

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 390 473**

51 Int. Cl.:
C12Q 1/68 (2006.01)
C12N 15/10 (2006.01)
C12N 15/29 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

- 96 Número de solicitud europea: **06793029 .7**
96 Fecha de presentación: **28.08.2006**
97 Número de publicación de la solicitud: **1922421**
97 Fecha de publicación de la solicitud: **21.05.2008**

54 Título: **Genes implicados en la división celular asimétrica**

30 Prioridad:
26.08.2005 EP 05107830

45 Fecha de publicación de la mención BOPI:
13.11.2012

45 Fecha de la publicación del folleto de la patente:
13.11.2012

73 Titular/es:
VIB VZW (50.0%)
RIJVISSCHESTRAAT 120
9052 ZWIJNAARDE, BE y
UNIVERSITEIT GENT (50.0%)

72 Inventor/es:
BEECKMAN, TOM;
DE SMET, IVE y
VANNESTE, STEFFEN

74 Agente/Representante:
CARVAJAL Y URQUIJO, Isabel

ES 2 390 473 T3

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

DESCRIPCIÓN

Genes Implicados en la División Celular Asimétrica

La presente invención se relaciona con un método para aislar genes implicados en el proceso de división celular asimétrica. La invención se relaciona adicionalmente con genes aislados utilizando este método, y su uso en controlar la formación de raíces, preferiblemente la formación de raíces laterales.

Para generar la multitud de diferentes tipos celulares presentes en los organismos multicelulares, las divisiones celulares resultan en células hijas con diferentes destinos que son vitales y decisivos en diversos procesos de desarrollo (Scheres & Benfey, 1999). Este tipo de divisiones se llaman asimétricas, ya sea que la asimetría sea morfológicamente visible o no al momento de la división (Horvitz & Herskowitz, 1992). Especialmente en las plantas, cuando se limita el movimiento celular, el control del plano de división celular se ha considerado tradicionalmente importante para la formación de patrones regulares, es decir divisiones correctas durante embriogenia o formación de estomas, la formación de filas de células ordenadas en el meristema. (Scheres & Benfey, 1999).

Durante el ciclo de vida de una planta, ocurren diversas divisiones asimétricas: (a) la primera división del cigoto (Mansfield & Briarty, 1991); (b) la división embrionaria que da lugar a la célula progenitora con forma de lente del centro en reposo (Dolan et al., 1993); (c) la división de microespora macho (Twell et al., 1998); (d) divisiones durante la formación del complejo de estomas (Larkin et al., 1997); (e) divisiones orientadas a periclinales en el embrión temprano que separa las células progenitoras para los tres tejidos principales, epidermis, tejido secundario, y tejido vascular (Jurgens & Mayer, 1994); (f) divisiones de blastocitos que separan las células hijas competentes para diferenciación y nuevos blastocitos en la raíz (Dolan et al., 1993; van den Berg et al., 1995); y (g) también durante iniciación de raíz lateral (Casimiro et al., 2003).

Las divisiones asimétricas difieren fundamentalmente de las divisiones proliferativas estándar en su forma de ocurrencia temporo-espacial limitada. Adicionalmente el número de células implicadas es mínimo. Estas características hacen difícil analizar (genoma amplio) la expresión del transcripto durante este proceso.

Hasta ahora solo se han realizado solo pocos experimentos del perfil del transcripto, en diversos organismos, en procesos en donde se involucran las divisiones celulares asimétricas, es decir durante gliogenia en *Drosophila* (Egger et al., 2002), desarrollo de polen de *Arabidopsis* (Honys & Twell, 2003, 2004; Becker et al., 2003) e iniciación de raíz lateral (Himanen et al., 2004). Sin embargo, ninguno de estos métodos dirigidos a o que resultan en la identificación de la ruta genética conducen a la división asimétrica propiamente dicha.

En el caso de la iniciación de raíz lateral unas pocas células del periciclo se dividen anticlinalmente y asimétricamente (Casero et al., 1993). Este no es un proceso continuo y se expone a diversos estímulos ambientales y señales endógenas. Adicionalmente, estas divisiones ocurren solo en aquellas filas de células del periciclo que están en proximidad cercana al polo xilema (Casimiro et al., 2003). Los métodos de micromatriz han revelado una vista más amplia en la señalización de auxina hacia LRI (Himanen et al., 2004). Para estos análisis, se utiliza un sistema inducible de raíz lateral. En este sistema, el transporte de auxina, la señalización y la transición del ciclo celular G1 a S se bloquean en las plántulas que crecen en medio complementado con NPA. Posteriormente, estas plántulas se transfieren al medio que contiene auxina (NAA) durante 1-12 horas. Esto permite un inicio inducible de la señalización de auxina y la evolución a través de la transición G1 a S (Himanen et al., 2002).

Una adaptación de este sistema inducible de raíz lateral también se puede utilizar para el estudio de las divisiones celulares asimétricas. Presentamos un método único que nos permite eludir problemas como especificidad de tejido y el número limitado de células implicadas a través de aislar asimétricamente específicamente las células del periciclo divididas en el polo xilema durante LRI. Por lo tanto combinamos 4 estrategias: 1) un sistema inducible de raíz lateral recientemente desarrollado, que induce sincrónicamente las divisiones asimétricas durante LRI (Himanen et al., 2002), 2) una estirpe de marcador GFP específico de periciclo de polo de xilema (J0121), 3) un método de Separación de Células Activadas por Fluorescencia (Birbaum et al., 2003), y 4) análisis de micromatriz de amplio genoma en las células aisladas de periciclo de polo de xilema. Esta estrategia combinada nos permite no solo identificar aquellos genes implicados directamente en el proceso LRI sino también extrapolar los resultados para el concepto general de división asimétrica. Encontramos, como reguladores potenciales de las divisiones asimétricas, los genes implicados en la regulación del ciclo celular y un alto porcentaje de genes asociados las dinámicas y organización del citoesqueleto.

Es un primer aspecto de la invención proporcionar un método para aislar genes implicados en la división celular asimétrica, que comprende: (1) someter las raíces de una planta tipo natural a un tratamiento que induce iniciación de raíz lateral en una forma sincrónica; (2) someter las raíces de un mutante que no desarrolla raíces laterales mediante un defecto en la señalización de auxina a un tratamiento que induce iniciación de raíz lateral en tipo natural en una forma sincrónica; (3) identificar genes que se inducen en el tipo natural pero no en el mutante; (4) identificar genes inducidos en el periciclo de polo de xilema en el tipo natural durante iniciación de raíz lateral utilizando una

estirpe de marcador GFP específico de periciclo de polo de xilema, seguido por separación celular y análisis de micromatriz de amplio genoma en las células aisladas de periciclo de polo de xilema. La iniciación temprana de raíz lateral como se utiliza aquí significa los eventos en diferentes etapas justo antes de la primera división en el periciclo. Preferiblemente esto está dentro de 10 horas después de inducción de auxina de la raíz lateral, más preferiblemente dentro de 8 horas de dicha inducción, aún más preferiblemente 6 horas después de dicha inducción. Preferiblemente, el mutante utilizado es un mutante slr-1.

También se describen aquí genes implicados en la formación temprana lateral de raíces, aislados con el método de acuerdo con la invención. Dichos genes pueden codificar los factores de transcripción, tal como se representa por la SEQ ID N° 1 a SEQ ID N° 19.

Como factores de transcripción se expresan frecuentemente en el tejido de actividad, probablemente sus promotores son de uso económico. Dichos promotores se pueden utilizar en diversas estrategias para mejorar la tolerancia/resistencia al patógeno de la planta.

Los genes implicados en la división celular asimétrica también se pueden aislar con el método de acuerdo con la invención.

Dichos genes pueden comprender una secuencia que codifica una proteína seleccionada del grupo que consiste de SEQ ID N° 20- SEQ ID N° 34, o un homólogo de las mismas.

También se describen aquí factores de transcripción implicados en la formación temprana lateral de raíces, por lo cual dicho factor de transcripción se puede seleccionar del grupo que consiste de SEQ ID N° 1 a SEQ ID N° 19. El gen que codifica dicho factor de transcripción se aísla con el método de la invención.

También se describe aquí el uso de un gen, aislado con el método de la invención, para modular la iniciación temprana de la raíz lateral. La modulación como se utiliza aquí puede ser un aumento o una reducción en el número de raíces laterales, puede ser un aumento o reducción en el tamaño de las raíces laterales o puede ser un cambio en el tiempo (puede ser temprano o más tarde en el desarrollo de la planta) de la formación de raíces laterales. Preferiblemente, dicha modulación es un aumento o reducción en las raíces laterales, aún más preferiblemente es un aumento en las raíces laterales. Dicho gen codifica un factor de transcripción tal como un factor de transcripción seleccionado del grupo que consiste de SEQ ID N° 1 a SEQ ID N° 34, o un homólogo de los mismos. Dichos genes se pueden utilizar en combinación para aumentar el efecto de la formación de raíces laterales

El gen como se utiliza aquí se refiere a la secuencia genómica (que incluye posibles intrones) así como también al cADN derivado del mensajero de empalme. Esto se puede referir también a la secuencia promotora. Sin embargo, es claro para la persona experta en la técnica que para algunas aplicaciones, la secuencia codificante, tal como se puede derivar del cADN, se puede ligar en forma operativa a un promotor adecuado. Ligado en forma operativa se refiere a la yuxtaposición en donde los componentes así descritos están en una relación que les permite funcionar en su forma pretendida. Una secuencia promotora "ligada en forma operativa" a una secuencia codificante se liga de tal manera que la expresión de la secuencia codificante se logra bajo condiciones compatibles con la secuencia promotora.

Un homólogo como se utiliza aquí significa que la proteína codificada por el gen tiene una secuencia de aminoácidos que es por lo menos 75 % idéntica, y aún más preferiblemente por lo menos 80 % idéntica, y aún más preferiblemente por lo menos 85 % idéntica, y aún más preferiblemente por lo menos 90 % idéntica y aún más preferiblemente por lo menos 95 % idéntica, y aún más preferiblemente por lo menos 96 % idéntica, y aún más preferiblemente por lo menos 97 % idéntica, y aún más preferiblemente por lo menos 98 % idéntica, y aún más preferiblemente por lo menos 99% idéntica, como se mide mediante una búsqueda BLASTP (Altschul et al., 1997).

Breve descripción de las figuras

Figura 1: Sistema inducible de raíz lateral (A-G) Series de tiempo de 12h de tratamiento NAA (teñido azul= actividad indicador P:: GUS de Arath; CYCB1;1 que marca la transición G2/M). La inhibición del transporte de auxina bloquea toda la iniciación de raíz lateral, que permite la inducción sincrónica de las raíces laterales por medio de auxina, que resulta en el inicio de la transición G2/M de 6 a 8 h después de la transferencia al medio auxina (D, E)

Figura 2: Esquema de eventos principales durante iniciación de raíz lateral

Figura 3: Figura del cálculo Of Merit para un rango de 20 grupos

Figura 4: Representación de tabla cruzada con las frecuencias de todas las combinaciones de los perfiles de expresión

Figura 5: Fenotipo de sobreexpresión de CYCD3;1, E2Fa/DPA y CDKB1;1 en plántulas de 10 días de edad, cuando se compara con el tipo natural

Figura 6: expresión específica de periciclo de polo de xilema de una versión de mutante estabilizado de la proteína BDL en J0121xUAS: bdl (0.0 ± 0.0), que resulta en un fenotipo sin raíz lateral, mientras que las estirpes de control Col-0 (3.0 ± 0.1), J0121 (4.1 ± 0.1), UAS: bdl (3.1 ± 0.1), UAS:BDL (2.8 ± 0.1) y J0121xUAS:BDL (3.6 ± 0.1) no exhiben reducción en el número de raíces laterales / cm

Figura 7: Mutaciones combinadas de diversos miembros de la familia CYCA2;4 resultan en reducciones dramáticas de la densidad de raíz lateral (panel izquierdo: Col-0 control; panel derecho: múltiples mutantes)

Figura 8: Análisis del fenotipo de raíz lateral de diversos mutantes de inserción de T-ADN SALK homocigotos, derivados de genes en diversos grupos. El código de los mutantes se menciona en la Tabla 5.

Figura 9: Análisis detallado durante la formación temprana lateral de raíces (la división celular asimétrica se indica por las flechas) de diversos genes regulados por aumento y disminución en el grupo de datos completo. Los números se refieren a las fusiones enumeradas en la Tabla 6.

Ejemplos

Materiales & Métodos para los ejemplos

Comparación WT Col - slr con base en el método

Muestreo

En el sistema de raíz lateral inducible se germinan semillas (Col-0 & slr-1) en medio Murashige & Skoog estándar que contiene $10 \mu\text{M}$ de Ácido N-NaftilFtalámico (NPA) en placas cuadradas orientadas verticalmente (Greiner Labortechnik, Frickenhausen, Alemania) en una cámara de cultivo bajo iluminación continua ($110 \mu\text{E}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$ PAR suministrada por tubos de tungsteno fluorescentes blancos frío [Osram, München, Alemania]) a 22°C (Himanen et al., 2002). 72 h después de germinación (punto de tiempo de 0h), solo aquellas plántulas (tipo natural & mutante) que hacen contacto completo con el medio se transfieren al medio que contiene $10 \mu\text{M}$ de Ácido NaftilAcético (NAA) y se cosechan después de 2h y 6h. Estos 3 puntos de tiempo se aplican para el tipo natural y el mutante. Se incluye un tratamiento simulado solo para el tipo natural, al transferir las plántulas a medio Murashige & Skoog estándar sin la adición de NAA. Para todos los puntos de tiempo solo se utilizan segmentos de raíz lateral inducible para el análisis. Para este propósito el meristema apical de la raíz y el hipocótilo se retiran manualmente para minimizar la contaminación con otros tipos de células. Todos los tratamientos se repiten.

Micromatriz y Agrupamiento

Se extrae ARN utilizando el Minikit RNeasy (Qiagen). La calidad y cantidad de ARN se analizan utilizando el Equipo de ARN 6000 Nano Lab Chip (Agilent Technologies, Alemania). Para micromatriz se utiliza $5.8 \mu\text{g}$ de ARN total. Se sintetiza cADN de hebra doble con Equipo de Síntesis de cADN Life Technologies. El cADN de hebra doble se convierte a cARN marcado con biotina (equipo de transcripción in vitro Ambion MEGA script T7 y biotina que contiene ribonucleótidos de Enzo (LOXO GmbH)). Se utiliza $15 \mu\text{g}$ de cARN fragmentado para hibridación con gene-chips ATH1 Affymetrix®. El ARN marcado con biotina se visualiza con etiquetas de ficoeritrina-estreptavidina. gene-chips ATH1 (Affymetrix) representa 22747 genes de Arabidopsis (~85 % de genes predichos en el genoma Arabidopsis).

Se normaliza la señal general de los diferentes chips utilizando el software Microarray Suite 5.0 (Affymetrix). Los datos brutos se distribuyen exponencialmente y por lo tanto fueron μlog -transformado antes de las estadísticas adicionales. Se analiza la significancia estadística por medio de Análisis de Varianza (ANOVA) para cada gen. Esto resulta en un valor p para tres fuentes de varianza: el efecto del curso del tiempo, el efecto del genotipo y el efecto de su interacción. Para el perfil de transcripto de amplio genoma se aumenta la exigencia a $p < 0.001$. Esto es equivalente de 23 pruebas positivas falsas si se realizan 22747 pruebas. En este nivel de significancia se marcaron 3110 genes.

Como necesitamos detectar las diferencias entre los perfiles de expresión en ambos genotipos necesitamos una herramienta para visualizar óptimamente estas diferencias. Obtenemos esta herramienta al fusionar datos de tiempo-curso para ambos genotipos por punto de tiempo. Este conjunto de datos fusionados se trata posteriormente como si fuera un único tiempo-curso (los puntos de tiempo repetidos se indican con *) ($0/0^*/2/2^*/6/6^*$). Antes de agrupamiento, un estimado de la potencia predictiva de un algoritmo de agrupamiento (Figura De Mérito) se calcula sobre un rango de grupos. La parte inferior de la Figura De Mérito, será la parte superior de la potencia predictiva del agrupamiento (Yeung et al., 2001). El número de grupos, para los que el aumento más pequeño no resulta en una

reducción de la Figura De Mérito, se selecciona como el número agrupado óptimo. Todo el cálculo de agrupamiento se realiza utilizando el TIGR Multiexperiment Viewer 2.2 (<http://www.tigr.org/>, 10/11/2003).

5 Cada gen se relaciona con dos grupos, que representan su perfil de expresión promedio en el tipo natural y el mutante. El potencial combinacional se representa en un formato de tabla cruzada con la indicación de la frecuencia de ocurrencia de cada combinación. Como un indicador de diferencias entre los grupos, se aplica un código de color. Para todos los grupos, los índices de inducción/reducción relativos de los perfiles de expresión entre 0h y 2h y entre 0h y 6h de los perfiles promedio se comparan entre sí. Si estos índices de inducción/reducción relativos difieren 2 veces o más en uno de estos niveles de comparación se asigna un color naranja o azul para esta combinación de agrupamiento. Si estos índices de inducción/reducción relativos difieren en ambos niveles 2 veces o más, se asigna un color rojo a esta combinación de agrupamiento. Un grupo se considera como que regula por aumento cuando el índice de inducción del nivel de expresión es más fuerte de 2 veces para ambos intervalos (0-2 y 0-6). Solo los grupos 1, 2, 3 y 4 cumplen con estos criterios.

Método de Separación celular

Muestreo

15 En el sistema de raíz lateral inducible se germinan semillas (J0121, http://www.plantsci.cam.ac.uk/Haseloff/geneControl/catalogues/Jlines/record/record_0.html) (Himanen et al., 2002). Como se describió anteriormente, las plántulas se cosechan después de 2h y 6h. Para todos los puntos de tiempo las raíces se cortan en fragmentos pequeños de 0.5 mm, y aquellos segmentos se convierten en protoplastos de acuerdo con Birnbaum et al. (2003, 2005). Se aíslan células que expresan GFP en a separador celular activado por fluorescencia (Becton Dickinson FACS Advantage). Las células se separan directamente en regulador de lisis (regulador Qiagen RLT), se mezclan y se congelan inmediatamente a -80° C para la extracción de ARN final. Todos los tratamientos se repiten.

Micromatriz y agrupamiento

25 Los protocolos Affymetrix Estándar para las muestras pequeñas luego se utilizan para amplificar, marcar e hibridar las muestras de ARN (<http://www.wi.mit.edu/CMT/protocols/AffySmlSamplProto.pdf>). El cARN hibridado se fragmenta como se describe en el Manual Técnico de Análisis de Expresión GeneChip®. Se realizan las etapas de hibridación, lavado y teñido de acuerdo con los protocolos Affymetrix (<http://www.wi.mit.edu/CMT/protocols/Affymetrix%20User%20Manual.pdf>).

30 Los datos se procesan utilizando un Modelo Mezclado. Este análisis de modelo mezclado de varianza se realiza para identificar genes diferencialmente expresados entre los diversos tratamientos (Chu et al., 2002, 2004). En este método, se aplica una etapa de normalización global para minimizar los efectos de nivel de matriz general al centrar la media de los valores \log_2 transformados a cero para cada disposición (Chu et al., 2002). Luego se retiran las sondas externas con valores mayores que dos desviaciones estándar de la media del conjunto de sonda. Luego, se aplica un modelo mezclado ANOVA a los valores de intensidad transformados y centrados obtenidos de la etapa de normalización global. Este modelo de gen, que se basa en aquel desarrollado por Chu et al. (2002), se puede formalizar como:

$$\log_2(PM_{jkl}) = T_j + P_k + A_{l(j)} + \epsilon_{jkl}$$

40 En donde el PM variable se refiere a la salida del procedimiento de normalización global para cada gen, como se describió anteriormente. Los símbolos T, P, y A (por sus iniciales en inglés) representan efectos de tratamiento, sonda, y matriz, respectivamente. El efecto de matriz $A_{l(j)}$ se asume que es un efecto aleatorio normalmente distribuido (Chu et al., 2002). También se aplica un término de error estándar ϵ_{jkl} a este modelo. Adicionalmente, los índices j, k, y l representan el tratamiento j-ésimo, en la sonda k-ésima, y en el replicado l-ésimo (Chu et al., 2002). La salida de este modelo es el valor de expresión medio para cada gen, con base en el modelo global, así como también un valor p del modelo de gen para la probabilidad de falso rechazo de la hipótesis nula de expresión no diferencial ($\alpha=0.05$). Los modelos de gen y globales se hacen correr en un servidor Linux con el software estadístico SAS (versión 8.2).

El agrupamiento de los 1920 genes significativamente expresados diferencialmente que salen del análisis estadístico en 10 grupos, se hace utilizando TIGR MeV 3.0.3 (Saeed et al., 2003).

Ejemplo 1: Muestreo y Análisis de Micromatriz

Recientemente, desarrollamos un sistema inducible de raíz lateral con base en auxina (Himanen et al., 2002). Con base en este sistema de planta inducible único realizamos un perfil de transcripto de amplio genoma, para identificar los reguladores clave de iniciación de raíz lateral. Para facilitar la identificación de aquellos genes con una función en la señalización de auxina en relación a la iniciación de raíz lateral se incluye un mutante como un control negativo. El mutante (raíz solitaria) se selecciona principalmente por su incapacidad de formar raíces laterales y debido a que el gen afectado se involucra a una parte conocida de señalización de auxina (Fukaki et al., 2002). La comparación del tipo natural y el mutante en el sistema de raíz lateral inducible es de fundamental importancia para seleccionar genes implicados en iniciación de raíz lateral, en la dirección 3' de la proteína afectada en el mutante (IAA14/SLR).

Se seleccionan puntos de tiempo en tal forma que podemos supervisar la expresión del gen en diferentes etapas justo antes de la primera división en el periciclo. Himanen et al. (2002) muestra que este evento ocurre 8 a 10h después de transferencia del medio que contiene auxina. El punto de tiempo cero (72h NPA) es consistente con un estado bloqueado G1/S, mientras que 6h después de transferencia a células del periciclo auxina adyacentes a los polos de xilema están casi empezando la transición G2/M. Adicionalmente, la respuesta más temprana de auxina en la raíz se visualiza con un DR5::GUS reportado de 1.5 a 2 h después de tratamiento con auxina (Fig. 2). Por lo tanto, se incluye un punto de tiempo (2h NAA) para representar esta transcripción modulada por auxina más temprana.

El tipo natural y el mutante (slr-1) se someten a estos tratamientos. Adicionalmente, se incluye el tratamiento simulado para el tipo natural para evaluar la expresión del gen diferencial debido a la transferencia. Todos los tratamientos se repiten biológicamente agregando significancia estadística a los datos.

Ejemplo 2: Análisis estadístico y agrupamiento

Después de normalización y transformación, los datos se someten a análisis ANOVA. La comparación del perfil de transcripto limitado previo (en 4600 genes) (Himanen et al., resultados no publicados) con el actual, claramente muestra que nuestro sistema inducible de raíz lateral es altamente reproducible, debido a que 64 % de los genes diferencialmente expresados se confirman cuando se revisan al mismo nivel de significancia ($p < 0.005$). Con el fin de reducir la cantidad de falsos positivos aún adicionalmente, aplicamos una exigencia 5 veces mayor ($p < 0.001$) que en el perfil de transcripto previo. En este alto nivel de exigencia aún 3110 genes se regulan diferencialmente. El agrupamiento de todos los puntos de datos para el tipo natural y la raíz solitaria no cumplen necesariamente nuestras necesidades para evaluar las diferencias en los perfiles de expresión en ambos genotipos. Con el fin de cumplir con este criterio, los datos para ambos genotipos se combinan en un conjunto de datos. Cada gen se representa dos veces en el conjunto de datos combinado, que resulta en los perfiles de expresión 6220. Con el fin de estimar el número óptimo de grupos, la Figura De Mérito (FOM por sus siglas en inglés) se calcula para un rango de grupos. Se estima el FOM más pequeño en 14 grupos, que representa el número óptimo de grupos que corresponden a la potencia predictiva mayor (Fig. 3).

Posteriormente, se agrupan todos los 6220 perfiles de expresión en 14 grupos. De esta forma se asignan dos coordenadas por gen, que representan los perfiles de expresión en ambos genotipos. Todas las 196 (14x14) combinaciones potenciales se representan en la Fig. 4 junto con la frecuencia absoluta de los genes en cada combinación. Se indican los diferentes entre agrupaciones a través de un código de color.

Los genes indicados en rojo (305) representan los genes para los que la expresión del gen tipo natural es siempre mayor en la raíz solitaria. Los genes de este tipo, inducidos en la raíz tipo natural y menos en la raíz solitaria, están probablemente más implicados en la iniciación de raíz lateral. Por lo tanto nos enfocamos en los genes, representados como los grupos 1, 2, 3 y 4 en el tipo natural. De esta manera podemos reducir el número total de genes regulados significativamente (3110) a 266 (~9 %) que pueden tener una función crucial en la iniciación de raíz lateral.

Ejemplo 3: Efecto de filtración en las categorías funcionales generales

Una comparación de los porcentajes de genes que pertenecen a una categoría funcional antes y después de agrupamiento de acuerdo con MATDB (base de Datos MIPS de Arabidopsis Thaliana) ilustra muy bien la efectividad de nuestro agrupamiento basado en la tabla cruzada (Tabla 1). El procedimiento de filtración resulta claramente en un enriquecimiento de los genes relacionados con el ciclo celular, procesamiento de ARN, síntesis de ADN y señalización y desarrollo. Estas características confirman que la supervisión de la evolución del ciclo celular en el periciclo es posible utilizando nuestro sistema inducible de raíz lateral. Adicionalmente, encontramos un porcentaje mayor de genes implicados en la regulación transcripcional, que indica que existe una necesidad general de actividad transcripcional aumentada. El porcentaje de genes no clasificados y desconocidos permanece aproximadamente al mismo nivel. Más aún, se logra una reducción relativa fuerte de genes implicados en tensión, transporte y metabolismo a través de los criterios de selección aplicados. A pesar de esto, la caída en el número de

genes implicados en el transporte también se puede categorizar como una caída en el número de genes relacionados con respuestas a la tensión y desintoxicación.

Ejemplo 4: Regulación del ciclo celular durante iniciación de raíz lateral

5 El examen detallado de la selección revela los marcadores fase G1/S y S tales como Arath; CYCD3; 2 y Arath; CYCA2; 4. Adicionalmente, la conexión para la entrada/evolución de la fase S nunca es lejana ya que existe una alta representación de genes implicados en replicación de ADN y la síntesis de proteína. Esto destaca la adecuabilidad de nuestro método para estudiar la regulación del ciclo celular mediado por auxina. Tan es interesante como pueden ser los eventos del ciclo de núcleo celular, requieren cascadas de señalización en la dirección 5' tales como señalización de auxina.

10 Ejemplo 5: Señalización de auxina durante iniciación de raíz lateral

En nuestra selección exigente, se detectan diversos genes que pertenecen a las familias del gen con funciones conocidas en la señalización de auxina tal como Aux/IAA, ARF, ATGH3 y un ATSAUR (Hagen & Guilfoyle, 2000). Diferentes mutantes en los genes pertenecen a la familia del gen Aux/IAA que tiene fenotipos de raíz lateral (Fukaki et al., 2002; Park et al., 2002). Sus productos de gen actúan para reprimir la actividad de los dímeros del factor de transcripción ARF (Leyser, 2002).

15 Recientemente, los investigadores obtuvieron información de la función de los productos de gen ATGH3, a través del análisis de las estirpes etiquetadas de activación (Takase et al., 2004). Se ha mostrado que varias de estas proteínas GH3 adenilan las hormonas de planta y se basan en su especificidad de sustrato y la estructura de la proteína, estas se subdividen en tres clases principales (Staswick et al., 2002). Los miembros del grupo II, tal como 20 ATGH3-1, ATGH3-5 y ATGH3-6/DFL1, pueden adenilar IAA, regulando negativamente la actividad de auxina (Takase et al., 2004).

Para el ARN Small Auxin Up (ATSAUR), se sabe muy poco acerca de su función en la respuesta de auxina. Sin embargo, su inducibilidad de auxina se ha reportado durante varios años (McClure & Guilfoyle, 1989).

Ejemplo 6: Nuevos genes en la iniciación de raíz lateral: factores de transcripción

25 Los factores de transcripción cumplen funciones centrales en la formación de patrones y desarrollo (Sabatini et al., 2003), es obvio que dichos genes en nuestra selección (19) serán de importancia particular en las cascadas de señalización durante iniciación de raíz lateral (Tabla 1). La mayoría de los genes de esta selección se muestran recientemente por ser expresados específicamente en el tejido de estela (que incluye el periciclo) mediante un estudio de perfil de transcripto de la punta de raíz de Arabidopsis (Birnbaum et al., 2003), justificando el criterio de 30 selección utilizado en nuestro estudio.

De manera interesante, dos de los factores de transcripción del dominio AP2 pertenecen al mismo subclado. Esto implica que es probable que estos genes tengan funciones redundantes. Adicionalmente, existe un factor de transcripción de dominio AP2 que pertenece a este mismo subclado de tres genes, que no se representa en la micromatriz (Alonso et al., 2003). Hacemos la hipótesis de que este gen (At4g27950) también puede ser 35 funcionalmente redundante a los dos otros miembros de este subclado. Por consiguiente, este gen también se puede agregar a nuestra selección, llevando el número final de muestra selección a 20 genes.

Dentro de nuestro conjunto de datos existen 15 factores de transcripción para los que no se ha sugerido la señalización de auxina. Para un inicio de la validación será de nuestro interés principal hacer un análisis funcional de estos factores de transcripción con respecto a la iniciación de raíz lateral.

40 Muchos de estos factores de transcripción tienen gran potencial para involucramiento en el desarrollo de la raíz lateral, ya que tienen homólogos para los que se ha reportado una función en el desarrollo del órgano. El gen ABI3 se describió previamente como un gen específico de semilla, pero recientemente ha mostrado que tiene una función en la señalización de auxina y el desarrollo de raíz lateral (Brady et al., 2003). También, se ha mostrado que el AP2 y diversos genes de movilidad de repetición están implicados en el desarrollo del órgano floral, que implica que los 45 homólogos tienen gran potencial que es esencial en el desarrollo de otros órganos tales como raíces laterales (Carpenter & Coen, 1990; Maes et al., 1999).

De manera interesante, existe un factor de transcripción, MYB124, para el que el mutante tiene un desarrollo estomal aberrante. Como el resultado de la estoma de mutación se forman cuatro células protectoras en lugar de dos (Yang & Sack, 1995). Su regulación por aumento luego de tratamiento de auxina de la raíz implica que el producto de gen MYB124 puede tener una función crucial en las divisiones formativas en el periciclo (iniciación de 50 raíz lateral) cuando este tiene desarrollo estomal.

Ejemplo 7: Identificar genes de división celular asimétrica

Utilizando LRI como un modelo para diseccionar genéticamente la división celular asimétrica, investigamos dentro de nuestros 10 grupos, cuyos grupos contienen los reguladores putativos de este tipo de división.

5 En primer lugar, analizamos que el grupo se une fuertemente con la transición G2 a M al verificar el perfil de expresión durante la evolución del ciclo celular utilizando los datos de expresión de genoma amplio para las suspensiones celulares de Arabidopsis sincronizadas (Menges et al., 2003). Encontramos que 48 % de los genes en el grupo 3 añadido en la transición G2 a M. Esto es opuesto a menos de 10 % de los genes que se añaden en esta transición en todas las otras agrupaciones. Esta es una sobrerepresentación fuerte de genes relacionados G2 a M dentro de este grupo cuando se compara con las otras agrupaciones. Adicionalmente, es decir 59 % de los genes específicos G2 a M se presentan en el conjunto de datos completo.

10 En segundo lugar, analizamos que el grupo se correlaciona potencialmente con la división celular asimétrica. Para esto utilizamos secuencias de proteínas de genes que se asignan a las categorías funcionales (<http://www.godatabase.org/cgi-bin/amigo/go.cgi>) "división celular asimétrica" y/o "establecimiento y/o mantenimiento de la polaridad celular" en una amplia variedad de organismos (es decir Caenorhabditis elegans, Drosophila melanogaster, Schizosaccharomyces pombe, ratón...). Realizamos un análisis blast de proteína con las secuencias de proteína de diversos organismos y aquellas secuencias de proteínas Arabidopsis de los genes asignados a nuestros grupos. Esto resulta en una sobrerepresentación de 54 genes correlacionados putativamente con "división celular asimétrica", "compromiso de destino celular" y/o "establecimiento y/o mantenimiento de la polaridad celular" en el grupo 3.

20 Para analizar adicionalmente el proceso de división celular asimétrica, por lo tanto nos enfocamos en los 340 genes dentro del grupo 3. Dentro de este grupo, 25 % de los genes se han descrito; se desconoce 75 %, expresado, hipotético o putativo.

25 Con el fin de reducir aun adicionalmente el número de candidatos de interés; sustraemos aquellos genes de los que el involucramiento en la división celular normal (células de suspensión celular Arabidopsis sincronizadas y divididas) se muestra (Menges et al., 2003). Después que el análisis ha finalizado con 190 candidatos implicados potencialmente en la división celular asimétrica.

Ejemplo 8: Análisis meta para el mejoramiento de los resultados

Se ha demostrado previamente que la evolución del ciclo celular en el periciclo no es suficiente para la iniciación de raíz lateral mediada por SOLITARY ROOT/IAA14 en Arabidopsis thaliana (Vanneste et al., 2005).

30 Para soportar este hallazgo analizamos el fenotipo de raíz de los genes ciclo celular que sobre expresa las líneas transgénicas (35S). Con base en los perfiles de expresión específicos de la etapa del ciclo celular luego de inducción de raíz lateral mostrado en Himanen et al. (2002) y nuestro conjunto de datos, seleccionamos CYCD3;1 (G1 a S y G2 a M, Dewitte and Murray, 2003), E2Fa/DPa (G1 a S, De Veylder et al., 2002) y CDKB1;1 (G2 a M, Boudolf et al., 2004). El fenotipo de sobreexpresión en plántulas de 10 días de edad de todas las estirpes se analiza y se compara con WT (Figura 5). Ninguna de las estirpes transgénicas muestra un aumento significativo en la densidad de la raíz lateral. La estirpe de sobreexpresión transgénica doble de E2Fa/DPa aún muestra una reducción fuerte en el número de raíz lateral comparado con el tipo natural Col. También la sobreexpresión de CDKB1;1 resulta en pocas raíces laterales. Adicionalmente, en el caso de CDKB1;1, la sobreexpresión del alelo negativo dominante de CDKB1;1 (CDKB1; 1.N161) (Boudolf et al., 2004), resulta en una reducción más fuerte del número de raíces laterales.

45 Luego, analizamos si la aplicación de auxina (NAA) en combinación con la expresión del gen de ciclo celular aumentado puede resultar en un número mayor de raíces laterales comparado con la auxina o el ciclo celular solo. Por lo tanto se transfieren plántulas 5 días de edad de las líneas transgénicas Arabidopsis mencionadas anteriormente OE OE OE OE OE de E2Fa^{OE}, DPa^{OEOE}, CYCD3;1^{OE} y CDKB1;1^{OE} para aumentar las concentraciones de auxina (10^{-8} , 10^{-7} y 10^{-6} M de NAA) y analizamos, después de otros 5 días de crecimiento, su capacidad de iniciar raíces laterales. Encontramos una reducción significativa en el CYCD3;1^{OE} opuesta al tipo natural. De forma similar, el número de LR/cm puede aumentar significativamente en la estirpe transgénica E2Fa/DPa^{OE}, hasta que excede el número tipo natural en alta concentración de auxina OE. Aún CDKB1;1OE excede el número WT luego aplicación de auxina, mientras este OE no es el caso de la estirpe CDKB1;1DN^{OE}.

50 Los resultados anteriores indican que la estimulación de la maquinaria del ciclo celular básica no es suficiente para la iniciación de raíz lateral de nuevo pero cuando se proporciona auxina extra se puede explotar la competencia del ciclo celular mejorado para producir nuevos órganos. Esto corrobora la sugerencia por Vanneste et al. (2005) que, luego a la activación del ciclo celular, se requiere otro factor para dirigir específicamente la iniciación de raíz lateral.

5 No obstante una función putativa para CDKB1;1 en la iniciación de raíz lateral, los genes del ciclo celular no son claramente los reguladores clave para la iniciación de raíz lateral. Por lo tanto, buscamos dentro de nuestro conjunto de datos para reguladores específicos potenciales de iniciación de raíz lateral por medio del análisis meta. Este análisis meta se desarrolla para reducir el número de genes de 1920 genes significativos a 15 candidatos altamente interesantes (Tabla 3). El análisis implicado en las etapas posteriores de sobreposición y en el análisis en profundidad de los subconjuntos de genes como se describe adelante.

1) Disposición del Genoma Affymetrix Arabidopsis ATH-1 (22758 genes);

2) Genes expresados diferencialmente significativamente únicos (1920);

10 3) Genes regulados por aumento en la división celular asimétrica durante iniciación de raíz lateral después de seleccionar 1 agrupación con base en los siguientes criterios (340) utilizando análisis profundo con términos de categorías funcionales:

* mayor % de genes G2-M

* mayor % de genes implicados en asimetría

* mayor % de genes implicados en polaridad

15 * mayor % de genes implicados en destino celular;

4) Genes potencialmente implicados en destino celular y polaridad celular (190) después de sustraer el aparato mitótico con base en Menges et al. (2003);

20 5) Genes implicados en destino celular inducido por auxina y / o polaridad celular en el periciclo de polo de xilema durante iniciación de raíz lateral (15) después de sobreposición de los 190 genes restantes con aquellos genes de iniciación de raíz lateral (913) dependiendo en la degradación rápida SLR/IAA14 para la respuesta de auxina normal, como se deriva de la tabla cruzada (Fig 4).

Ejemplo 9: BDL se implica en la iniciación de raíz lateral

25 Como se determina más temprano (Vanneste et al., 2005), un mecanismo regulador importante para iniciación de raíz lateral es señalización y transporte de auxina. La Tabla 4 mencionado de los genes implicados en aquellos eventos y demuestra que la mayor parte de los mismos se regulan por aumento/descenso temprano. Se ha mostrado un número de genes se implica en la formación de raíces laterales (ALF1/RTY/SUR1, Celenza et al., 1995, King et al., 1995, Boerjan et al., 1995; DFL1, Nakazawa et al., 2001) y para diversos Aux/IAA y ARF una función de la iniciación de raíz lateral y/o la formación se muestra más temprano (IAA19/MSG2, Tatematsu et al., 2004; ARF19, Wilmoth et al., 2004; IAA1/AXR5, Yang et al., 2004; IAA3/SHY2, Tian and Reed, 1999)

30 Para BDL/IAA12, parte de un par de reguladores transcripcionales con MP/ARF5, demostramos el involucramiento en la iniciación de raíz lateral. La expresión específica de periciclo de polo de xilema de una versión mutante estabilizada de la proteína BDL en J0121xUAS:bdl (0.0 ± 0.0) resulta en un fenotipo sin raíz lateral, mientras que las líneas de control Col-0 (3.0 ± 0.1), J0121 (4.1 ± 0.1), UAS: bdl (3.1 ± 0.1), UAS:BDL (2.8 ± 0.1) y J0121xUAS:BDL (3.6 ± 0.1) no exhibe la reducción en el número de raíces laterales / cm (Figura 6).

Ejemplo 10: función de CYCA2;4 en la formación de raíces laterales

35 Se identifica CYCA2;4 como un regulador importante putativo de la división celular durante iniciación de raíz lateral (Vanneste et al., 2005). Sin embargo, la sobreexpresión de CYCA2;4 no induce un aumento en las raíces laterales (similar a la sobreexpresión de otros genes del ciclo celular), mientras que no estimula la evolución del ciclo celular como se ejemplifica mediante una reducción fuerte del nivel de endoreduplicación en cotiledóneas. También en los transgénicos no se observan cambios obvios en la densidad de la raíz lateral. Pero, el CYCA2;4 pertenece a una familia de gen pequeño que consiste de 4 miembros. Combinar las mutaciones en diversos miembros de esta familia resulta en reducción dramática de la densidad de raíz lateral (Figura 7). Tomados juntos estos datos sugieren que se requieren ciclinas tipo A2, pero no suficiente para que ocurra el inicio de raíz lateral.

45 De forma interesante, CYCA2;4 – un gen del ciclo celular de núcleo – se retiene en la lista de genes después de análisis meta. Desafortunadamente, se requiere la carencia del fenotipo de raíz lateral en las estirpes de sobreexpresión pueden sugerir una combinación de genes/factores para conducir específicamente la división celular asimétrica y la iniciación de raíz lateral. Más probablemente los candidatos que, cuando se combinan, que inducirán la iniciación de raíz lateral están dentro del subconjunto de 15 genes identificados bajo el ejemplo 8.

Ejemplo 11: Detección de mutante

5 Un número de los mutantes de inserción de T-ADN SALK de genes en diversos grupos se hacen homocigotos y se analizan para su fenotipo de raíz lateral (Figura 8). En la gráfica, las barras de mutantes con un aumento o reducción significativa en el número de raíz lateral son de color verde o rojo, respectivamente. El cuadro verde o rojo alrededor de la parte de la gráfica indica genes de grupos regulados por aumento o por disminución respectivamente.

Además del fenotipo de la raíz lateral, también se detectan los defectos en otros procesos que requieren división celular asimétrica, es decir formación de estomas y embriogenia.

Ejemplo 12: Análisis de expresión mediante fusión GUS/ GFP

10 Un número de fusiones de promotor-GUS/GFP de genes en diversos grupos se hacen homocigotos y se analizan en detalle para su patrón de expresión (Figura 9). Principalmente, el patrón de expresión GUS/GFP está de acuerdo con la regulación por disminución o aumento del gen en el conjunto de datos de micromatriz.

Para 4 genes se analiza el patrón de expresión en detalle, y revela una regulación por disminución o aumento específica del GUS/GFP en el sitio de iniciación de raíz lateral al momento de la división celular asimétrica de acuerdo con el nivel de transcrito detectado en la micro disposición (Figura 10).

15 Tablas

Tabla 1: Resumen de los cambios en las categorías funcionales después de filtración

Categorías funcionales	% en 3110	% en 266
Ciclo celular/síntesis de ADN	3.9	8.3
Quinasa/Fosfatasa	5.5	3.4
Metabolismo/Energía	22.7	12.4
Síntesis de Proteína/Degradación	9.7	9.0
Procesamiento de ARN	1.6	3.0
Señalización/desarrollo	6.8	12.8
Tensión	4.0	2.3
Actividad transcripcional	10.9	14.7
Transporte	7.2	2.3
Otros	5.5	7.1
No clasificado/desconocido	22.1	24.4
Iniciación de raíz lateral encriptada en los genes de iniciación de raíz lateral		

ES 2 390 473 T3

Tabla 2: Lista de factores de transcripción regulados por aumento que no son responsables del mutante (Sir)

Código AGI	Descripción	Coordenadas de agrupamiento	
		Tipo natural	Raíz solitaria
At2g33720	TF relacionado ABI3/VP1	4	7
At5g53290	TF de dominio AP2	1	4
At4g23750	TF de dominio AP2	1	6
At5g18560	TF de dominio AP2	1	8
At1g28360	TF de dominio AP2	2	8
At5g10510	TF de dominio AP2	3	8
At5g57390	TF de dominio AP2	3	8
At4g28640	Familia Aux/IAA (IAA11)	1	2
At4g32280	Familia Aux/IAA (IAA29)	1	2
At3g62100	Familia Aux/IAA (IAA30)	1	4
At5g43700	Familia Aux/IAA (IAA4)	2	5
At5g60450	Factor de Respuesta Auxina (ARF4)	2	8
At4g00940	Proteína de dedo de zinc DOF	4	9
At1g27050	TF de movilidad y repetición de genes	2	7
At2g01430	TF de movilidad y repetición de genes	2	7
At1g14350	TF de dominio MYB (AtMYB124)	2	5
At1g18570	TF de dominio MYB (AtMYB51)	4	9
At2g47260	TF de dominio WRKY (WRKY23)	3	7
At5g26930	Proteína de dedo de zinc GATA	1	4

ES 2 390 473 T3

Tabla 3. Lista de genes que se regulan por aumento en el periciclo de polo de xilema, que no son responsable en el mutante s/ r y que muestra el involucramiento potencial en la división celular asimétrica

Código AGI	Descripción
AT5G63950	PROTEÍNA que contiene EL DOMINIO HELICASA/PROTEÍNA que contiene EL DOMINIO SNF2
AT5G67100	SUBUNIDAD CATALÍTICA ALFA POLIMERASA DE ADN DIRIGIDO A ADN, PUTATIVO
AT2G33620	PROTEÍNA DE LA FAMILIA DE UNIÓN DE ADN/EN PROTEÍNA GANCHO 1 (AHP1)
AT2G46990	PROTEÍNA DE RESPUESTA DE AUXINA/PROTEÍNA 20 INDUCIDA POR ÁCIDO INDOLACÉTICO (IAA20)
AT5G47440	PROTEÍNA EXPRESADA DE SIMILITUD FUERTE PARA LA PROTEÍNA DESCONOCIDA
AT4G32460	PROTEÍNA EXPRESADA
AT4G13210	PROTEÍNA DE LA FAMILIA LIASA PECTATO
AT3G59430	PROTEÍNA EXPRESADA
AT3G01070	PROTEÍNA que contiene EL DOMINIO COMO PLASTOCIANINA
AT3G59420	PROTEÍNA QUINASA DEL RECEPTOR, PUTATIVA (ACR4)
AT1G80370	CICLINA, PUTATIVA
AT1G69530	EXPANSINA, PUTATIVA (EXP1)
AT4G02060	PROTEÍNA PROLIFERA (PRL)/FACTOR MCM7 DEL FACTOR DE LICENCIAMIENTO DE REPLICACIÓN DE ADN (MCM7)
AT5G67070	PROTEÍNA DE LA FAMILIA DEL FACTOR DE ALCALINIZACIÓN RÁPIDA (RALF)
AT1G61580	PROTEÍNA L3 RIBOSÓMICA 60S (RPL3B)

5 Tabla 4: Expresión en una etapa temprana de los genes implicados en señalización de auxina y transporte como se determina mediante el método de separación celular.

Nombre del gen	agi	0h	2h	6h
AAP6	At5g49630	0,852584	1,25473	1,549922
ALF1 SUR1 RTY	AT2g20610	3,526627	1,659614	1,132184
ARF16	At4g30080	0,727253	1,044252	1,222434
ARF18	At3g61830	1,02858	1,042211	1,37744

ES 2 390 473 T3

(continuación)

Nombre del gen	agi	0h	2h	6h
ARF19	At1g19220	0,964729	2,260746	1,345781
ARF4	At5g60450	0,993832	2,433736	1,34132
ARF5 IAA24 MP	At1g19850	0,805484	1,062866	1,646489
AtGH3_1	At2g14960	0,993763	14,46607	12,64589
AtGH3_4	At1g59500	1,832319	11,94342	5,062107
AtGH3_5	AT4g27260	4,933415	36,44469	28,02028
AtGH3_6 DFL1	At5g54510	4,107676	33,98892	33,18595
ATSAUR32	At2g46690	0,745399	1,083697	1,357203
ATSAUR51	At1g75580	0,641888	0,861681	1,394927
DFL1	AT5G54510	4,107676	33,98892	33,18595
HAT2	AT5G47370	3,866166	5,905478	1,72286
IAA1	AT4G14560	1,444098	2,650251	3,498028
IAA11	AT4G28640	1,081115	2,990535	3,893183
IAA12 BDL	AT1G04550	1,070244	2,483024	2,141742
IAA13	AT2G33310	3,386846	16,95071	17,15706
IAA17 AXR3	AT1G04250	4,20049	5,560019	1,337217
IAA19 MSG2	AT3G15540	8,950041	37,74343	43,64249
IAA20	AT2G46990	0,643367	0,719127	1,830361
IAA26 PAP1	AT3G16500	1,67767	4,3412	2,185664
IAA29	AT4G32280	1,230655	15,62485	12,44667
IAA3 SHY2	AT1G04240	0,649735	1,143323	0,778411
IAA5	AT1G15580	0,800279	1,701733	2,127686
COMO PINOIDE	At3g44610	0,730512	0,863134	2,114596

Tabla 5: código de los mutantes utilizados

Código de la gráfica	AGI
H19	At3g59850
R	At4g23750
S	At4g23750
H12	At4g38210
H10	At5g 15080
101	At5g51560
KO1	At1g11140
KO2	At1g55580
90	At1g57820
H8	At1g69530
108	At1g72250
H2	At2g06850
67	At2g22610
68	At2g28620
94	At2g28620
135	AT2G33620
59	At3g51280
87	At3g51740
H14	At3g53190
83	At4g02150
85	At4g05190
105	At4g18570
91	At4g21820
H11	At4g29360
75	At4g32830
106	At4g32830

(continuación)

Código de la gráfica	AGI
H23	At5g08000
88	At5g45780
124	At5g47440
65	At5g48460
H3a	At1g08840
M	At1g72310
H4	At1g75640
5	At4g28640
H15	At1g64390
H20	At3g58040
H21	At1g14720
H6	At1g29050
H29	At1g53500
H1	At1g60610
H26	At2g45470
H28	At3g10810
H5	At3g52370
H18	At4g03960
H9	At4g14130
H27	At5g18650
H13	At5g38895
H17	At5g54160
H16	At5g57740
H22	At5g03650
6	At2g33830
22	At2g33830

(continuación)

Código de la gráfica	AGI
H7	At3g54920
H24	At3g54920

Tabla 6: genes utilizados en la fusión GUS

1	pAt4g13770::GUS
2	pAT2G20610::GUS
3	pAt3g46130::GUS
4	pAt3g11280::GUS
5	pAt1g49740::GUS
6	pAt1g64405::GUS
7	pAt3g55620::GUS
8	pCYCB1;1::GUS
9	pCYCB1;3::GUS
10	pCYCB2;2::GUS
11	pCYCB2;4::GUS
12	pCYCA2;2::GUS
13	pCYCA2;3::GUS
14	pCDKB2;2::GUS
15	pCKS2::GUS
16	pDEL3::GUS
17	pAt3g58100::GUS
18	pAt1g54990::GUS
19	pAt5g26930::GUS
20	pAT1 G69530::GUS
21	pACR4>>H2B::YFP (Gifford et al., 2003)

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> VIB vzw

Universiteit Gent

<120> GENES IMPLICADOS EN LA DIVISIÓN CELULAR ASIMÉTRICA

5 <130> TBE/Lat/v214

<150> EP05107830.1

<151> 2005-08-26

<160> 34

<170> PatentIn version 3.3

10 <210> 1

<211> 326

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

15 <221> MISC_FEATURE

<223> At2g33720

<400> 1

ES 2 390 473 T3

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Pro Thr Ser Glu Glu Ala Ile Asn Leu Ala Trp Met Arg Thr Met Ser
165 170 175

Lys Arg Ala Arg Lys Glu Glu Glu Lys Tyr Tyr Val Ser Thr Glu Leu
180 185 190

Thr Leu Leu Thr Val Ala Asp Pro Trp Thr Leu Lys Met Ala Met Thr
195 200 205

Lys Ser Ser Ile Gly Asn Leu Tyr Arg Leu Val Leu Lys Ala Ser Phe
210 215 220

Val Asp Ile His Ile Leu Arg Tyr Leu Pro Leu Asp Asp Gln Met Met
225 230 235 240

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

Asp Ser Val His Asn Leu Ala Leu Lys Lys Trp Ala Lys Ser Ser Ser
260 265 270

Phe Val Leu Val Ser Gly Trp Arg Lys Cys Phe Val Asp Arg Arg Gly
275 280 285

Leu Gln Val Gly Asp Val Ile Gly Met Tyr Trp Asp Arg Ser Glu Ser
290 295 300

Lys Leu His Phe Cys Val Leu Ser Arg Ser Glu Thr Met Asp Ser Ala
305 310 315 320

Pro Leu Pro Pro Ser Pro
325

ES 2 390 473 T3

<210> 2

<211> 354

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

5 <220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At5g53290

<400> 2

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

ES 2 390 473 T3

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

Asn Asn Val Val Thr Gly Val Ser Met Lys Asp Arg Lys Arg Leu Ser
85 90 95

Ser Ser Ser Asp Glu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Ser Arg Gln Arg Pro
100 105 110

Asn Asn Lys Val Ser Val Ser Gly Gln Ile Lys Lys Phe Arg Gly Val
115 120 125

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

Gln Arg Arg Arg Ile Trp Leu Gly Thr Phe Glu Thr Ala Glu Glu Ala
145 150 155 160

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

Leu Thr Asn Phe Ser Ile Pro Pro Gln Glu Glu Glu Glu Glu Glu
180 185 190

Pro Glu Pro Val Ile Glu Glu Lys Pro Val Ile Met Thr Thr Pro Thr
195 200 205

Pro Thr Thr Ser Ser Ser Glu Ser Thr Glu Glu Asp Leu Gln His Leu
210 215 220

Ser Ser Pro Thr Ser Val Leu Asn His Arg Ser Glu Glu Ile Gln Gln
225 230 235 240

Val Gln Gln Pro Phe Lys Ser Ala Lys Pro Glu Pro Gly Val Ser Asn
245 250 255

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

Asp Ser Phe Pro Leu Asp Thr Pro Phe Leu Asp Asn Tyr Phe Asn Glu
275 280 285

Ser Pro Pro Glu Met Ser Ile Phe Asp Gln Pro Met Asp Gln Ile Phe
290 295 300

Cys Glu Asn Asp Asp Ile Phe Asn Asp Met Leu Phe Leu Gly Gly Glu
305 310 315 320

Thr Met Asn Ile Glu Asp Glu Leu Thr Ser Ser Ser Ile Lys Asp Met
325 330 335

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

val Ala

<210> 3

<211> 343

ES 2 390 473 T3

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

5 <223> At4g23750

<400> 3

```

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

```

ES 2 390 473 T3

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

<210> 4

<211> 348

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At5g18560

<400> 4

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

10

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At1g28360

<400> 5

```

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

```

5

<210> 6

<211> 566

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

10

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At5g10510

<400> 6

ES 2 390 473 T3

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

ES 2 390 473 T3

Val Thr Arg His Arg Trp Thr Gly Arg Tyr Glu Ala His Leu Trp Asp
 260 265 270
 Asn Ser Cys Arg Arg Glu Gly Gln Ala Arg Lys Gly Arg Gln Gly Gly
 275 280 285
 Tyr Asp Lys Glu Asp Lys Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Leu Ala Ala Leu
 290 295 300
 Lys Tyr Trp Asn Ala Thr Ala Thr Thr Asn Phe Pro Ile Thr Asn Tyr
 305 310 315 320
 Ser Lys Glu Val Glu Glu Met Lys His Met Thr Lys Gln Glu Phe Ile
 325 330 335
 Ala Ser Leu Arg Arg Lys Ser Ser Gly Phe Ser Arg Gly Ala Ser Ile
 340 345 350
 Tyr Arg Gly Val Thr Arg His His Gln Gln Gly Arg Trp Gln Ala Arg
 355 360 365
 Ile Gly Arg Val Ala Gly Asn Lys Asp Leu Tyr Leu Gly Thr Phe Ala
 370 375 380
 Thr Glu Glu Glu Ala Ala Glu Ala Tyr Asp Ile Ala Ala Ile Lys Phe
 385 390 395 400
 Arg Gly Ile Asn Ala Val Thr Asn Phe Glu Met Asn Arg Tyr Asp Val
 405 410 415
 Glu Ala Ile Met Lys Ser Ala Leu Pro Ile Gly Gly Ala Ala Lys Arg
 420 425 430
 Leu Lys Leu Ser Leu Glu Ala Ala Ala Ser Ser Glu Gln Lys Pro Ile
 435 440 445
 Leu Gly His His Gln Leu His His Phe Gln Gln Gln Gln Gln Gln
 450 455 460
 Gln Leu Gln Leu Gln Ser Ser Pro Asn His Ser Ser Ile Asn Phe Ala
 465 470 475 480
 Leu Cys Pro Asn Ser Ala Val Gln Ser Gln Gln Ile Ile Pro Cys Gly
 485 490 495
 Ile Pro Phe Glu Ala Ala Ala Leu Tyr His His His Gln Gln Gln Gln
 500 505 510
 Gln His Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Asn Phe Phe Gln His Phe Pro
 515 520 525
 Ala Asn Ala Ala Ser Asp Ser Thr Gly Ser Asn Asn Asn Ser Asn Val
 530 535 540
 Gln Gly Thr Met Gly Leu Met Ala Pro Asn Pro Ala Glu Phe Phe Leu
 545 550 555 560
 Trp Pro Asn Gln Ser Tyr
 565

ES 2 390 473 T3

<210> 7

<211> 555

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

5 <220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At5g57390

<400> 7

```

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

```

ES 2 390 473 T3

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

ES 2 390 473 T3

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

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

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

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

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

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

<210> 8

<211> 246

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At4g28640

<400> 8

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

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

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

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

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

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

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

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

ES 2 390 473 T3

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

<210> 9

<211> 251

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At4g32280

<400> 9

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

10

ES 2 390 473 T3

Gly Ser Phe Tyr Val₈₅ Lys Val Asn Met Glu₉₀ Gly Val Pro Ile Gly₉₅ Arg
 Lys Ile Asp Leu₁₀₀ Leu Ser Leu Asn Gly₁₀₅ Tyr His Asp Leu Ile₁₁₀ Thr Thr
 Leu Asp Tyr₁₁₅ Met Phe Asn Ala Ser₁₂₀ Ile Leu Trp Ala Glu₁₂₅ Glu Glu Asp
 Met Cys₁₃₀ Ser Glu Lys Ser His₁₃₅ Val Leu Thr Tyr Ala₁₄₀ Asp Lys Glu Gly
 Asp Trp Met Met Val₁₅₀ Gly Asp Val Pro Trp Glu₁₅₅ Met Phe Leu Ser Ser₁₆₀
 Val Arg Arg Leu Lys₁₆₅ Ile Ser Arg Ala Tyr His Tyr

<210> 11

<211> 186

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At5g43700

<400> 11

Met Glu Lys Val₅ Asp Val Tyr Asp Glu₁₀ Leu Val Asn Leu Lys Ala₁₅ Thr
 Glu Leu Arg Leu₂₀ Gly Leu Pro Gly₂₅ Thr Glu Glu Thr Val₃₀ Ser Cys Gly
 Lys Ser Asn₃₅ Lys Arg Val Leu Pro Glu₄₀ Ala Thr Glu₄₅ Lys Glu Ile Glu
 Ser Thr Gly₅₀ Lys Thr Glu₅₅ Thr Ala Ser Pro Pro Lys₆₀ Ala Gln Ile Val
 Gly Trp Pro Pro Val₇₀ Arg Ser Tyr Arg Lys₇₅ Asn Asn Val Gln Thr Lys₈₀
 Lys Ser Glu Ser₈₅ Glu Gly Gln Gly Asn Tyr₉₀ Val Lys Val Ser Met₉₅ Asp
 Gly Ala Pro Tyr₁₀₀ Leu Arg Lys Ile Asp₁₀₅ Leu Thr Met Tyr Lys₁₁₀ Gln Tyr
 Pro Glu Leu₁₁₅ Met Lys Ser Leu Glu₁₂₀ Asn Met Phe Lys Phe₁₂₅ Ser Val Gly

10

ES 2 390 473 T3

Glu Tyr Phe Glu Arg Glu Gly Tyr Lys Gly Ser Asp Phe Val Pro Thr
 130 135 140
 Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp Met Leu Val Gly Asp Val Pro Trp
 145 150 155 160
 Glu Met Phe Val Ser Ser Cys Lys Arg Leu Arg Ile Met Lys Gly Ser
 165 170 175
 Glu Val Lys Gly Leu Gly Cys Gly Gly Leu
 180 185

<210> 12

<211> 788

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At5g60450

<400> 12

Met Glu Phe Asp Leu Asn Thr Glu Ile Ala Glu Val Glu Glu Glu Glu
 1 5 10 15
 Asn Asp Asp Val Gly Val Gly Val Gly Gly Gly Thr Arg Ile Asp Lys
 20 25 30
 Gly Arg Leu Gly Ile Ser Pro Ser Ser Ser Ser Ser Cys Ser Ser Gly
 35 40 45
 Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Gly Ser Ala Ser Ser Ile Tyr Ser
 50 55 60
 Glu Leu Trp His Ala Cys Ala Gly Pro Leu Thr Cys Leu Pro Lys Lys
 65 70 75 80
 Gly Asn Val Val Val Tyr Phe Pro Gln Gly His Leu Glu Gln Asp Ala
 85 90 95
 Met Val Ser Tyr Ser Ser Pro Leu Glu Ile Pro Lys Phe Asp Leu Asn
 100 105 110
 Pro Gln Ile Val Cys Arg Val Val Asn Val Gln Leu Leu Ala Asn Lys
 115 120 125
 Asp Thr Asp Glu Val Tyr Thr Gln Val Thr Leu Leu Pro Leu Gln Glu
 130 135 140
 Phe Ser Met Leu Asn Gly Glu Gly Lys Glu Val Lys Glu Leu Gly Gly
 145 150 155 160

10

ES 2 390 473 T3

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

ES 2 390 473 T3

Glu Asn Asp Met Met Val Val Gly Asp Asp Pro Trp His Asp Phe Cys
 725 730 735
 Asn Val Val Trp Lys Ile His Leu Tyr Thr Lys Glu Glu Val Glu Asn
 740 745 750
 Ala Asn Asp Asp Asn Lys Ser Cys Leu Glu Gln Ala Ala Leu Met Met
 755 760 765
 Glu Ala Ser Lys Ser Ser Ser Val Ser Gln Pro Asp Ser Ser Pro Thr
 770 775 780
 Ile Thr Arg Val
 785

<210> 13

<211> 294

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At4g00940

<400> 13

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

10

ES 2 390 473 T3

Val Phe Thr Ser Ser Ala Ser Ser Ser Asn Pro Ser Lys Thr His Gln
 145 150 155 160
 Asn Asn Asn Asp Leu Ser Leu Ser Phe Ser Ser Pro Met Gln Asp Lys
 165 170 175
 Arg Ala Gln Gly His Tyr Gly His Phe Ser Glu Gln Val Val Thr Gly
 180 185 190
 Gly Gln Asn Cys Leu Phe Gln Ala Pro Met Gly Met Ile Gln Phe Arg
 195 200 205
 Gln Glu Tyr Asp His Glu His Pro Lys Lys Asn Leu Gly Phe Ser Leu
 210 215 220
 Asp Arg Asn Glu Glu Glu Ile Gly Asn His Asp Asn Phe Val Val Asn
 225 230 235 240
 Glu Glu Gly Ser Lys Met Met Tyr Pro Tyr Gly Asp His Glu Asp Arg
 245 250 255
 Gln Gln His His His Val Arg His Asp Asp Gly Asn Lys Lys Arg Glu
 260 265 270
 Gly Gly Ser Ser Asn Glu Leu Trp Ser Gly Ile Ile Leu Gly Gly Asp
 275 280 285
 Ser Gly Gly Pro Thr Trp
 290

<210> 14

<211> 444

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At1g27050

<400> 14

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

10

ES 2 390 473 T3

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

ES 2 390 473 T3

340 345 350
 Lys Leu Glu Val Val Trp Ala Thr Asp Pro Leu Val Lys Trp Lys Glu
 355 360 365
 Gly Val Thr Ala Gly Glu Gly Lys Glu Arg Thr Ser Ser Phe Ser Ser
 370 375 380
 Lys Leu Leu Arg Pro Val Met Pro Leu Arg Lys His Gly Arg Ser Ser
 385 390 395 400
 Arg Leu Ala Ser Ala Ile Val Asn Pro Arg Ser Asp Asn Thr Lys Gly
 405 410 415
 Ile Ser Gly Asp Gly Gly Ile Ser Ser Pro Ala Thr Thr Ser Glu Val
 420 425 430
 Lys Gln Arg Asn Ile Val Thr Tyr Asp Asp Ile Val
 435 440

<210> 15

<211> 275

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At2g01430

<400> 15

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

10

ES 2 390 473 T3

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Arg Asp Arg
 275

<210> 16

<211> 436

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At1g14350

<400> 16

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

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

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

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

10

ES 2 390 473 T3

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

ES 2 390 473 T3

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

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

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

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

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

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

Leu His Ser Leu
435

<210> 17

<211> 352

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At1g18570

<400> 17

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

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

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

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

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

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

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

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

10

ES 2 390 473 T3

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

<210> 18

<211> 337

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At2g47260

<400> 18

ES 2 390 473 T3

Met Glu Phe Thr Asp Phe Ser Lys Thr Ser Phe Tyr Tyr Pro Ser Ser
1 5 10 15

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

Leu Gly Phe Met Glu Leu Leu Ser Ser Gln Gln His Gln Asp Phe Ala
35 40 45

Thr Val Ser Pro His Ser Phe Leu Leu Gln Thr Ser Gln Pro Gln Thr
50 55 60

Gln Thr Gln Pro Ser Ala Lys Leu Ser Ser Ser Ile Ile Gln Ala Pro
65 70 75 80

Pro Ser Glu Gln Leu Val Thr Ser Lys Val Glu Ser Leu Cys Ser Asp
85 90 95

His Leu Leu Ile Asn Pro Pro Ala Thr Pro Asn Ser Ser Ser Ile Ser
100 105 110

Ser Ala Ser Ser Glu Ala Leu Asn Glu Glu Lys Pro Lys Thr Glu Asp
115 120 125

Asn Glu Glu Glu Gly Gly Glu Asp Gln Gln Glu Lys Ser His Thr Lys
130 135 140

Lys Gln Leu Lys Ala Lys Lys Asn Asn Gln Lys Arg Gln Arg Glu Ala
145 150 160

Arg Val Ala Phe Met Thr Lys Ser Glu Val Asp His Leu Glu Asp Gly
165 170 175

Tyr Arg Trp Arg Lys Tyr Gly Gln Lys Ala Val Lys Asn Ser Pro Phe
180 185 190

Pro Arg Ser Tyr Tyr Arg Cys Thr Thr Ala Ser Cys Asn Val Lys Lys
195 200 205

Arg Val Glu Arg Ser Phe Arg Asp Pro Ser Thr Val Val Thr Thr Tyr
210 215 220

Glu Gly Gln His Thr His Ile Ser Pro Leu Thr Ser Arg Pro Ile Ser
225 230 235 240

Thr Gly Gly Phe Phe Gly Ser Ser Gly Ala Ala Ser Ser Leu Gly Asn
245 250 255

Gly Cys Phe Gly Phe Pro Ile Asp Gly Ser Thr Leu Ile Ser Pro Gln
260 265 270

ES 2 390 473 T3

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

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

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

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

Glu

<210> 19

<211> 120

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At5g26930

<400> 19

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

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

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

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

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

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

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

Leu Ser Cys Ser Ser Val Leu Ala
 115 120

10

<210> 20

<211> 1090

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

ES 2 390 473 T3

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At5G63950

<400> 20

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

5

ES 2 390 473 T3

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

ES 2 390 473 T3

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

ES 2 390 473 T3

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

Thr Lys Ala Asp Arg Val Ile Val Val Asp Pro Ala Trp Asn Pro Ser
820 825 830

Thr Asp Asn Gln Ser Val Asp Arg Ala Tyr Arg Ile Gly Gln Thr Lys
835 840 845

Asp Val Ile Val Tyr Arg Leu Met Thr Ser Ala Thr Val Glu Glu Lys
850 855 860

Ile Tyr Arg Lys Gln Val Tyr Lys Gly Gly Leu Phe Lys Thr Ala Thr
865 870 875 880

Glu His Lys Glu Gln Ile Arg Tyr Phe Ser Gln Gln Asp Leu Arg Glu
885 890 895

Leu Phe Ser Leu Pro Lys Gly Gly Phe Asp Val Ser Pro Thr Gln Gln
900 905 910

Gln Leu Tyr Glu Glu His Tyr Asn Gln Ile Lys Leu Asp Glu Lys Leu
915 920 925

Glu Ser His Val Lys Phe Leu Glu Thr Leu Gly Ile Ala Gly Val Ser
930 935 940

His His Ser Leu Leu Phe Ser Lys Thr Ala Pro Ile Gln Ala Ile Gln
945 950 955 960

Lys Asp Glu Glu Glu Gln Ile Arg Arg Glu Thr Ala Leu Leu Leu Gly
965 970 975

Arg Ala Ser Ala Ser Ile Ser Gln Asp Thr Val Ile Asn Gly Ala Asp
980 985 990

Tyr Ala Phe Lys Pro Lys Asp Val Asn Leu Asp Lys Arg Ile Asn Ile
995 1000 1005

Ser Pro Val Asp Asp Lys Glu Leu Ser Glu Ser Val Ile Lys Ala
1010 1015 1020

Arg Leu Asn Arg Leu Thr Met Leu Leu Gln Asn Lys Gly Thr Val
1025 1030 1035

Ser Arg Leu Pro Asp Gly Gly Ala Lys Ile Gln Lys Gln Ile Ala
1040 1045 1050

Glu Leu Thr Arg Glu Leu Lys Asp Met Lys Ala Ala Glu Arg Ile
1055 1060 1065

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

Met Gln Lys Gly Leu Asn Leu
1085 1090

<210> 21

<211> 406

ES 2 390 473 T3

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

5 <223> At5G47440

<400> 21

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

ES 2 390 473 T3

195 200 205

Val Arg Ser Ser Val Asp Ile His Ser Pro Gly Asp Leu Met Thr Leu
 210 215 220

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

Arg Gln Pro Lys Glu Ser Arg Lys Asn Ala Thr Ile Thr Pro Cys Glu
 245 250 255

Arg Ser Phe Ser Asp Ser His Trp Pro Gly Glu Asn Cys Gln Phe Arg
 260 265 270

Leu Glu Glu Pro Asn Leu Pro Leu Glu Gly Glu Leu Val Gln Cys Ala
 275 280 285

Arg Asn Gly Leu Gln Arg Asn Lys Arg Val Cys Val Tyr Ile Asn Lys
 290 295 300

Lys Ser Gln Val Met Ile Lys Leu Lys Ser Lys His Val Gly Gly Ala
 305 310 315 320

Phe Ser Lys Lys Ile Lys Cys Val Val Tyr Gly Val Cys Asp Glu Ile
 325 330 335

Ser Ala Trp Pro Cys Arg Lys Glu Arg Glu Asn Ser Glu Glu Val Tyr
 340 345 350

Phe Gly Leu Lys Thr Gly Gln Gly Leu Leu Glu Phe Lys Cys Lys Ser
 355 360 365

Lys Ile Gln Lys Gln Arg Trp Val Ala Gly Ile Gln Ser Asn Leu Arg
 370 375 380

Leu Val Ser Cys Leu Glu Ala Ala Lys Cys Ser Leu Glu Ser Leu Ser
 385 390 395 400

Leu Ser Asn Arg Met Arg
 405

<210> 22

<211> 250

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At1G69530

<400> 22

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

10

ES 2 390 473 T3

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

<210> 23

<211> 365

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At4G32460

ES 2 390 473 T3

<400> 23

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

ES 2 390 473 T3

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

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

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

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

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

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

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

<210> 24

<211> 129

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At5G67070

<400> 24

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

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

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

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

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

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

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

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

10

ES 2 390 473 T3

115 120 125

Arg

<210> 25

<211> 418

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At4G13210

<400> 25

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

ES 2 390 473 T3

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Leu Cys

<210> 26

<211> 461

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At1G80370

<400> 26

ES 2 390 473 T3

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

ES 2 390 473 T3

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<210> 27

<211> 167

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At3G01070

<400> 27

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

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

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

ES 2 390 473 T3

35 40 45

His Phe Tyr Leu Asp Asp Trp Leu Tyr Phe Val Tyr Glu Arg Asn Gln
 50 55 60

Tyr Asn Val Ile Glu Val Asn Glu Thr Asn Tyr Ile Ser Cys Asn Pro
 65 70 75 80

Asn Asn Pro Ile Ala Asn Trp Ser Arg Gly Ala Gly Arg Asp Leu Val
 85 90 95

His Leu Asn Val Thr Arg His Tyr Tyr Leu Ile Ser Gly Asn Gly Gly
 100 105 110

Gly Cys Tyr Gly Gly Met Lys Leu Ala Val Leu Val Glu Lys Pro Pro
 115 120 125

Pro Pro Pro Ala Ala Ala Pro Asn Lys Asn Ser Ala Arg Arg Thr Phe
 130 135 140

Ser Val Ser Gly Phe Ala Tyr Gln Phe Leu Ile Pro Val Ala Val Phe
 145 150 155 160

Ala Ala Val Gly Thr Arg Tyr
 165

<210> 28

<211> 390

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At1G61580

<400> 28

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

Leu Pro Arg Lys Arg Ala Ser Arg His Arg Gly Lys Val Lys Ala Phe
 20 25 30

Pro Lys Asp Asp Pro Thr Lys Pro Cys Arg Leu Thr Ser Phe Leu Gly
 35 40 45

Tyr Lys Ala Gly Met Thr His Ile Val Arg Asp Val Glu Lys Pro Gly
 50 55 60

Ser Lys Leu His Lys Lys Glu Thr Cys Glu Ala Val Thr Ile Ile Glu
 65 70 75 80

Thr Pro Pro Met Val Val Val Gly Val Val Gly Tyr Val Lys Thr Pro
 85 90 95

ES 2 390 473 T3

Arg Gly Leu Arg Ser Leu Cys Thr Val Trp Ala Gln His Leu Ser Glu
100 105 110

Glu Leu Arg Arg Arg Phe Tyr Lys Asn Trp Ala Lys Ser Lys Lys Lys
115 120 125

Ala Phe Thr Arg Tyr Ser Lys Lys His Glu Thr Glu Glu Gly Lys Lys
130 135 140

Asp Ile Gln Ser Gln Leu Glu Lys Met Lys Lys Tyr Cys Ser Val Ile
145 150 155 160

Arg Val Leu Ala His Thr Gln Ile Arg Lys Met Lys Gly Leu Lys Gln
165 170 175

Lys Lys Ala His Leu Asn Glu Ile Gln Ile Asn Gly Gly Asp Ile Ala
180 185 190

Lys Lys Val Asp Tyr Ala Cys Ser Leu Phe Glu Lys Gln Val Pro Val
195 200 205

Asp Ala Ile Phe Gln Lys Asp Glu Met Ile Asp Ile Ile Gly Val Thr
210 215 220

Lys Gly Lys Gly Tyr Glu Gly Val Val Thr Arg Trp Gly Val Thr Arg
225 230 235 240

Leu Pro Arg Lys Thr His Arg Gly Leu Arg Lys Val Ala Cys Ile Gly
245 250 255

Ala Trp His Pro Ala Arg Val Ser Tyr Thr Val Ala Arg Ala Gly Gln
260 265 270

Asn Gly Tyr His His Arg Thr Glu Met Asn Lys Lys Val Tyr Arg Val
275 280 285

Gly Lys Val Gly Gln Glu Thr His Ser Ala Met Thr Glu Tyr Asp Arg
290 295 300

Thr Glu Lys Asp Ile Thr Pro Met Gly Gly Phe Pro His Tyr Gly Ile
305 310 315 320

Val Lys Glu Asp Tyr Leu Met Ile Lys Gly Cys Cys Val Gly Pro Lys
325 330 335

Lys Arg Val Val Thr Leu Arg Gln Thr Leu Leu Lys Gln Thr Ser Arg
340 345 350

Leu Ala Met Glu Glu Ile Lys Leu Lys Phe Ile Asp Ala Ala Ser Asn
355 360 365

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

Gly Arg Thr Ile Lys Ala
385 390

ES 2 390 473 T3

<210> 29

<211> 175

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

5 <220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At2G46990

<400> 29

```

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

```

10 <210> 30

<211> 716

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

15 <221> MISC_FEATURE

ES 2 390 473 T3

<223> At4G02060

<400> 30

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

ES 2 390 473 T3

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

ES 2 390 473 T3

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<210> 31

<211> 351

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At2G33620

<400> 31

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

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

ES 2 390 473 T3

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

ES 2 390 473 T3

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

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

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

<210> 32

<211> 1492

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At5G67100

<400> 32

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

10

ES 2 390 473 T3

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

ES 2 390 473 T3

Pro Ala Gly Glu Gln Tyr Val Leu Lys Ile Asn Tyr Ser Phe Lys Asp
 465 470 475 480

Arg Pro Leu Pro Glu Asp Leu Lys Gly Glu Ser Phe Ser Ala Leu Leu
 485 490 495

Gly Ser His Thr Ser Ala Leu Glu His Phe Ile Leu Lys Arg Lys Ile
 500 505 510

Met Gly Pro Cys Trp Leu Lys Ile Ser Ser Phe Ser Thr Cys Ser Pro
 515 520 525

Ser Glu Gly Val Ser Trp Cys Lys Phe Glu Val Thr Val Gln Ser Pro
 530 535 540

Lys Asp Ile Thr Ile Leu Val Ser Glu Glu Lys Val Val His Pro Pro
 545 550 555 560

Ala Val Val Thr Ala Ile Asn Leu Lys Thr Ile Val Asn Glu Lys Gln
 565 570 575

Asn Ile Ser Glu Ile Val Ser Ala Ser Val Leu Cys Phe His Asn Ala
 580 585 590

Lys Ile Asp Val Pro Met Pro Ala Pro Glu Arg Lys Arg Ser Gly Ile
 595 600 605

Leu Ser His Phe Thr Val Val Arg Asn Pro Glu Gly Thr Gly Tyr Pro
 610 615 620

Ile Gly Trp Lys Lys Glu Val Ser Asp Arg Asn Ser Lys Asn Gly Cys
 625 630 635 640

Asn Val Leu Ser Ile Glu Asn Ser Glu Arg Ala Leu Leu Asn Arg Leu
 645 650 655

Phe Leu Glu Leu Asn Lys Leu Asp Ser Asp Ile Leu Val Gly His Asn
 660 665 670

Ile Ser Gly Phe Asp Leu Asp Val Leu Leu Gln Arg Ala Gln Ala Cys
 675 680 685

Lys Val Gln Ser Ser Met Trp Ser Lys Ile Gly Arg Leu Lys Arg Ser
 690 695 700

Phe Met Pro Lys Leu Lys Gly Asn Ser Asn Tyr Gly Ser Gly Ala Thr
 705 710 715 720

Pro Gly Leu Met Ser Cys Ile Ala Gly Arg Leu Leu Cys Asp Thr Asp
 725 730 735

ES 2 390 473 T3

Leu Cys Ser Arg Asp Leu Leu Lys Glu Val Ser Tyr Ser Leu Thr Asp
 740 745 750
 Leu Ser Lys Thr Gln Leu Asn Arg Asp Arg Lys Glu Ile Ala Pro Asn
 755 760 765
 Asp Ile Pro Lys Met Phe Gln Ser Ser Lys Thr Leu Val Glu Leu Ile
 770 775 780
 Glu Cys Gly Glu Thr Asp Ala Trp Leu Ser Met Glu Leu Met Phe His
 785 790 795 800
 Leu Ser Val Leu Pro Leu Thr Leu Gln Leu Thr Asn Ile Ser Gly Asn
 805 810 815
 Leu Trp Gly Lys Thr Leu Gln Gly Ala Arg Ala Gln Arg Ile Glu Tyr
 820 825 830
 Tyr Leu Leu His Thr Phe His Ser Lys Lys Phe Ile Leu Pro Asp Lys
 835 840 845
 Ile Ser Gln Arg Met Lys Glu Ile Lys Ser Ser Lys Arg Arg Met Asp
 850 855 860
 Tyr Ala Pro Glu Asp Arg Asn Val Asp Glu Leu Asp Ala Asp Leu Thr
 865 870 875 880
 Leu Glu Asn Asp Pro Ser Lys Gly Ser Lys Thr Lys Lys Gly Pro Ala
 885 890 895
 Tyr Ala Gly Gly Leu Val Leu Glu Pro Lys Arg Gly Leu Tyr Asp Lys
 900 905 910
 Tyr Val Leu Leu Leu Asp Phe Asn Ser Leu Tyr Pro Ser Ile Ile Gln
 915 920 925
 Glu Tyr Asn Ile Cys Phe Thr Thr Ile Pro Arg Ser Glu Asp Gly Val
 930 935 940
 Pro Arg Leu Pro Ser Ser Gln Thr Pro Gly Ile Leu Pro Lys Leu Met
 945 950 955 960
 Glu His Leu Val Ser Ile Arg Lys Ser Val Lys Leu Lys Met Lys Lys
 965 970 975
 Glu Thr Gly Leu Lys Tyr Trp Glu Leu Asp Ile Arg Gln Gln Ala Leu
 980 985 990
 Lys Leu Thr Ala Asn Ser Met Tyr Gly Cys Leu Gly Phe Ser Asn Ser
 995 1000 1005

ES 2 390 473 T3

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

ES 2 390 473 T3

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

<210> 33

<211> 895

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At3G59420

ES 2 390 473 T3

<400> 33

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

ES 2 390 473 T3

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

ES 2 390 473 T3

Gly Val Leu Arg Asp Gly Thr Thr Val Ala Val Lys Arg Ala Ile Met
 530 535 540

Ser Ser Asp Lys Gln Lys Asn Ser Asn Glu Phe Arg Thr Glu Leu Asp
 545 550 555

Leu Leu Ser Arg Leu Asn His Ala His Leu Leu Ser Leu Leu Gly Tyr
 565 570 575

Cys Glu Glu Cys Gly Glu Arg Leu Leu Val Tyr Glu Phe Met Ala His
 580 585 590

Gly Ser Leu His Asn His Leu His Gly Lys Asn Lys Ala Leu Lys Glu
 595 600 605

Gln Leu Asp Trp Val Lys Arg Val Thr Ile Ala Val Gln Ala Ala Arg
 610 615 620

Gly Ile Glu Tyr Leu His Gly Tyr Ala Cys Pro Pro Val Ile His Arg
 625 630 635 640

Asp Ile Lys Ser Ser Asn Ile Leu Ile Asp Glu Glu His Asn Ala Arg
 645 650 655

Val Ala Asp Phe Gly Leu Ser Leu Leu Gly Pro Val Asp Ser Gly Ser
 660 665 670

Pro Leu Ala Glu Leu Pro Ala Gly Thr Leu Gly Tyr Leu Asp Pro Glu
 675 680 685

Tyr Tyr Arg Leu His Tyr Leu Thr Thr Lys Ser Asp Val Tyr Ser Phe
 690 695 700

Gly Val Leu Leu Leu Glu Ile Leu Ser Gly Arg Lys Ala Ile Asp Met
 705 710 715 720

His Tyr Glu Glu Gly Asn Ile Val Glu Trp Ala Val Pro Leu Ile Lys
 725 730 735

Ala Gly Asp Ile Asn Ala Leu Leu Asp Pro Val Leu Lys His Pro Ser
 740 745 750

Glu Ile Glu Ala Leu Lys Arg Ile Val Ser Val Ala Cys Lys Cys Val
 755 760 765

Arg Met Arg Gly Lys Asp Arg Pro Ser Met Asp Lys Val Thr Thr Ala
 770 775 780

Leu Glu Arg Ala Leu Ala Gln Leu Met Gly Asn Pro Ser Ser Glu Gln
 785 790 795 800

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

ES 2 390 473 T3

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

<210> 34

<211> 451

<212> PRT

5 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> MISC_FEATURE

<223> At3G59430

<400> 34

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

10

ES 2 390 473 T3

Arg Ala Asp Ser Arg Leu Glu Asn Arg Met Arg Asp Val Asp Ser Gly
 145 150 155 160
 Asp Asn Pro Ser Ser Ser Ser Phe Glu Phe His Val Ser Leu Glu Glu
 165 170 175
 Gly Ile Ser Leu Ser Val Asp Leu Asn Phe Asn Pro Ser Asp Trp Ile
 180 185 190
 Asn Ser Met Arg Asp Glu Val Asn Val Cys Asp Ser Met Arg Arg Arg
 195 200 205
 Lys Ser Pro His Ser Asp Leu Gly Ile Thr Glu Cys Lys Lys Gln Lys
 210 215 220
 Ser Ser Gly Gln Asp Thr Asp Gly His Val Arg Arg Glu Ser Ser Leu
 225 230 235 240
 Ser Pro Pro Met Lys Asp Asn Ala His Leu Pro Ser Asp His His Pro
 245 250 255
 Asn Gly Glu Arg Ser Leu Ala Ser Ser Ala Ile Glu Pro Cys Asn Arg
 260 265 270
 Ile Lys Glu Ser Ser Asp Thr Cys Lys Glu Lys Ser Gly Leu Asn Leu
 275 280 285
 Ser Ile Pro Asp Ser Ser Gly Pro Cys Gln Ile Ala Ser Ser Cys Val
 290 295 300
 Glu Ser Tyr Ser Lys Ser Cys Cys Val Asn Pro Val Asp Leu Asp Cys
 305 310 315 320
 Ile Ile Pro Pro Gly Lys Lys Leu Ala Ser Glu Ser Asp Met Val Ala
 325 330 335
 Ala Glu Gln Asn His Ser Ala Gly Asp Leu Leu Val Glu Ile Pro Lys
 340 345 350
 Asn Pro Ser Met Glu Ser Phe Gln Ile Val Gly Asn Ser Ser Thr Val
 355 360 365
 Ile Cys Pro Arg Gly Ala Gly Ser Glu Leu Ser Ser Ser Glu Ala Glu
 370 375 380
 Ala Tyr His Ser Asn Gln Pro Cys Ser Pro Arg Lys Thr Ser Arg Ser
 385 390 395 400
 Ser Thr Ile Ser Ser Pro Glu Phe Ile Ile Asp Arg Glu Ser Thr Ser
 405 410 415
 Tyr Ser Glu Ser Phe Lys Phe Arg Cys Asn Gly Gly Lys Ser Leu Pro
 420 425 430
 Pro Asn Thr Glu Glu Gln Glu Lys Ser Glu Val Leu Ser Glu Gln Ala
 435 440 445
 Arg Ser Glu
 450

Referencias

- Alonso, J.M., Stepanova, A.N., Leisse, T.J., Kim, C.J., Chen, H., Shinn, P., Stevenson, D.K., Zimmerman, J., Barajas, P., Cheuk, R., Gadriab, C., Heller, C., Jeske, A., Koesema, E., Meyers, C.C., Parker, H., Prednis, L., Ansari, Y., Choy, N., Deen, H., Geralt, M., Hazari, N., Hom, E., Karnes, M., Mulholland, C., Ndubaku, R., Schmidt, I., Guzman, P., Aguilar-Henonin, L., Schmid, M., Weigel, D., Carter, D.E., Marchand, T., Risseuw, E., Brogden, D., Zeko, A., Crosby, W.L., Berry, C.C. & Ecker, J.R. (2003) Genome-wide insertional mutagenesis of *Arabidopsis thaliana*. *Science*, 301: 653-657.
- Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schäffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs, *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402.
- Becker JD, Boavida LC, Cameiro J, Haury M, Feijo JA (2003) Transcriptional profiling of *Arabidopsis* tissues reveals the unique characteristics of the pollen transcriptome. *Plant Physiol* 133: 713-725.
- Birnbaum, K., Shasha, D.E., Wang, J.Y., Jung, J.W., Lambert, G.M., Galbraith, D.W. & Benfey, P.N. (2003) A gene expression map of the *Arabidopsis* root. *Science*, 302:1956-1960.
- Bimbaum K, Jung JW, Wang JY, Lambert GM, Hirst JA, Galbraith DW, Benfey PN. (2005). Cell type-specific expression profiling in plants via separación celular of protoplasts from fluorescent reporter lines. *Nat Methods*. 2(8): 615-619.
- Boerjan, W., Cervera, M.-T., Delarue, M., Beeckman, T., Dewitte, W., Bellini, C., Caboche, M, Van Onckelen, H., Van Montagu, M. y Inzé, D. (1995). Superroot, a recessive mutation in *Arabidopsis*, confers auxin overproduction. *Plant Cell* 7: 1405-1419.
- Boudolf V., Vlieghe, K., Beemster, G.T., Magyar, Z., Torres Acosta, J.A., Maes, S., Van Der Schueren, E., Inze, D. y De Veylder, L. (2004) The plant-specific cyclin dependent kinase CDKB1;1 and transcription factor E2Fa-Dpa control the balance of mitotically dividing and endoreduplicating cells in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 16: 2683-2692.
- Brady, S.M., Sarkar, S.F., Bonetta, D. & McCourt, P. (2003) The ABSCISIC ACID INSENSITIVE 3 (ABI3) gene is modulated by farnesylation and is involved in auxin signaling and lateral root development in *Arabidopsis*. *The Plant Journal*, 34: 67-75.
- Carpenter, R. & Coen, E.S. (1990) Floral homeotic mutations produced by transposon-mutagenesis in *Antirrhinum majus*. *Genes & Development*, 4: 1483-1493.
- Casero, P.J., Casimiro, I., Rodriguez-Gallardo, L., Martin-Partido, G. and Lloret, P.G. 1993. Lateral root initiation by means of asymmetric transversal divisions of the pericycle cells in adventitious roots of *Allium cepa*. *Protoplasma* 176: 138-144.
- Casimiro, I., Beeckman, T., Graham, N., Bhalerao, R., Zhang, H., Casero, P., Sandberg G. & Bennett, M.J. (2003) Dissecting *Arabidopsis* lateral root development. *Trends in Plant Science*, 8:165-171.
- Celenza, J.L. Jr., Grisafi, P.L. and Fink, G.R. (1995). A pathway for lateral root formation in *Arabidopsis thaliana* *Genes Develop.* 9: 2131-2142.
- Chu TM, Weir B, Wolfinger R (2002) A systematic statistical linear modeling approach to oligonucleotide array experiments. *Math Biosci* 176: 35-51.
- Chu TM, Weir BS, Wolfinger RD (2004) Comparison of Li-Wong and loglinear mixed models for the statistical analysis of oligonucleotide arrays. *Bioinformatics* 20: 500-506.
- De Veylder, L., Beeckman, T., Beemster, G.T., de Almeida Engler, J., Ormenese, S., Maes, S., Naudts, M., Van der Schueren, E., Jacqumard, A., Engler, G. and Inze, D. (2002). Control of proliferation, endoreduplication and differentiation by the *Arabidopsis*-E2Fa-Dpa transcription factor. *EMBO J.* 15: 1360-1368.
- Dewitte, W. & Murray, J.A. (2003) The plant cell cycle. *Annual Review of Plant Biology*, 54: 235-264.
- Dolan, L., Janmaat, K., Willemsen, V., Linstead, P., Poethig, S., Roberts, K. & Scheres, B. (1993). Cellular organisation of the *Arabidopsis thaliana* root. *Development*. 119(1): 71-84.

- Egger B, Leemans R, Loop T, Kammermeier L, Fan Y, Radimerski T, Strahm MC, Certa U, Reichert H. (2002). Gliogenesis in *Drosophila*: genome-wide analysis of downstream genes of glial cells missing in the embryonic nervous system. *Development* 129(14):3295-3309.
- 5 Fukaki, H., Tameda, S., Masuda, H. & Tasaka, M. (2002) Lateral root formation is blocked by a gain-of-function mutation in the SOLITARY-ROOT/IAA14 gene of *Arabidopsis*. *The Plant Journal*, 29:153-168.
- Hagen, G. & Guilfoyle, T. (2002) Auxin-responsive gene expression: genes, promoters and regulatory factors. *Plant Molecular Biology*, 49: 373-385.
- Himanen, K., Boucheron, E., Vanneste, S., de Almeida Engler, J., Inzé, D. & Beeckman, T.(2002) Auxin-mediated cell cycle activation during early lateral root initiation. *Plant Cell*, 14: 2339-2351.
- 10 Himanen, K., Vuylsteke, M., Vanneste, S., Vercruyse, S., Boucheron, E., Alard, P., Chriqui, D., Van Montagu, M., Inzé, D. & Beeckman, T. (2004) Auxin-mediated cell cycle activation during early lateral root initiation. *Proc. Nat. Acad. Sci.*, 101(14):5146-5151.
- Honys D, Twell D. (2003). Comparative analysis of the *Arabidopsis* pollen transcriptome. *Plant Physiol.* 132(2): 640-652.
- 15 Honys D, Twell D. (2004) Transcriptome analysis of haploid male gametophyte development in *Arabidopsis*. *Genome Biol* 5(11): R85.
- Horvitz HR, Herskowitz I. (1992). Mechanisms of asymmetric cell division: two Bs or not two Bs, that is the question. *Cell.* 68(2):237-255.
- 20 Jürgens, G., and Mayer, U. (1994). *Arabidopsis*. In *A Colour Atlas of Developing Embryos*, J. Bard, ed. (London: Wolfe Publishing), pp. 7-21.
- King, J.J., Stimart, D.P., Fisher, R.H. and Bleecker, A.B. (1995). A mutation altering auxin homeostasis and plant morphology in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 7: 2023-2037.
- Larkin, J.C., Marks, M.D., Nadeau, J. & Sack, F. (1997). Epidermal cell fate and patterning in leaves. *Plant Cell.* 9 (7): 1109-1120.
- 25 Leyser, O. (2002). Molecular genetics of auxin signalling. *Annu. Rev. Plant Biol.* 53: 377-398.
- Maes, T., Van Montagu, M. & Gerats, T. (1999) The inflorescence architecture of *Petunia hybrida* is modified by the *Arabidopsis thaliana* Ap2 gene. *Developmental Genetics*, 25:199-208.
- Mansfield, S. G., and Briarty, L. G. (1991). Early embryogenesis in *Arabidopsis thaliana*. II. The developing embryo. *Canadian Journal of Botany* 69: 461-476.
- 30 McClure, B.A. & Guilfoyle, T. (1989) Rapid redistribution of auxin-regulated RNAs during gravitropism. *Science*, 243: 91-93.
- Menges M, Hennig L, Grussem W, Murray JA. (2003). Genome-wide gene expression in an *Arabidopsis* cell suspension. *Plant Mol Biol.* 53(4):423-442.
- 35 Nakazawa, M., Yabe, N., Ichikawa, T., Yamamoto, Y.Y., Yoshizumi, T., Hasunuma, K. and Matsui, M. (2001). DFL1, an auxin-responsive GH3 gene homologue, negatively regulates shoot cell elongation and lateral root formation, and positively regulates the light response of hypocotyl length. *Plant J.* 25: 213-221.
- Park, J.Y, Kim, H.J.& Kim, J. (2002) Mutation in domain II of IAA1 confers diverse auxin-related phenotypes and represses auxin-activated expression of Aux/IAA genes in steroid regulator-inducible system. *The Plant Journal*, 32: 669-683.
- 40 Sabatini, S., Heidstra, R., Wildwater, M. & Scheres, B. (2003) SCARECROW is involved in positioning the stem cell niche in the *Arabidopsis* root meristem. *Genes & Development*, 17:354-358.
- Saeed Al, Sharov V, White J, Li J, Liang W, Bhagabati N, Braisted J, Klapa M, Currier T, Thiagarajan M, Sturm A, Snuffin M, Rezantsev A, Popov D, Ryltsov A, Kostukovich E, Borisovsky I, Liu Z, Vinsavich A, Trush V, Quackenbush

- J. (2003). TM4: a free, open-source system for microarray data management and analysis. *Biotechniques* 34(2): 374-378.
- Scheres B, Benfey PN. (1999). Asymmetric cell division in plants. *Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol* 50:505-537.
- 5 Staswick, P.E., Tiryaki, I. & Rowe, M.L. (2002) Jasmonate response locus JAR1 and several related Arabidopsis genes encode enzymes of the firefly luciferase superfamily that show activity on jasmonic, salicylic, and indole-3-acetic acids in an assay for adenylation. *Plant Cell*, 14: 1405-1415.
- Takase, T., Nakazawa, M., Ishikawa, A., Kawashima, M., Ichikawa, T., Takahashi, N., Shimada, H., Manambe, K. & Matsui, M. (2004) Ydk1-D, an auxin-responsive GH3 mutant that is involved in hypocotyl and root elongation. *The Plant Journal*, 37: 471- 481.
- 10 Tatematsu, K., Kumagai, S., Muto, H., Sato, A., Watahiki, M.K., Harper, R.M., Liscum, E. and Yamamoto, K.T. (2004). MASSUGU2 encodes Aux/IAA19, an auxin-regulated protein that functions together with the transcriptional activator NPH4/ARF7 to regulate differential growth responses of hypocotyl and formation of lateral roots in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell* 16: 379-393.
- 15 Tian, Q. and Reed, J.W. (1999). Control of auxin-regulated root development by the *Arabidopsis thaliana* SHY2/IAA3 gene. *Development* 126: 711-721.
- Twell D, Park SK, Lalanne E (1998). Asymmetric division and cell fate determination in developing pollen. *Trends Plant Sci* 3: 305-310
- van den Berg, C., Willemsen, V., Hage, W., Weisbeek, P. & Scheres, B. (1995). Cell fate in the *Arabidopsis* root meristem determined by directional signalling. *Nature*. 378(6552): 62-65.
- 20 Vanneste, S., De Rybel, B., Beemster, G.T., Ljung, K., De Smet, I., Van Isterdael, G., Naudts, M., Iida, R., Grissem, W., Tasaka, M., Inze, D., Fukaki, H., and Beeckman, T. (2005) Cell cycle progression in the pericycle is not sufficient for SOLITARY ROOT/IAA14-mediated lateral root initiation in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell* 17: 3035-3050.
- Wilmoth JC, Wang S, Tiwari SB, Joshi AD, Hagen G, Guilfoyle TJ, Alonso JM, Ecker JR, Reed JW. (2005). NPH4/ARF7 y ARF19 promote leaf expansion and auxin-induced lateral root formation. *Plant J.* 43(1): 118-130.
- 25 Yang, M. & Sack, F.D. (1995) The too many mouths and four lips mutations affect stomatal production in *Arabidopsis*. *Plant Cell*, 7: 2227-2239.
- Yang, X., Lee, S., So, J.H., Dharmasiri, S., Dharmasiri, N., Ge, L., Jensen, C., Hangarter, R., Hobbie, L. and Estelle, M. (2004). The IAA1 protein is encoded by AXR5 and is a substrate of SCFTIR1. *Plant J.* 40: 772-782.

REIVINDICACIONES

1. Un método para aislar genes implicados en la división celular asimétrica, que comprende:

5 (1) someter las raíces de una planta tipo natural a un tratamiento que induce iniciación de raíz lateral en una forma sincrónica;

(2) someter las raíces de un mutante que no desarrolla raíces laterales mediante un defecto en la señalización de auxina a un tratamiento que induce iniciación de raíz lateral en tipo natural en una forma sincrónica;

(3) identificar genes que se inducen en el tipo natural pero no en el mutante;

10 (4) identificar genes inducidos en periciclo de polo de xilema en plantas tipo natural durante iniciación de raíz lateral al utilizar una estirpe de marcador GFP específico de periciclo de polo de xilema, seguido por separación celular y análisis de micromatriz de amplio genoma en las células de periciclo de polo de xilema aisladas.

2. Método de acuerdo con la reivindicación 1, en donde dicho mutante es slr-1.

3. Método de acuerdo con la reivindicación 1 o 2, en donde dicha estirpe de marcador periciclo de polo de xilema es la estirpe J0121 del marcador GFP.

15 4. Método de acuerdo con cualquier reivindicación precedente, en donde la etapa de identificar genes que se inducen en el tipo natural pero no en el mutante es a través de análisis de micromatriz.

5. Método de acuerdo con cualquier reivindicación precedente, en donde dichos genes implicados en la división celular asimétrica se involucran en la formación de raíces laterales.

20 6. Método de acuerdo con la reivindicación 5, en donde dicha formación de raíces laterales es la formación temprana de raíces laterales.

7. Método de acuerdo con cualquier reivindicación precedente, en donde dichos genes inducidos en el tipo natural pero no en el mutante son factores de transcripción.

8. Método de acuerdo con la reivindicación 7, en donde dicho factor de transcripción se selecciona del grupo que consiste de SEQ ID NO: 1 - SEQ ID NO: 19 o un homólogo que tiene por lo menos 75% de identidad.

Figura 1:

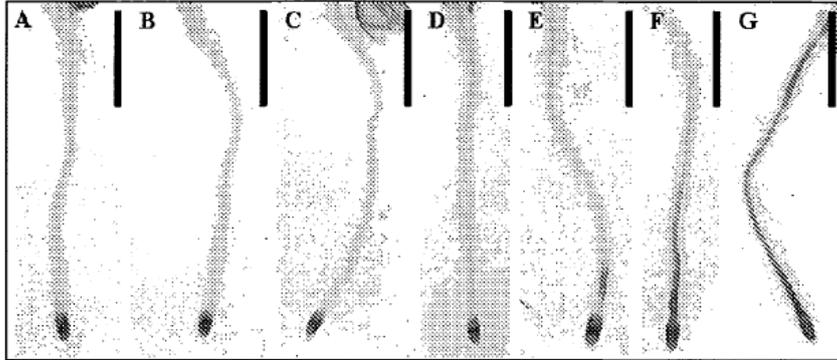


Figura 2:

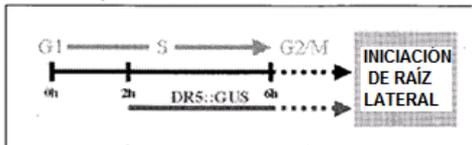


Figura 3:

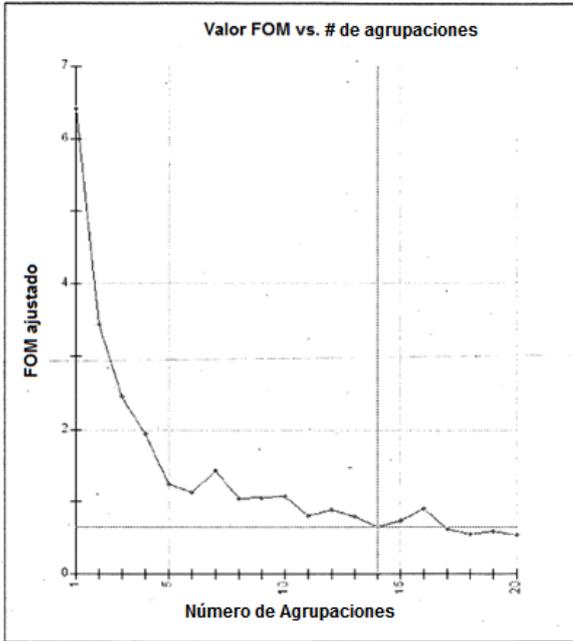


Figura 4:

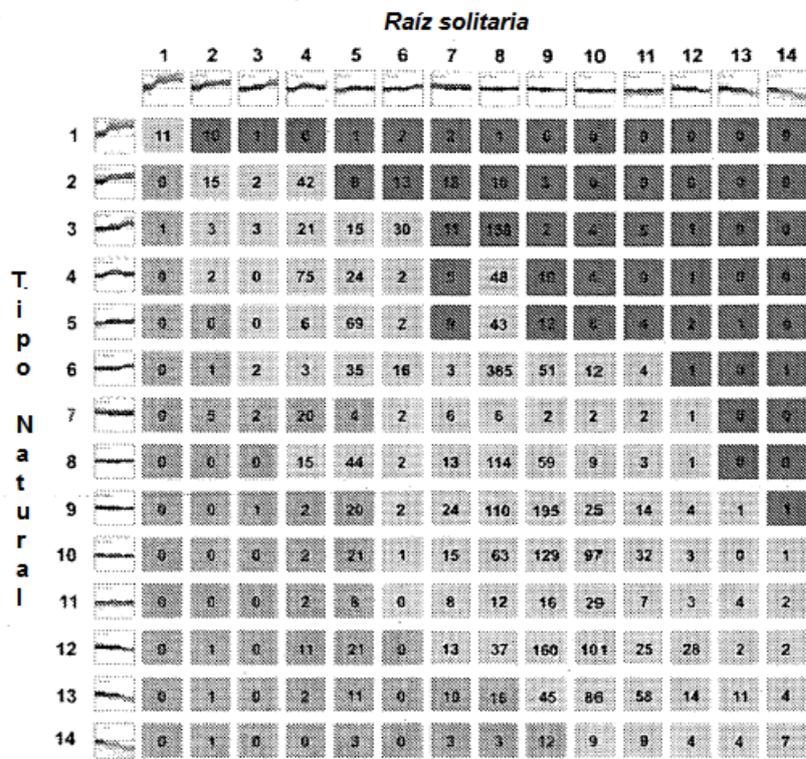


Figura 5:

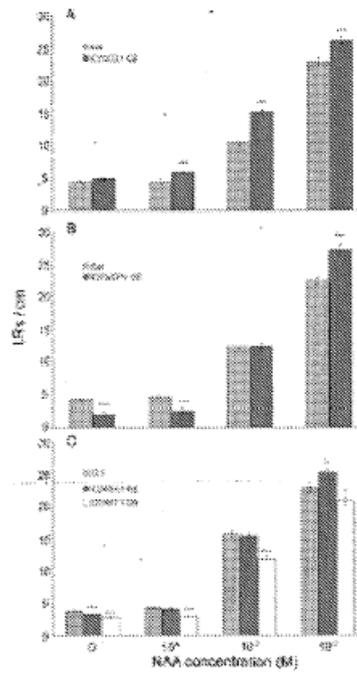


Figura 6:

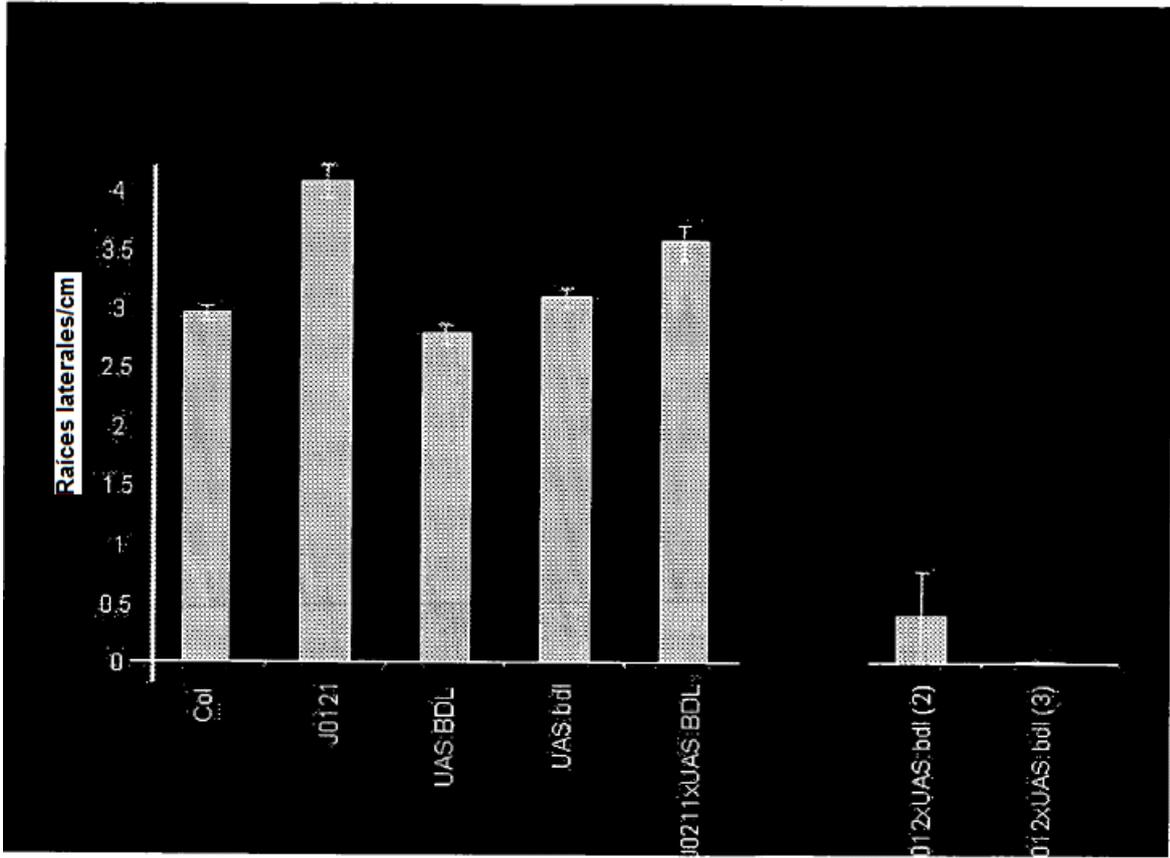


Figura 7:

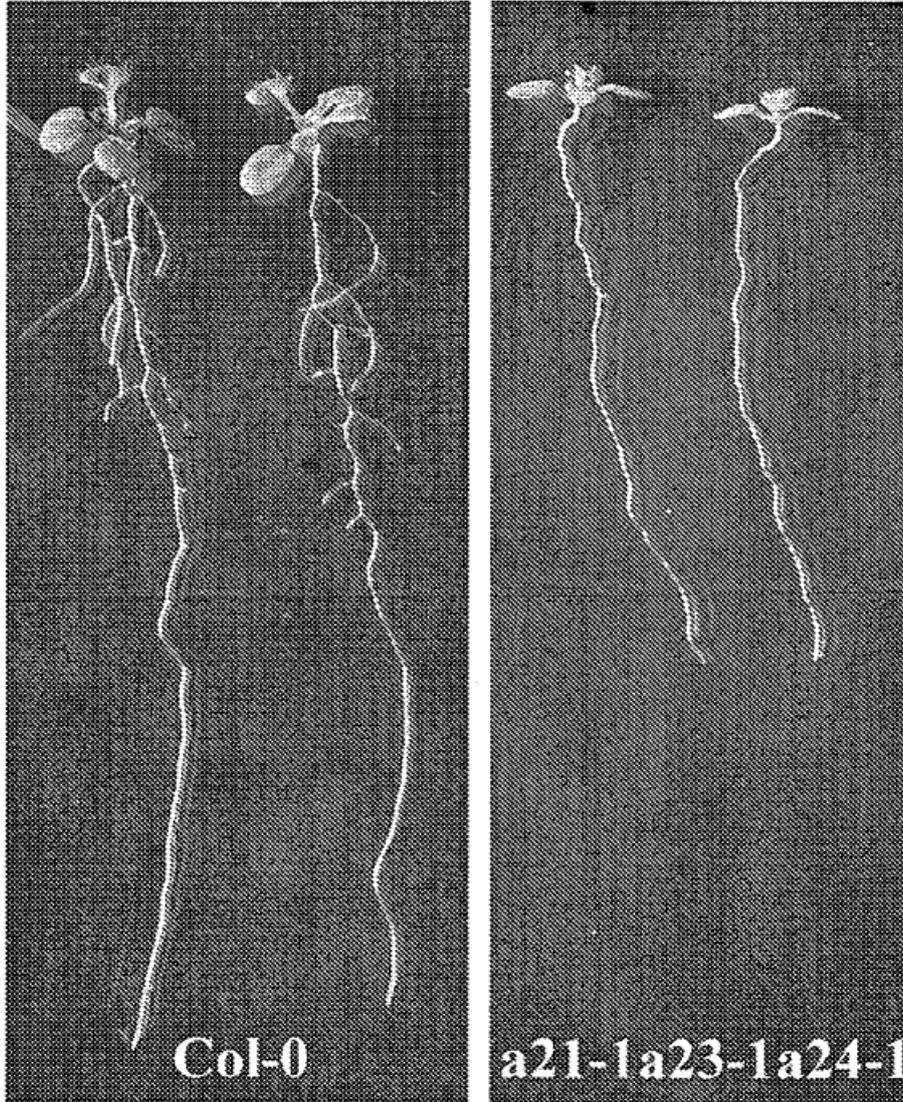


Figura 8:

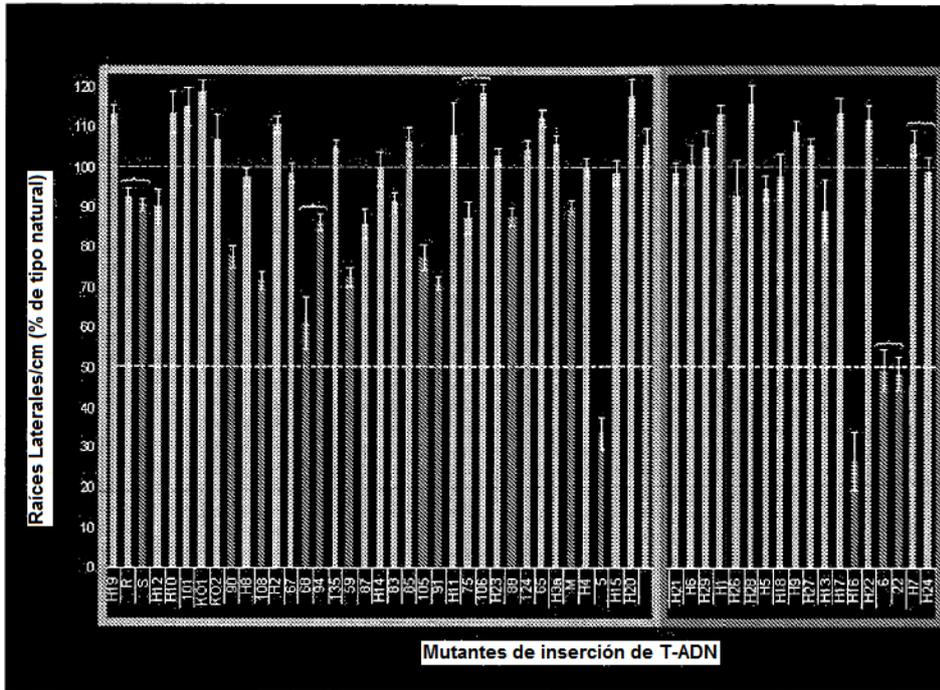


Figura 9:

