arg Pro Arg Thr Glu
 35 40 45

Lys Ser Thr Gly Lys Ala Lys Arg Pro Lys Lys Glu Ser Lys Glu Val
 50 55 60

15 Ala Asp Pro Ser Ser Asn Gly Gly Gly Gly Lys Arg Ser Ser Ile
 65 70 75 80

Tyr Arg Gly Val Thr Arg His Arg Trp Thr Gly Arg Phe Glu Ala His
 85 90 95

20 Leu Trp Asp Lys Asn Cys Ser Thr Ser Leu Gln Asn Lys Lys Lys Gly
 100 105 110

Arg Gln Val Tyr Leu Gly Ala Tyr Asp Ser Glu Glu Ala Ala Ala Arg
 115 120 125

25 Ala Tyr Asp Leu Ala Ala Leu Lys Tyr Trp Gly Pro Glu Thr Val Leu
 130 135 140

Asn Phe Pro Leu Glu Glu Tyr Glu Lys Glu Arg Ser Glu Met Glu Gly
 145 150 155 160

30 Val Ser Arg Glu Glu Tyr Leu Ala Ser Leu Arg Arg Arg Ser Ser Gly
 165 170 175

Phe Ser Arg Gly Val Ser Lys Tyr Arg Gly Val Ala Arg His His His
 180 185 190

35 Asn Gly Arg Trp Glu Ala Arg Ile Gly Arg Val Leu Gly Asn Lys Tyr
 195 200 205

Leu Tyr Leu Gly Thr Phe Asp Thr Gln Glu Glu Ala Ala Lys Ala Tyr
 210 215 220

40 Asp Leu Ala Ala Ile Glu Tyr Arg Gly Ala Asn Ala Val Thr Asn Phe
 225 230 235 240

Asp Ile Ser Cys Tyr Leu Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ala Gln Leu Gln
 245 250 255

45 Gln Glu Pro Gln Leu Leu Ala Gln Leu Gln Gln Glu Leu Gln Val Val
 260 265 270

Pro Ala Leu His Glu Glu Pro Gln Asp Asp Asp Arg Ser Glu Asn Ala

50

RU 2 385 347 C2

	275		280		285
	Val Gln Glu Leu Ser Ser Ser Glu Ala Asn Thr Ser Ser Asp Asn Asn				
	290		295		300
5	Glu Pro Leu Ala Ala Asp Asp Ser Ala Glu Cys Met Asn Glu Pro Leu				
	305		310		315
	Pro Ile Val Asp Gly Ile Glu Glu Ser Leu Trp Ser Pro Cys Leu Asp				
			325		330
					335
10	Tyr Glu Leu Asp Thr Met Pro Gly Ala Tyr Phe Ser Asn Ser Met Asn				
			340		345
					350
	Phe Ser Glu Trp Phe Asn Asp Glu Ala Phe Glu Gly Gly Met Glu Tyr				
			355		360
					365
15	Leu Phe Glu Gly Cys Ser Ser Ile Thr Glu Gly Gly Asn Ser Met Asp				
			370		375
					380
	Asn Ser Gly Val Thr Glu Tyr Asn Leu Phe Glu Glu Cys Asn Met Leu				
			385		390
					395
20	Glu Lys Asp Ile Ser Asp Phe Leu Asp Lys Asp Ile Ser Asp Phe Leu				
			405		410
					415
	Asp Lys Asp Ile Ser Ile Ser Asp Arg Glu Arg Ile Ser Pro Gln Ala				
			420		425
					430
25	Asn Asn Ile Ser Cys Pro Gln Lys Met Ile Ser Val Cys Asn				
			435		440
					445

<210> 43
 <211> 1845
 <212> ДНК
 <213> Oryza sativa

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1643)
 <223> а, с, г, т, неизвестное или другое

<400> 43
 cgagctcgga tccactagta acggccgcca gtgtgctgga attcgccctt aagcagtggg 60
 aacaacgcag agtacgcggg gagaaaataa taataagaag aacagattgt ataactctggg 120
 gtatthttct cccaacttt cctctctcgg tttcccggag aaatttcttg ttgtttcccg 180
 40 catcactccc cactgagccg cctccttgct cgccgctcgc gttcgtcgtc gtctcgtcgt 240
 ttccacaatc aatttgacgt cgcccctatt tatgtcctgc ctcggtagtt gattcctccc 300
 catttctggt gcctctcgcg gttgtggtaa togacgctgt aggatttttt tcttcttctt 360
 cttttggggtc ttccgaggag gctcgggat ctttcgtccc catcgatccc ttccggccac 420
 ggacatttcg tgggtagagc gattgattgg tggcttaggg ttaatattgg gcaggaaatg 480
 gagagctctt tgaagagga gaaggctgcg ggcgaatcag gggatgatga gaaggcggag 540
 45 aggagctccc ctatcaatct gaattcgttg ccagcaactg cggcgtgtgc ggcgaccgcc 600
 ccggatgagg atggcttgca ctctgcagtg gactcaggag ctaaggattc gaacaccacg 660
 aagggagttg agtctcttg tactgggtcac aagaagatcc cgaaacgtga ggtagttgat 720
 gaagttgatg ttcagacctg tgccgaagga aagaacgatt cagtgggtcc ttcaagcagc 780
 aagaacccta tcaatgataa gaatgcaaaag gcaaatgtgg cagagaaatgg acagtctgct 840

50

gatggtatcc ctgaggatca gagagttact attccttagtg ttgtcaagaa ggatgagcct 900
 gctgatgatg ttagagattc agttaatcct gtaacagtcg taggttatag agatgagaag 960
 ggtggaacta gtggtactgc tggaactacg gctgtgcgac ctgcaggcac ccggtcatct 1020
 agtttccatg gtgtgaccag gcatagatgg agtggaaaat atgaagctca tctgtgggac 1080
 agttcgtgca gaatggaagg gcggaagaaga aaggggaaggc aagtttattt aggaagtat 1140
 5 gataccgagg aaaaagctgc caggtcatat gatgttgag ctcttaaata ctggggccaa 1200
 aatacaaacg tgaatttctc ggtttcagaa tacgaaaggg aactggagga cataagggac 1260
 atgtctcgag aggaatgcgt aacataccta agaagaagaa gtagctgctt ctcaagaggg 1320
 gcttctatct atagaggagt tactagaagg cagaaagatg ggaggtggca ggacgcata 1380
 ggactgggtg ctggaacaag agacatttac ctgggaactt tcaaaactga ggaagaagca 1440
 gcgagggtt acgacattgc tgctattgag atccgtggca aaaatgcggt gaccaacttt 1500
 10 gatcgaagca actacatgga gaagggtatg cactgtatag aaggggcagg cttgaagctg 1560
 cttgcgtcta agccagaatg aaaacttgac ttggtggagc cgcacgcac attaggggtg 1620
 tttcagtcac atttggagct tantggtaca tacagatata actggttgca gcttgtaaat 1680
 atctctcggt tataatctac aaattacagc tcaattttcg attgactagc aaattcgtct 1740
 cagcaagaaa gattttgagc atgtattata ggttgagtag ggtagatctg tacaacacct 1800
 gagcaactca atatttatgt tctgctcaat ataacctatc attcc 1845

15

<210> 44
 <211> 1104
 <212> ДНК
 <213> Oryza sativa

20

<400> 44
 atggagagct ctttgaaaga ggagaaggct gcgggcgaat caggggatga tgagaaggcg 60
 gagaggagct cccctatcaa totgaattcg ttgccagcaa ctgcggcgtg tgccggcgacc 120
 gccccggatg aggatggctt gcaactgca gtggagtcag gagctaagga ttcgaacacc 180
 acgaagggag ttgagtctct tggactggt cacaagaaga tcccgaacg tgaggtagtt 240
 25 gatgaagttg atgttcagac ctgtgccgaa ggaaagaacg attcagtggc cccttcaagc 300
 agcaagaacc ctatcaatga taagaatgca aaggcaaatg tggcagagaa tggacagtct 360
 gctgatggta tcctgagga tcagagagtt actattctta gtgttgtaa gaaggatgag 420
 cctgctgatg atgttagaga ttcagttaat cctgtaacag tcgtaggtta tagagatgag 480
 aaggggtgaa ctagtggtag tgctggaact acggctgtgc gacctgcagg caccgggtca 540
 tctagtttcc atggtgtgac caggcataga ttgagtgaa aatatgaagc tcatctgttg 600
 30 gacagttcgt gcagaatgga agggcggaga agaaaggaa ggcaagtta ttaggaagt 660
 tatgataccg aggaaaaagc tgccaggcca tatgatgttg cagctcttaa atactggggc 720
 caaaatacaa agctgaattt ctcggtttca gaatacgaaa gggaaactgga ggacataagg 780
 gacatgtctc gagaggaatg cgtaacatac ctaagaagaa gaagtagctg cttotcaaga 840
 ggggcttcta tttatagagg agttactaga aggcagaaag atgggaggtg gcaggcacgc 900
 ataggactgg ttgctggaac aagagacatt tacctgggaa ctttcaaac tgaggaagaa 960
 gcagcggagg cttacgacat tgctgctatt gagatccgtg gcaaaaatgc ggtgaccaac 1020
 35 tttgatcgaa gcaactacat ggagaagggt atgcactgta tagaaggggc aggcttgaag 1080
 ctgcttgctg ctaagccaga atga 1104

40

<210> 45
 <211> 367
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa

45

<400> 45
 Met Glu Ser Ser Leu Lys Glu Glu Lys Ala Ala Gly Glu Ser Gly Asp
 1 5 10 15
 Asp Glu Lys Ala Glu Arg Ser Ser Pro Ile Asn Leu Asn Ser Leu Pro
 20 25 30
 Ala Thr Ala Ala Cys Ala Ala Thr Ala Pro Asp Glu Asp Gly Leu His

50

RU 2 385 347 C2

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

50

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (961)
 <223> а, с, г, т, неизвестное или другое

5

<400> 47
 atggccagcg gcgggcggcag cagcaactgg ttaggcttct cgctctcccc gcacatgccg 60
 gccatggagg tgccgtcctc ctctgagcca tcgactgctg ctcatcatca tcatcatcat 120
 catccacctg ctgctgctgc tgctgccgga gccatgtcgt ctctctccga cagcgccacg 180
 acctgcaact tcctctttctc cctcctgca gcacagatgg tcgctccttc acctggctac 240
 tactacgtcg gcgggcgcta cggagacggg accagaccg ccggcgtcta ctactcgcac 300
 ctccctgtca tgccatcaaa gtccgatggc tcctctgca tcatggaagg catgatgccg 360
 tcgtcatcgc caaagctcga ggacttcttg ggggtgtggca atggcagtggt ccatgaccgc 420
 gccacctact atagccaggg ccaagaagca gaggatgcaa gcagggcggc ctaccagcac 480
 caccagctag tccctacaa ctaccagcca ttgacggaag cagagatgct gcaagaggcc 540
 gcagcggcgc caatggagga cgcaatggcg gcggccaaga acttctctgt caccagctac 600
 ggcgctgct acggcaacca ggagatgccg cagccgctca gcctctccat gagcccagg 660
 tcccagcca gcagctgcgt cagtgcagct ccccagcagc atcagcagat ggcggtggtc 720
 gctgcagctg ctgctgctgg tgatggccag ggaagcaaca gtaatgacgg tggcgagcag 780
 cgtgtcggga agaagagggg caccgggaaa gggggccaaa agcagcctgt tcaccggaag 840
 tccattgaca cgtttgggca gaggacatcg cagtataggg gcgtcaccag gcacaggtgg 900
 actggaagat atgaagccca cctctgggat aacagttgca aaaaggatgg acagacaagg 960
 naagggagg caagtatac taggtggtta gacactgaag ataaagctgc gagggttat 1020
 gatctggctg cgctgaaata ctgggggcta tctacgcata taaatttccc gttagaaaac 1080
 taccgagatg agatcgagga gatggaaagg atgacaaggc aagaatatgt tgcgcaactg 1140
 agaaggagaa gcagcggggt ctctcgcgt gcttccatct accggggagt aacaaggcat 1200
 caccagcatg gaagatggca agctcggatt ggcaggggtg ctggcaaca ggacttgtat 1260
 ctcggaactt tcagcactca agaagaagca gcagaggcat acgacattgc tgccatcaag 1320
 ttccgtggcc tgaacgcggt gacgaacttt gacatcacia ggtacgacgt ggacaagatc 1380
 atggagagca gctcgtctgt gcctggtgag gcagcgcgta aggtgaaggc gatcgaggca 1440
 gcgcccggacc atgtgccaat aggcgcgag ctoggtgcca ccgaggaagc gagcgtgct 1500
 actgtcacgg gcaccgactg gagaatggtg ctccatggat cacagcagca gcaagctgca 1560
 gcgtgcaccg aagcaacggc agatcttcag aagggttca tgggtgacgc gcaactcggct 1620
 ctccacggca ttgtcgggtt cgacgtcgag tcggcggcag ctgacgagat cgatgtcccg 1680
 ggagggaga tcaatggcat caacttctcg aactcgtctt cgctggtgac tagcctgagc 1740
 aactcgaggg aggggagccc tgagaggtt ggctcgcga tgetctacgc caagcatcat 1800
 cccaccgccc tcagcctcgc cgccatgaac ccttgatgc cgatgccggc gccggccgca 1860
 gctcagtgga tgaggccgc gagtgccatt gctcatctcc ctgttttgc agcctggaca 1920
 gatgcttaa 1929

35

<210> 48
 <211> 642
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

40

<220>
 <221> модифицированный аминокислотный остаток
 <222> (321)
 <223> изменяемая аминокислота

45

<400> 48
 Met Ala Ser Gly Gly Gly Ser Ser Asn Trp Leu Gly Phe Ser Leu Ser
 1 5 10 15
 Pro His Met Pro Ala Met Glu Val Pro Ser Ser Ser Glu Pro Ser Thr
 20 25 30

50

RU 2 385 347 C2

Ala Ala His His His His His His His Pro Pro Ala Ala Ala Ala Ala
 35 40 45

Ala Gly Ala Met Ser Ser Pro Pro Asp Ser Ala Thr Thr Cys Asn Phe
 50 55 60

Leu Phe Ser Pro Pro Ala Ala Gln Met Val Ala Pro Ser Pro Gly Tyr
 65 70 75 80

Tyr Tyr Val Gly Gly Ala Tyr Gly Asp Gly Thr Ser Thr Ala Gly Val
 85 90 95

Tyr Tyr Ser His Leu Pro Val Met Pro Ile Lys Ser Asp Gly Ser Leu
 100 105 110

Cys Ile Met Glu Gly Met Met Pro Ser Ser Ser Pro Lys Leu Glu Asp
 115 120 125

Phe Leu Gly Cys Gly Asn Gly Ser Gly His Asp Pro Ala Thr Tyr Tyr
 130 135 140

Ser Gln Gly Gln Glu Ala Glu Asp Ala Ser Arg Ala Ala Tyr Gln His
 145 150 155 160

His Gln Leu Val Pro Tyr Asn Tyr Gln Pro Leu Thr Glu Ala Glu Met
 165 170 175

Leu Gln Glu Ala Ala Ala Ala Pro Met Glu Asp Ala Met Ala Ala Ala
 180 185 190

Lys Asn Phe Leu Val Thr Ser Tyr Gly Ala Cys Tyr Gly Asn Gln Glu
 195 200 205

Met Pro Gln Pro Leu Ser Leu Ser Met Ser Pro Gly Ser Gln Ser Ser
 210 215 220

Ser Cys Val Ser Ala Ala Pro Gln Gln His Gln Gln Met Ala Val Val
 225 230 235 240

Ala Ala Ala Ala Ala Ala Gly Asp Gly Gln Gly Ser Asn Ser Asn Asp
 245 250 255

Gly Gly Glu Gln Arg Val Gly Lys Lys Arg Gly Thr Gly Lys Gly Gly
 260 265 270

Gln Lys Gln Pro Val His Arg Lys Ser Ile Asp Thr Phe Gly Gln Arg
 275 280 285

Thr Ser Gln Tyr Arg Gly Val Thr Arg His Arg Trp Thr Gly Arg Tyr
 290 295 300

Glu Ala His Leu Trp Asp Asn Ser Cys Lys Lys Asp Gly Gln Thr Arg
 305 310 315 320

Xaa Gly Lys Ala Ser Ile Ser Arg Trp Leu Asp Thr Glu Asp Lys Ala
 325 330 335

Ala Arg Ala Tyr Asp Leu Ala Ala Leu Lys Tyr Trp Gly Leu Ser Thr

50

<210> 49
 <211> 2084
 <212> ДНК
 <213> Triticum aestivum

5 <400> 49
 atttcgtatt aataaaacga gcactattht atthttctac tgtatthttac tcttgggtgta 60
 gtgctgccag aaaccgctgc aggtggtagc agtaaaagat ccagcaaata tccgatgggt 120
 tcagagcgcc agtgcgggcg ogcoctgtca agcgcgagat aaaatccgcc ggacccccgc 180
 gatthccccc actccgctgt tctctctctcg atthgtccaa atctthttgt ctctctctcc 240
 accggcgatt agthttgtgt thccggcatc actccgcaact aggcgcgccc tcgcccgcgc 300
 10 tggcctcgtc gthttcttcc ccaattccgc ogccccaccc cgcccgatat thattthctg 360
 cctcggtatc catttccgtt gatagattht tccagctthc gctgcctcgc cgttgctgct 420
 aatattccgcg ctgggatatt tcttctthttg cthttcttggc cgcgcggctc ggcccgtccc 480
 actggaggcc tccgatctt tcgatcgcgg cgcagcggcg gctcaagata gttcgtgaat 540
 aggaaggctg ataggtaggt tagggthttg ggagthgttt thgtctctgc tccagtacat 600
 agatgatgaa atccggggag gaagthtagtc agggtcagca aatgaacggt thtggggagg 660
 15 agaaagctgc tggggaatct ggggatggtc ggaagatcga gaggagccct tccatcaatc 720
 tgaattcctt gcctgcaatt gccctgcca ctacggagat tgggtctctg cactgtgcag 780
 tggagtcaga ggccaacgat gcaagcactc agaagggaga tgagthcagt ggcactgatc 840
 agaagaaggc cccgaagaat gaggaggthg atgaaggthg agthcaggcc tgtgcagatg 900
 tgaagagcca ctcggttgac cthttgaata gcgagaacca tgccggggag aaggatgctt 960
 tggtaactgt gccagaaaat gagggtthgt cggatggthg cgataattat aagggagthc 1020
 20 aagthtctcag cattgtcaaa aaggacgagth ctgaggaath thgtgattct athaatctg 1080
 tgacggthgc ggagthataga gaggagaagg gcaccgcgg thtctactct gcaattactg 1140
 cggthcgcag acctggctcc cgtctactct gthttccatgg thtgaccag cataggthga 1200
 gtgggaaata tgaagctcat thtggggaca gtactthcag agthagaagga cggagaagga 1260
 aaggaaagca agthttattht ggaagthtag atactgagca aaaagctgcc agggcatatg 1320
 atgthtcagc thttaaathc thtggactaa atacaaagct gaactthtca atthcggaat 1380
 25 atgagaagga actggcggac atacaagaca thgtctccaga ggaatgtgtg acatactggg 1440
 aaggggggag tagthgtctc tcaagagggg cgtctattht cagaggagth acaaggaggc 1500
 agaaagatgg tccgatggcag gcacgcatag gactgattgc tggaaactaga gacattthacc 1560
 thggaacttht caaaactgag gaagaagccg cagaagctta tgatattgct gccatcagaga 1620
 tacgcggcaa aatgcggtg accaactthg acagaagcaa ctacatggac aggggcatgc 1680
 atthgataga aggcgcaggg thtgaagctgc thtgaaccaa gccagaatag thacctgatt 1740
 30 ggcactcgtat atthgaacaga thtggthtggc cgtatthttg agctagthg thacatacaga 1800
 tagaagaact ggtcgcagcc thtctattatc cgtgctgta thgattcttca gattatath 1860
 agthtctthtca gatagaatht cagthaatht ccatgctthg thtccagaca agatthttgac 1920
 catgcattac thttatagth thtthtaggct agagthtcag tggaaagatg thcttctatt 1980
 cacatgtcta aatcggagaa thcgtthttac thtctaaagth thgatgctthg thttaatgaaa 2040
 tathcaagthg thtthtccaa aaaaaaaaaa aaaaaagcgg ccgc 2084

35 <210> 50
 <211> 1128
 <212> ДНК
 <213> Triticum aestivum

40 <400> 50
 atgatgaaat ccgggggagga agthtagthcag ggtcagcaaa tgaacggtht thtggaggag 60
 aaagctgctg gggaaatctgg ggatggthcgg aagatcagaga ggagccctc catcaatctg 120
 aatthctthgc ctgcaattgc cctgcccact accgagatth gtgtctthgca ctgtgcagthg 180
 gactcagagg ccaacgatgc aagcactcag aaggagatg agthccagthg cactgatcag 240
 aagaaggthc cgaagaatga ggagthtgat gaagthgaag thcaggcctg thcagatgthg 300
 45 aagagccact cggthtgacc thtgaatagc gagaaccatg ccggggagaa ggatgctthg 360
 gthactgtgc cagaaaatga gggthgtgthg gatggthggc athaattataa gggagthtcaa 420
 gthctcagca thgtcaaaaa ggacgagthc gaggaathg thgattctat thaatctgthg 480
 acgthtgcg agthatagaga ggagaagggc accgcggth ctactthctgc aattactgthg 540

50

gtgcgagcac ctggctcccg ctcatcttgt ttccatgggtg tgaccaggca taggtggagt 600
 gggaaatatg aagctcattt gtgggacagt acttgcagag tagaaggacg gagaaggaaa 660
 ggaaagcaag tttatttagg aagttatgat actgagcaaa aagctgccag ggcataatgat 720
 gttgcagctc ttaaattctt tggactaaat acaaagctga acttctcaat ttcggaatat 780
 gagaaggaac tggcggacat acaagacatg tctccagagg aatgtgtgac ataactgaga 840
 5 aggaggagta gttgcttctc aagaggggcg tctatttaca gaggagttac aaggaggcag 900
 aaagatggtc gatggcaggc acgcatagga ctgattgctg gaactagaga catttacctt 960
 ggaactttca aaactgagga agaagccgca gaagcttatg atattgctgc catcgagata 1020
 cgcggcaaaa atgcggtgac caactttgac agaagcaact acatggacag gggcatgcat 1080
 tgtatagaag gcgcagggtt gaagctgctt gcaaccaagc cagaatag 1128

10

<210> 51
 <211> 375
 <212> PRT
 <213> Triticum aestivum

15

<400> 51
 Met Met Lys Ser Gly Glu Glu Val Ser Gln Gly Gln Gln Met Asn Gly
 1 5 10 15

Phe Val Glu Glu Lys Ala Ala Gly Glu Ser Gly Asp Gly Arg Lys Ile
 20 25 30

20

Glu Arg Ser Pro Ser Ile Asn Leu Asn Ser Leu Pro Ala Ile Ala Pro
 35 40 45

Ala Thr Thr Glu Ile Gly Val Leu His Cys Ala Val Glu Ser Glu Ala
 50 55 60

25

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

Lys Lys Val Pro Lys Asn Glu Glu Val Asp Glu Gly Glu Val Gln Ala
 85 90 95

30

Cys Ala Asp Val Lys Ser His Ser Val Asp Pro Leu Asn Ser Glu Asn
 100 105 110

His Ala Gly Glu Lys Asp Ala Leu Val Thr Val Pro Glu Asn Glu Gly
 115 120 125

35

Cys Ala Asp Gly Gly Asp Asn Tyr Lys Gly Val Gln Val Leu Ser Ile
 130 135 140

Val Lys Lys Asp Glu Ser Glu Glu Ile Val Asp Ser Ile Asn Pro Val
 145 150 155 160

40

Thr Val Ala Glu Tyr Arg Glu Glu Lys Gly Thr Ala Gly Ser Thr Ser
 165 170 175

Ala Ile Thr Ala Val Arg Ala Pro Gly Ser Arg Ser Ser Cys Phe His
 180 185 190

45

Gly Val Thr Arg His Arg Trp Ser Gly Lys Tyr Glu Ala His Leu Trp
 195 200 205

Asp Ser Thr Cys Arg Val Glu Gly Arg Arg Arg Lys Gly Lys Gln Val
 210 215 220

50

Tyr Leu Gly Ser Tyr Asp Thr Glu Gln Lys Ala Ala Arg Ala Tyr Asp
 225 230 235 240
 Val Ala Ala Leu Lys Phe Phe Gly Leu Asn Thr Lys Leu Asn Phe Ser
 245 250 255
 Ile Ser Glu Tyr Glu Lys Glu Leu Ala Asp Ile Gln Asp Met Ser Pro
 260 265 270
 Glu Glu Cys Val Thr Tyr Leu Arg Arg Arg Ser Ser Cys Phe Ser Arg
 275 280 285
 Gly Ala Ser Ile Tyr Arg Gly Val Thr Arg Arg Gln Lys Asp Gly Arg
 290 295 300
 Trp Gln Ala Arg Ile Gly Leu Ile Ala Gly Thr Arg Asp Ile Tyr Leu
 305 310 315 320
 Gly Thr Phe Lys Thr Glu Glu Glu Ala Ala Glu Ala Tyr Asp Ile Ala
 325 330 335
 Ala Ile Glu Ile Arg Gly Lys Asn Ala Val Thr Asn Phe Asp Arg Ser
 340 345 350
 Asn Tyr Met Asp Arg Gly Met His Cys Ile Glu Gly Ala Gly Leu Lys
 355 360 365
 Leu Leu Ala Thr Lys Pro Glu
 370 375
 <210> 52
 <211> 2103
 <212> ДНК
 <213> Glycine max
 <400> 52
 gcccttaagc agtggttaaca acgcagagta cgcggggatt cattttcatt caacccttct 60
 ctctctctct ctcagataga ttctataaga tgcagtttc caaagaagct aactgaagtt 120
 caaaccccca taacctctct ttcaogttcc tcaacgacac ataaaacaca caccatggac 180
 tcttctctct catcacgcc aaacagcacc aacaacaact ccctogcttt ctctctttcc 240
 aatcactttc ccaacccttc ttctctccc ctttctctct tccactcctt cacctatcca 300
 tctctctctc tcacaggcag caacacgggtg gacgcaccgc ctgagccac cgctggagca 360
 ggaccgacca acctctccat attcaaccggc ggccccaaagt tcgaggactt tctgggcggt 420
 tccgcgcgaa cagccaccac cgtcgcgtgt gcaccgccac agcttcogca gttctccacc 480
 gacaacaaca accacctata cgattcggag ctgaagtcaa caatagocgc gtgcttccct 540
 cgcgccttgg cgcgcaaca aagcaccgaa cgcgaaaaac catcccccaa gaaaaccgtc 600
 gacaccttcg ggcaacgcac ctocatctac cgcggcgtga cccgacatag atggactggg 660
 agatacgaag ctcatctatg ggacaatagt tgcagaaggg aaggtaaaag caggaaagga 720
 aggcaagttt acttgggtgg ttatgacaag gaggataagg cagccagagc ttatgatctc 780
 gcagctctca agtactgggg tccaactacc accactaact ttctatttc caactatgag 840
 aaggaactgg aggagatgaa gaacatgact aggcaagagt ttgttgcttc tcttcgtagg 900
 aagagcagtg gtttctctag aggggcctct atatacagag gagtaacgag acaccaccag 960
 catggccgat ggcaggcgag aataggcaga gttgccggaa acaaagaact ctaccttggc 1020
 actttcagca cccaagaaga agctgctgag gcctatgaca ttgctgctat caaattcagg 1080
 ggattaaatg cagtaacaaa ctttgacatg agtcgctacg acgtgaagag cattgcaat 1140
 agtactcttc ctattggtgg tttatctggc aagaacaaga actccacaga ttctgcatct 1200
 gagagcaaaa gccatgagcc aagccaatcc gatggagatc catcatcggc ttcacgggtg 1260

5 acctttgcat cacagcaaca accttcaagc tccaacttaa gctttgccat acccattaag 1320
 caagaccctt cagattactg gtccatcttg gggtagcata atactccct tgacaacagt 1380
 ggcatacagga acaactactg tactgttact acaactactt ttccatcctc caacaatggc 1440
 actgctagta gtttgacacc cttcaacatg gagttctcaa gtgccccctc aagtaecggc 1500
 agcgataaca atgccgcggt tttcagtgga ggaggcatct ttgttcagca acaactagt 1560
 catggctcatg gaaatgcaag cagtggttcc tcctctctct ctttaagctg ttcaatocca 1620
 ttgcccaocgc ccatattttc tctaaatagc aatactagtt atgagagcag tgctggttat 1680
 ggaaactgga ttggacctac cctgcacaca ttccaatccc atgcaaaacc aagtctcttt 1740
 caaacgccaa tatttggaat ggaatgagct catgcaocgag ctgggatgag aatctgtgca 1800
 tataatgatg aaaggggaag aaggacaata gtggtgatgg tgttttagca tgcaaagaag 1860
 10 caaaggacgg actagtcctt ttagctgatg cagtatttga atgagttgga ctgacagtca 1920
 taatttcatg agaatcgtag ctatacctag cagctgacac tgtactaact caaacttctt 1980
 ttgttatggt ttgaatgaat tttccttttt ctttttcgcc cctttattag ctttttggtc 2040
 ctgtaatat actgacatta tatcaaatga ggataatggg aagaaaaaaaa aaatcctttt 2100
 gtt 2103

15 <210> 53
 <211> 1593
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

20 <400> 53
 atggactctt cttcttcac accgccaaac agcaccaaca acaactcctt cgctttctct 60
 cttccaate actttcccaa cctttcttcc tctccccttt ctctcttcca ctcttcacc 120
 tatccatctc tctctctcac aggcagcaac acggtggacg caccgcctga gccaccgct 180
 ggagcaggac cgaccaacct ctccatattc accggcggcc ccaagttoga ggactttctg 240
 ggcggttccg ccgcaacagc caccaccgct cgtgtgacac cgccacagct tccgcagttc 300
 25 tccaccgaca acaacaacca cctatacgat tccggagctga agtcaacaat agccgcgtgc 360
 ttccctcgcg ccttggccgc cgaacaaagc accgaaccgc aaaaaccatc cccaagaaa 420
 accgtcgaca ccttcgggca acgcacctcc atctaccgog gogtgaccog acatagatgg 480
 actggagat acgaagctca tctatgggac aatagttgca gaagggagg tcaaagcagg 540
 aaaggaaggc aagtttactt ggggtggtat gacaaggagg ataaggcagc cagagcttat 600
 gatctcgag ctctcaagta ctggggctca actaccacca ctaactttcc tatttccaac 660
 tatgagaagg aactggagga gatgaagaac atgactaggc aagagtttgt tgcttctctt 720
 30 cgtaggaaga gcagtggttt ctctagaggg gcctctatat acagaggagt aaccgagcac 780
 caccagcatg gccgatggca ggcgagaata ggcagagttg ccggaaacaa agacctctac 840
 cttggcactt tcagcaccca agaagaagct gctgaggcct atgacattgc tgctatcaaa 900
 ttcaggggat taaatgcagt acaaaacttt gacatgagtc gctacgagct gaagagcatt 960
 gcaaatagta ctcttcctat tgggtggtta tctggcaaga acaagaactc cacagattct 1020
 gcatctgaga gcaaaagcca tgagccaagc caatccgatg gagatocac atcggcttca 1080
 35 tccggtgacct ttgcatcaca gcaacaacct tcaagctcca acttaagctt tgccataccc 1140
 attaagcaag acccttcaga ttactggtcc atctggggg accataatac tccccttgac 1200
 aacagtggca tcaggaacac tactagtact gttactaaa ctacttttcc atcctccaac 1260
 aatggcactg ctagttagttt gacacccttc aacatggagt tctcaagtgc cccctcaagt 1320
 accggcagcg ataacaatgc cgcgtttttc agtggaggag gcatctttgt tcagcaacaa 1380
 actagtcatg gtcattgaaa tgcaagcagt ggttcctct cttcttcttt aagctgttca 1440
 atcccattcg ccacgcccac atttctctca aatagcaata ctagttatga gagcagtgct 1500
 40 ggttatggaa actggattgg acctaccctg cacacattcc aatcccattg aaaaccaagt 1560
 ctctttcaaa ogccaatatt tggaaatggaa tga 1593

45 <210> 54
 <211> 530
 <212> PRT
 <213> Glycine max

<400> 54
 Met Asp Ser Ser Ser Ser Ser Pro Pro Asn Ser Thr Asn Asn Asn Ser

50

Ala Asn Ser Thr Leu Pro Ile Gly Gly Leu Ser Gly Lys Asn Lys Asn
 325 330 335

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

5 Asp Gly Asp Pro Ser Ser Ala Ser Ser Val Thr Phe Ala Ser Gln Gln
 355 360 365

Gln Pro Ser Ser Ser Asn Leu Ser Phe Ala Ile Pro Ile Lys Gln Asp
 370 375 380

10 Pro Ser Asp Tyr Trp Ser Ile Leu Gly Tyr His Asn Thr Pro Leu Asp
 385 390 395 400

Asn Ser Gly Ile Arg Asn Thr Thr Ser Thr Val Thr Thr Thr Thr Phe
 405 410 415

15 Pro Ser Ser Asn Asn Gly Thr Ala Ser Ser Leu Thr Pro Phe Asn Met
 420 425 430

Glu Phe Ser Ser Ala Pro Ser Ser Thr Gly Ser Asp Asn Asn Ala Ala
 435 440 445

20 Phe Phe Ser Gly Gly Gly Ile Phe Val Gln Gln Gln Thr Ser His Gly
 450 455 460

His Gly Asn Ala Ser Ser Gly Ser Ser Ser Ser Ser Leu Ser Cys Ser
 465 470 475 480

25 Ile Pro Phe Ala Thr Pro Ile Phe Ser Leu Asn Ser Asn Thr Ser Tyr
 485 490 495

Glu Ser Ser Ala Gly Tyr Gly Asn Trp Ile Gly Pro Thr Leu His Thr
 500 505 510

30 Phe Gln Ser His Ala Lys Pro Ser Leu Phe Gln Thr Pro Ile Phe Gly
 515 520 525

Met Glu
 530

35

<210> 55
 <211> 2193
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

40

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1261)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое

45

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1279)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое

50

<220>

<221> модифицированное основание
 <222> (1318)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

5

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1358)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

10

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1362)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

15

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1373)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

20

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1380)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

25

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1384)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

30

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1388)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

35

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1394)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

40

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1410)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

45

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1428)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

50

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1436)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1441)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое
 5

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1459)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

10
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1479)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

15
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1481)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

20
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1488)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

25
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1492)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

30
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1503)
 <223> a, c, g, t, unknown or other

35
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1524)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

40
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1549)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

45
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1551)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

50

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1572)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое

5
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1603)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое

10
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1644)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое

<400> 55

15	gggctgtttc	cgtcgatgag	accacaactc	gactgtgtaa	cagggtaatc	aaaatagata	60
	aaataaaaaa	tatacttcct	ttgaccggtg	accgtgcgaa	ccggttcgaa	gttggaacca	120
	tgagagagat	aatgtttata	tattccatca	tctgttcoct	ttggatcctc	tcacctctct	180
	ctctctctct	ctctctgggtg	ccatggaatc	cggtagtgcc	cgatgtttat	attctctctg	240
	gttctgaaa	catcgccgag	gaaataacaa	atgcagcctc	caaacctcgc	gaagcttctc	300
	tcacacactt	ccttctattc	cttggtcgtc	gaacaagctc	tttaacattc	catcaccaca	360
20	acttccctacc	tacaccttcc	gatattgcat	cttcaactgt	ttggttacat	ttcacacgta	420
	ataattattg	tttctttcga	ttggatcggg	cggaaacctc	gctcgaagag	aatctccgga	480
	gacgtagaag	caatatcagt	ttactgtatg	tattggttcg	gattaataat	aataacgaaa	540
	aaatagaaa	aaaatcgag	ttgaaaatag	ccagaagaag	attaagecgc	atggtggatc	600
	ttaatctgaa	tgccgagtcg	actcagaaca	acgagtcgct	ggtgctgttg	gacaagtttc	660
	ccgaagcttc	gttgggaact	tcgaattcct	ccgtcgtgaa	tgccggagga	tcgagcaacg	720
25	aggactcgtg	ctccacacgc	gccggcgacg	tgttcgcctt	cagtttcgga	atccttaagg	780
	tggaaggcgc	gaacgaagtc	gtcgccacgg	cgacgaagga	gctgtttccg	gtgagctcgg	840
	agaattggca	ggggcagagt	tcgacgtcgt	cgtctcaggc	gaggaagaat	ttaatggatc	900
	tcccgcctgga	tcatacaaac	ggtgaggtga	agggtggttc	ggttcagcca	cagcctcagg	960
	tgaagaagag	taggagaggt	ccaaggtctc	ggagctctca	gtacagagga	gtcactttct	1020
	acagaaggac	cggaagatgg	gaatcgcata	tctgggattg	cgggaagcaa	gtctatattg	1080
30	gtggatttga	caccgctcat	attgctgcta	ggccctatga	tcgaactgct	attaagtcca	1140
	ggggacttga	tgctgatatc	aattttgatc	tcggttgatta	tgaggaggat	ctaaaaacaga	1200
	tgaagaatct	ttcaagcagg	agttcgtgca	catacttcgc	cgccacagta	ccggttctca	1260
	ngggcagttc	gaaataccng	ggatacactt	cacaagtggc	cttgggaact	cgatgggnat	1320
	tcctggcaga	agctatacag	gcacttcagt	gcataaanaa	gntgtcctac	ttnaccattn	1380
	ttgnacgnag	aacngagctt	catcctggan	aggtagcagg	cgtttcangc	aagagnaggt	1440
35	nccctattga	gccagaatng	ggaggagaga	accggagnt	naagaagngg	cntccggcct	1500
	ggnetcaatt	gggnagcaa	cccagacat	gtcccaaaga	aaatagggnc	nttttcagtt	1560
	ccagtccatc	cnttacaaca	tgcatccggg	aagaagttca	agnatggaga	ctaattgttaa	1620
	ttcggttatt	ggtgatcctt	cttngaaaag	gctgggttga	cgaagagcgt	ccttctgtat	1680
	attccacttt	ctttcccaat	ctggaaagag	cagagagaat	gggcatagat	ccttcaaaaag	1740
	gagttccaaa	ctgggcgtgg	cagacaaatg	gccaggttaa	tgccacccca	gtaccaccgt	1800
	tctctactgc	agcatcatca	ggattctcaa	tttcagctac	ttttccatca	actgccatct	1860
40	ttccaacaaa	atccatgaac	ccaattcccc	agagcttctg	tttcaactca	cacagcacac	1920
	caggtagcaa	tgacacctca	ttctattacg	aggccaagtc	ctcgcaggca	ccatcccagc	1980
	ctctatcttg	taatacaagt	ataaatggta	gccaccaca	caagttctga	agttcaattc	2040
	tcaaacgac	agttaaaact	tttttttttt	tttttctcgt	ttgcatgatt	tagggatcgg	2100
	tacaatgttg	ttgctcatgg	tatgtttgta	tgtgatgaaa	agattttttt	cttcagagag	2160
	aaagtgaaaa	gaaaaaatgc	atgatgtggt	tta		cttcagagag	2193

45
 <210> 56
 <211> 1911

50

<212> DNA
 <213> Glycine max

5
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1142)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

10
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1160)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

15
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1199)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

20
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1239)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

25
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1243)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

30
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1254)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

35
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1261)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

40
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1265)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

45
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1269)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

50
 <220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1275)
 <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

- 5
- <220>
 - <221> модифицированное основание
 - <222> (1291)
 - <223> a, c, g, t, неизвестное или другое
- 10
- <220>
 - <221> модифицированное основание
 - <222> (1309)
 - <223> a, c, g, t, неизвестное или другое
- 15
- <220>
 - <221> модифицированное основание
 - <222> (1322)
 - <223> a, c, g, t, неизвестное или другое
- 20
- <220>
 - <221> модифицированное основание
 - <222> (1340)
 - <223> a, c, g, t, неизвестное или другое
- 25
- <220>
 - <221> модифицированное основание
 - <222> (1360)
 - <223> a, c, g, t, неизвестное или другое
- 30
- <220>
 - <221> модифицированное основание
 - <222> (1362)
 - <223> a, c, g, t, неизвестное или другое
- 35
- <220>
 - <221> модифицированное основание
 - <222> (1369)
 - <223> a, c, g, t, неизвестное или другое
- 40
- <220>
 - <221> модифицированное основание
 - <222> (1373)
 - <223> a, c, g, t, неизвестное или другое
- 45
- <220>
 - <221> модифицированное основание
 - <222> (1384)
 - <223> a, c, g, t, неизвестное или другое
- 50
- <220>
 - <221> модифицированное основание
 - <222> (1396)
 - <223> a, c, g, t, неизвестное или другое

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1405)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое

5

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1430)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое

10

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1432)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое

15

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1453)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое

20

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1484)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое

25

<220>
 <221> модифицированное основание
 <222> (1525)
 <223> а, с, g, t, неизвестное или другое

<400> 56
 atgagagaga taatgtttat atattccatc atctgttccg tttggatcct ctcacctctc 60
 tctctctctc tctctctggt gccatggaat cggtagtgc ccgatgttta tattctctct 120
 ggttctgaaa tcatcgccga ggaaataaca aatgcagcct ccaaacctcg cgaagcttcc 180
 ttcacacact tccttctatt ccttgttctg cgaacaagct ctttaacatt ccatcaaccac 240
 aacttcctac ctacaccttc cgatattgca tcttcaactg tttggttaca tttcacacgt 300
 aataattatt gtttctttcg attggatcgg tcggaaccat cgctcgaaga gaatctccgg 360
 agacgtagaa gcaatatcag tttactgtat gtattggttc ggattaataa taataacgaa 420
 aaaatagaaa gaaaatcaga gttgaaaata gccagaagaa gattaagcgc gatggttggat 480
 cttaatctga atgcccagtc gaotcagaac aacgagtcgc tgggtgctgtt ggacaagttt 540
 cccgaagctt cgttgggaac ttcgaattcc tccgtcgtga atgcccaggg atcagagcaac 600
 gaggactcgt gctccacaac egcccggcag gtgttcgcct tcagtctcgg aatccttaag 660
 gtggaaggcg cgaacgaagt cgtcggcacg gcgacgaagg agctgttcc ggtgagctcg 720
 gagaattggc aggggcagag ttcgacgtcg tcgtctcagg cgaggaagaa tttaatggat 780
 ctcccgtggt atcatcaaaa cggtgaggtg aagggtggtc aggttcagcc acagcctcag 840
 gtgaagaaga gtaggagagg tccaaggtct cggagctctc agtacagagg agtcactttc 900
 tacagaagga ccggaagatg ggaatcgcat atctgggatt gcgggaagca agtctatttg 960
 ggtggatttg acaccgctca tattgctgct agggcctatg atcgaactgc tattaagttc 1020
 aggggacttg atgctgatat caattttgat ctgcttgatt atgaggagga tctaaaacag 1080
 atgaagaatc tttcaagcag gagttcgtgc acatacttcg ccgccacagt accggttctc 1140
 ttctggcag aagctataca ggcacttcag tgcataana agntgtccta ctnaccatt 1260
 nttgnacgna gaacngagct tcatcctgga naggtagcag gcgtttcang caagagnagg 1320
 tncctattg agccagaatn gggaggagag aaccggagtn tnaagaagng gcntccggcc 1380

50

5 tggncatcaat tgggcnagca acccnagaca tgtcccaaag aaaatagggc cnttttcagt 1440
 tccagtcacat ccnttacaac atgcatccgg gaagaagttc aagnatggag actaatgtta 1500
 attcgggttat tggatgatcct tcttngaaaa ggctgggttg acgaagagcg tccttctgta 1560
 tattccactt tctttcccaa tctggaaaag gcagagagaa tgggcataga tccttcaaaa 1620
 ggagttccaa actgggctg gcagacaaat ggccagggtta atgccacccc agtaccaccg 1680
 ttctctactg cagcatcatc aggattctca atttcagcta cttttccatc aactgccatc 1740
 tttccaacaa aatccatgaa cccaattccc cagagcttct gtttcacttc acaacagcaca 1800
 ccaggtagca atgcacctca attctattac gaggtcaagt cctcgcaggc accatcccag 1860
 cctctatctt gtaatacaag tataaatggt agcccaccac acaagttctg a 1911

10 <210> 57
 <211> 636
 <212> PRT
 <213> Glycine max

15 <220>
 <221> модифицированный аминокислотный остаток
 <222> (381)
 <223> изменяемая аминокислота

20 <220>
 <221> модифицированный аминокислотный остаток
 <222> (385)
 <223> изменяемая аминокислота

25 <220>
 <221> модифицированный аминокислотный остаток
 <222> (400)
 <223> изменяемая аминокислота

<220>
 <221> модифицированный аминокислотный остаток
 <222> (413)
 <223> изменяемая аминокислота

30 <220>
 <221> модифицированный аминокислотный остаток
 <222> (415)
 <223> изменяемая аминокислота

35 <220>
 <221> модифицированный аминокислотный остаток
 <222> (418)
 <223> изменяемая аминокислота

40 <220>
 <221> модифицированный аминокислотный остаток
 <222> (421)..(422)
 <223> изменяемая аминокислота

45 <220>
 <221> модифицированный аминокислотный остаток
 <222> (431)
 <223> изменяемая аминокислота

50

- <220>
<221> модифицированный аминокислотный остаток
<222> (437)
<223> изменяемая аминокислота
- 5
<220>
<221> модифицированный аминокислотный остаток
<222> (439)
<223> изменяемая аминокислота
- 10
<220>
<221> модифицированный аминокислотный остаток
<222> (441)
<223> изменяемая аминокислота
- 15
<220>
<221> модифицированный аминокислотный остаток
<222> (447)
<223> изменяемая аминокислота
- 20
<220>
<221> модифицированный аминокислотный остаток
<222> (454)
<223> изменяемая аминокислота
- 25
<220>
<221> модифицированный аминокислотный остаток
<222> (457) .. (458)
<223> изменяемая аминокислота
- 30
<220>
<221> модифицированный аминокислотный остаток
<222> (462)
<223> изменяемая аминокислота
- 35
<220>
<221> модифицированный аминокислотный остаток
<222> (466)
<223> изменяемая аминокислота
- 40
<220>
<221> модифицированный аминокислотный остаток
<222> (469)
<223> изменяемая аминокислота
- 45
<220>
<221> модифицированный аминокислотный остаток
<222> (477) .. (478)
<223> изменяемая аминокислота
- 50
<220>
<221> модифицированный аминокислотный остаток
<222> (485)
<223> изменяемая аминокислота

<220>
 <221> модифицированный аминокислотный остаток
 <222> (495)
 <223> изменяемая аминокислота

5 <220>
 <221> модифицированный аминокислотный остаток
 <222> (509)
 <223> изменяемая аминокислота

<400> 57

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

50

RU 2 385 347 C2

Asn Leu Met Asp Leu Pro Leu Asp His Gln Asn Gly Glu Val Lys Val
 260 265 270

Val Gln Val Gln Pro Gln Pro Gln Val Lys Lys Ser Arg Arg Gly Pro
 275 280 285

Arg Ser Arg Ser Ser Gln Tyr Arg Gly Val Thr Phe Tyr Arg Arg Thr
 290 295 300

Gly Arg Trp Glu Ser His Ile Trp Asp Cys Gly Lys Gln Val Tyr Leu
 305 310 315 320

Gly Gly Phe Asp Thr Ala His Ile Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Arg Thr
 325 330 335

Ala Ile Lys Phe Arg Gly Leu Asp Ala Asp Ile Asn Phe Asp Leu Val
 340 345 350

Asp Tyr Glu Glu Asp Leu Lys Gln Met Lys Asn Leu Ser Ser Arg Ser
 355 360 365

Ser Cys Thr Tyr Phe Ala Ala Thr Val Pro Val Leu Xaa Gly Ser Ser
 370 375 380

Lys Tyr Xaa Gly Tyr Thr Ser Gln Val Ala Leu Gly Thr Arg Trp Xaa
 385 390 395 400

Phe Leu Ala Glu Ala Ile Gln Ala Leu Gln Cys Ile Xaa Lys Xaa Ser
 405 410 415

Tyr Xaa Thr Ile Xaa Xaa Arg Arg Thr Glu Leu His Pro Gly Xaa Val
 420 425 430

Ala Gly Val Ser Xaa Lys Xaa Arg Xaa Pro Ile Glu Pro Glu Xaa Gly
 435 440 445

Gly Glu Asn Arg Ser Xaa Lys Lys Xaa Xaa Pro Ala Trp Xaa Gln Leu
 450 455 460

Gly Xaa Gln Pro Xaa Thr Cys Pro Lys Glu Asn Arg Xaa Xaa Phe Ser
 465 470 475 480

Ser Ser Pro Ser Xaa Thr Thr Cys Ile Arg Glu Glu Val Gln Xaa Trp
 485 490 495

Arg Leu Met Leu Ile Arg Leu Leu Val Ile Leu Leu Xaa Lys Gly Trp
 500 505 510

Leu Tyr Glu Glu Arg Pro Ser Val Tyr Ser Thr Phe Phe Pro Asn Leu
 515 520 525

Glu Arg Ala Glu Arg Met Gly Ile Asp Pro Ser Lys Gly Val Pro Asn
 530 535 540

Trp Ala Trp Gln Thr Asn Gly Gln Val Asn Ala Thr Pro Val Pro Pro
 545 550 555 560

Phe Ser Thr Ala Ala Ser Ser Gly Phe Ser Ile Ser Ala Thr Phe Pro
 565 570 575

50

Ser Thr Ala Ile Phe Pro Thr Lys Ser Met Asn Pro Ile Pro Gln Ser
 580 585 590

Phe Cys Phe Thr Ser His Ser Thr Pro Gly Ser Asn Ala Pro Gln Phe
 595 600 605

5 Tyr Tyr Glu Val Lys Ser Ser Gln Ala Pro Ser Gln Pro Leu Ser Cys
 610 615 620

Asn Thr Ser Ile Asn Gly Ser Pro Pro His Lys Phe
 625 630 635

10

<210> 58
 <211> 831
 <212> ДНК
 <213> Pisum sativum

15

<400> 58
 cgcaattttt tgtgaagctg agggaggatt ggatttttaca cctattcaaa agtcattcaa 60
 agtttgtccc tccattcaag gatgaatgta gattttttcaa gcatcaaaca caagaatcac 120
 tagcataaca tgctttgaaa cccacacact taaattaatg ttaggaatat caaatccaat 180
 ataaaatcat agttgtcaat tacataacta atcaagtccc tttcttttac ccaataaaca 240
 20 tcaacatatt gcttcttcca ttaagcatat aaacatcaaa gtctaaaact agcaaaatgt 300
 tgtttttagg atgacacatt tcatacatag tttaaaagat acttgattcg attacaaaaa 360
 gaaattacca atagtttagc acaaagtcta aagcataatt aaagcatcac atgtgcagat 420
 ttatgaaaaa aagattaaga ttgcccttt catcacgggt cgaataatag cactacttgt 480
 cactacatgt taaaaaatg tcctctagta catcaaactt tttccattga ttccccttat 540
 ccatgaaaaa aataaaca aa ttcttaagac acaaaaaaat ggccccacat ccttttttct 600
 25 ggcttagttt gtttgaattc attctaactc ttgaatatgt aacgaggccc actaaaaatc 660
 aatcaatgat ttaacataaa aatgaatag ttttaattcca atttgctgca acatgggccg 720
 tgaatatgac tcacgagaaa gatatatcaa aatatcaaaa tttcatagtt tttttcacca 780
 tataaacctc atcactcatt ctattttttt aagtgcaaaag cttcatagtt a 831

Формула изобретения

- 30 1. Выделенная нуклеиновая кислота белка липидного метаболизма (LMP), включающая полинуклеотидную последовательность, выбранную из группы, состоящей из:
- а) полинуклеотидной последовательности, представленной в SEQ ID NO:16
 - 35 или SEQ ID NO:17;
 - б) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, представленный в SEQ ID NO:18;
 - в) полинуклеотидной последовательности, имеющей, по меньшей мере, 70%-ную
 - 40 идентичность последовательности с нуклеиновой кислотой LMP полной длины из упомянутых в а) или б);
 - г) полинуклеотидной последовательности, которая комплементарна нуклеиновой кислоте LMP полной длины из упомянутых в а) или б); и
 - д) полинуклеотидной последовательности, которая гибридизуется при строгих
 - 45 условиях с нуклеиновой кислотой LMP полной длины из упомянутых в а) или б), причем кодируемый LMP белок функционирует как модулятор запасного вещества семян в растении.
2. Выделенная нуклеиновая кислота LMP по п.1, где полинуклеотидная
- 50 последовательность кодирует полипептидную последовательность SEQ ID NO:18.
3. Выделенная нуклеиновая кислота LMP по п.1, где полинуклеотидная последовательность имеет, по меньшей мере, 90%-ную идентичность последовательности с нуклеиновой кислотой LMP полной длины из а) или б) по п.1.

4. Выделенная нуклеиновая кислота LMP по п.1, размещенная в экспрессирующем векторе.

5. Выделенная нуклеиновая кислота LMP по п.4, оперативно связанная с гетерологичным промотором, выбранным из группы, состоящей из семяспецифичного промотора, корнеспецифичного промотора и нетканеспецифичного промотора.

6. Выделенная нуклеиновая кислота LMP по п.4, оперативно связанная с рtxA промотором.

10

15

20

25

30

35

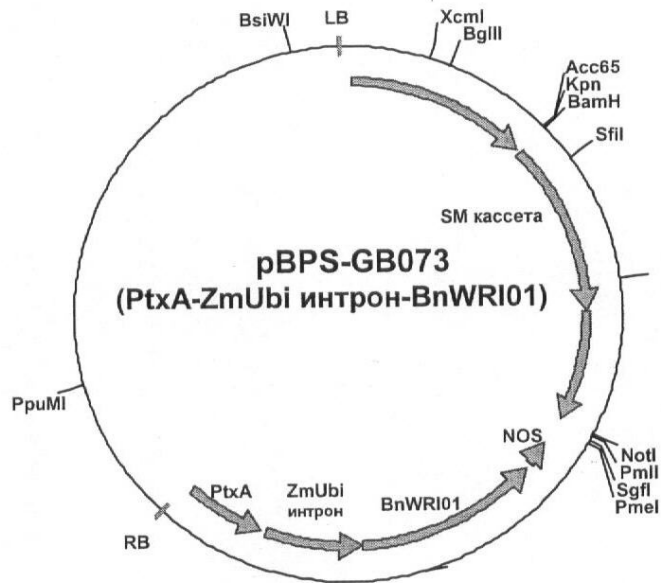
40

45

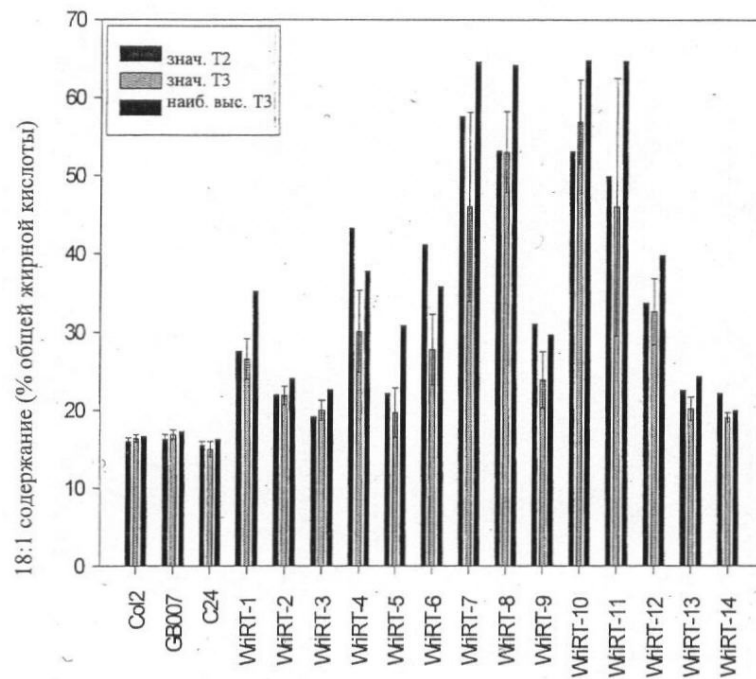
50



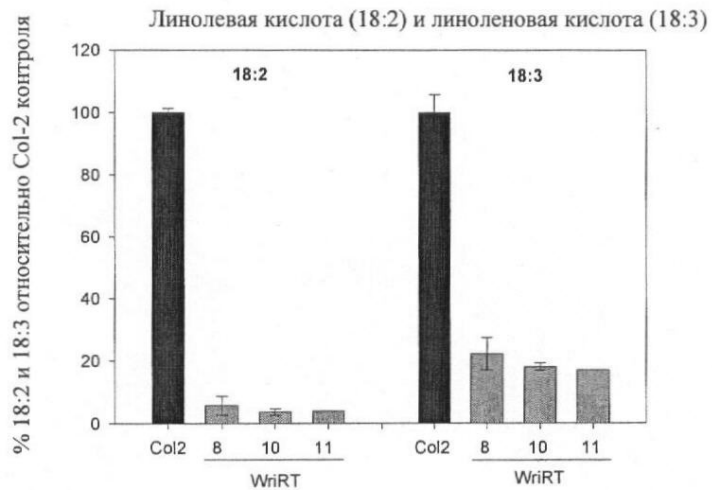
ФИГ. 1



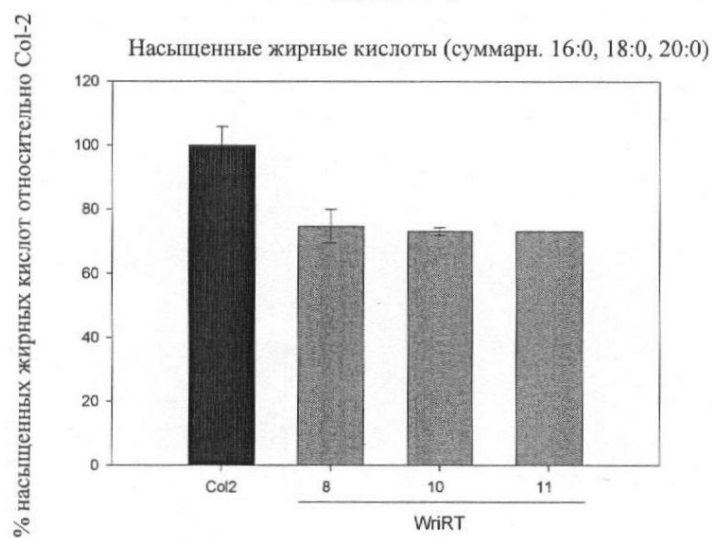
ФИГ. 2



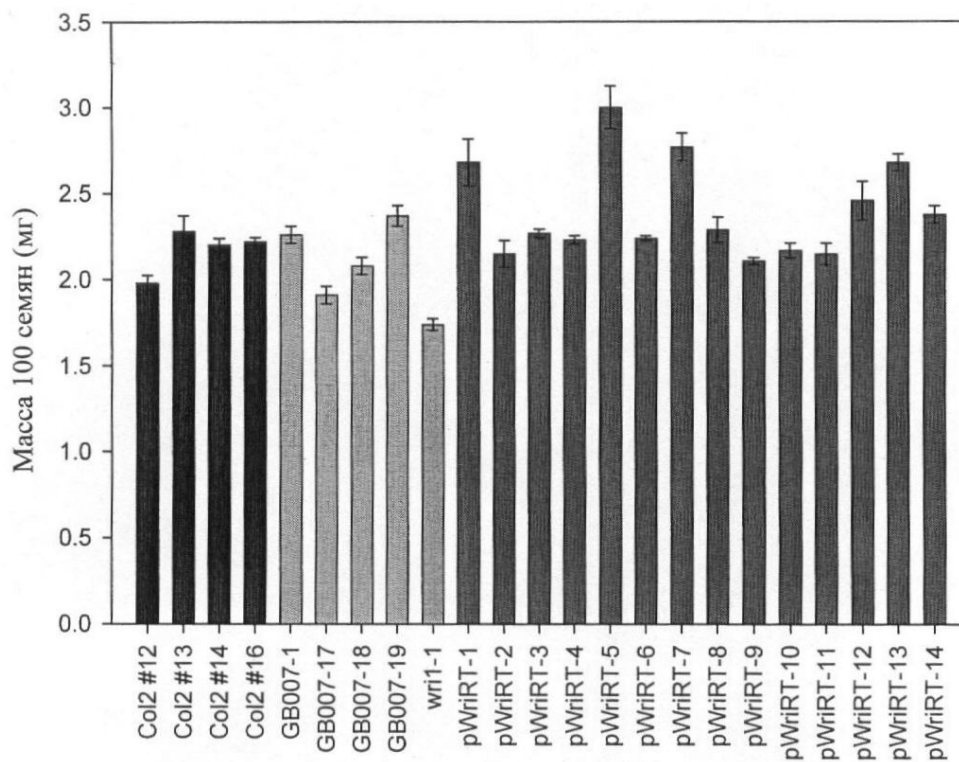
ФИГ. 4



ФИГ. 5



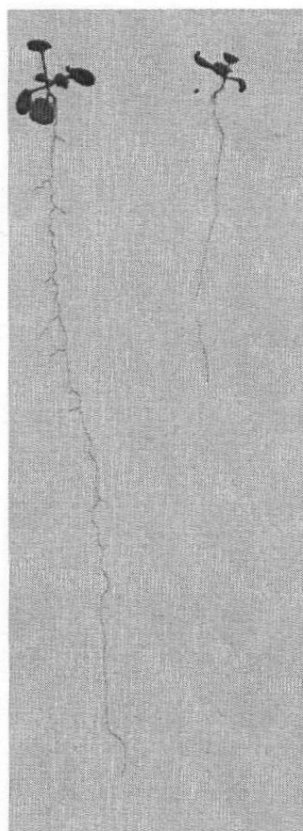
ФИГ. 6



ФИГ. 7

Дикий
тип

wri1



ФИГ. 8