

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 539 530**

51 Int. Cl.:

C07K 14/415 (2006.01)

C12N 15/82 (2006.01)

A01H 5/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **02.05.2008** **E 09178941 (2)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **18.03.2015** **EP 2228386**

54 Título: **Plantas que tienen rasgos potenciados relacionados con el rendimiento y un procedimiento de fabricación de las mismas**

30 Prioridad:

03.05.2007 EP 07107448 08.05.2007 US 916575 P
29.05.2007 EP 07109052 29.05.2007 EP 07109068
06.06.2007 US 942214 P 11.06.2007 EP 07109961
19.06.2007 EP 07110548 19.06.2007 EP 07110557
29.06.2007 US 937989 P 05.07.2007 US 948036 P

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
01.07.2015

73 Titular/es:

BASF PLANT SCIENCE GMBH (100.0%)
67056 Ludwigshafen, DE

72 Inventor/es:

HATZFELD, YVES;
SANZ MOLINERO, ANA ISABEL;
SHIRLEY, AMBER;
DARNIELLE, LALITREE;
FRANKARD, VALERIE;
VANDENABEELE, STEVEN y
MCKERSIE, BRYAN

74 Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

ES 2 539 530 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

Plantas que tienen rasgos potenciados relacionados con el rendimiento y un procedimiento de fabricación de las mismas

La presente solicitud se refiere, en líneas generales, al campo de la biología molecular y atañe a un procedimiento para potenciar rasgos relacionados con el rendimiento y/o mejorar diversas características del crecimiento de las plantas modulando en una planta la expresión de un ácido nucleico que codifica una PRC (Proteína Reguladora del Crecimiento). La PRC es un polipéptido del factor de la transcripción de la proteína de unión al promotor Squamosa de tipo 11 (SPL11). La presente invención también atañe a plantas que tienen expresión modulada de un ácido nucleico que codifica una PRC, cuyas plantas tienen características de crecimiento mejoradas con respecto a plantas de tipo silvestre correspondientes u otras plantas de control. La invención también proporciona nuevos ácidos nucleicos de PRC y polipéptidos de PRC así como construcciones útiles en los procedimientos de la invención.

El continuo aumento de la población mundial y la disminución de suministro de tierra cultivable disponible para la agricultura incentivan la investigación hacia el aumento de la eficiencia de la agricultura. Los medios convencionales para mejoras de cultivo y hortícolas utilizan técnicas de siembra selectiva para identificar plantas que tienen características deseables. Sin embargo, dichas técnicas de siembra selectiva tienen diversos inconvenientes, en concreto, que estas técnicas son típicamente laboriosas y producen plantas que a menudo contienen componentes genéticos heterógenos que no siempre producen el rasgo deseable que se transmite desde las plantas progenitoras. Los avances en biología molecular han permitido a la humanidad modificar el plasma germinal de animales y plantas. La ingeniería genética de las plantas conlleva el aislamiento y la manipulación de material genético (típicamente en forma de ADN o ARN) y la introducción posterior de ese material genético en una planta. Dicha tecnología tiene la capacidad de producir cultivos o plantas que tienen diversos rasgos económicos, agronómicos u hortícolas mejorados.

Un rasgo de interés económico particular es el aumento del rendimiento. El rendimiento se define normalmente como el producto medible de valor económico de un cultivo. Esto puede definirse en términos de cantidad y/o calidad. El rendimiento depende directamente de diversos factores, por ejemplo, del número y tamaño de los órganos, de la arquitectura de la planta (por ejemplo, del número de ramas), de la producción de semillas, de la senescencia de las hojas y de más factores. El desarrollo de raíces, la absorción de nutrientes, la tolerancia al estrés, y el vigor temprano también pueden ser factores importantes en la determinación del rendimiento. Por lo tanto, optimizar los factores mencionados anteriormente puede contribuir a aumentar el rendimiento del cultivo.

El rendimiento de las semillas es un rasgo particularmente importante, ya que las semillas de muchas plantas son importantes para la nutrición humana y animal. Cultivos tales como maíz, arroz, trigo, canola y soja representan más de la mitad de la ingesta calórica humana total, bien a través del consumo directo de las propias semillas o a través del consumo de productos cárnicos generados sobre semillas procesadas. También son una fuente de azúcares, aceites y muchos tipos de metabolitos utilizados en los procesos industriales. Las semillas contienen un embrión (la fuente de nuevos brotes y raíces) y un endospermo (la fuente de nutrientes para el crecimiento del embrión durante la germinación y durante el crecimiento temprano de las plántulas). El desarrollo de una semilla implica muchos genes y requiere la transferencia de metabolitos desde las raíces, hojas y tallos al interior de la semilla en crecimiento. El endospermo, en particular, asimila los precursores metabólicos de los carbohidratos, aceites y proteínas y los sintetiza en macromoléculas de almacenamiento para llenar el grano.

Otro rasgo importante para muchos cultivos es el vigor temprano. Mejorar el vigor temprano es un objetivo importante de los programas de siembra de arroz modernos en variedades de cultivo de arroz tanto de clima templado como tropical. Las raíces largas son importantes para el anclaje adecuado al suelo en arroz sembrado en agua. Cuando el arroz se siembra directamente en campos inundados, y cuando las plantas deben emerger rápidamente a través del agua, los brotes más alargados se asocian con el vigor. Cuando se practica siembra con perforación, para la buena emergencia de las plántulas, son importantes mesocótilos y coleóptilos más alargados. La capacidad de modificar genéticamente el vigor temprano en plantas sería de gran importancia en la agricultura. Por ejemplo, un vigor temprano pobre ha sido una limitación para la introducción de híbridos de maíz (*Zea mays* L.) basados en plasma germinal del Cinturón de Maíz en el Atlántico Europeo.

Un rasgo importante adicional es el de tolerancia mejorada al estrés abiótico. El estrés abiótico es la causa principal de pérdidas de cultivo en todo el mundo, reduciendo en más de un 50 % los rendimientos promedio para la mayoría de las plantas de cultivo principales (Wang y col., Planta (2003) 218: 1-14). El estrés abiótico puede producirse por sequía, salinidad, temperaturas extremas, toxicidad química y estrés oxidativo. La capacidad de mejorar la tolerancia de la planta al estrés abiótico sería de gran ventaja económica para los granjeros de todo el mundo y permitiría la cosecha de cultivos durante condiciones adversas y en territorios cuando la cosecha de cultivos no pueda ser posible de otra forma.

Por lo tanto el rendimiento del cultivo puede aumentarse optimizando uno de los factores mencionados anteriormente.

Dependiendo del uso final, la modificación de determinados rasgos de rendimiento puede estar favorecida sobre otros. Por ejemplo, para aplicaciones tales como forraje o producción de madera, o fuente de biocombustible, puede ser deseable un aumento en las partes vegetativas de una planta, y para aplicaciones tales como producción de harina, almidón o aceite, el aumento en los parámetros de semilla puede ser particularmente deseable. Incluso entre los parámetros de semilla, algunos pueden estar favorecidos sobre otros, dependiendo de la aplicación. Diversos mecanismos pueden contribuir a aumentar el rendimiento de las semillas, ya sea que esté en la forma de tamaño de semilla aumentado o número de semilla aumentado.

Una estrategia para aumentar el rendimiento (rendimiento de semillas y/o biomasa) en las plantas puede ser a través de la modificación de los mecanismos de crecimiento intrínsecos de una planta, tal como el ciclo celular o diversas rutas de señalización implicados en el crecimiento de la planta o en los mecanismos de defensa.

Sorprendentemente, ahora se ha descubierto que la modulación de la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de la transcripción de la proteína de unión al promotor Squamosa de tipo 11 (SPL11) produce plantas que tienen rasgos potenciados relacionados con el rendimiento y/o mejora diversas características del crecimiento de las plantas en relación con las plantas de control.

De acuerdo con un aspecto de la solicitud, se proporciona un método para mejorar o potenciar rasgos relacionados con el rendimiento y/o mejorar diversas características del crecimiento de las plantas de una planta con relación a plantas de control, que comprende modular en una planta la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido del factor de la transcripción de la proteína de unión al promotor Squamosa de tipo 11 (SPL11).

Antecedentes

Proteína de unión al promotor Squamosa de tipo 11 (SPL11)

Los polipéptidos de factores de transcripción normalmente se definen como proteínas que muestran afinidad de unión al ADN específica de secuencias y que son capaces de activar y/o reprimir la transcripción. Los polipéptidos del factor de la transcripción de la proteína de unión al promotor Squamosa de tipo 11 (SPL, por las siglas en inglés Squamosa promoter binding protein-like) son proteínas estructuralmente diversas que comparten un dominio de unión al ADN (DBD, por sus siglas en inglés DNA binding domain) muy conservado de aproximadamente 80 restos de aminoácidos de longitud (Klein y col. (1996) Mol Gen Genet 259: 7-16; Cardon y col. (1999) Gene 237: 91-104). El sitio de unión a la secuencia consenso del ADN del factor de la transcripción de SPL en el promotor de genes diana es 5'-TNCGTACAA-3' donde N representa cualquier base. Dentro del DBD de SPL hay diez restos de cisteína (Cys) o histidina (His) conservados (véase la Figura 28) de los cuales ocho son restos de coordinación del cinc que se unen a dos iones de cinc necesarios para la formación de la estructura terciaria del dedo de cinc específico de SPL (Yamasaki y col. (2004) J Mol Biol 337: 49-63). Una segunda característica conservada dentro del DBD de SPL es una señal de localización nuclear bipartita. Fuera del DBD, en la mayoría de las secuencias de ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos de factores de transcripción de SPL (bien en la región codificante, o en la UTR 3') en todo el reino vegetal (Rhoades y col. (2002) Cell 110: 513-520), se encuentra un motivo diana de micro ARN (miRNA), dirigido específicamente por la familia miR156 de los miARN. Los miARN controlan la expresión de genes de SPL post-transcripcionalmente dirigiendo los ARNm que codifican la SPL para degradación o por represión traduccional.

El genoma de *Arabidopsis* codifica al menos 1533 reguladores transcripcionales, representando ~5,9 % de su número total de genes estimado (Riechmann y col. (2000) Science 290: 2105-2109). Los autores comunican 16 polipéptidos de factores de transcripción de SPL en *Arabidopsis thaliana*, con escasa similitud de secuencia entre ellos (excepto las características anteriormente mencionadas), variando el tamaño del polipéptido SPL deducido de 131 a 927 aminoácidos. No obstante, los pares de polipéptidos de factores de transcripción de SPL comparten mayor homología de secuencia cuando se detectan en la familia de SPL de esta planta (Cardon y col. (1999)).

Se ha mostrado que los polipéptidos de factores de transcripción de SPL (solamente encontrados en plantas) caracterizados hasta ahora funcionan en el desarrollo de las plantas, en particular en el desarrollo de las flores. Se notificó acerca de plantas transgénicas que sobreexpresaban un polipéptido del factor de transcripción de SPL3 al inicio de la floración (Cardon y col. (1997) Plant J 12: 367-377). En la solicitud de patente Europea EP1033405, se desvelan las secuencias polipeptídicas deducidas y de ácidos nucleicos del polipéptido del factor de transcripción de SPL11.

Sorprendentemente, ahora se ha descubierto que la modulación en una planta de la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 produce plantas que tienen rasgos potenciados relacionados con el rendimiento, en particular rendimiento aumentado con respecto a plantas de control.

De acuerdo con una realización, se proporciona un procedimiento para aumentar el rendimiento de las semillas en plantas con respecto a plantas de control, que comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11, en el que dicho SPL11 comprende un dominio SBP que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 90 %, 95 %, 97 % o más con una cualquiera de SEC ID N°: 456 a SEC ID N°: 468 y SEC ID N°: 478, en el que dicho rendimiento aumentado de las semillas comprende preferentemente un aumento del peso total de la semilla, del número de semillas llenas, del

número de semillas o floretes por panícula, del peso de mil granos, de la tasa de llenado de la semilla y/o del índice de cosecha con respecto al control.

De acuerdo con una realización, se proporcionan nuevos ácidos nucleicos SPL11 y polipéptidos SPL11 así como construcciones que comprenden ácidos nucleicos que codifican SPL11, útiles en la realización de los métodos de la invención.

Definiciones

Polipéptido(s)/proteína(s)

Los términos “polipéptido” y “proteína” se usan indistintamente en el presente documento y se refieren a aminoácidos en una forma polimérica de cualquier longitud, unidos entre sí por enlaces peptídicos.

Polinucleótido(s)/Ácido(s) nucleico(s)/Secuencia(s) de ácidos nucleicos/Secuencia(s) de nucleótidos

En el presente documento, los términos “polinucleótido(s)”, “secuencia(s) de ácidos nucleicos”, “secuencia(s) de nucleótidos”, “ácido(s) nucleico(s)” y “molécula de ácido nucleico” se usan indistintamente y se refieren a nucleótidos, ya sean ribonucleótidos o desoxirribonucleótidos o una combinación de ambos, en una forma polimérica no ramificada de cualquier longitud.

Planta(s) de control

La elección de plantas de control adecuadas es una parte rutinaria de un montaje experimental y puede incluir plantas de tipo silvestre correspondientes o plantas correspondientes sin el gen de interés. La planta de control es típicamente de la misma especie de planta o incluso de la misma variedad de planta que la planta que se va a evaluar. La planta de control también puede ser un nulicigoto de la planta que se va a evaluar. Los nulicigotos son individuos que perdieron el transgén por segregación. Una “planta de control” como se usa en el presente documento no solo se refiere a plantas completas, sino también a partes de planta, incluyendo semillas y partes de semilla.

Homólogo(s)

Los “homólogos” de una proteína incluyen péptidos, oligopéptidos, polipéptidos, proteínas y enzimas que tienen sustituciones, deleciones y/o inserciones de aminoácidos con respecto a la proteína no modificada en cuestión y que tienen actividad funcional y biológica similar como la proteína no modificada de la cual proceden.

Una delección se refiere a la eliminación de uno o más aminoácidos de una proteína.

Una inserción se refiere a uno o más restos de aminoácido que se introducen en un sitio predeterminado en una proteína. Las inserciones pueden comprender fusiones de N y/o C terminal, así como inserciones intra-secuencia de un solo aminoácido o múltiples aminoácidos. Generalmente, las inserciones en la secuencia de aminoácidos serán más pequeñas que las fusiones de N o C terminal, del orden de aproximadamente 1 a 10 restos. Los ejemplos de proteínas de fusión de N o C terminal o péptidos incluyen el dominio de unión o dominio de activación de un activador transcripcional como se usa en el sistema de doble híbrido de levadura, proteínas de cubierta de fago, etiqueta de (histidina)-6, etiqueta de glutatión S-transferasa, proteína A, proteína de unión a maltosa, dihidrofolato reductasa, epítipo Tag-100, epítipo c-myc, epítipo FLAG®, lacZ, CMP (péptido de unión a calmodulina), epítipo HA, epítipo de proteína C, epítipo VSV.

Una sustitución se refiere a un reemplazo de aminoácidos de la proteína con otros aminoácidos que tiene propiedades similares (tales como similar hidrofobicidad, hidrofiliidad, antigenicidad, propensidad para formar o romper estructuras α -helicoidales o β laminares). Las sustituciones de aminoácidos son típicamente de restos únicos, pero pueden agruparse dependiendo de las limitaciones funcionales puestas al polipéptido; las inserciones normalmente serán del orden de aproximadamente 1 a 10 restos de aminoácido. Las sustituciones de aminoácidos son preferentemente sustituciones de aminoácidos conservativas. En la técnica se conocen bien las tablas de sustitución conservativa (véase, por ejemplo, Creighton (1984) Proteins. W. H. Freeman and Company (Eds) y la Tabla 1 más adelante).

Tabla 1: Ejemplos de sustituciones de aminoácidos conservativas

Resto	Sustituciones conservativas	Resto	Sustituciones conservativas
Ala	Ser	Leu	Ile; Val
Arg	Lys	Lys	Arg; Gln
Asn	Gln; His	Met	Leu; Ile

(continuación)

Resto	Sustituciones conservativas	Resto	Sustituciones conservativas
Asp	Glu	Phe	Met; Leu; Tyr
Gln	Asn	Ser	Thr; Gly
Cys	Ser	Thr	Ser; Val
Glu	Asp	Trp	Tyr
Gly	Pro	Tyr	Trp; Phe
His	Asn; Gln	Val	Ile; Leu
Ile	Leu, Val		

Las sustituciones, deleciones y/o inserciones de aminoácidos pueden realizarse fácilmente usando técnicas sintéticas de péptidos bien conocidas en la técnica, tales como síntesis peptídica de fase sólida y similares, o por manipulación de ADN recombinante. En la técnica se conocen bien métodos de manipulación de secuencias de ADN para producir variantes de sustitución, inserción o deleción de una proteína. Por ejemplo, los expertos en la técnica conocen técnicas para realizar mutaciones de sustitución en sitios predeterminados en el ADN e incluyen mutagénesis M13, mutagénesis *in vitro* T7-Gen (USB, Cleveland, OH), mutagénesis dirigida a sitio QuickChange (Stratagene, San Diego, CA), mutagénesis dirigida a sitio mediada por PCR u otros protocolos de mutagénesis dirigida a sitio.

Derivados

Los “derivados” incluyen péptidos, oligopéptidos, polipéptidos que pueden, en comparación con la secuencia de aminoácidos de forma natural de la proteína, tal como la proteína de interés, comprender sustituciones de aminoácidos con restos de aminoácido de origen no natural, o adiciones de restos de aminoácido de origen no natural. Los “derivados” de una proteína también incluyen péptidos, oligopéptidos, polipéptidos, que comprenden restos de aminoácido modificados de origen natural (glucosilado, acilado, prenilado, fosforilado, miristoilado, sulfatado, etc.) o modificados de origen no natural en comparación con la secuencia de aminoácidos de forma natural del polipéptido. Un derivado también puede comprender uno o más sustituyentes o adiciones que no son de aminoácido en comparación con la secuencia de aminoácidos de la que procede, por ejemplo una molécula indicadora u otro ligando, unido covalente o no covalentemente a la secuencia de aminoácidos, tal como una molécula indicadora que se une para facilitar su detección, y restos de aminoácido que no son de origen natural con respecto a la secuencia de aminoácidos de una proteína de origen natural. Además, los “derivados” también incluyen fusiones de la forma de origen natural de la proteína con péptidos etiquetadores, tales como FLAG, HIS6 o tiorredoxina (para una revisión de péptidos etiquetadores, véase Terpe, Appl. Microbiol. Biotechnol. 60, 523-533, 2003).

Ortólogo(s)/Parálogo(s)

Los ortólogos y parálogos incluyen conceptos evolutivos usados para describir las relaciones antecesoras de los genes. Los parálogos son genes dentro de la misma especie que se han originado a través de la duplicación de un gen antecesor; los ortólogos son genes de diferentes organismos que se han originado a través de la especiación, y también proceden de un gen antecesor común.

Dominio

El término “dominio” se refiere a un conjunto de aminoácidos conservados en posiciones específicas a lo largo de un alineamiento de secuencias de las proteínas evolutivamente relacionadas. Aunque los aminoácidos en otras posiciones pueden variar entre los homólogos, los aminoácidos que están muy conservados en posiciones específicas indican aminoácidos que son probablemente esenciales en la estructura, estabilidad o función de una proteína. Identificado por su alto grado de conservación en las secuencias alineadas de una familia de homólogos de proteína, éstas pueden usarse como identificadores para determinar si cualquier polipéptido en cuestión pertenece a una familia polipeptídica previamente identificada.

Motivo/Secuencia consenso/Firma

Las expresiones “motivo” o “secuencia consenso” o “firma” se refieren a una región conservada corta en la secuencia de las proteínas evolutivamente relacionadas. Los motivos son partes de dominios frecuentemente muy conservadas, pero también pueden incluir solo parte del dominio, o localizarse fuera del dominio conservado (si todos los aminoácidos del motivo se encuentran fuera de un dominio definido).

Hibridación

El término "hibridación", como se define en el presente documento, es un proceso en el que secuencias de nucleótidos complementarias, sustancialmente homólogas, se hibridan entre sí. El proceso de hibridación puede producirse completamente en solución, es decir, ambos ácidos nucleicos complementarios están en solución. El proceso de hibridación también puede producirse con uno de los ácidos nucleicos complementarios inmovilizado en una matriz, tal como perlas magnéticas, perlas de Sefarosa o cualquier otra resina. El proceso de hibridación puede producirse adicionalmente con uno de los ácidos nucleicos complementario inmovilizado en un soporte sólido, tal como una membrana de nitrocelulosa o de nailon, o inmovilizado, por ejemplo, mediante fotolitografía a, por ejemplo, un soporte vítreo silíceo (el último conocido como matrices o micromatrices de ácido nucleico o como microplacas de ácido nucleico). Para permitir que se produzca la hibridación, las moléculas de ácido nucleico están, generalmente, térmica o químicamente desnaturalizadas para fundir una doble cadena en dos cadenas únicas y/o retirar horquillas u otras estructuras secundarias de ácidos nucleicos monocatenarios.

El término "rigurosidad" se refiere a las condiciones en las que se realiza la hibridación. La rigurosidad de la hibridación está influenciada por condiciones tales como temperatura, concentración salina, fuerza iónica y composición del tampón de hibridación. Generalmente, se seleccionan condiciones de baja rigurosidad por ser aproximadamente 30 °C menores que el punto de fusión térmico (T_f) para la secuencia específica a una fuerza iónica definida y pH. Las condiciones de rigurosidad media son cuando la temperatura es 20 °C por debajo de la T_f , y las condiciones de rigurosidad alta son cuando la temperatura es 10 °C por debajo de la T_f . Las condiciones de hibridación de rigurosidad alta se usan típicamente para aislar secuencias de hibridación que tiene alta similitud de secuencia con la secuencia de ácido nucleico diana. Sin embargo, los ácidos nucleicos pueden desviarse en cuanto a la secuencia y aún codificar un polipéptido sustancialmente idéntico, debido a la generación del código genético. Por lo tanto, en ocasiones, pueden necesitarse condiciones de hibridación de rigurosidad media para identificar dichas moléculas de ácidos nucleicos.

La T_f es la temperatura bajo fuerza iónica definida y pH, en la que el 50 % de la secuencia diana se hibrida con una sonda perfectamente emparejada. La T_f depende de las condiciones de solución y de la composición base y longitud de la sonda. Por ejemplo, las secuencias más largas hibridan específicamente a temperaturas más altas. La tasa máxima de hibridación se obtiene de aproximadamente 16 °C hasta 32 °C por debajo de la T_f . La presencia de cationes monovalentes en la solución de hibridación reduce la repulsión electrostática entre las dos cadenas de ácido nucleico por lo cual se promueve la formación del híbrido; este efecto es visible para concentraciones de sodio de hasta 0,4 M (para mayores concentraciones, este efecto puede ignorarse). La formamida reduce la temperatura de fusión de dúplex de ADN-ADN y ADN-ARN con 0,6 a 0,7 °C para cada porcentaje de formamida, y la adición de formamida al 50 % permite que se realice la hibridación de 30 a 40 °C, aunque la tasa de hibridación disminuirá. Los emparejamientos erróneos de los pares de bases reducen la tasa de hibridación y la estabilidad térmica de los dúplex. Por término medio y para sondas grandes, la T_f disminuye aproximadamente 1 °C por % de emparejamiento erróneo de bases. La T_f puede calcularse usando las siguientes ecuaciones, dependiendo de los tipos de híbridos:

1) híbridos de ADN-ADN (Meinkoth y Wahl, Anal. Biochem., 138: 267-284, 1984):

$$T_f = 81,5 \text{ °C} + 16,6 \times \log_{10}[(Na^+)^a + 0,41 \times \% [G/C]^b] - 500 \times [L^c]^{-1} - 0,61 \times \% \text{ formamida}$$

2) híbridos de ADN-ARN o ARN-ARN:

$$T_f = 79,8 + 18,5 (\log_{10}[(Na^+)^a] + 0,58 (\% G/C)^b) + 11,8 (\% G/C)^b)^2 - 820/L^c$$

3) híbridos de oligo-ADN u oligo-ARN^d:

Para <20 nucleótidos: $T_f = 2 (I_n)$

Para 20-35 nucleótidos: $T_f = 22 + 1,46 (I_n)$

^a o para otro catión monovalente, pero solo exacto en el intervalo de 0,01-0,4 M.

^b solo exacto para % GC en el intervalo de 30 % a 75 %.

^c L = longitud del dúplex en los pares de bases.

^d oligo, oligonucleótido; I_n = longitud eficaz del cebador = $2 \times (n^\circ \text{ de G/C}) + (n^\circ \text{ de A/T})$.

La unión no específica puede controlarse usando una cualquiera de las numerosas técnicas conocidas, tales como, por ejemplo, bloqueo de la membrana con soluciones que contienen la proteína, adiciones del ARN heterólogo, ADN y SDS al tampón de hibridación y tratamiento con Rnasa. Para sondas no homólogas, puede realizarse una serie de hibridaciones al variar uno de (i) disminuir progresivamente la temperatura de hibridación (por ejemplo de 68 °C a 42 °C) o (ii) disminuir progresivamente la concentración de formamida (por ejemplo del 50 % al 0 %). El experto en la técnica es consciente de que durante la hibridación pueden alterarse diversos parámetros y que se mantendrán o cambiarán las condiciones de rigurosidad.

Además de las condiciones de hibridación, la especificidad de hibridación también depende típicamente de la función de los lavados post-hibridación. Para retirar el fondo resultante de la hibridación no específica, las muestras

se lavan con soluciones salinas diluidas. Los factores críticos de dichos lavados incluyen la fuerza iónica y la temperatura de la solución de lavado final: a menor concentración salina y mayor temperatura de lavado, mayor rigurosidad de lavado. Las condiciones de lavado se realizan típicamente a, o por debajo de, la rigurosidad de hibridación. Una hibridación positiva da lugar a una señal que es al menos dos veces la del fondo. Generalmente, las condiciones de rigurosidad adecuadas para los ensayos de hibridación de ácido nucleico o los procedimientos de detección de amplificación de genes son como se expusieron anteriormente. También pueden seleccionarse condiciones más o menos rigurosas. El experto en la técnica es consciente de que, durante el lavado, pueden alterarse diversos parámetros y que mantendrán o cambiarán las condiciones de rigurosidad.

Por ejemplo, las condiciones de hibridación típicas de alta rigurosidad para híbridos de ADN mayores de 50 nucleótidos incluyen una hibridación a 65 °C en 1x SSC o a 42 °C en 1x SSC y formamida al 50 %, seguido de lavado a 65 °C en 0,3x SSC. Los ejemplos de condiciones de hibridación de rigurosidad media para híbridos de ADN más largos de 50 nucleótidos incluyen una hibridación a 50 °C en 4x SSC o a 40 °C en 6x SSC y formamida al 50 %, seguido de lavado a 50 °C en 2x SSC. La longitud del híbrido es la longitud prevista para la hibridación del ácido nucleico. Cuando los ácidos nucleicos de secuencia conocida se hibridan, la longitud del híbrido puede determinarse alineando las secuencias e identificando las regiones conservadas descritas en el presente documento. 1x SSC es NaCl 0,15 M y citrato sódico 15 mM, la solución de hibridación y las soluciones de lavado pueden incluir adicionalmente reactivo de Denhardt 5x, SDS al 0,5-1,0 %, 100 µg/ml de ADN de esperma de salmón fragmentado, desnaturalizado 100 µg/ml, pirofosfato sódico al 0,5 %.

Con el fin de definir el nivel de rigurosidad, puede hacerse referencia a Sambrook y col. (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ª Edición, Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, Nueva York o a Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N. Y. (1989 y actualizaciones anuales).

Variante de corte y empalme

La expresión “variante de corte y empalme” como se usa en el presente documento incluye variantes de una secuencia de ácido nucleico en la que los intrones y/o exones seleccionados se han escindido, reemplazado, desplazado o añadido, o en la que los intrones se han acortado o alargado. Dichas variantes serán aquellas en las que la actividad biológica de la proteína esté sustancialmente conservada; esto puede conseguirse conservando selectivamente los segmentos funcionales de la proteína. Dichas variantes de corte y empalme pueden encontrarse en la naturaleza o pueden ser sintetizadas por el hombre. En la técnica se conocen bien procedimientos para predecir y aislar dichas variantes de corte y empalme (véase, por ejemplo, Foissac y Schiex (2005) BMC Bioinformatics 6: 25).

Variante alélica

Los alelos o variantes alélicas son formas alternativas de un gen determinado, localizado en la misma posición cromosómica. Las variantes alélicas incluyen Polimorfismos Mononucleotídicos (SNP, por las siglas Single Nucleotide Polymorphisms), así como Polimorfismos Pequeños de Inserción/Delección (INDELs, por las siglas Small Insertion/Deletion Polymorphisms). El tamaño de los INDELs es normalmente menor de 100 pb. Los SNP y los INDELs forman la serie de variantes de secuencia más grande en las cepas polimórficas de origen natural de la mayoría de los organismos.

Combinación de genes/Evolución dirigida

La combinación de genes o evolución dirigida consiste en repeticiones de combinación de ADN seguido de exploración y/o selección apropiada para generar variantes de ácidos nucleicos o partes de las mismas que codifican proteínas que tienen una actividad biológica modificada (Castle y col., (2004) Science 304(5674): 1151-4; Patentes de Estados Unidos 5.811.238 y 6.395.547).

Elemento regulador/Secuencia de control/Promotor

Las expresiones “elemento regulador”, “secuencia de control” y “promotor” se usan todas indistintamente en el presente documento y se toman en un contexto amplio para referirse a una secuencia de ácido nucleico reguladora capaz de efectuar la expresión de las secuencias a las que se unen. El término “promotor” se refiere típicamente a una secuencia de control de ácido nucleico localizada cadena arriba del inicio transcripcional de un gen y que está implicado en el reconocimiento y unión de la ARN polimerasa y otras proteínas, dirigiendo así la transcripción de un ácido nucleico unido operativamente. En los términos anteriormente mencionados se incluyen las secuencias reguladoras transcripcionales procedentes de un gen genómico eucariota clásico (incluyendo la caja TATA que es necesaria para el inicio de la transcripción adecuado, con o sin secuencia de caja CCAAT) y elementos reguladores adicionales (es decir, secuencias activadoras cadena arriba, potenciadores y silenciadores) que alteran la expresión génica en respuesta al desarrollo y/o estímulo externo, o de una manera específica de tejido. También se incluye en el término una secuencia reguladora transcripcional de un gen procariota clásico, en cuyo caso puede incluir una secuencia de caja -35 y/o secuencias reguladores transcripcionales de caja -10. La expresión “elemento regulador” también incluye una molécula de fusión sintética o un derivado que confiere, activa o potencia la expresión de una molécula de ácido nucleico en una célula, tejido u órgano.

Un “promotor de planta” comprende elementos reguladores, que median la expresión de un segmento de secuencia codificante en células de plantas. Por consiguiente, un promotor de planta no tiene que ser de origen vegetal, sino que puede originarse de virus o microorganismos, por ejemplo de virus que atacan a las células de planta. El “promotor de planta” también puede originarse de una célula de planta, por ejemplo, de la planta que se transforma con la secuencia de ácido nucleico a expresar en el proceso de la invención y descrito en el presente documento. Esto también se aplica a las otras señales reguladoras de “planta”, tales como terminadores de “planta”. Los promotores cadena arriba de la secuencias de nucleótidos útiles en los procedimientos de la presente invención pueden modificarse mediante una o más sustituciones, inserciones y/o deleciones de nucleótido sin interferir con la funcionalidad o actividad de cualquiera de los promotores, la fase de lectura abierta (ORF, *Open Reading Frame*) o la región reguladora 3' tal como terminadores u otras regiones reguladoras 3' que se localizan fuera de la ORF. Además es posible que la actividad de los promotores aumente por la modificación de su secuencia o que se reemplacen completamente mediante más promotores activos, incluso promotores de organismos heterólogos. Para la expresión en plantas, la molécula de ácido nucleico debe, como se ha descrito anteriormente, estar unida operativamente a, o comprender, un promotor adecuado que exprese el gen de manera adecuada, en tiempo y con el patrón de expresión espacial requerido.

Para la identificación de promotores funcionalmente equivalentes, la fuerza del promotor y/o el patrón de expresión de un promotor candidato pueden analizarse, por ejemplo, uniendo operativamente el promotor a un gen indicador y evaluando el nivel de expresión y el patrón del gen indicador en diversos tejidos de la planta. Los genes indicadores bien conocidos adecuados incluyen, por ejemplo, beta-glucuronidasa o la beta-galactosidasa. La actividad del promotor se evalúa midiendo la actividad enzimática de la beta-glucuronidasa o beta-galactosidasa. La fuerza del promotor y/o el patrón de expresión pueden después compararse con la de un promotor de referencia (tal como el que se usa en los procedimientos de la presente invención). Como alternativa, la fuerza del promotor puede evaluarse cuantificando niveles de ARNm o comparando niveles de ARNm del ácido nucleico usado en los procedimientos de la presente invención, con niveles de ARNm de genes constitutivos tal como ARNr 18S, usando procedimientos conocidos en la técnica, tales como transferencia de Northern con análisis densitométrico de autorradiogramas, PCR cuantitativa en tiempo real o RT-PCR (Heid y col., 1996 *Genome Methods* 6: 986-994). Generalmente por “promotor débil” se entiende un promotor que dirige la expresión de una secuencia codificante a un nivel bajo. Por “nivel bajo” se entiende niveles de aproximadamente 1/10.000 transcritos a aproximadamente 1/100.000 transcritos, a aproximadamente 1/5000000 transcritos por célula. Por el contrario, un “promotor fuerte” dirige la expresión de una secuencia codificante a alto nivel, o a aproximadamente 1/10 transcritos a aproximadamente 1/100 transcritos a aproximadamente 1/1000 transcritos por célula. Generalmente, por “promotor de fuerza media” se entiende un promotor que dirige la expresión de una secuencia codificante a un nivel más bajo que el de un promotor fuerte, en particular a un nivel que es, en todos los casos, inferior al obtenido cuando está bajo el control de un promotor CaMV 35S.

Unido operativamente

La expresión “unido operativamente” como se usa en el presente documento se refiere a un enlace funcional entre la secuencia promotora y el gen de interés, de tal manera que la secuencia promotora puede iniciar la transcripción del gen de interés.

Promotor constitutivo

Un “promotor constitutivo” se refiere a un promotor que es transcripcionalmente activo durante la mayor parte, aunque no necesariamente en todas, las fases de crecimiento y desarrollo y en la mayor parte de las condiciones ambientales, en al menos una célula, tejido u órgano. La siguiente Tabla 2a proporciona ejemplos de promotores constitutivos.

Tabla 2a: ejemplos de promotores constitutivos

Fuente del gen	Referencia
Actina	McElroy y col, <i>Plant Cell</i> , 2: 163-171, 1990
HMGP	WO 2004/070039
CAMV 35S	Odell y col, <i>Nature</i> , 313: 810-812, 1985
CaMV 19S	Nilsson y col., <i>Physiol. Plant.</i> 100:456-462, 1997
GOS2	de Pater y col, <i>Plant J Nov</i> ; 2(6):837-44, 1992, WO 2004/065596
Ubiquitina	Christensen y col, <i>Plant Mol. Biol.</i> 18: 675-689, 1992
Ciclofilina de arroz	Buchholz y col, <i>Plant Mol Biol.</i> 25(5): 837-43, 1994

(continuación)

Fuente del gen	Referencia
Histona H3 de maíz	Lepetit y col, Mol. Gen. Genet. 231:276-285, 1992
Histona H3 de alfalfa	Wu y col. Plant Mol. Biol. 11:641-649, 1988
Actina n 2	An y col, Plant J. 10(1); 107-121, 1996
34S FMV	Sanger y col., Plant. Mol. Biol., 14, 1990: 433-443
Subunidad pequeña Rubisco	US 4,962,028
OCS	Leisner (1988) Proc Natl Acad Sci USA 85(5): 2553
SAD1	Jain y col., Crop Science, 39 (6), 1999: 1696
SAD2	Jain y col., Crop Science, 39 (6), 1999: 1696
nos	Shaw y col. (1984) Nucleic Acids Res. 12(20): 7831-7846
V-ATPasa	WO 01/14572
Súper promotor	WO 95/14098
Proteínas de la caja G	WO 94/12015

Promotor ubicuo

Un promotor ubicuo es activo en sustancialmente todos los tejidos o células de un organismo.

5 Promotor regulado evolutivamente

Un promotor regulado evolutivamente es activo durante determinadas etapas del desarrollo o en partes de la planta que experimentan cambios evolutivos.

Promotor inducible

- 10 Un promotor inducible ha inducido o aumentado el inicio de la transcripción en respuesta a un estímulo químico (para una revisión véase Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48: 89-108), ambiental o físico, o puede ser "inducible por estrés", es decir, activado cuando una planta se expone a diversas condiciones de estrés, o un "patógeno inducible," es decir, activado cuando una planta está expuesta a la exposición a diversos patógenos.

Promotor específico de órgano/específico de tejido

- 15 Un promotor específico de órgano o específico de tejido es uno que es capaz de iniciar preferentemente la transcripción en determinados órganos o tejidos, tales como hojas, raíces tejido de semillas, etc. Por ejemplo, un "promotor específico de raíz" es un promotor que es transcripcionalmente activo predominantemente en las raíces las de plantas, sustancialmente con la exclusión de cualquier otra parte de una planta, mientras que aún permite cualquier expresión parcial en estas otras partes de la planta. En el presente documento a los promotores capaces de iniciar la transcripción solo en determinadas células se les denomina promotores "específicos de célula".

- 20 En la siguiente Tabla 2b se indican ejemplos de promotores específicos de raíz:

Tabla 2b: ejemplos de promotores específicos de raíz

Fuente del gen	Referencia
RCc3	Plant Mol Biol. 1995 Jan;27(2):237-48
<i>Arabidopsis</i> PHT1	Kovama y col., 2005; Mudge y col. (2002, Plant J. 31: 341)
Transportador de fosfato en <i>Medicago</i>	Xiao y col., 2006
<i>Arabidopsis</i> Pyk10	Nitz y col. (2001) Plant Sci 161(2): 337-346
genes expresables en raíz	Tingey y col., EMBO J. 6: 1, 1987.

(continuación)

Fuente del gen	Referencia
gen inducible por auxina en tabaco	Van der Zaal y col., Plant Mol. Biol. 16, 983, 1991.
β -tubulina	Oppenheimer, y col., Gene 63: 87, 1988.
genes específicos de la raíz del tabaco	Conkling, y col., Plant Physiol. 93: 1203, 1990.
gen G1-3b de <i>B. napus</i>	Patente de Estados Unidos No. 5.401.836
SbPRP1	Suzuki y col., Plant Mol. Biol. 21: 109-119, 1993.
LRX1	Baumberger y col. 2001, Genes & Dev. 15:1128
BTG-26 de <i>Brassica napus</i>	US 20050044585
LeAMT1 (tomate)	Lauter y col. (1996, PNAS 3:8139)
The LeNRT1-1 (tomate)	Lauter y col. (1996, PNAS 3:8139)
gen de la patatina de clase I (patata)	Liu y col., Plant Mol. Biol. 153:386-395, 1991.
KDC1 (<i>Daucus carota</i>)	Downey y col. (2000, J. Biol. Chem. 275:39420)
gen de TobRB7	W Song (1997) PhD Thesis, North Carolina State University, Raleigh, NC USA
OsRAB5a (raíz)	Wang y col. 2002, Plant Sci. 163:273
ALF5 (<i>Arabidopsis</i>)	Diener y col. (2001, Plant Cell 13:1625)
NRT2;1Np (<i>N. plumbaginifolia</i>)	Quesada y col. (1997, Plant Mol. Biol. 34:265)

Un promotor específico de semilla es transcripcionalmente activo predominantemente en tejidos de semilla, pero no necesariamente exclusivamente en tejidos de semilla (en casos de expresión parcial). El promotor específico de semilla puede ser activo durante el desarrollo y/o durante la germinación de la semilla. El promotor específico de semilla puede ser específico de endospermo/aleurona/embrión. En las Tablas 2d, 2e y 2f se muestran ejemplos de promotores específicos de semilla (específicos de endospermo/aleurona/embrión). Otros ejemplos de promotores específicos de semilla se dan en Qing Qu y Takaiwa (Plant Biotechnol. J. 2, 113-125, 2004), cuya divulgación se incorpora por referencia en el presente documento en su totalidad.

Tabla 2c: ejemplos de promotores específicos de semilla

Fuente del gen	Referencia
genes específicos de semilla	Simon y col., Plant Mol. Biol. 5: 191, 1985;
	Scofield y col., J. Biol. Chem. 262: 12202, 1987;
	Baszczynski y col., Plant Mol. Biol. 14: 633, 1990.
albúmina de Nuez del Brasil	Pearson y col., Plant Mol. Biol. 18: 235-245, 1992.
Legumina	Ellis y col., Plant Mol. Biol. 10: 203-214, 1988.
Glutelina (arroz)	Takaiwa y col., Mol. Gen. Genet. 208: 15-22, 1986;
	Takaiwa y col., FEBS Letts. 221: 43-47, 1987.
Zeína	Matzke y col Plant Mol Biol, 14(3):323-32 1990
napA	Stalberg y col, Planta 199: 515-519, 1996.
Gluteína-1 de BPM y APM de trigo	Mol Gen Genet 216:81-90, 1989; NAR 17:461-2, 1989

ES 2 539 530 T3

(continuación)

Fuente del gen	Referencia
SPA de trigo	Albani y col, Plant Cell, 9: 171-184, 1997
α , β y γ gliadinas de trigo	EMBO J. 3:1409-15, 1984
Promotor Itr1 de cebada	Diaz y col. (1995) Mol Gen Genet 248(5):592-8
Hordeína B1, C, D de cebada	Theor Appl Gen 98:1253-62, 1999; Plant J 4:343-55, 1993; Mol Gen Genet 250:750-60, 1996
DOF de cebada	Mena y col, The Plant Journal, 116(1): 53-62, 1998
blz2	EP99106056.7
promotor sintético	Vicente-Carbajosa y col., Plant J. 13: 629-640, 1998.
Prolamina NRP33 de arroz	Wu y col, Plant Cell Physiology 39(8) 885-889, 1998
α globulina Glb-1 de arroz	Wu y col, Plant Cell Physiology 39(8) 885-889, 1998
OSH1 de arroz	Sato y col, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117-8122, 1996
α globulina REB/OHP-1 de arroz	Nakase y col. Plant Mol. Biol. 33: 513-522, 1997
ADP-glucosa pirofosforilasa de arroz	Trans Res 6:157-68, 1997
familia del gen ESR de maíz	Plant J 12:235-46, 1997
α -kafirina de sorgo	DeRose y col., Plant Mol. Biol 32:1029-35, 1996
KNOX	Postma-Haarsma y col, Plant Mol. Biol. 39:257-71, 1999
Oleosina de arroz	Wu y col, J. Biochem. 123:386, 1998
Oleosina de girasol	Cummins y col., Plant Mol. Biol. 19: 873-876, 1992
PRO0117, supuesta proteína ribosomal 40S de arroz	WO 2004/070039
PRO0136, alanina aminotransferasa de arroz	No publicado
PRO0147, inhibidor de tripsina ITR1 (cebada)	No publicado
PRO0151, WSI18 de arroz	WO 2004/070039
PRO0175, RAB21 de arroz	WO 2004/070039
PRO005	WO 2004/070039
PRO0095	WO 2004/070039
α -amilasa (Amy32b)	Lanahan y col, Plant Cell 4: 203-211, 1992; Skriver y col, Proc Natl Acad Sci USA 88:7266-7270, 1991
gen similar a la β cathepsina	Cejudo y col, Plant Mol Biol 20: 849-856, 1992
Ltp2 de cebada	Kalla y col., Plant J. 6: 849-60, 1994
Chi26	Leah y col., Plant J. 4: 579-89, 1994
B-Perú de maíz	Selinger y col., Genetics 149; 1125-38, 1998

Tabla 2d: ejemplos de promotores específicos de endospermo

Fuente del gen	Referencia
glutelina (arroz)	Takaiwa y col. (1986) Mol Gen Genet 208:15-22; Takaiwa y col. (1987) FEBS Letts. 221:43-47
zeína	Matzke y col., (1990) Plant Mol Biol 14(3): 323-32
gluteína-1 de BPM y APM de trigo	Colot y col. (1989) Mol Gen Genet 216:81-90, Anderson y col. (1989) NAR 17:461-2
SPA de trigo	Albani y col. (1997) Plant Cell 9:171-184
gliadinas de trigo	Rafalski y col. (1984) EMBO 3:1409-15
promotor ltr1 de cebada	Diaz y col. (1995) Mol Gen Genet 248(5):592-8
hordeína B1, C, D de cebada	Cho y col. (1999) Theor Appl Genet 98:1253-62; Muller y col. (1993) Plant J 4:343-55; Sorenson y col. (1996) Mol Gen Genet 250:750-60
DOF de cebada	Mena y col, (1998) Plant J 116(1): 53-62
blz2	Onate y col. (1999) J Biol Chem 274(14):9175-82
promotor sintético	Vicente-Carbajosa y col. (1998) Plant J 13:629-640
prolamina NRP33 de arroz	Wu y col, (1998) Plant Cell Physiol 39(8) 885-889
globulina Glb-1 de arroz	Wu y col. (1998) Plant Cell Physiol 39(8) 885-889
globulina REB/OHP-1 de arroz	Nakase y col. (1997) Plant Molec Biol 33: 513-522
ADP-glucosa pirofosforilasa de arroz	Russell y col. (1997) Trans Res 6:157-68
familia del gen ESR de maíz	Opsahl-Ferstad y col. (1997) Plant J 12: 235-46
Kafirina de sorgo	DeRose y col. (1996) Plant Mol Biol 32: 1029-35

Tabla 2e: ejemplos de promotores específicos de embrión:

Fuente del gen	Referencia
OSH1 de arroz	Sato y col, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117-8122, 1996
KNOX	Postma-Haarsma y col, Plant Mol. Biol. 39: 257-71, 1999
PRO0151	WO 2004/070039
PRO0175	WO 2004/070039
PRO005	WO 2004/070039
PRO0095	WO 2004/070039

5

Tabla 2f: ejemplos de promotores específicos de aleurona:

Fuente del gen	Referencia
α -amilasa (Amy32b)	Lanahan y col, Plant Cell 4:203-211, 1992; Skriver y col, Proc Natl Acad Sci USA 88:7266-7270, 1991
gen similar a β catepsina	Cejudo y col, Plant Mol Biol 20:849-856, 1992
Ltp2 de cebada	Kalla y col., Plant J. 6:849-60, 1994

(continuación)

Fuente del gen	Referencia
Chi26	Leah y col., Plant J. 4:579-89, 1994
B-Perú de maíz	Selinger y col., Genetics 149:1125-38, 1998

5 Un promotor específico de tejido verde como se define en el presente documento es un promotor que es transcripcionalmente activo predominantemente en tejido verde, sustancialmente con la exclusión de cualquier otra parte de una planta, mientras que aún permite cualquier expresión parcial en estas otras partes de la planta.

Los ejemplos de promotores específicos de tejido verde que pueden usarse para realizar los procedimientos de la invención se muestran en la Tabla 2g.

Tabla 2g: ejemplo de promotores específicos de tejido verde

Gen	Expresión	Referencia
Ortofosfato diquinasa de maíz	Específica de hoja	Fukavama y col., 2001
Fosfoenolpiruvato carboxilasa de maíz	Específica de hoja	Kausch y col., 2001
Fosfoenolpiruvato carboxilasa de arroz	Específica de hoja	Liu y col., 2003
Pequeña subunidad de Rubisco de arroz	Específica de hoja	Nomura y col., 2000
beta expansina EXBP9 de arroz	Específica de brote	WO 2004/070039
pequeña subunidad de Rubisco de frijol de palo	Específica de hoja	Panguluri y col., 2005
RBCS3A de guisante	Específica de hoja	

10 Otro ejemplo de un promotor específico de tejido es un promotor específico de meristemo, que es transcripcionalmente activo predominantemente en tejido meristemático, sustancialmente con la exclusión de cualquier otra parte de una planta, mientras que aún permite cualquier expresión parcial en estas otras partes de la planta. Los ejemplos de promotores específicos de meristemo verde que pueden usarse para realizar los procedimientos de la invención se muestran en la siguiente Tabla 2h.

Tabla 2h: ejemplos de promotores específicos de meristemo

Fuente del gen	Patrón de expresión	Referencia
OSH1 de arroz	Meristemo apical de brote, desde la fase globular embrionaria a la fase de plántula	Sato y col. (1996) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117-8122
Metalotioneína de arroz	Específico de meristemo	BAD87835.1
WAK1 y WAK 2	Meristemos apicales de brote y raíz y en hojas y sépalos en expansión	Wagner y Kohorn (2001) Plant Cell 13(2): 303-318

Terminador

20 El término "terminador" incluye una secuencia de control que es una secuencia de ADN en el extremo de una unidad transcripcional que señala el procesamiento y la poliadenilación en dirección 3' de un transcripto primario y la terminación de la transcripción. El terminador puede proceder del gen natural, de una variedad de otros genes de planta, o de ADN T. El terminador a añadir puede proceder, por ejemplo, de genes de nopalina sintasa u octopina sintasa, o como alternativa, de otro gen de planta, o menos preferentemente, de cualquier otro gen eucariota.

Modulación

25 El término "modulación" significa en relación a la expresión o expresión de un gen, un proceso en el que en el nivel de expresión se cambia mediante dicho gen de expresión en comparación con la planta de control, el nivel de

expresión puede aumentarse o disminuirse. La expresión original, no modulada, puede ser de cualquier tipo de expresión de un ARN estructural (ARNr, ARNt) o ARNm con traducción posterior. La expresión "modulación de la actividad" significará cualquier cambio de la expresión de las secuencias de ácidos nucleicos de la invención o proteínas codificadas, que conduce a un rendimiento aumentado y/o a un crecimiento aumentado de las plantas.

5 Expresión

El término "expresión" o "expresión génica" significa la transcripción de un gen específico o genes específicos o construcción genética específica. El término "expresión" o "expresión génica" significa en particular la transcripción de un gen o genes o construcción genética en ARN estructural (ARNr, ARNt) o ARNm con o sin traducción posterior del último en una proteína. El proceso incluye la transcripción de ADN y el procesamiento del producto de ARNm resultante.

Expresión aumentada/sobreexpresión

La frase "expresión aumentada" o "sobreexpresión" como se usa en el presente documento, significa cualquier forma de expresión que es adicional al nivel de expresión original de tipo silvestre.

En la técnica se documentan bien procedimientos para aumentar la expresión de genes o productos génicos e incluyen, por ejemplo, la sobreexpresión conducida por promotores apropiados, el uso de potenciadores de la transcripción o potenciadores de la traducción. Los ácidos nucleicos aislados que sirven como promotores o elementos potenciadores pueden introducirse en una posición apropiada (típicamente cadena arriba) de una forma no heteróloga de un polinucleótido para regular positivamente la expresión de un ácido nucleico que codifica el polipéptido de interés. Por ejemplo, pueden alterarse promotores endógenos *in vivo* por mutación, delección y/o sustitución (véase, Kmiec, US 5.565.350; Zarling y col., WO9322443) o pueden introducirse promotores aislados en una célula de planta en la orientación y distancia apropiada de un gen de la presente invención para controlar la expresión del gen.

Si se desea la expresión del polipéptido, generalmente es deseable incluir una región de poliadenilación en el extremo 3' de una región codificante polinucleotídica. La región de poliadenilación puede proceder del gen natural, de una diversidad de otros genes de planta, o de ADN T. La secuencia de extremo 3' a añadir puede proceder, por ejemplo, de los genes de nopalina sintasa u octopina sintasa, o como alternativa de otro gen de planta, o menos preferentemente de cualquier otro gen eucariota.

También puede añadirse una secuencia intrónica a la región no traducida (UTR, *untranslated region*) 5' o la secuencia codificante de la secuencia codificante parcial para aumentar la cantidad del mensaje maduro que se acumula en el citosol. Se ha observado que la inclusión de un intrón de corte y empalme en la unidad de transcripción en construcciones de expresión tanto de plantas como de animales aumenta la expresión génica tanto a nivel de proteína como de ARNm hasta 1000 veces (Buchman y Berg (1988) Mol. Cell Biol. 8: 4395-4405; Callis y col. (1987) Genes Dev 1: 1183-1200). Dicha potenciación intrónica de la expresión génica es típicamente mayor cuando se pone cerca del extremo 5' de la unidad de transcripción. En la técnica se conoce el uso de los intrones de maíz, el intrón Adh1-S, 1, 2 y 6, el intrón Bronze-1. Para una información general véase: The Maize Handbook, Capítulo 116, Freeling y Walbot, Eds., Springer, N. Y. (1994).

Gen endógeno

En el presente documento la referencia a un gen "endógeno", no solo se refiere al gen en cuestión como se encuentra en una planta en su forma natural (es decir, sin existir ninguna intervención humana), sino también se refiere a aquel mismo gen (o un ácido nucleico/gen sustancialmente homólogo) en una forma aislada posteriormente (re)introducida en una planta (un transgén). Por ejemplo, una planta transgénica que contiene dicho transgén puede encontrar una reducción sustancial de la expresión transgénica y/o reducción sustancial de la expresión del gen endógeno. El gen aislado puede aislarse de un organismo o puede fabricarlo el hombre, por ejemplo, mediante síntesis química.

Expresión disminuida

En el presente documento la referencia a "expresión disminuida" o "reducción o eliminación sustancial" de expresión significa una disminución en la expresión del gen endógeno y/o los niveles de polipéptido y/o actividad de polipéptido con respecto a las plantas de control. La reducción o eliminación sustancial está en orden creciente de preferencia al menos 10 %, 20 %, 30 %, 40 % o 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 85 %, 90 % o 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más reducido en comparación con el de las plantas de control.

Para la reducción o eliminación sustancial de la expresión de un gen endógeno en una planta, se requiere una longitud suficiente de nucleótidos sustancialmente contiguos de una secuencia de ácidos nucleicos. Para realizar el silenciamiento génico, éste puede ser tan pequeño como 20, 19, 18, 17, 16, 15, 14, 13, 12, 11, 10 o menos nucleótidos, como alternativa éste puede ser tanto como el gen completo (incluyendo la UTR 5' y/o 3', ya sea en parte o en su totalidad). El tramo de los nucleótidos sustancialmente contiguos puede proceder del ácido nucleico que codifica la proteína de interés (gen diana), o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parálogo

y homólogo de la proteína de interés. Preferentemente, el tramo de los nucleótidos sustancialmente contiguos es capaz de formar enlaces de hidrógeno con el gen diana (cadena en sentido o antisentido), más preferentemente, el tramo de nucleótidos sustancialmente contiguos tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % 100 % con el gen diana (cadena en sentido o antisentido). Una secuencia de ácidos nucleicos que codifica un polipéptido (funcional) no es un requisito para los diversos procedimientos analizados en el presente documento para la reducción o eliminación sustancial de la expresión de gen endógeno.

Esta reducción o eliminación sustancial de la expresión puede realizarse usando herramientas y técnicas rutinarias. Un procedimiento preferido para la reducción o eliminación sustancial de la expresión de un gen endógeno es introducir y expresar en una planta una construcción genética en la que el ácido nucleico (en este caso un tramo de nucleótidos sustancialmente contiguos procedentes del gen de interés, o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parálogo y homólogo de cualquiera de las proteínas de interés) se clona como una repetición invertida (en parte o completamente), separado por un espaciador (ADN no codificante).

En dicho procedimiento preferido, la expresión del gen endógeno se reduce o elimina sustancialmente a través de silenciamiento mediado por ARN usando una repetición invertida de un ácido nucleico o una parte del mismo (en este caso un tramo de nucleótidos sustancialmente contiguos procedentes del gen de interés, o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parálogo u homólogo de la proteína de interés), preferentemente capaz de formar una estructura en horquilla. La repetición invertida se clona en un vector de expresión que comprende secuencias de control. Una secuencia de ácidos nucleicos de ADN no codificante (un espaciador, por ejemplo un fragmento de la región de unión de matriz (MAR, *Matrix Attachment Region Fragment*), un intrón, un poliengarce, etc.) se localiza entre los dos ácidos nucleicos invertidos que forman la repetición invertida. Después de la transcripción de la repetición invertida, se forma un ARN quimérico con una estructura auto-complementaria (parcial o completa). Esta estructura de ARN bicatenario se denomina ARN en horquilla (ARNh). El ARNh se procesa en la planta en los ARNip que se incorporan en un complejo de silenciamiento inducido por ARN (RISC). El RISC escinde adicionalmente los transcritos de ARNm, por lo cual se reduce sustancialmente el número de transcritos de ARNm que van a traducirse en los polipéptidos. Para detalles adicionales generales véase, por ejemplo, Grierson y col. (1998) WO 98/53083; Waterhouse y col. (1999) WO 99/53050).

La realización de los procedimientos de la invención no se basa en introducir y expresar en una planta una construcción genética en la que se clona el ácido nucleico como una repetición invertida, sino que pueden utilizarse cualquiera de uno o más de los diversos procedimientos de "silenciamiento génico" bien conocidos para conseguir los mismos efectos.

Un procedimiento de este tipo para la reducción de la expresión del gen endógeno es el silenciamiento mediado por ARN de la expresión génica (regulación negativa). En este caso, el silenciamiento se activa en una planta mediante una secuencia de ARN bicatenario (ARNbc) que es sustancialmente similar al gen endógeno diana. Este ARNbc se procesa adicionalmente por la planta de aproximadamente 20 a aproximadamente 26 nucleótidos denominado ARN de interferencia pequeño (ARNip). Los ARNip se incorporan en un complejo de silenciamiento inducido por ARN (RISC) que escinde el transcrito de ARNm del gen endógeno diana, reduciendo por tanto sustancialmente el número de transcritos de ARNm que se traducen en un polipéptido. Preferentemente, la secuencia de ARN bicatenario corresponde a un gen diana.

Otro ejemplo de un procedimiento de silenciamiento de ARN implica la introducción de secuencias de ácidos nucleicos o partes de las mismas (en este caso un tramo de nucleótidos sustancialmente contiguos procedentes del gen de interés o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parálogo u homólogo de la proteína de interés) en una orientación en sentido en una planta. "Orientación en sentido" se refiere a una secuencia de ADN que es homóloga a un transcrito de ARNm de la misma. Por lo tanto, en una planta se introduciría al menos una copia de la secuencia de ácidos nucleicos. La secuencia de ácidos nucleicos adicional reducirá la expresión del gen endógeno, dando lugar a un fenómeno conocido como co-supresión. La reducción de la expresión del gen sería más pronunciada si en una planta se introdujesen varias copias adicionales de una secuencia de ácidos nucleicos, cuando hay una correlación positiva entre altos niveles de transcrito y la activación de co-supresión.

Otro ejemplo de un procedimiento de silenciamiento de ARN implica el uso de secuencias de ácidos nucleicos antisentido. Una secuencia de "ácidos nucleicos "antisentido" comprende una secuencia de nucleótidos que es complementaria a una secuencia de ácidos nucleicos "en sentido" que codifica una proteína, es decir complementaria a la cadena que codifica una molécula de ADNc bicatenario o complementario a una secuencia de transcrito de ARNm. La secuencia de ácidos nucleicos antisentido es preferentemente complementaria a gen endógeno a silenciar. La complementariedad puede localizarse en la "región codificante" y/o en la "región no codificante" de un gen. La expresión "región codificante" se refiere a una región de la secuencia de nucleótidos que comprende codones que se traducen en restos de aminoácidos. La expresión "región no codificante" se refiere a las secuencias 5' y 3' que flanquean la región codificante que se transcriben pero no se traducen en aminoácidos (también denominadas regiones no traducidas 5' y 3').

Las secuencias de ácidos nucleicos antisentido pueden diseñarse de acuerdo con las normas de emparejamiento de bases de Watson y Crick. La secuencia de ácidos nucleicos antisentido puede ser complementaria a la secuencia de

ácidos nucleicos completa (en este caso un tramo de nucleótidos sustancialmente contiguos procedentes del gen de interés, o de cualquier ácido nucleico capaz de codificar un ortólogo, parólogo u homólogo de la proteína de interés), pero también puede ser un oligonucleótido que sea antisentido para solo una parte de la secuencia de ácidos nucleicos (incluyendo la UTR 5' y 3' del ARNm). Por ejemplo, la secuencia de oligonucleótidos antisentido puede ser complementaria a la región que rodea el sitio de inicio de la traducción de un transcripto de ARNm que codifica un polipéptido. La longitud de una secuencia de oligonucleótidos antisentido adecuada se conoce en la técnica y puede comenzar desde aproximadamente 50, 45, 40, 35, 30, 25, 20, 15 o 10 nucleótidos de longitud o menos. Una secuencia de ácidos nucleicos antisentido de acuerdo con la invención puede construirse usando síntesis química y reacciones de ligamiento enzimático usando procedimientos conocidos en la técnica. Por ejemplo, una secuencia de ácidos nucleicos antisentido (por ejemplo, una secuencia de oligonucleótidos antisentido) puede sintetizarse químicamente usando nucleótidos de origen natural o varios nucleótidos modificados diseñados para aumentar la estabilidad biológica de las moléculas o para aumentar la estabilidad física del dúplex formado entre las secuencias de ácidos nucleicos antisentido y sentido, por ejemplo, pueden usarse derivados de fosforotioato y nucleótidos sustituidos por acridina. En la técnica se conocen bien ejemplos de nucleótidos modificados que pueden usarse para generar las secuencias de ácidos nucleicos antisentido. Las modificaciones de nucleótido conocidas incluyen metilación, ciclación y 'protecciones' y sustitución de uno o más de los nucleótidos de origen natural con un análogo tal como inosina. En la técnica se conocen bien otras modificaciones de nucleótidos.

La secuencia de ácidos nucleicos antisentido puede producirse biológicamente usando un vector de expresión en el que se ha subclonado una secuencia de ácidos nucleicos en una orientación antisentido (es decir, el ARN transcrito del ácido nucleico insertado tendrá una orientación antisentido con respecto a un ácido nucleico diana de interés). Preferentemente, la producción de las secuencias de ácidos nucleicos antisentido en plantas se produce mediante una construcción de ácido nucleico establemente integrada que comprende un promotor, un oligonucleótido antisentido unido operativamente y un terminador.

Las moléculas de ácido nucleico usadas para el silenciamiento en los procedimientos de la aplicación (tanto si se introducen en una planta como si se generan *in situ*) se hibridan con, o se unen a, los transcriptos de ARNm y/o ADN genómico que codifica un polipéptido para inhibir así la expresión de la proteína, por ejemplo, al inhibir la transcripción y/o traducción. La hibridación puede ser por complementariedad de nucleótidos convencional para formar un dúplex estable o, por ejemplo, en el caso de una secuencia de ácidos nucleicos antisentido que se une a los dúplex de ADN, a través de interacciones específicas en el surco principal de la hélice doble. Las secuencias de ácidos nucleicos antisentido pueden introducirse en una planta por transformación o inyección directa en un sitio de tejido específico. Como alternativa, las secuencias de ácidos nucleicos antisentido pueden modificarse para dirigir las células seleccionadas y después administrarse por vía sistémica. Por ejemplo, para la administración sistémica, las secuencias de ácidos nucleicos antisentido pueden modificarse de tal manera que se unan específicamente a receptores o a antígenos expresados en una superficie de la célula seleccionada, por ejemplo, ligando la secuencia de ácidos nucleicos antisentido a los péptidos o anticuerpos que se unen a los receptores o antígenos de la superficie celular. Las secuencias de ácidos nucleicos antisentido también pueden administrarse a las células usando los vectores descritos en el presente documento.

De acuerdo con un aspecto adicional, la secuencia de ácidos nucleicos antisentido es una secuencia de ácidos nucleicos α -anomérica. Una secuencia de ácidos nucleicos α -anomérica forma híbridos bicatenarios específicos con ARN de complementariedad en el que, contrario a las unidades β normales, las cadenas corren paralelas entre sí (Gaultier y col. (1987) Nucl Ac Res 15: 6625-6641). La secuencia de ácidos nucleicos antisentido también pueden comprender un 2'- α -metilribonucleótido (Inoue y col. (1987) Nucl Ac Res 15, 6131-6148) o un análogo de ARN-ADN quimérico (Inoue y col. (1987) FEBS Lett. 215, 327-330). La reducción o eliminación sustancial de la expresión del gen endógeno también puede realizarse usando ribozimas. Las ribozimas son moléculas de ARN catalíticas con actividad de ribonucleasa que pueden escindir una secuencia de ácidos nucleicos monocatenaria, tal como ARNm, con el que tienen una región complementaria. Por tanto, las ribozimas (por ejemplo, ribozimas de cabeza de martillo (descritas en Haselhoff y Gerlach (1988) Nature 334, 585-591) pueden usarse para escindir catalíticamente los transcriptos de ARNm que codifican un polipéptido, reduciendo por tanto sustancialmente el número de transcriptos de ARNm que van a traducirse en un polipéptido. Puede diseñarse una ribozima que tenga especificidad por una secuencia de ácidos nucleicos (véase, por ejemplo: Cech y col. Patentes de Estados Unidos N° 4.987.071; y Cech y col. Patente de Estados Unidos N° 5.116.742). Como alternativa, pueden usarse transcriptos de ARNm correspondientes a una secuencia de ácidos nucleicos para seleccionar un ARN catalítico que tenga una actividad de ribonucleasa específica de un conjunto de moléculas de ARN (Bartel y Szostak (1993) Science 261, 1411-1418). El uso de ribozimas para el silenciamiento génico en plantas es conocido en la técnica (por ejemplo Atkins y col. (1994) documento WO 94/00012; Lenne y col. (1995) documento WO 95/03404; Lutziger y col. (2000) documento WO 00/00619; Prinsen y col. (1997) documento WO 97/13865 y Scott y col. (1997) documento WO 97/38116).

El silenciamiento génico también puede producirse por mutagénesis de inserción (por ejemplo, inserción de ADN T o inserción de transposón) o mediante estrategias como las descritas, entre otros, por Angell y Baulcombe ((1999) Plant J 20(3): 357-62), (Amplicon VIGS documento WO 98/36083), o Baulcombe (documento WO 99/15682).

El silenciamiento génico también puede producirse si hay una mutación en un gen endógeno y/o una mutación en un gen aislado/ácido nucleico posteriormente introducido en una planta. La reducción de eliminación sustancial puede estar provocada por un polipéptido no funcional. Por ejemplo, el polipéptido puede unirse a diversas proteínas que

interaccionan; por lo tanto pueden proporcionarse una o más mutaciones y/o truncamientos para un polipéptido que sea aún capaz de unir las proteínas que interaccionan (tal como proteínas receptoras) pero que no pueden mostrar su función normal (tal como ligando de señalización).

- 5 Una estrategia adicional para silenciamiento génico es dirigir la secuencia de ácidos nucleicos complementaria a la región reguladora del gen (por ejemplo, el promotor y/o los potenciadores) para formar estructuras helicoidales triples que impiden la transcripción del gen en células diana. Véase Helene, C., *Anticancer Drug Res.* 6, 569-84, 1991; Helene y col., *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 660, 27-36 1992; y Maher, L. J. *Bioassays* 14, 807-15, 1992.

- 10 Otros procedimientos, tales como el uso de anticuerpos dirigidos contra un polipéptido endógeno para inhibir su función en la planta, o la interferencia en la ruta de señalización en la que está implicado un polipéptido, serán muy conocidos por el experto. En particular, puede esperarse que las moléculas fabricadas por el hombre puedan ser útiles para inhibir la función biológica de un polipéptido diana o para interferir con la ruta de señalización en la que está implicado el polipéptido diana.

- 15 Como alternativa, puede establecerse un programa de exploración para identificar en una población de plantas las variantes naturales de un gen, cuyas variantes codifican los polipéptidos con actividad reducida. Dichas variantes naturales también pueden usarse, por ejemplo, para realizar recombinación homóloga.

- 20 Pueden usarse microARN (miARN) artificiales y/o naturales para desactivar la expresión génica y/o traducción del ARNm. Los miARN endógenos son ARN pequeños monocatenarios típicamente con una longitud de 19-24 nucleótidos. Actúan principalmente regulando la expresión génica y/o la traducción de ARNm. La mayoría de los microARN (miARN) de planta tienen complementariedad perfecta o casi perfecta con sus secuencias diana. Sin embargo, hay dianas naturales con hasta cinco emparejamientos erróneos. Se procesan a partir de ARN no codificantes más largos con estructuras de plegamiento características mediante RNasas específicas bicatenarias de la familia Dicer. Después del procesamiento, se incorporan en el complejo de silenciamiento inducido por ARN (RISC, *RNA-induced silencing complex*) uniéndose a su componente principal, una proteína Argonauta. Los miARN sirven como componentes de especificidad del RISC, debido al emparejamiento con bases de ácidos nucleicos diana, principalmente ARNm, en el citoplasma. Los acontecimientos reguladores posteriores incluyen la escisión de ARNm diana y la destrucción y/o inhibición traduccional. Por tanto, los efectos de la sobreexpresión de miARN a menudo reflejan en niveles de ARNm disminuidos de los genes diana.

- 30 Los microARN artificiales (amiARN), que tienen típicamente 21 nucleótidos de longitud, pueden modificarse por ingeniería genética específicamente para regular negativamente la expresión génica de un solo gen o de múltiples genes de interés. En la técnica se conocen bien los determinantes de la selección diana de microARN de planta. Se han definido los parámetros empíricos para el reconocimiento diana y pueden usarse para ayudar a diseñar los amiARN específicos, (Schwab y col., *Dev. Cell* 8, 517-527, 2005). Herramientas convenientes para el diseño y generación de los amiARN y sus precursores también están disponibles para el público (Schwab y col., *Plant Cell* 18, 1121-1133, 2006).

- 35 Para un rendimiento óptimo, las técnicas de silenciamiento génico usadas para reducir la expresión en una planta de un gen endógeno requieren el uso de secuencias de ácidos nucleicos de plantas monocotiledóneas para la transformación de plantas monocotiledóneas, y de plantas dicotiledóneas para la transformación de plantas dicotiledóneas. Preferentemente, una secuencia de ácidos nucleicos de cualquier especie de planta determinada se introduce dentro de esta misma especie. Por ejemplo, una secuencia de ácidos nucleicos de arroz se transforma en una planta de arroz. Sin embargo, no es un requisito absoluto que la secuencia de ácidos nucleicos que se introduce se origine de la misma especie de planta como la planta en la que se introducirá. Basta con que haya una homología sustancial entre el gen diana endógeno y el ácido nucleico a introducir.

- 40 Anteriormente se han descrito ejemplos de diversos procedimientos para la reducción o eliminación sustancial de la expresión en una planta de un gen endógeno. Un experto en la técnica podrá adaptar fácilmente los procedimientos anteriormente mencionados para el silenciamiento para conseguir la reducción de la expresión de un gen endógeno en una planta completa o en partes de la misma usando un promotor apropiado, por ejemplo.

Marcador de selección (gen)/Gen indicador

- 50 Un "marcador de selección", "gen marcador de selección" o "gen indicador" incluye cualquier gen que confiere un fenotipo a una célula en la que se expresa para facilitar la identificación y/o selección de células que se transfectan o transforman con una construcción de ácido nucleico de la invención. Estos genes marcadores permiten la identificación de una transferencia satisfactoria de las moléculas de ácido nucleico mediante una serie de principios diferentes. Los marcadores adecuados pueden seleccionarse de marcadores que confieren resistencia a antibióticos o a herbicidas, que introducen un nuevo rasgo metabólico o que permiten selección visual. Los ejemplos de genes marcadores de selección incluyen genes que confieren resistencia a antibióticos (tales como nptII que fosforila neomicina y kanamicina, o hpt, que fosforila higromicina, o genes que confieren resistencia a, por ejemplo, bleomicina, estreptomycin, tetraciclina, cloranfenicol, ampicilina, gentamicina, geneticina (G418), espectinomycin o blasticidina), a herbicidas (por ejemplo bar que proporciona resistencia a Basta®; aroA o gox que proporciona resistencia contra glifosato, o los genes que confieren resistencia a, por ejemplo, imidazolinona, fosfinotricina o

sulfonilurea), o genes que proporcionan un rasgo metabólico (tal como manA que permite a las plantas usar manosa como única fuente de carbono o xilosa isomerasa para la utilización de xilosa, o marcadores antinutritivos tales como la resistencia a 2-desoxiglucosa). La expresión de genes marcadores visuales da como resultado la formación de color (por ejemplo β -glucuronidasa, GUS o β -galactosidasa con sus sustratos de color, por ejemplo X Gal), luminiscencia (tal como el sistema luciferina/luciferasa) o fluorescencia (Proteína Fluorescente Verde, GFP y derivados de los mismos). Esta lista solo representa una pequeña cantidad de marcadores posibles. El experto está familiarizado con dichos marcadores. Se prefieren diferentes marcadores dependiendo del organismo y del procedimiento de selección.

Se sabe que, después de la integración estable o transitoria de los ácidos nucleicos en células de plantas, solo una minoría de las células capta el ADN exógeno y, si se desea, lo integra en su genoma, dependiendo del vector de expresión usado y de la técnica de transfección usada. Para identificar y seleccionar estos integrantes, normalmente se introduce un gen que codifica un marcador de selección (tal como los descritos anteriormente) en las células huésped junto con el gen de interés. Estos marcadores pueden usarse, por ejemplo, en mutantes en los que estos genes no son funcionales mediante, por ejemplo, delección por procedimientos convencionales. Además, las moléculas de ácido nucleico que codifican un marcador de selección pueden introducirse en una célula huésped en el mismo vector que comprende la secuencia que codifica los polipéptidos de la invención o usarse en los métodos de la invención, o incluso en un vector distinto. Las células que se han transfectado de manera estable con el ácido nucleico introducido pueden identificarse, por ejemplo, por selección (por ejemplo, células que tienen integrado el marcador de selección sobreviven mientras que las otras mueren).

Dado que los genes marcadores, particularmente genes para resistencia a antibióticos y herbicidas, ya no se requieren o no se desean en la célula huésped transgénica una vez que se han introducido satisfactoriamente los ácidos nucleicos, el proceso de acuerdo con la invención para introducir los ácidos nucleicos emplea ventajosamente técnicas que permiten la retirada o escisión de estos genes marcadores. Un procedimiento de este tipo es lo que se conoce como co-transformación. El procedimiento de co-transformación emplea dos vectores simultáneamente para la transformación, un vector que lleva el ácido nucleico de acuerdo con la invención y un segundo que lleva el gen (o genes) marcador. Una proporción grande de transformantes recibe o, en el caso de plantas, comprende (hasta el 40 % o más de los transformantes), ambos vectores. En el caso de transformación con Agrobacteria, los transformantes normalmente solo reciben una parte del vector, es decir, la secuencia flanqueada por el ADN-T, que normalmente representa el casete de expresión. Posteriormente los genes marcadores pueden retirarse de la planta transformada realizando cruzamientos. En otro procedimiento, se usan genes marcadores integrados en un transposón para la transformación junto con el ácido nucleico deseado (conocido como tecnología Ac/Ds). Los transformantes pueden cruzarse con una fuente transposasa o los transformantes se transforman con una construcción de ácido nucleico que confiere expresión de una transposasa, de manera transitoria o estable. En algunos casos (aprox. 10 %), el transposón salta del genoma de la célula huésped una vez que se ha producido la transformación satisfactoriamente y se pierde. En una serie de casos adicionales, el transposón salta a una localización diferente. En estos casos, el gen marcador debe eliminarse realizando cruzamientos. En microbiología, se desarrollan técnicas que hacen posible, o facilitan, la detección de dichos acontecimientos. Un procedimiento ventajoso adicional se basa en lo que se conoce como sistemas de recombinación; cuya ventaja es que la eliminación puede dispensarse por cruzamiento. El sistema mejor conocido de este tipo es lo que se conoce como sistema Cre/lox. Cre1 es una recombinasa que retira las secuencias localizadas entre las secuencias loxP. Si el gen marcador se integra entre las secuencias loxP, éste se elimina una vez se haya producido la transformación satisfactoriamente, por expresión de la recombinasa. Otros sistemas de recombinación son el sistema HIN/HIX, FLP/FRT y REP/STB (Tribble y col., J. Biol. Chem., 275, 2000: 22255-22267; Velmurugan y col., J. Cell Biol., 149, 2000: 553-566). De acuerdo con la invención, es posible una integración específica de sitio en el genoma de la planta de la secuencia de ácidos nucleicos. Naturalmente, estos procedimientos también pueden aplicarse a microorganismos tales como levaduras, hongos o bacterias.

Transgénico/Transgén/Recombinante

Para los fines de la invención, "transgénico", "transgén" o "recombinante" significa con respecto a, por ejemplo, una secuencia de ácidos nucleicos, un casete de expresión, una construcción génica o un vector que comprende la secuencia de ácidos nucleicos o un organismo transformado con las secuencias de ácidos nucleicos, casetes o vectores de expresión de acuerdo con la invención, todas estas construcciones realizadas por procedimientos recombinantes en los que

- (a) las secuencias de ácidos nucleicos que codifican las proteínas útiles en los procedimientos de la invención o
- (b) la secuencia (o secuencias) de control genético que se une operativamente con la secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con la invención, por ejemplo un promotor, o
- (c) a) y b)

no se localizan en su ambiente genético natural o se han modificado por procedimientos recombinantes, siendo posible que se produzca la modificación de, por ejemplo, una sustitución, adición, delección, inversión o inserción de uno o más restos de nucleótido. Se entiende que, ambiente genético natural, significa el locus genómico o cromosómico natural en la planta original o la presencia en una genoteca. En el caso de una genoteca, el ambiente genético natural de la secuencia de ácidos nucleicos se conserva preferentemente, al menos en parte. El ambiente

flanquea la secuencia de ácidos nucleicos al menos en un lado y tiene una longitud de secuencia de al menos 50 pb, preferentemente al menos 500 pb, en especial preferentemente al menos 1000 pb, más preferentemente al menos 5000 pb. Un casete de expresión de origen natural - por ejemplo la combinación de origen natural del promotor natural de las secuencias de ácidos nucleicos con la secuencia de ácidos nucleicos correspondiente que codifica un polipéptido útil en los procedimientos de la presente invención, como se ha definido anteriormente - llega a ser un casete de expresión transgénica cuando esta casete de expresión se modifica mediante procedimientos sintéticos no naturales ("artificiales") tal como, por ejemplo, tratamiento mutagénico. Se describen procedimientos adecuados, por ejemplo, en los documentos US 5.565.350 o WO 00/15815.

Por tanto, una planta transgénica, para los fines de la invención, se entiende que significa, como se ha indicado anteriormente, que los ácidos nucleicos usados en el procedimiento de la invención no están en su locus natural en el genoma de dicha planta, siendo posible que los ácidos nucleicos se expresen de manera homóloga o heteróloga. Sin embargo, como se ha mencionado, transgénico también significa que, aunque los ácidos nucleicos de acuerdo con la invención o usados en el procedimiento de la invención están en su posición natural en el genoma de una planta, la secuencia se ha modificado con respecto a la secuencia natural y/o que las secuencias reguladoras de las secuencias naturales se han modificado. Por transgénico se entiende preferentemente que significa la expresión de los ácidos nucleicos de acuerdo con la invención en un locus no natural en el genoma, es decir, se produce la expresión homóloga o, preferentemente, heteróloga de los ácidos nucleicos. En el presente documento se mencionan las plantas transgénicas preferidas.

Transformación

El término "introducción" o "transformación" como se denomina en el presente documento, incluye la transferencia de un polinucleótido exógeno en una célula huésped, independientemente del procedimiento usado para la transferencia. El tejido de planta capaz de propagación clonal posterior, mediante organogénesis o embriogénesis, puede transformarse con una construcción genética de la presente invención y a partir del mismo regenerarse una planta completa. El tejido particular seleccionado variará dependiendo de los sistemas de propagación clonales disponibles para, y mejor adaptados a, la especie particular que se va a transformar. Las dianas tisulares ejemplares incluyen discos foliares, polen, embriones, cotiledones, hipocotiledones, megagametofitos, tejido de callo, tejido meristemático existente (por ejemplo, meristemo apical, brotes axilares y meristemas radiculares) e inducen tejido meristemático (por ejemplo, meristemo de cotiledón y meristemo de hipocotiledón). El polinucleótido puede introducirse de manera estable o transitoria en una célula huésped y puede mantenerse no integrado, por ejemplo, como un plásmido.

Como alternativa, éste puede integrarse en el genoma huésped. La célula de la planta transformada resultante puede después usarse para regenerar una planta transformada de una manera conocida por los expertos en la técnica.

La transferencia de genes externos dentro del genoma de una planta se denomina transformación. La transformación de especies plantas es actualmente una técnica muy habitual. Ventajosamente, cualquiera de los diversos procedimientos de transformación puede usarse para introducir el gen de interés en una célula antecesora adecuada. Los procedimientos descritos para la transformación y regeneración de plantas de tejidos de plantas o células de plantas pueden utilizarse para la transformación transitoria o estable. Los procedimientos de transformación incluyen el uso de liposomas, electroporación, productos químicos que aumentan la captación de ADN libre, inyección del ADN directamente en la planta, pistola de bombardeo de partículas, transformación usando virus o polen y microproyección. Pueden seleccionarse procedimientos entre, el procedimiento de calcio/poli(etilenglicol) para protoplastos (Krens, F. A. y col., (1982) *Nature* 296, 72-74; Negrutiu I y col. (1987) *Plant Mol Biol* 8: 363-373); electroporación de protoplastos (Shillito R. D. y col. (1985) *Bio/Technol* 3, 1099-1102); microinyección en el material de planta (Crossway A y col., (1986) *Mol. Gen Genet* 202: 179-185); bombardeo de partículas revestido con ADN o ARN (Klein TM y col., (1987) *Nature* 327: 70) infección con virus (no integrantes) y similares. Las plantas transgénicas, incluyendo plantas de cultivo transgénicas, se producen preferentemente mediante transformación mediada por *Agrobacterium*. Un procedimiento de transformación ventajoso es la transformación en la planta. Para esta finalidad, es posible, por ejemplo, permitir que la agrobacterias actúen en las semillas de la planta o inocular las agrobacterias en el meristemo de la planta. Se ha demostrado de un modo particularmente conveniente, de acuerdo con la invención, permitir que una suspensión de agrobacterias transformadas actúe en la planta intacta o al menos en los primordios florales. Posteriormente la planta crece hasta que se obtienen las semillas de la planta tratada (Clough y Bent, *Plant J.* (1998) 16, 735-743). Los procedimientos para la transformación de arroz mediada por *Agrobacterium* incluyen procedimientos bien conocidos para la transformación de arroz, tales como los descritos en cualquiera de las siguientes referencias bibliográficas: solicitud de patente Europea EP 1198985 A1, Aldemita y Hodges (*Planta* 199: 612-617, 1996); Chan y col. (*Plant Mol Biol* 22 (3): 491-506, 1993), Hiei y col. (*Plant J* 6 (2): 271-282, 1994), cuyas divulgaciones se incorporan por referencia en el presente documento en su totalidad. En el caso de la transformación de maíz, el procedimiento preferido es como se describe en Ishida y col. (*Nat. Biotechnol* 14(6): 745-50, 1996) o en Frame y col. (*Plant Physiol* 129(1): 13-22, 2002), cuyas divulgaciones se incorporan por referencia como si se expusieran en el presente documento. Dichos procedimientos se describen adicionalmente, a modo de ejemplo, en B. Jenes y col., *Techniques for Gene Transfer*, in: *Transgenic Plants*, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S. D. Kung y R. Wu, Academic Press (1993) 128-143 y en Potrykus *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol.* 42 (1991) 205-225). Los ácidos nucleicos o la

construcción a expresar se clona preferentemente en un vector, que es adecuado para transformar *Agrobacterium tumefaciens*, por ejemplo, pBin19 (Bevan y col., Nucl. Acids Res. 12 (1984) 8711). Las agrobacterias transformadas por dicho vector pueden después usarse de una manera conocida para la transformación de plantas, tales como plantas usadas como un modelo, como *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana* que se encuentra dentro del ámbito de la presente invención no se considera como una planta de cultivo) o plantas de cultivo tales como, a modo de ejemplo, plantas de tabaco, por ejemplo, sumergiendo hojas laceradas o picadas en una solución agrobacteriana y después cultivarlas en un medio adecuado. La transformación de plantas mediante *Agrobacterium tumefaciens* la describen, por ejemplo, Höfgen y Willmitzer en Nucl. Acid Res. (1988) 16, 9877 o se conoce, entre otros, de F. F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S. D. Kung y R. Wu, Academic Press, 1993, págs. 15-38.

Además de la transformación de células somáticas, que después deben regenerarse en plantas intactas, también es posible transformar las células de meristemas de planta y en particular aquellas células que se desarrollan en gametos. En este caso, los gametos transformados siguen el desarrollo natural de la planta, dando lugar a plantas transgénicas. Por tanto, por ejemplo, semillas de *Arabidopsis* se tratan con agrobacterias y se obtienen semillas del desarrollo de plantas de las que se transforma una determinada proporción y por tanto transgénicas [Feldman, KA y Marks MD (1987). Mol Gen Genet 208: 274-289; Feldmann K (1992). In: C Koncz, N-H Chua y J Shell, eds, Methods in Arabidopsis Research. World Scientific, Singapore, pp. 274-289]. Los procedimientos alternativos se basan en la retirada repetida de las inflorescencias e incubación del sitio de escisión en el centro de la roseta con agrobacterias transformadas, por lo que las semillas transformadas pueden obtenerse de modo similar en un punto de tiempo final (Chang (1994). Plant J. 5: 551-558; Katavic (1994). Mol Gen Genet, 245: 363-370). Sin embargo, un procedimiento especialmente eficaz es el procedimiento de infiltración por vacío con sus modificaciones tal como el procedimiento de "inmersión floral". En el caso de la infiltración por vacío de *Arabidopsis*, las plantas intactas bajo presión reducida se tratan con una suspensión agrobacteriana [Bechthold, N (1993). C R Acad Sci Paris Life Sci, 316: 1194-1199], mientras que en el caso del procedimiento de "inmersión floral" el tejido floral en desarrollo se incuba brevemente con una suspensión agrobacteriana tratada con tensioactivo [Clough, SJ y Bent AF (1998) The Plant J. 16, 735-743]. En ambos casos se recoge una determinada proporción de semillas transgénicas y estas semillas pueden diferenciarse de semillas no transgénicas al cultivar bajo las condiciones selectivas descritas anteriormente. Además, la transformación estable de los plástidos es ventajosa ya que estos se heredan por vía materna en la mayor parte de los cultivos reduciendo o eliminando el riesgo de flujo transgénico a través del polen. La transformación del genoma del cloroplasto generalmente se realiza mediante un proceso que han presentado esquemáticamente Klaus y col., 2004 [Nature Biotechnology 22 (2), 225-229]. En resumen, las secuencias a transformar se clonan junto con un gen marcador de selección entre las secuencias flanqueantes homólogas al genoma del cloroplasto. Estas secuencias flanqueantes homólogas dirigen la integración específica de sitio en el plastoma.

La transformación plastidial se ha descrito para muchas especies de plantas diferentes y se ofrece una revisión en Bock (2001) Transgenic plastids in basic research and plant biotechnology. J Mol Biol. 2001 Sep 21; 312 (3):425-38 o Maliga, P (2003) Progress towards commercialization of plastid transformation technology. Trends Biotechnol. 21, 20-28. Recientemente se han descrito progresos biotecnológicos adicionales, en forma de transformantes plastidiales sin marcador, que pueden producirse mediante un gen marcador co-integrado transitorio (Klaus y col., 2004, Nature Biotechnology 22(2), 225-229).

Etiquetado en activación de ADN T

El etiquetado en activación de ADN T (Hayashi y col. Science (1992) 1350-1353), implica la inserción de ADN T, que normalmente contiene un promotor (también puede ser un potenciador de traducción o un intrón), en la región genómica del gen de interés o 10 kb cadena arriba o cadena abajo de la región codificante de un gen en una configuración de tal manera que el promotor dirige la expresión del gen diana. Típicamente, la regulación de la expresión del gen diana mediante su promotor natural se interrumpe y el gen cae bajo el control del promotor nuevamente introducido. El promotor se incorpora típicamente en un ADN T. Este ADN T se inserta al azar el genoma de la planta, por ejemplo, a través de infección por *Agrobacterium* y conduce a expresión modificada de genes cerca al ADN T insertado. Las plantas transgénicas resultantes muestran fenotipos dominantes debidos a la expresión modificada de los genes cerca al promotor introducido.

TILLING

El término "TILLING" es la abreviatura de "Targeted Induced Local Lesions In Genomes" (Inducción Dirigida de Lesiones Locales en el Genoma) y se refiere a una tecnología de mutagénesis útil para generar y/o identificar ácidos nucleicos que codifican proteínas con expresión y/o actividad modificada. El TILLING también permite la selección de plantas que llevan dichas variantes mutantes. Estas variantes mutantes pueden presentar expresión modificada, en fuerza o en localización o en tiempo (si las mutaciones afectan, por ejemplo, al promotor). Estas variantes mutantes pueden presentar mayor actividad que la mostrada por el gen en su forma natural. El TILLING combina mutagénesis de alta densidad con procedimientos de detección de alto rendimiento. Las etapas seguidas típicamente en el TILLING son: (a) mutagénesis EMS (Redei GP y Koncz C (1992) In Methods in Arabidopsis Research, Koncz C, Chua NH, Schell J, eds. Singapore, World Scientific Publishing Co, páginas 16-82; Feldmann y col., (1994) In Meyerowitz EM, Somerville CR, eds, Arabidopsis. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring

Harbor, NY, páginas 137-172; Lightner J y Caspar T (1998) In J Martinez-Zapater, J Salinas, eds, *Methods on Molecular Biology*, Vol. 82. Humana Press, Totowa, NJ, páginas 91-104); (b) preparación y agrupamiento de ADN en individuos; (c) amplificación por PCR de una región de interés; (d) desnaturalización e hibridación para permitir la formación de heteroduplex; (e) DHPLC, donde la presencia de un heteroduplex en un grupo se detecta como un pico extra en el cromatograma; (f) identificación del mutante individual; y (g) secuenciación del producto PCR mutante. Los procedimientos de TILLING son bien conocidos en la técnica (McCallum y col., (2000) *Nat Biotechnol* 18: 455-457; revisado por Stemple (2004) *Nat Rev Genet* 5(2): 145-50).

Recombinación homóloga

La recombinación homóloga permite la introducción en un genoma de un ácido nucleico seleccionado en una posición definida seleccionada. La recombinación homóloga es una tecnología convencional utilizada rutinariamente en ciencias biológicas para organismos inferiores tales como levaduras o el musgo *Physcomitrella*. Se han descrito procedimientos para realizar recombinación homóloga en plantas no solo para el modelo de plantas (*Offringa* y col. (1990) *EMBO J* 9(10): 3077-84) sino también para plantas de cultivo, por ejemplo, arroz (Terada y col. (2002) *Nat Biotech* 20(10): 1030-4; Iida y Terada (2004) *Curr Opin Biotech* 15(2): 132-8), y existen estrategias que son generalmente aplicables independientemente del organismo diana (Miller y col. *Nature Biotechnol.* 25, 778-785, 2007).

Rendimiento

El término "rendimiento" en general significa un producto medible de valor económico, típicamente relacionado con un cultivo, un área y un periodo de tiempo específicos. Las partes de planta individuales contribuyen directamente al rendimiento en base a su número, tamaño y/o peso, o el rendimiento real es el rendimiento por metro cuadrado de un cultivo y año, que se determina dividiendo la producción total (incluyendo la producción tanto cosechada como valorada) por metro cuadrado plantado. El término "rendimiento" de una planta puede estar relacionado con biomasa vegetativa (biomasa de raíz y/o brote), con órganos reproductores y/o con propágulos (tal como semillas) de esta planta.

Vigor temprano

"Vigor temprano" se refiere a un crecimiento bien equilibrado saludable activo especialmente durante las etapas tempranas del crecimiento de la planta, y puede ser el resultado del aumento de la eficacia biológica de la planta debido a, por ejemplo, plantas que están mejor adaptadas a su ambiente (es decir, optimizando el uso de fuentes de energía y repartiendo entre brotes y raíces). Las plantas que tienen vigor temprano también muestran supervivencia aumentada de plántula y un mejor establecimiento del cultivo, que a menudo produce campos muy uniformes (creciendo el cultivo de una manera uniforme, es decir, alcanzando la mayoría de las plantas las diversas etapas de desarrollo a sustancialmente el mismo tiempo) y a menudo mejor y mayor rendimiento. Por lo tanto, el vigor temprano puede determinarse midiendo diversos factores, tales como, peso de mil granos, porcentaje de germinación, porcentaje de emergencia, crecimiento de plántula, altura de plántula, longitud de raíz, biomasa de brote y raíz y muchos más.

Aumento/Mejora/Potenciación

Los términos "aumento", "mejora" o "potenciación" son intercambiables y significan en el sentido de la solicitud al menos 3 %, 4 %, 5 %, 6 %, 7 %, 8 %, 9 % o 10 %, preferentemente al menos 15 % o 20 %, más preferentemente 25 %, 30 %, 35 % o 40 % más rendimiento y/o crecimiento en comparación con plantas de control como se define en el presente documento.

Rendimiento de semilla

El rendimiento de semilla aumentado puede manifestarse por sí mismo como uno o más de los siguientes: a) un aumento en biomasa de semilla (peso total de semilla) que puede establecerse sobre una semilla individual y/o por planta y/o por metro cuadrado; b) número de flores por planta aumentado; c) número de semillas (llenas) aumentado; d) tasa de llenado de semilla aumentado (que se expresa como la proporción entre el número de semillas llenas dividido entre el número total de semillas); e) índice de cosecha aumentado, que se expresa como una proporción del rendimiento de partes cosechables, tales como semillas, dividido entre la biomasa total, y f) peso de mil granos (PMG) aumentado, que se extrapola a partir del número de semillas llenas contadas y su peso total. Un PMG aumentado puede ser el resultado de un tamaño y/o peso de semilla aumentado y también puede ser el resultado de un aumento en el tamaño del embrión y/o endospermo.

También puede manifestarse un aumento en el rendimiento de la semilla como un aumento del tamaño de la semilla y/o volumen de la semilla. Además, también puede manifestarse un aumento en el rendimiento de la semilla en sí mismo como un aumento en el área de semilla y/o longitud de semilla y/o anchura de semilla y/o un perímetro de semilla. El rendimiento aumentado puede ser también el resultado de arquitectura modificada, o puede ocurrir debido a la arquitectura modificada.

Índice de verdor

El “índice de verdor” como se usa en el presente documento se calcula a partir de imágenes digitales de plantas. Para cada píxel que pertenece al objeto de la planta sobre la imagen, se calcula la proporción del valor verde frente al valor rojo (en el modelo RGB por el que se codifica el color). El índice de verdor se expresa como el porcentaje de píxeles por el que la proporción con verde con respecto a rojo supera un umbral determinado. En condiciones de crecimiento normales, en condiciones de crecimiento de estrés salino y en condiciones de crecimiento de disponibilidad de nutrientes reducido, el índice de verdor de las plantas se mide en la última imagen antes de la floración. Por otro lado, en condiciones de crecimiento de estrés por sequía, el índice de verdor de las plantas se mide en la primera imagen después de la sequía.

Planta

El término “planta” como se usa en el presente documento incluye plantas completas, antecesores y progenie de las plantas y partes de las plantas, incluyendo semillas, brotes, tallos, hojas, raíces (incluyendo tubérculos), flores y tejidos y órganos, donde cada uno de los elementos anteriormente mencionados comprende el gen/ácido nucleico de interés. El término “planta” también incluye células de planta, cultivos en suspensión, tejido de callo, embriones, regiones meristemáticas, gametofitos, esporofitos, polen y microesporas, de nuevo donde cada uno de los elementos mencionados anteriormente comprende el gen/ácido nucleico de interés.

Las plantas que son particularmente útiles en los procedimientos de la invención incluyen todas las plantas que pertenecen a la superfamilia *Viridiplantae*, en particular plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas incluyendo forraje o leguminosas forrajeras, plantas ornamentales, cultivos alimenticios, árboles o arbustos seleccionados de la lista que comprende *Acer* spp., *Actinidia* spp., *Abelmoschus* spp., *Agave sisalana*, *Agropyron* spp., *Agrostis stolonifera*, *Allium* spp., *Amaranthus* spp., *Ammophila arenaria*, *Ananas comosus*, *Annona* spp., *Apium graveolens*, *Arachis* spp., *Artocarpus* spp., *Asparagus officinalis*, *Avena* spp. (por ejemplo, *Avena sativa*, *Avena fatua*, *Avena byzantina*, *Avena fatua* var. *sativa*, *Avena hybrida*), *Averrhoa carambola*, *Bambusa* sp., *Benincasa hispida*, *Bertholletia excelsa*, *Beta vulgaris*, *Brassica* spp. (por ejemplo, *Brassica napus*, *Brassica rapa* ssp. [canola, colza, nabo]), *Cadaba farinosa*, *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Cannabis sativa*, *Capsicum* spp., *Carex elata*, *Carica papaya*, *Carissa macrocarpa*, *Carya* spp., *Carthamus tinctorius*, *Castanea* spp., *Ceiba pentandra*, *Cichorium endivia*, *Cinnamomum* spp., *Citrullus lanatus*, *Citrus* spp., *Cocos* spp., *Coffea* spp., *Colocasia esculenta*, *Cola* spp., *Corchorus* sp., *Coriandrum sativum*, *Corylus* spp., *Crataegus* spp., *Crocus sativus*, *Cucurbita* spp., *Cucumis* spp., *Cynara* spp., *Daucus carota*, *Desmodium* spp., *Dimocarpus longan*, *Dioscorea* spp., *Diospyros* spp., *Echinochloa* spp., *Elaeis* (por ejemplo, *Elaeis guineensis*, *Elaeis oleifera*), *Eleusine coracana*, *Eragrostis tef*, *Erianthus* sp., *Eriobotrya japonica*, *Eucalyptus* sp., *Eugenia uniflora*, *Fagopyrum* spp., *Fagus* spp., *Festuca arundinacea*, *Ficus carica*, *Fortunella* spp., *Fragaria* spp., *Ginkgo biloba*, *Glycine* spp. (por ejemplo, *Glycine max*, *Soja hispida* o *Soja max*), *Gossypium hirsutum*, *Helianthus* spp. (por ejemplo, *Helianthus annuus*), *Hemerocallis fulva*, *Hibiscus* spp., *Hordeum* spp. (por ejemplo, *Hordeum vulgare*), *Ipomoea batatas*, *Juglans* spp., *Lactuca sativa*, *Lathyrus* spp., *Lens culinaris*, *Linum usitatissimum*, *Litchi chinensis*, *Lotus* spp., *Luffa acutangula*, *Lupinus* spp., *Luzula sylvatica*, *Lycopersicon* spp. (por ejemplo, *Lycopersicon esculentum*, *Lycopersicon lycopersicum*, *Lycopersicon pyriforme*), *Macrotyloma* spp., *Malus* spp., *Malpighia emarginata*, *Mammea americana*, *Mangifera indica*, *Manihot* spp., *Manilkara zapota*, *Medicago sativa*, *Melilotus* spp., *Mentha* spp., *Miscanthus sinensis*, *Momordica* spp., *Morus nigra*, *Musa* spp., *Nicotiana* spp., *Olea* spp., *Opuntia* spp., *Ornithopus* spp., *Oryza* spp. (por ejemplo *Oryza sativa*, *Oryza latifolia*), *Panicum miliaceum*, *Panicum virgatum*, *Passiflora edulis*, *Pastinaca sativa*, *Pennisetum* sp., *Persea* spp., *Petroselinum crispum*, *Phalaris arundinacea*, *Phaseolus* spp., *Phleum pratense*, *Phoenix* spp., *Phragmites australis*, *Physalis* spp., *Pinus* spp., *Pistacia vera*, *Pisum* spp., *Poa* spp., *Populus* spp., *Prosopis* spp., *Prunus* spp., *Punica granatum*, *Pyrus communis*, *Quercus* spp., *Raphanus sativus*, *Rheum rhabarbarum*, *Ribes* spp., *Ricinus communis*, *Rubus* spp., *Saccharum* spp., *Salix* sp., *Sambucus* spp., *Secale cereale*, *Sesamum* spp., *Sinapis* sp., *Solanum* spp. (por ejemplo, *Solanum tuberosum*, *Solanum integrifolium* o *Solanum lycopersicum*), *Sorghum bicolor*, *Spinacia* spp., *Syzygium* spp., *Tagetes* spp., *Tamarindus indica*, *Theobroma cacao*, *Trifolium* spp., *Tripsacum dactyloides*, *Triticosecale rimpai*, *Triticum* spp. (por ejemplo, *Triticum aestivum*, *Triticum durum*, *Triticum turgidum*, *Triticum hybernum*, *Triticum macha*, *Triticum sativum*, *Triticum monococcum* o *Triticum vulgare*), *Tropaeolum minus*, *Tropaeolum majus*, *Vaccinium* spp., *Vicia* spp., *Vigna* spp., *Viola odorata*, *Vitis* spp., *Zea mays*, *Zizania palustris*, *Ziziphus* spp., entre otras.

Descripción detallada de la invención

I. Polipéptido del factor de la transcripción de la proteína de unión al promotor Squamosa de tipo 11 (SPL11)

Sorprendentemente, ahora se ha descubierto que aumentando en una planta la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 se obtienen plantas que tienen un rendimiento de semilla potenciado con respecto a las plantas de control. De acuerdo con una primera realización, la presente invención proporciona un procedimiento para potenciar el rendimiento de las semillas en plantas con respecto a las plantas de control, que comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11.

La presente invención también proporciona ácidos nucleicos que codifican SPL11 y polipéptidos SPL11 desconocidos hasta ahora. Estas secuencias son también útiles para realizar los procedimientos de la invención.

Por lo tanto de acuerdo con una realización adicional de la presente invención se proporciona una molécula de ácido nucleico aislado que comprende:

- (i) un ácido nucleico representado por la SEC ID N°: 448;
 - (ii) el complemento de un ácido nucleico representado por la SEC ID N°: 448;
 - (iii) un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % 99 % o más con la secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID N°: 449 y que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más con la
- la SEC ID N°: 465:
SYCQVEGCRTDLSSAKDYHRKHRVCEPHSKAPKVVVAGLERRFCQQCSRFHGLAEFDQKKKSCRRRLNDHNAR
RRKPQPEAL (que presenta el dominio SBP en la SEC ID N°: 449);

Adicionalmente, también se proporciona un polipéptido aislado que comprende:

- (i) una secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID N°: 449;
- (ii) una secuencia de aminoácidos que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % 99 % o más con la secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID N°: 449 y que tiene, en orden creciente de preferencia, al menos una identidad de secuencia de 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más con la SEC ID N°: 465:
SYCQVEGCRTDLSSAKDYHRKHRVCEPHSKAPKVVVAGLERRFCQQCSRFHGLAEFDQKKKSCRRRLNDHNAR
RRKPQPEAL (que representa el dominio SBP en la SEC ID N°: 449).

Un procedimiento preferido para aumentar la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 es introduciendo y expresando en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11.

En lo sucesivo, en el presente documento, cualquier referencia a una "proteína útil en los procedimientos de la invención" se considera que significa un polipéptido SPL11 como se define en el presente documento. En lo sucesivo, en el presente documento, cualquier referencia a un "ácido nucleico útil en los procedimientos de la invención" se considera que significa un ácido nucleico capaz de codificar dicho polipéptido SPL11. El ácido nucleico a introducir en una planta (y por lo tanto útil en la realización de los procedimientos de la invención) es cualquier ácido nucleico que codifique el tipo de proteína que se describirá ahora, denominado también en el presente documento "ácido nucleico de SPL11" o "gen de SPL11".

Como se define en el presente documento, un polipéptido SPL11 se refiere a un polipéptido que comprende un dominio de la Proteína de Unión a Squamosa (SBP, Squamosa Binding Protein), teniendo dicho dominio en orden creciente de preferencia al menos una identidad de secuencia de 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 97 % o más con uno cualquiera de los dominios de SBP como se representa por la SEC ID N°: 456 a SEC ID N°: 468 o SEC ID N°: 478.

Como se define en el presente documento un "polipéptido SPL11" comprende la proteína representada por la SEC ID N°: 448 que es idéntica a la SEC ID N°: 172 y con sus homólogos (ortólogos y parálogos). Preferentemente, los homólogos de la SEC ID N°: 172 tienen un dominio de unión a ADN.

Los polipéptidos SPL11 pueden encontrarse en bases de datos especializadas tales como Pfam, (Finn y col. Nucleic Acids Research (2006) Database Issue 34: D247-D251). Pfam compila un gran conjunto de alineamientos de secuencias múltiples y modelos ocultos de Markov (HMD, *Hidden Markov Models*) que abarca muchos dominios de proteínas y familias comunes y se encuentra disponible en el Instituto Sanger en Reino Unido.

El umbral límite de entrada del dominio SBP en los modelos Pfam HMM_fs y Pfam_HUM_ls es de 25,0. Las coincidencias de confianza como se considera en la base de datos Pfam son aquellas secuencias de puntuación más alta que la del umbral límite de entrada. Sin embargo, las posibles coincidencias, que comprenden dominios SBP verdaderos, pueden incluso caer en el límite de entrada. Preferentemente, un polipéptido SPL11 es una proteína que tiene uno o más dominios en su secuencia que superan el límite de entrada de la familia del dominio de proteínas Pfam PF03110, conocido como dominio SBP.

Como alternativa, un dominio SBP en un polipéptido puede identificarse realizando una comparación de secuencias con polipéptidos conocidos que comprenden un dominio SBP y establecer la similitud en la región del dominio SBP. Las secuencias pueden alinearse usando cualquiera de los procedimientos bien conocidos en la técnica tales como los algoritmos Blast. La probabilidad de que se produzca el alineamiento con una secuencia determinada se considera como base para identificar polipéptidos similares. Un parámetro que típicamente se usa para representar dicha probabilidad se denomina valor e. El valor E es una medida de la fiabilidad de la puntuación S. La puntuación S es una medida de la similitud de secuencia de consulta con la secuencia mostrada. El valor e describe cuanta frecuencia se espera que se produzca al azar una puntuación S determinada. El límite del valor e puede ser tan alto como 1,0. El umbral típico para un buen valor e a partir de una salida de búsqueda BLAST usando un polipéptido SPL11 como secuencia de consulta puede ser inferior a e^{-5} ($=10^{-5}$), $1.e^{-10}$, $1.e^{-15}$, $1.e^{-20}$, $1.e^{-25}$, $1.e^{-50}$, $1.e^{-75}$, $1.e^{-100}$, $1.e^{-200}$, $1.e^{-300}$, $1.e^{-400}$, $1.e^{-500}$, $1.e^{-600}$, $1.e^{-700}$ y $1.e^{-800}$. Preferentemente los polipéptidos SPL11 de la invención comprenden una secuencia que tiene, en orden creciente de preferencia, un valor e inferior a e^{-5} ($=10^{-5}$), $1.e^{-10}$, $1.e^{-15}$,

$1.e^{-20}$, $1.e^{-25}$, $1.e^{-50}$, $1.e^{-75}$, $1.e^{-100}$, $1.e^{-200}$, $1.e^{-300}$, $1.e^{-400}$, $1.e^{-500}$, $1.e^{-600}$, $1.e^{-700}$ y $1.e^{-800}$ en un alineamiento con un dominio SBP encontrado en un polipéptido SPL11 conocido.

En la Tabla G1 se proporcionan ejemplos de polipéptidos SPL11 útiles en los procedimientos de la invención. Las coordenadas de los aminoácidos del dominio SBP en la proteína SPL11 representativa de la Tabla G1 se proporcionan en la Tabla G2 y la secuencia de los dominios se representa por la SEC ID N°: 456 a la SEC ID N°: 468. En la SEC ID N°: 478 se proporciona una secuencia consenso de los dominios SBP presentes en los polipéptidos SPL11.

Los polipéptidos SPL11 preferidos de la invención son aquellos que tienen, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % o más con cualquiera de los polipéptidos proporcionados en la Tabla G2.

Típicamente, los polipéptidos SPL11 pueden comprender, además del dominio SBP, uno o más de los siguientes motivos conservados en posiciones conservadas en la secuencia relativa al dominio SBP: (i) el Motivo 1 como se representa en la SEC ID N°: 469, (ii) el Motivo 2, que es una región rica en serina típicamente encontrada en el extremo N terminal del dominio SBP y que puede representarse por la SEC ID N°: 470; (iii) el Motivo 3 como se presenta en la SEC ID: 471 que está típicamente codificado por nucleótidos comprendidos en la región del polinucleótido SPL11 dirigida por miembros de la familia de microARN miR156; (iv) el Motivo 4, como se representa por la SEC ID N°: 472. La Figura 27 muestra los motivos conservados y su posición relativa en la secuencia del polipéptido SPL11 representada por la SEC ID N°: 428.

Por lo tanto, los polipéptidos SPL11 preferidos útiles en el procedimiento de la invención, comprenden, además del dominio SBP, uno cualquiera de uno o más de los siguientes motivos conservados:

- (i) El Motivo 1 como se representa por la SEC ID N°: 469 en el que se permite cualquier sustitución de aminoácidos conservativa y/o 1 o 2 sustituciones no conservativas,
- (ii) El Motivo 2 como se representa por la SEC ID N°: 470 en el que se permite cualquier sustitución de aminoácidos, a condición de que al menos 4 aminoácidos tengan una cadena lateral polar, preferentemente serina o treonina, y a condición de que este motivo esté localizado en el extremo N terminal del dominio SBP;
- (iii) El Motivo 3 como se representa por la SEC ID: 471, en el que se permiten 1 o 2 emparejamientos erróneos;
- (iv) El Motivo 4 como se representa por la SEC ID N°: 472, en el que se permiten 1, 2 o 3 emparejamientos erróneos.

En la sección Antecedentes se proporcionan ejemplos de sustituciones de aminoácidos conservativas. Típicamente los aminoácidos comprendidos en los polipéptidos son alfa aminoácidos que tienen un grupo amina y un grupo carboxilo unidos al mismo carbono, el carbono alfa, cuyas moléculas de aminoácidos a menudo comprenden una cadena lateral unida al carbono alfa. La Tabla 3 muestra la clasificación de aminoácidos en base a las propiedades físicas y bioquímicas de la cadena lateral.

Tabla 3. Clasificación de aminoácidos de acuerdo con las propiedades de la cadena lateral.

Aminoácido	3 Letras	1 Letra	Polaridad de la cadena lateral	Acidez o basicidad de la cadena lateral	Índice de hidropatía
Arginina	Arg	R	polar	básica	-4,5
Asparagina	Asn	N	polar	neutra	-3,5
Ácido aspártico	Asp	D	polar	ácida	-3,5
Cisteína	Cys	C	polar	Neutra	2,5
Ácido glutámico	Glu	E	polar	Ácida	-3,5
Glutamina	Gln	Q	polar	Neutra	-3,5
Histidina	His	H	polar	Básica	-3,2
Lisina	Lys	K	polar	Básica	-3,9
Serina	Ser	S	polar	Neutra	-0,8
Treonina	Thr	T	polar	Neutra	-0,7
Tirosina	Tyr	Y	polar	Neutra	-1,3

(continuación)

Aminoácido	3 Letras	1 Letra	Polaridad de la cadena lateral	Acidez o basicidad de la cadena lateral	Índice de hidropatía
Alanina	Ala	A	no polar	Neutra	1,8
Glicina	Gly	G	no polar	Neutra	-0,4
Isoleucina	Ile	I	no polar	Neutra	4,5
Leucina	Leu	L	no polar	Neutra	3,8
Metionina	Met	M	no polar	Neutra	1,9
Fenilalanina	Phe	F	no polar	neutro	2,8
Prolina	Pro	P	no polar	Neutra	-1,6
Triptófano	Trp	W	no polar	Neutra	-0,9
Valina	Val	V	no polar	Neutra	4,2

En el Ejemplo 62 se proporcionan ejemplos de polipéptidos SPL11 que comprenden uno o más de los motivos conservados, del Motivo 1 al Motivo 4. La Figura 28 muestra la posición de los motivos conservados en aquellos polipéptidos SPL11.

Preferentemente, cuando el polipéptido SPL11 de la invención se usa en la construcción de un árbol filogenético, tal como el representado en la Figura 29, se agrupa dentro del grupo S3 que comprende la secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID N°: 428 (denominada AtSPL11 en la Figura 29) más que con cualquier otro grupo.

Los términos “dominio” y “motivo” se definen en la sección de “Definiciones” del presente documento. Existen bases de datos especializadas para la identificación de dominios, por ejemplo, SMART (Schultz y col. (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95, 5857-5864; Letunic y col. (2002) Nucleic Acids Res 30, 242-244, InterPro (Mulder y col., (2003) Nucl. Acids. Res. 31, 315-318, Prosite (Bucher y Bairoch (1994), A generalized profile syntax for biomolecular sequences motifs and its function in automatic sequence interpretation. (In) ISMB-94; Proceedings 2nd International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology. Altman R., Brutlag D., Karp P., Lathrop R., Searls D., Eds., páginas 53-61, AAAI Press, Menlo Park; Hulo y col., Nucl. Acids. Res. 32:D134-D137, (2004), o Pfam (Bateman y col., Nucleic Acids Research 30(1): 276-280 (2002). En el servidor de proteomics ExPASy (Swiss Institute of Bioinformatics (Gasteiger y col., ExPASy: the proteomics server for in-depth protein knowledge and analysis, Nucleic Acids Res. 31: 3784-3788(2003)) se encuentra disponible un conjunto de herramientas para realizar análisis informatizados de secuencias de proteínas. Los dominios también pueden identificarse usando técnicas rutinarias, tales como mediante alineamiento de secuencias.

Los procedimientos para el alineamiento de las secuencias para comparación son bien conocidos en la técnica, dichos procedimientos incluyen GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA y TFASTA. GAP utiliza el algoritmo de Needleman y Wunsch ((1970) J Mol Biol 48: 443-453) para encontrar el alineamiento global (es decir el tramo de las secuencias completas) de dos secuencias que maximizan el número de emparejamientos y minimiza el número de espacios. El algoritmo BLAST (Altschul y col. (1990) J Mol Biol 215: 403-10) calcula el porcentaje de identidad de secuencia y realiza un análisis estadístico de la similitud entre las dos secuencias. El programa informático para realizar el análisis BLAST está públicamente disponible a través del National Centre for Biotechnology Information (NCBI). Los homólogos pueden identificarse fácilmente usando, por ejemplo, el algoritmo de alineamiento de secuencia múltiple ClustalW (versión 1,83), con los parámetros de alineamiento por pares predeterminados y un procedimiento de clasificación en porcentaje. Los porcentajes globales de similitud e identidad también pueden determinarse utilizando uno de los procedimientos disponibles en el paquete informático MatGAT (Campanella y col., BMC Bioinformatics. Jul 2003 10; 4: 29. MatGAT: una aplicación que genera matrices de similitud/identidad utilizando secuencias de ADN o proteína). Puede realizarse una edición manual menor para optimizar el alineamiento entre los motivos conservados, como sería obvio para un experto en la técnica. Adicionalmente, en lugar de usar secuencias de longitud completa para la identificación de homólogos, también pueden usarse dominios específicos. Los valores de identidad de secuencia pueden determinarse sobre toda la secuencia de ácidos nucleicos o de aminoácidos o sobre los dominios seleccionados o uno o más motivos conservados, usando los programas mencionados anteriormente usando los parámetros predeterminados.

Además, los polipéptidos SPL11 (al menos en su forma nativa) pueden tener típicamente actividad de unión al ADN, en particular pueden unirse a fragmentos de ADN que comprenden la caja de unión al ADN del dominio SBP como se representa por la SEC ID N°: 49. Típicamente la caja de unión al ADN del dominio SBP se encuentra en promotores de genes de origen vegetal, tales como el gen de SQUAMOSA. Los fragmentos que comprenden la caja

de unión al ADN del dominio SBP tienen preferentemente una longitud de más de 10, 15, 20, 25, 100, 200, 500, 1000, 2000 pares de bases. Los procedimientos para determinar la unión al ADN de proteínas que contienen el dominio SBP son aplicables a los polipéptidos SPL11 y son conocidos en la técnica (Klein y col. Mol Gen Genet. 1996, 15; 250(1): 7-16; Yamasaki y col. 2004 J Mol Biol. 2004, 12; 337(1): 49-63).

- 5 Los polipéptidos SPL11 preferidos de la invención son aquellos que tienen actividad de unión al ADN, más preferentemente aquellos que se unen a un fragmento de ADN que comprende la SEC ID N°: 475.

La presente invención se ilustra mediante la transformación de plantas con la secuencia de ácidos nucleicos representada por la SEC ID N°: 427, que codifica la secuencia polipeptídica de la SEC ID N°: 428. Sin embargo, la realización de la invención no está limitada a estas secuencias; pudiendo realizarse los procedimientos de la invención ventajosamente usando cualquier ácido nucleico que codifique a SPL11 o un polipéptido SPL11, como se define en el presente documento.

En la Tabla G1 del Ejemplo 62 del presente documento se proporcionan ejemplos de ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos SPL11. Dichos ácidos nucleicos son útiles para realizar los procedimientos de la invención. Las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62 son secuencias ejemplo de ortólogos y parálogos del polipéptido SPL11 representado por la SEC ID N°: 428, siendo los términos "ortólogos" y "parálogos" como se define en el presente documento. Adicionalmente, los ortólogos y parálogos pueden identificarse fácilmente realizando una búsqueda BLAST denominada recíproca. Típicamente, esto implica un primer BLAST que implica una secuencia de consulta BLASTing (por ejemplo usando cualquiera de las secuencias indicadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62) contra cualquier base de datos de secuencia, tal como la base de datos NCBI públicamente disponible. BLASTN o TBLASTX (utilizando valores predeterminados convencionales) pueden usarse cuando se parte de una secuencia de nucleótidos y BLASTP o TBLASTN (usando valores predeterminados convencionales) pueden usarse cuando se parte de una secuencia de proteína. Los resultados BLAST pueden filtrarse opcionalmente. Las secuencias de longitud completa de los resultados filtrados o no filtrados vuelven después a buscarse con BLAST (segundo BLAST) contra las secuencias del organismo del cual procede la secuencia de consulta (donde la secuencia de consulta es la SEC ID N°: 427 o SEC ID N°: 428, por lo que el segundo BLAST se realizaría contra las secuencias de *Arabidopsis*). Después se comparan los resultados del primer y segundo BLAST. Se identifican un parólogo si un acierto de alta clasificación del primer BLAST es de la misma especie de la que procede la secuencia de consulta, después, un BLAST posterior da como resultado idealmente la secuencia de consulta entre los mayores aciertos; un ortólogo se identifica si un acierto de alta clasificación en el primer BLAST no es de la misma especie de la que procede la secuencia de consulta, y preferentemente los resultados basados en un BLAST posterior en la secuencia de consulta se encuentran entre los mayores aciertos.

Los aciertos de alta clasificación son aquellos que tienen un valor E bajo. Cuanto menor es el valor E, más significativa la clasificación (o en otras palabras menor es la probabilidad de que se encuentre el acierto casualmente). El cálculo del valor E es bien conocido en la técnica. Además de los valores E, las comparaciones también se clasifican mediante el porcentaje de identidad. El porcentaje de identidad se refiere al número de nucleótidos (o aminoácidos) idénticos entre las dos secuencias de ácidos nucleicos (o polipéptido) sobre una longitud particular. En el caso de grandes familias, puede usarse ClustalW, seguido de la generación de un árbol de unión del vecino más próximo para ayudar a visualizar el agrupamiento de los genes relacionados y para identificar los ortólogos y parálogos.

Las variantes de ácidos nucleicos también pueden ser útiles en la realización práctica de los procedimientos de la invención. Los ejemplos de dichas variantes incluyen ácidos nucleicos que codifican homólogos y derivados de una cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionada en la Tabla G1 del Ejemplo 62, siendo los términos "homólogo" y "derivado" como se definen en el presente documento. También son útiles en los procedimientos de la invención los ácidos nucleicos que codifican homólogos y derivados de ortólogos o parálogos de una cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62. Los homólogos y derivados útiles en los procedimientos de la presente invención tienen sustancialmente la misma actividad biológica y funcional que la proteína no modificada de la cual proceden.

Las variantes de ácido nucleico adicionales útiles en la realización práctica de los procedimientos de la solicitud incluyen porciones de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos SPL11, ácidos nucleicos que se hibridan con ácidos nucleicos que codifican polipéptidos SPL11, variantes de corte y empalme de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos SPL11, variantes alélicas de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos SPL11 y variantes de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos SPL11 obtenidos por combinación de genes. Las expresiones hibridación de secuencias, variante de corte y empalme, variante alélica y combinación de genes son como se describen en el presente documento.

Una variante de ácido nucleico preferida útil en la realización práctica de los procedimientos de la solicitud es un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11, que es insensible a microARN, además preferentemente el ácido nucleico es insensible a los microARN que pertenecen a la familia de miR156. Los microARN que se dirigen a ácidos nucleicos (ARN en particular) para su destrucción causando típicamente una reducción o inhibición de la acumulación del ARN al cual se dirigen. El direccionamiento requiere hibridación entre el microARN y el ácido nucleico (ARN) al cual se dirigen en una región muy específica, denominada sitio diana miR (microARN), que

comprende una secuencia complementaria a una parte del gen de microARN maduro. Típicamente los ácidos nucleicos insensibles a microARN comprenden una secuencia que tiene, en orden creciente de preferencia, 1, 2, 3, 4, 5 o más emparejamientos erróneos en un alineamiento con la molécula de microARN relevante en el sitio diana miR. Los ácidos nucleicos insensibles a microARN pueden acumularse en una célula a niveles, en orden creciente de preferencia, de 5, 10, 20, 30, 40, 50 veces o más altos que el ácido nucleico correspondiente dirigido por el microARN relevante, que típicamente comprende una complementariedad de secuencia del 100 % en el sitio diana miR.

La familia miR156 se ha descrito anteriormente y en la base de datos miRBase puede encontrarse una recopilación de los microARN, incluyendo los miembros de la familia miR156, (Griffiths-Jones y col. 2006 Nucleic Acids Research, 2006, Vol. 34, Database issue D140-D144). La base de datos miRBase la mantiene el Wellcome Trust Sanger Institute, en Cambridge, RU. El sitio diana miR156 en un ácido nucleico SPL11 es complementario a la secuencia madura de los microARN miR156. En la Figura 30A se proporciona un ejemplo de secuencias maduras de los miembros de la familia de miR156 de arroz y sus sitios diana correspondientes en los ácidos nucleicos SPL de arroz. La Figura 31B muestra un alineamiento de ácidos nucleicos SPL11 representativos (en forma de ADN), en el que se indica el sitio diana del miR156 en los ácidos ribonucleicos correspondientes. Un ejemplo de un ácido nucleico SPL11 insensible a miR156 codifica la SEC ID N°: 428 se representa por la SEC ID N°: 431. Otros ejemplos de ácidos nucleicos SPL11 insensibles a miR156 se representan por la SEC ID 440 y SEC ID N°: 454, la última careciendo del sitio diana miR156.

Preferentemente un ácido nucleico SPL11 útil en los procedimientos de la solicitud tiene 1, 2, 3, 4 o más emparejamientos erróneos en el sitio diana miR156 o carece del sitio diana del gen de miR156. Los ejemplos de dichos ácidos nucleicos SPL11 se proporcionan en la Figura 31B. Además, preferentemente se representa un ácido nucleico por la SEC ID N°: 431, SEC ID 440 y SEC ID N°: 454.

Los ácidos nucleicos que codifican polipéptidos SPL11 no tienen por qué ser ácidos nucleicos de longitud completa, dado que la realización de los procedimientos de la invención no se basa en el uso de secuencias de ácidos nucleicos completas. De acuerdo con la presente solicitud se proporciona un procedimiento para potenciar rasgos relacionados con el rendimiento en plantas, que comprende introducir y expresar en una planta una porción de una cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos proporcionadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62, o una porción de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo y homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62.

Una porción de un ácido nucleico puede prepararse, por ejemplo, realizando una o más deleciones en el ácido nucleico. Las porciones pueden usarse en forma aislada o pueden fusionarse a otras secuencias codificantes (o no codificantes) para producir por ejemplo, una proteína que combine diversas actividades. Cuando se fusiona con otras secuencias codificantes, el polipéptido resultante producido después de la traducción puede ser más grande que el esperado para la porción proteica.

Las porciones útiles en los procedimientos de la solicitud codifican un polipéptido SPL11 como se define en el presente documento, y tiene sustancialmente la misma actividad biológica que las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62. Preferentemente, la porción es una porción de uno cualquiera de los ácidos nucleicos proporcionados en la Tabla G1 del Ejemplo 62, o es una porción de un ácido nucleico que codifica un ortólogo o parálogo de una cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62. Preferentemente la porción tiene al menos 70, 100, 200, 500, 550, 600, 650, 700, 750, 800, 850, 900, 950, 1000, 1500, 2000, 2500, 3000, 3500, 4000, 4500, 5000 nucleótidos consecutivos de longitud, siendo los nucleótidos consecutivos de una cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos proporcionadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62, o de un ácido nucleico que codifica un ortólogo o parálogo de una cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62. Preferentemente la porción codifica al menos un dominio SBP. Más preferentemente la porción es una porción del ácido nucleico de SEC ID N°: 427. Preferentemente, la porción codifica una secuencia de aminoácidos que cuando se usa en la construcción de un árbol filogenético, tal como el representado en la Figura 29, se agrupa con el grupo de polipéptidos SPL11 que comprende la secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID N°: 428 (AtSPL11) más que con cualquier otro grupo.

Otra variante de ácido nucleico útil en los procedimientos de la solicitud es un ácido nucleico capaz de hibridarse, en condiciones de rigurosidad reducida, preferentemente en condiciones rigurosas, con un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 como se define en el presente documento, o con un porción como se define en el presente documento.

De acuerdo con la presente solicitud se proporciona un procedimiento para potenciar en plantas rasgos relacionados con el rendimiento, que comprende introducir y expresar en una planta un ácido nucleico capaz de hibridarse con uno cualquiera de los ácidos nucleicos proporcionados en la Tabla G1 del Ejemplo 62, o que comprende introducir y expresar en una planta un ácido nucleico capaz de hibridarse con un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo u homólogo de cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos proporcionada en la Tabla G1 del Ejemplo 62.

- Las secuencias de hibridación útiles en los procedimientos de la solicitud codifican un polipéptido SPL11 como se define en el presente documento, y tiene sustancialmente la misma actividad biológica que las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62. Preferentemente, la secuencia de hibridación es capaz de hibridarse con uno cualquiera de los ácidos nucleicos proporcionados en la Tabla G1 del Ejemplo 62, o con una porción de cualquiera de estas secuencias, siendo una porción como se define anteriormente, o en el que la secuencia de hibridación es capaz de hibridarse con un ácido nucleico que codifica un ortólogo o parálogo de una cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62. Más preferentemente, la secuencia de hibridación es capaz de hibridarse con un ácido nucleico como se representa en la SEC ID N°: 427 o con una parte de la misma.
- Preferentemente, la secuencia de hibridación codifica una secuencia de aminoácidos que, cuando se usa en la construcción de un árbol filogenético, tal como el representado en la Figura 29, se agrupa con el grupo de polipéptidos SPL11 que comprende la secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID N°: 428 (AtSPL11) más que con cualquier otro grupo.
- Otra variante de ácido nucleico útil en los procedimientos de la solicitud es una variante de corte y empalme que codifica un polipéptido SPL11 como se define anteriormente en el presente documento, siendo una variante de corte y empalme como se define en el presente documento.
- De acuerdo con la presente solicitud se proporciona un procedimiento para potenciar en plantas rasgos relacionados con el rendimiento, que comprende introducir y expresar en una planta una variante de corte y empalme de una cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos proporcionadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62, o una variante de corte y empalme de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo u homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62. Los ejemplos de las variantes de corte y empalme del gen que codifica la SEC ID N°: 428 se representan por la SEC ID N°: 427; SEC ID N°: 429 y SEC ID N°: 430.
- Las variantes de corte y empalme preferidas son variantes de corte y empalme de un ácido nucleico representado por la SEC ID N°: 427, o una variante de corte y empalme de un ácido nucleico que codifica un ortólogo o parálogo de la SEC ID N°: 428. Preferentemente, cuando la secuencia de aminoácidos codificada por la variante de corte y empalme, se usa en la construcción del árbol filogenético, tal como el representado en la Figura 29, se agrupa con el grupo de polipéptidos SPL11 que comprende una secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID N°: 428 (AtSPL11) más que con cualquier otro grupo.
- Otra variante de ácido nucleico útil en la realización de los procedimientos de la solicitud es una variante alélica de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 como se define en el presente documento anteriormente, siendo una variante alélicas como se define en el presente documento.
- De acuerdo con la presente solicitud se proporciona un procedimiento para potenciar en plantas rasgos relacionados con el rendimiento, que comprende introducir y expresar en una planta una variante alélica de un ácido nucleico proporcionado en la Tabla G1 del Ejemplo 62, o que comprende introducir y expresar en una planta o una variante alélicas de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo u homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62.
- Las variantes alélicas útiles en los procedimientos de la presente solicitud tienen sustancialmente la misma actividad biológica que la del polipéptido SPL11 de SEC ID N°: 428 y cualquiera de los aminoácidos representados en la Tabla G1 del Ejemplo 62. Las variantes alélicas existen en la naturaleza, y en los procedimientos de la presente solicitud se incluye el uso de estos alelos naturales. Preferentemente, la variante alélicas es una variante alélicas de SEC ID N°: 427 o una variante alélicas de un ácido nucleico que codifica un ortólogo o parálogo de SEC ID N°: 428. Preferentemente, cuando la secuencia de aminoácidos codificada por la variante alélica se usa en la construcción de un árbol filogenético, tal como el representado en la Figura 29, se agrupa con los polipéptidos SPL11 que comprende la secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID N°: 428 (AtSPL11) más que con cualquier otro grupo.
- La combinación de genes o evolución dirigida también puede usarse para generar variantes de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos SPL11 como se define anteriormente; siendo la expresión "combinación de genes" como se define en el presente documento.
- De acuerdo con la presente solicitud se proporciona un procedimiento para potenciar rasgos relacionados con el rendimiento en plantas, que comprende introducir y expresar en una planta una variante de una cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos proporcionadas en la Tabla G1 del Ejemplo 62, o que comprende introducir y expresar en una planta una variante de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo y homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionada en la Tabla G1 del Ejemplo 62, cuya variante de ácido nucleico se obtiene por combinación de genes.
- Preferentemente, cuando la secuencia de aminoácidos codificada por el ácido nucleico variante obtenido por combinación de genes, se usa en la construcción de un árbol filogenético, tal como el representado en la Figura 29, se agrupa con el grupo de polipéptidos SPL11 que comprende la secuencia de aminoácidos representada por la

SEC ID N°: 428 (AtSPL11) más que con cualquier otro grupo.

Además, también pueden obtenerse variantes de ácido nucleico por mutagénesis dirigida a sitio. Se dispone de diversos procedimientos para realizar mutagénesis dirigida a sitio, siendo los más habituales los procedimientos basados en PCR (Current Protocols in Molecular Biology. Wiley Eds.).

5 Los ácidos nucleicos que codifican polipéptidos SPL11 pueden proceder de cualquier fuente natural o artificial. El ácido nucleico puede modificarse de su forma nativa en composición y/o entorno genómico a través de manipulación humana deliberada. Preferentemente el ácido nucleico que codifica el polipéptido SPL11 es de una planta, adicionalmente de manera preferente, de una planta dicotiledónea, más preferentemente de la familia *Brassicaceae*, aún más preferentemente el ácido nucleico es de *Arabidopsis thaliana*.

10 La realización de los procedimientos de la solicitud da lugar a plantas que tienen rasgos potenciados relacionados con el rendimiento.

En particular, la realización de los procedimientos de la invención da lugar a plantas que tienen rendimiento de semilla aumentado en relación con plantas de control. Las expresiones "rendimiento" y "rendimiento de semilla" se describen con más detalle en la sección de "definiciones" del presente documento.

15 En el presente documento la referencia a rasgos potenciados relacionados con el rendimiento se considera que significa un aumento en biomasa (peso) de una o más partes de una planta, que puede incluir partes sobre la superficie (cosechables) y/o partes (cosechables) por debajo de la superficie. En particular, dichas partes cosechables son semillas, y la realización de los procedimientos de la invención da como resultado plantas que tienen rendimiento aumentado con respecto al rendimiento de las plantas de control.

20 Tomando el maíz como un ejemplo, un aumento en el rendimiento puede manifestarse como uno o más de los siguientes: aumento en el número de plantas establecido por hectárea o metro cuadrado, un aumento en el número de espigas por planta, un aumento en el número de filas, número de granos por fila, peso de grano, peso de mil granos, longitud/diámetro de espiga, aumento en la tasa de llenado de semilla (que es el número de semillas llenas dividido entre el número total de semillas y multiplicado por 100), entre otros. Tomando el arroz como un ejemplo, un
25 aumento en el rendimiento puede manifestarse en sí mismo como un aumento en uno o más de los siguientes: número de plantas por hectárea o metro cuadrado, número de panículas por planta, número de espiguillas por panícula, número de flores (florete) por panícula (que se expresa como una proporción del número de semillas llenas dividido entre el número de panículas primarias), aumento en la tasa de llenado de semilla (que es el número de semillas llenas dividido entre el número total de semillas y multiplicado por 100), aumento en peso de mil granos,
30 entre otros.

La presente invención proporciona un procedimiento para aumentar el rendimiento de las semillas de las plantas, respecto a las plantas de control, cuyo procedimiento comprende aumentar la expresión, en una planta, de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 como se define en el presente documento.

35 Dado que las plantas transgénicas de acuerdo con la presente invención tienen un rendimiento aumentado, es probable que estas plantas presenten una tasa de crecimiento aumentada (durante al menos parte de su ciclo de vida) con respecto a la tasa de crecimiento de plantas de control en una etapa correspondiente en su ciclo de vida.

La tasa de crecimiento aumentada puede ser específica a una o más partes de una planta (incluyendo semillas), o puede ser sustancialmente en toda la planta. Las plantas que tienen una tasa de crecimiento aumentada pueden tener un ciclo de vida más corto. El ciclo de vida de una planta puede significar el tiempo necesario para crecer a partir de una semilla madura seca hasta la etapa en la que la planta ha producido semillas maduras secas, similar al material de partida. Este ciclo de vida puede estar influenciado por factores tales como vigor temprano, tasa de crecimiento, índice de verdor, tiempo de floración y velocidad de la maduración de la semilla. El aumento en la tasa de crecimiento puede tener lugar en una o más etapas en el ciclo de vida de una planta o durante sustancialmente el ciclo de vida completo de una planta. Una tasa de crecimiento aumentada durante las etapas tempranas en el ciclo de vida de una planta puede reflejar vigor potenciado. El aumento en la tasa de crecimiento puede alterar el ciclo de la cosecha de una planta lo que permite que las plantas se siembren más tarde y/o se cosechen más pronto de lo que de otra manera sería posible (puede obtenerse un efecto similar con un tiempo de floración más temprano). Si la tasa de crecimiento se aumenta suficientemente, puede permitir la siembra adicional de semillas de la misma especie de la planta (por ejemplo siembra y cosecha de plantas de arroz seguido de siembra y cosecha de plantas de arroz adicionales todas dentro de un periodo de crecimiento convencional). De manera similar, si la tasa de crecimiento se aumenta suficientemente, puede permitir la siembra adicional de semillas de diferentes especies de plantas (por ejemplo, la siembra y cosecha de plantas de maíz seguido de, por ejemplo, la siembra y cosecha opcional de plantas de soja, patata o cualquier otra planta adecuada). Los tiempos de cosecha adicionales del mismo rizoma en el caso de algunas plantas de cultivo también pueden ser posibles. Alterar el ciclo de cosecha de
55 una planta puede conducir a un aumento en producción de biomasa anual por metro cuadrado (debido a un aumento en el número de tiempos (dicho en un año) que se puede cultivar y cosechar cualquier planta particular). Un aumento en la tasa de crecimiento también puede permitir el cultivo de plantas transgénicas en un área geográfica más amplia que sus homólogos de tipo silvestre, debido a que las limitaciones territoriales para cosechar un cultivo a

menudo se determinan por condiciones ambientales adversas bien en el momento de plantar (estación temprana) o bien en el momento de cosechar (estación tardía). Dichas condiciones adversas pueden evitarse si se acorta el ciclo de la cosecha. La tasa de crecimiento puede determinarse derivando diversos parámetros de curvas de crecimiento, dichos parámetros pueden ser: T-Medio (el tiempo que tardan las planta en alcanzar el 50 % de su tamaño máximo) y T-90 (el tiempo que tardan las plantas en alcanzar el 90 % de su tamaño máximo) entre otros.

De acuerdo con una característica preferida de la presente invención, la realización de los procedimientos de la invención proporciona plantas que tienen una tasa de crecimiento aumentada en comparación con plantas de control. Por lo tanto, de acuerdo con la presente invención, se proporciona un procedimiento para aumentar la tasa de crecimiento en plantas, cuyo procedimiento comprende modular, en una planta, la expresión, preferentemente aumentar la expresión, de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 como se define en el presente documento.

Un aumento en el rendimiento y/o tasa de crecimiento de semilla se produce cuando la planta está en condiciones de cero estrés o cuando la planta está expuesta a diversos tipos de estrés en comparación con las plantas de control. Típicamente las plantas responden a exposición frente al estrés creciendo más lentamente. En condiciones de estrés intenso la planta puede incluso detener por completo el crecimiento. Por otro lado, en el presente documento estrés leve se define como cualquier estrés al que se expone la planta que no da como resultado el cese total del crecimiento de la planta sin la capacidad de reanudar el crecimiento. El estrés leve, en el sentido de la invención, conduce a una reducción en el crecimiento de la planta estresada de menos de 40 %, 35 % o 30 %, preferentemente menos del 25 %, 20 % o 15 %, más preferentemente menos de 14 %, 13 %, 12 %, 11 % o 10 % o menos en comparación con la planta de control en condiciones de cero estrés. Debido a los avances en las prácticas agrícolas (riego, fertilización, tratamientos con pesticidas) las formas de estrés intenso no se encuentran frecuentemente en las plantas cultivadas. Como consecuencia, el crecimiento comprometido inducido por estrés leve es a menudo una característica indeseable para la agricultura. El estrés leve es un estrés biótico y/o abiótico (ambiental) común al cual está expuesta la planta. El estrés abiótico puede deberse a sequía o a exceso de agua, a estrés anaeróbico, estrés salino, toxicidad química, estrés oxidativo y a temperaturas altas, frías o heladas. El estrés abiótico puede ser un estrés osmótico causado por estrés hídrico (particularmente debido a sequía), estrés salino, estrés oxidativo y estrés iónico. El estrés biótico es típicamente aquel estrés provocado por patógenos, tales como bacterias, virus, hongos e insectos.

En particular, los procedimientos descritos en el presente documento pueden realizarse en condiciones de cero estrés o en condiciones de sequía leve para dar plantas que tienen un rendimiento aumentado con relación a plantas de control. Como describen Wang y col. (Planta (2003) 218: 1-14), el estrés abiótico conduce a una serie de cambios morfológicos, fisiológicos, bioquímicos y moleculares que afectan adversamente al crecimiento y productividad de las plantas. Se sabe que la sequía, la salinidad, las temperaturas extremas y el estrés oxidativo están interconectados y que pueden inducir daño celular y al crecimiento a través de mecanismos similares. Rabbani y col. (Plant Physiol (2003) 133: 1755-1767) describen un grado particularmente alto de "interferencia" entre estrés por sequía y estrés por alta salinidad. Por ejemplo, la sequía y/o salinización se manifiestan principalmente como estrés osmótico, que produce la interrupción de la homeostasis y la distribución de iones en la célula. El estrés oxidativo, que frecuentemente viene acompañado por estrés debido a alta o baja temperatura, por salinidad o sequía, puede producir desnaturalización de proteínas funcionales y estructurales. Como consecuencia, este diverso estrés ambiental a menudo activa rutas de señalización celular y respuestas celulares similares, tales como la producción de proteínas de estrés, regulación positiva de antioxidantes, acumulación de solutos compatibles y paralización del crecimiento. La expresión condiciones de "cero estrés", como se usa en el presente documento, son aquellas condiciones ambientales que permiten el crecimiento óptimo de las plantas. Los expertos en la técnica saben cuáles son las condiciones normales en el suelo y las condiciones climáticas en una localización determinada. Las plantas con condiciones de crecimiento óptimas, (crecimiento en condiciones de cero estrés) típicamente producen en orden creciente de preferencia al menos un 90 %, 87 %, 85 %, 83 %, 80 %, 77 % o 75 % de la producción promedio de dicha planta en un entorno determinado. Una producción promedio puede calcularse basándose en la cosecha y/o estación. Los expertos en la técnica sabrán calcular los promedios de las producciones de rendimiento de un cultivo.

La realización de los procedimientos de la invención da lugar a plantas cultivadas en condiciones de cero estrés o en condiciones de sequía leve de rendimiento aumentado con respecto a plantas de control que crecen en condiciones comparables. Por lo tanto, de acuerdo con la presente invención, se proporciona un procedimiento para aumentar el rendimiento de la semilla en plantas que crecen en condiciones de cero estrés o en condiciones de sequía leve, cuyo procedimiento comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11.

La realización de los procedimientos de la invención da lugar a plantas que crecen en condiciones de déficit de nutrientes, particularmente en condiciones de déficit de nitrógeno, rendimiento aumentado con respecto a plantas de control que se cultivan en condiciones comparables. Por lo tanto de acuerdo con la presente invención, se proporciona un procedimiento para aumentar el rendimiento de semilla en plantas que se cultivan en condiciones de déficit de nutrientes, cuyo procedimiento comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11. El déficit de nutrientes puede producirse por una carencia o un exceso de nutrientes tales como nitrógeno, fosfatos y otros compuestos que contienen fósforo, potasio, calcio, cadmio, magnesio, manganeso, hierro y boro entre otros.

La presente invención incluye plantas o partes de las mismas (incluyendo semillas) obtenibles por los procedimientos de acuerdo con la presente invención. Las plantas o partes de las mismas comprenden un transgén de ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 como se define anteriormente.

- 5 La invención también proporciona construcciones génicas y vectores para facilitar la introducción y/o expresión en plantas de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos SPL11. Las construcciones génicas pueden insertarse en vectores, que pueden estar disponibles en el comercio, adecuados para la transformación en plantas y adecuados para la expresión del gen de interés en las células transformadas. La invención también proporciona el uso de una construcción génica como se define en el presente documento en los procedimientos de la invención.

Más específicamente, la presente invención proporciona una construcción que comprende:

- 10 (a) un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 como se ha definido anteriormente;
 (b) una o más secuencias de control capaces de conducir la expresión de la secuencia de ácidos nucleicos de (a); y opcionalmente
 (c) una secuencia de terminación de la transcripción.

- 15 Preferentemente, el ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 es como se define anteriormente. La expresión "secuencia de control" y "secuencia de terminación" son como se define en el presente documento.

- 20 Las plantas se transforman con un vector que comprende cualquiera de los ácidos nucleicos descritos anteriormente. El experto en la técnica conocerá los elementos genéticos que deben estar presentes en un vector para transformar, seleccionar y propagar satisfactoriamente células hospedadoras que contengan la secuencia de interés. La secuencia de interés está unida operativamente a una o más secuencias de control (al menos a un promotor).

Ventajosamente, cualquier tipo de promotor, ya sea natural o sintético, puede usarse para dirigir la expresión de la secuencia de ácidos nucleicos. Un promotor constitutivo es particularmente útil en los procedimientos. Véase la sección "Definiciones" del presente documento para las definiciones de los diversos tipos de promotores.

- 25 Debe aclararse que la aplicabilidad de la presente invención no está limitada al ácido nucleico que codifica el polipéptido SPL11 representado por la SEC ID N°: 427, ni la aplicabilidad de la invención está limitada a la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 cuando se dirige por un promotor constitutivo.

- 30 El promotor constitutivo es preferentemente un promotor GOS2, preferentemente un promotor GOS2 de arroz. Adicionalmente de manera preferida el promotor constitutivo está representado por una secuencia de ácido nucleico sustancialmente similar a la SEC ID N°: 476, más preferentemente el promotor constitutivo es como se representa en la SEC ID N°: 476. Véase la sección "Definiciones" del presente documento para otros ejemplos de promotores constitutivos.

- 35 En una realización alternativa, se usa un promotor específico de semilla. El promotor específico de semilla es preferentemente inducible por ABA (ácido abscísico), este es preferentemente el promotor WS18, preferentemente el promotor WS18 de arroz. Además preferentemente el promotor constitutivo está representado por una secuencia de ácido nucleico sustancialmente similar a la SEC ID N°: 477. Véase la sección "Definiciones" del presente documento para otros ejemplos de promotores específicos de semillas.

Debe aclararse que los promotores útiles en los procedimientos de la invención no están limitados a los especificados en las realizaciones anteriormente mencionadas.

- 40 Opcionalmente, en la construcción introducida en una planta pueden usarse una o más secuencias terminadoras. Los elementos reguladores adicionales pueden incluir potenciadores transcripcionales así como traduccionales. Los expertos en la técnica serán conscientes de que pueden ser adecuadas sustancias terminadoras y potenciadoras para su uso en la realización de la invención. También puede añadirse una secuencia intrínica en la región no traducida (UTR) 5' o en la secuencia codificante para aumentar la cantidad del mensaje maduro que se acumula en el citosol, como se describe en la sección de definiciones. Otras secuencias de control (además de las secuencias promotoras, potenciadoras, silenciadoras, intrínicas, regiones UTR3' y/o UTR5') pueden ser elementos estabilizadores de proteína y/o ARN. Un experto en la materia conocerá dichas secuencias o podría obtenerlas fácilmente.

- 50 Las construcciones genéticas de la invención pueden incluir adicionalmente un origen de secuencia de replicación que es necesario para la conservación y/o replicación en un tipo de célula específico. Un ejemplo es cuando en una célula bacteriana se requiere conservar una construcción genética como un elemento genético episomal (por ejemplo, una molécula de plásmido o de cósmido). Como orígenes de replicación preferidos se incluyen, pero sin limitación f1-ori y colE1.

- 55 Para la detección de la transferencia satisfactoria de las secuencias de ácidos nucleicos como se usa en los procedimientos de la invención y/o selección de plantas transgénicas que comprenden estos ácidos nucleicos, es ventajoso usar genes marcadores (o genes indicadores). Por lo tanto, la construcción genética puede comprender

opcionalmente un gen marcador de selección. Los marcadores de selección se describen con más detalle en la sección "definiciones" del presente documento.

Se sabe que, después de integración estable o transitoria de los ácidos nucleicos en las células de plantas, solo una minoría de las células capta el ADN exógeno y, si se desea, lo integra en su genoma, dependiendo del vector de expresión utilizado y de la técnica de transfección utilizada. Para identificar y seleccionar estos integrantes, normalmente en las células huésped se introduce un gen que codifica un marcador de selección (tal como los descritos anteriormente) junto con el gen de interés. Estos marcadores pueden utilizarse, por ejemplo, en mutantes en los que estos genes no son funcionales por ejemplo, mediante delección por procedimientos convencionales. Además, las moléculas de ácido nucleico que codifican un marcador de selección pueden introducirse en una célula huésped en el mismo vector que comprende la secuencia que codifica los polipéptidos de la invención o utilizarse en los procedimientos de la invención, o incluso en un vector distinto. Las células que se han transfectado de manera estable con el ácido nucleico introducido pueden identificarse por ejemplo mediante selección (por ejemplo, células que tienen integrado el marcador de selección sobreviven mientras que las otras células mueren. Los genes marcadores pueden retirarse o escindirse de la célula transgénica una vez que ya no se necesitan. Las técnicas para retirar genes marcadores son conocidas en la materia, en la sección de definiciones anterior se describen técnicas útiles.

La invención también proporciona un procedimiento para la producción de plantas transgénicas que tienen rendimiento de semilla aumentado con respecto a las plantas de control, que comprende la introducción y expresión en una planta de cualquier ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 como se define anteriormente en el presente documento.

Más específicamente, la presente invención proporciona un procedimiento para la producción de plantas transgénicas que tienen rendimiento de semillas aumentado, cuyo procedimiento comprende:

(i) introducir y expresar en una planta o en una célula de planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11; y

(ii) cultivar la célula de planta en condiciones que promuevan el crecimiento y desarrollo de la planta.

El ácido nucleico de (i) puede ser cualquiera de los ácidos nucleicos capaces de codificar un polipéptido SPL11 como se define en el presente documento.

El ácido nucleico puede introducirse directamente en una célula de planta o en la propia planta (incluyendo la introducción en un tejido, órgano o en cualquier otra parte de una planta). De acuerdo con una característica preferida de la presente invención, el ácido nucleico se introduce preferentemente en una planta por transformación. El término "transformación" se describe con más detalle en la sección "definiciones" del presente documento.

Las células de planta modificadas genéticamente pueden regenerarse mediante todos los procedimientos con los que está familiarizado el experto en la técnica. Pueden encontrarse procedimientos adecuados en las publicaciones anteriormente mencionadas de S. D. Kung y R. Wu, Potrykus o Höfgen y Willmitzer.

Generalmente, después de la transformación, las células o grupos de células de planta se seleccionan para detectar la presencia de uno o más marcadores que están codificados por genes que pueden expresarse en plantas co-transferidos con el gen de interés, después de lo cual el material transformado se regenera en una planta completa. Para seleccionar plantas transformadas, el material de planta obtenido en la transformación, como norma, se somete a condiciones selectivas de tal manera que las plantas transformadas pueden diferenciarse de las plantas no transformadas. Por ejemplo, las señales obtenidas de la manera descrita anteriormente pueden plantarse y, después de un periodo de crecimiento inicial, someterse a una selección adecuada por pulverización. Una posibilidad adicional consiste en cultivar las semillas, si fuera apropiado, después de esterilización, en placas de agar usando un agente de selección adecuado de tal manera que solamente las semillas transformadas puedan desarrollarse en plantas. Como alternativa, las plantas transformadas se exploran para determinar la presencia de un marcador de selección tal como el descrito anteriormente.

Después de la transferencia y regeneración de ADN, las plantas supuestamente transformadas pueden evaluarse utilizando, por ejemplo, análisis de Southern, para determinar la presencia del gen de interés, número de copias y/u organización genómica. Como alternativa o adicionalmente, los niveles de expresión del ADN recién introducido pueden supervisarse usando análisis de Northern y/o Western, ambas técnicas bien conocidas por los expertos habituales en la materia.

Las plantas transformadas generadas pueden propagarse mediante diversos medios, tales como mediante técnicas clásicas de propagación clonal o de reproducción. Por ejemplo, una primera generación (o T1) de planta transformada puede reproducirse asexualmente y puede seleccionarse una segunda generación homocigota (o T2) y después las plantas T2 pueden propagarse adicionalmente a través de técnicas de reproducción clásicas. Los organismos transformados generados pueden adoptar diversas formas. Por ejemplo, pueden ser quimeras de células transformadas y de células no transformadas; transformantes clonales (por ejemplo, todas las células transformadas que contengan el casete de expresión); injertos de tejidos transformados y no transformados (por ejemplo, en plantas, una planta madre transformada injertada a un vástago no transformado).

La presente invención se amplía claramente a cualquier célula de planta o planta producida mediante cualquiera de los procedimientos descritos en el presente documento, y a todas las partes de la planta y propágulos de la misma. La presente invención se amplía adicionalmente para incluir la progenie de una célula, tejido u órgano primario transformado o transfectado o la planta completa que se ha producido mediante cualquiera de los procedimientos anteriormente mencionados, siendo el único requisito que la progenie presente las mismas características genotípicas y/o fenotípicas que las producidas por el precursor en los procedimientos de acuerdo con la invención.

La solicitud también incluye células huésped que contienen un ácido nucleico aislado que codifica un polipéptido SPL11 como se ha definido anteriormente en el presente documento. Las células huésped preferidas de acuerdo con la invención son células de plantas. Las plantas huésped para los ácidos nucleicos o el vector usados en el procedimiento de acuerdo con la invención, el casete de expresión o construcción o vector son, en principio, ventajosamente todas las plantas, que pueden sintetizar los polipéptidos usados en el procedimiento inventivo.

Los procedimientos de la invención son ventajosamente aplicables a cualquier planta. Las plantas que son particularmente útiles en los procedimientos de la invención incluyen todas las plantas que pertenecen a la superfamilia *Viridiplantae*, en particular plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas incluyendo forraje o leguminosas forrajeras, plantas ornamentales, cultivos alimenticios, árboles o arbustos. De acuerdo con una realización preferida de la presente invención, la planta es una planta de cultivo. Los ejemplos de plantas de cultivo incluyen soja, girasol, canola, alfalfa, colza, algodón, tomate, patata y tabaco. Adicionalmente de modo preferente, la planta es una planta monocotiledónea. Ejemplos de plantas monocotiledóneas incluyen caña de azúcar. Más preferentemente la planta es un cereal. Ejemplos de cereales incluyen arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, triticale, sorgo y avena.

La invención también se amplía a partes cosechables de una planta, tales como, pero sin limitación, semillas, hojas, frutos, flores, tallos, raíces, rizomas, tubérculos y bulbos. Adicionalmente la invención se refiere a productos derivados, preferentemente directamente derivados, de una parte cosechable de dicha planta, tales como gránulos deshidratados o polvos, aceite, grasa y ácidos grasos, almidón o proteínas.

De acuerdo con una característica preferida de la invención, la expresión modulada es expresión aumentada. Los procedimientos para aumentar la expresión de ácidos nucleicos o genes, o productos génicos, están bien documentados en la técnica y en la sección definiciones se proporcionan ejemplos.

Como se ha mencionado anteriormente, un procedimiento preferido para aumentar la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 es introduciendo y expresando en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11; sin embargo, también pueden obtenerse los efectos de la realización del procedimiento, es decir potenciar rasgos relacionados con el rendimiento, usando otras técnicas bien conocidas, incluyendo, pero sin limitación, etiquetado en activación de ADN T, TILLING, recombinación homóloga. Una descripción de estas técnicas se proporciona en la sección definiciones.

La presente invención también incluye el uso de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos SPL11 como se describe en el presente documento y el uso de estos polipéptidos SPL11 en la potenciación de cualquiera de los rasgos relacionados con el rendimiento de semillas anteriormente mencionadas en plantas.

Los ácidos nucleicos que codifican polipéptidos SPL11 descritos en el presente documento, o los propios polipéptidos SPL11, pueden encontrar uso en programas de reproducción en los que se identifica un marcador de ADN, que puede estar unido genéticamente a un gen que codifica un polipéptido SPL11. Los ácidos nucleicos/genes, o los propios polipéptidos SPL11 pueden usarse para definir un marcador molecular. Este marcador de ADN o de proteína puede después usarse en programas de reproducción para seleccionar plantas que tengan rasgos potenciados relacionados con el rendimiento como se ha definido en el presente documento anteriormente en los procedimientos de la invención.

Las variantes alélicas de un ácido nucleico/gen que codifica un polipéptido SPL11 también pueden encontrar uso en programas de reproducción asistida mediante marcador. Dichos programas de reproducción a veces requieren la introducción de variación alélicas por tratamiento mutagénico de las plantas, usando, por ejemplo, mutagénesis con EMS; como alternativa, el programa puede comenzar con una colección de variantes alélicas de origen denominado "natural" producida involuntariamente. Después se realiza la identificación de variantes alélicas, por ejemplo, por PCR. A esto le sigue una etapa de selección de variantes alélicas superiores de la secuencia en cuestión y que dará un rendimiento aumentado. La selección se realiza típicamente supervisando el rendimiento del crecimiento de las plantas que contienen diferentes variantes alélicas de la secuencia en cuestión. El rendimiento de crecimiento puede supervisarse en un invernadero o en el campo. Etapas opcionales adicionales incluyen cruzamiento de plantas en el que se identificó la variante alélica superior con otra planta. Esto podría usarse, por ejemplo, para realizar una combinación de características fenotípicas interesantes.

Los ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos SPL11 también pueden usarse como sondas para mapear genética y físicamente, genes que forman parte de, y como marcadores para rasgos ligados a estos genes. Dicha información puede ser útil en reproducción de plantas para desarrollar líneas con fenotipos deseados. Dicho uso de ácidos nucleicos que codifican el polipéptido SPL11 requiere solo una secuencia de ácido nucleico de al menos 15 nucleótidos de longitud. Los ácidos nucleicos que codifican el polipéptido SPL11 pueden usarse como marcadores

de polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción (PLFR). Con los ácidos nucleicos que codifican SPL11 pueden explorarse transferencias de Southern (Sambrook J, Fritsch EF y Maniatis T (1989) Molecular Cloning, A Laboratory Manual) de ADN genómico de planta digerido por enzimas de restricción. Los patrones de banda resultantes pueden después someterse a análisis genético usando programas informáticos tales como MapMaker (Lander y col. (1987) Genomics 1: 174-181) para construir un mapa genético. Además, los ácidos nucleicos pueden usarse para explorar transferencias de Southern que contienen ADN genómicos tratados con endonucleasas de restricción de un conjunto de individuos que representan a los padres y a la progenie de un cruce genético definido. La segregación de polimorfismos de ADN se observa y se usa para calcular la posición del ácido nucleico que codifica el polipéptido SPL11 en el mapa genético previamente obtenido usando esta población (Botstein y col. (1980) Am. J. Hum. Genet. 32:314-331).

La producción y uso de sondas derivadas de genes de plantas para su uso en mapeo genético se describe en Bernatzky y Tanksley (1986) Plant Mol. Biol. Reporter 4: 37-41. Numerosas publicaciones describen el mapeo genético de clones de ADNc específicos utilizando la metodología indicada anteriormente o variaciones de la misma. Por ejemplo, para el mapeo pueden utilizarse poblaciones de intercrucamiento F2, poblaciones de retrocruzamiento, poblaciones apareadas al azar, líneas isogénicas cercanas y otros grupos de individuos. Dichas metodologías son bien conocidas por los expertos en la técnica.

Las sondas de ácido nucleico también pueden usarse para mapeo físico (es decir, colocación de secuencias en mapas físicos; véase Hoheisel y col. In: Non-mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide, Academic press 1996, páginas 319-346, y referencias citadas en su interior).

Además pueden usarse las sondas de ácidos nucleicos en mapeo directo de hibridación *in situ* con fluorescencia (HISF, *Fluorescent In Situ Hybridization*) (Trask (1991) Trends Genet. 7: 149-154). Aunque los procedimientos actuales del mapeo HISF favorecen el uso de clones grandes (de varios kb a varios cientos de kb; véase Laan y col. (1995) Genome Res. 5: 13-20), mejoras en sensibilidad pueden permitir la realización de mapeo HISF usando sondas más cortas.

Usando los ácidos nucleicos pueden realizarse diversos procedimientos basados en amplificación de ácidos nucleicos para el mapeo genético y físico. Como ejemplos se incluyen la amplificación específica de alelo (Kazazian (1989) J. Lab. Clin. Med 11: 95-96), el polimorfismo de fragmentos amplificados por PCR (CAPS; Sheffield y col. (1993) Genomics 16: 325-332), el ligamiento específico de alelo (Landegren y col. (1988) Science 241: 1077-1080), las reacciones de extensión de nucleótidos (Sokolov (1990) Nucleic Acid Res. 18: 3671), el Mapeo Híbrido por Radiación (Walter y col. (1997) Nat. Genet. 7: 22-28) y el Mapeo Happy (por las siglas en inglés *mapping based on the analysis of approximately HAPloid DNA samples using the POLYmerase chain reaction*) (Dear y Cook (1989) Nucleic Acid Res. 17: 6795-6807). Para estos procedimientos, se utiliza la secuencia de un ácido nucleico para diseñar y producir pares de cebadores para su uso en la reacción de amplificación o en reacciones de extensión con cebador. El diseño de dichos cebadores es muy conocido por los expertos en la técnica. En los procedimientos que emplean mapeo genético basado en PCR puede ser necesario identificar diferencias de secuencias de ADN entre los padres del cruce del mapeo en la región correspondiente a la secuencia de ácido nucleico instantánea. Sin embargo, generalmente esto no es necesario para procedimientos de mapeo.

Los procedimientos de acuerdo con la presente invención dan como resultado plantas que tienen rendimiento de semillas potenciado como se ha descrito anteriormente en el presente documento. Estos rasgos también pueden combinarse con otros rasgos económicamente ventajosos, tales como rasgos que potencian adicionalmente el rendimiento, la tolerancia a diversos estreses abióticos y bióticos, rasgos que modifican diversas características arquitectónicas y/o características bioquímicas y/o fisiológicas.

La presente solicitud se describirá ahora en referencia a los siguientes puntos:

1. Un procedimiento para potenciar rasgos relacionados con el rendimiento en plantas con respecto a plantas de control, que comprende aumentar en una planta la expresión de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11, en el que dicho SPL11 comprende un dominio SBP que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 90 %, 95 %, 97 % o más con una cualquiera de las SEC ID N°: 456 a SEC ID N°: 468 y SEC ID N°: 478, en el que dicho rendimiento de semilla aumentado comprende preferentemente aumento del peso de semilla total, del número de semillas llenas, del número de semillas o floretes por panícula, del peso de mil granos, de la tasa de llenado de la semilla y/o del índice de cosecha con respecto a plantas de control.

2. El procedimiento de acuerdo con el punto 1 en el que dicho polipéptido SPL11, además del dominio SBP, comprende uno cualquiera de uno o más de los siguientes motivos conservados:

- (i) Motivo 1 como se representa por la SEC ID N°: 469 en el que se permite cualquier sustitución de aminoácidos conservativa y/o 1 o 2 sustituciones no conservativas,
- (ii) Motivo 2 como se representa por la SEC ID N°: 470 en el que se permite cualquier cambio, a condición de que al menos 4 aminoácidos tengan una cadena lateral polar, preferentemente serina o treonina, y a condición de que el dominio se localice en el extremo N terminal del dominio SBP;

- (iii) Motivo 3 como se representa por la SEC ID: 471, en el que se permiten 1 o 2 emparejamientos erróneos;
- (iv) Motivo 4 como se representa por la SEC ID N°: 472, en el que se permiten 1, 2 o 3 emparejamientos erróneos.

- 5 3. El procedimiento de acuerdo con el punto 1 o 2, en el que dicha expresión modulada se efectúa introduciendo y expresando en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 como se define en el punto 1 o 2.
4. El procedimiento de acuerdo con cualquiera de los puntos 1 a 3, en el que dicha expresión modulada es expresión aumentada.
- 10 5. El procedimiento de acuerdo con cualquiera de los puntos 1 a 4, en el que dicho ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 que codifica una cualquiera de las proteínas indicadas en la Tabla G1 o es una porción de dicho ácido nucleico, o un ácido nucleico capaz hibridar con dicho ácido nucleico.
6. El procedimiento de acuerdo con cualquiera de los puntos 1 a 5, en el que dicha secuencia de ácidos nucleicos codifica un ortólogo o parálogo de cualquiera de las proteínas proporcionadas en la Tabla G1.
7. El procedimiento de acuerdo con el punto 6, en el que dicho ácido nucleico codifica la SEC ID N°: 428.
- 15 8. El procedimiento de acuerdo con cualquiera de los puntos 1 a 7, en el que dichos rasgos potenciados relacionados con el rendimiento comprenden rendimiento aumentado, preferentemente aumento del peso de semilla total, del número de semillas llenas, del número de semillas o floretes por panícula, del peso de mil granos, de la tasa de llenado de semilla y/o del índice de cosecha con respecto a las plantas de control.
- 20 9. El procedimiento de acuerdo con cualquiera de los puntos 1 a 8, en el que dichos rasgos potenciados relacionados con el rendimiento comprenden vigor temprano de la planta (plántula) con respecto a las plantas de control.
10. El procedimiento de acuerdo con uno cualquiera de los puntos 1 a 8, en el que dichos rasgos potenciados relacionados con el rendimiento se obtienen en condiciones de cero estrés.
- 25 11. El procedimiento de acuerdo con uno cualquiera de los puntos 1 a 8, en el que dichos rasgos potenciados relacionados con el rendimiento se obtienen en condiciones de crecimiento de estrés de sequía leve.
12. El procedimiento de acuerdo con cualquiera de los puntos 1 a 8, en el que dichos rasgos potenciados relacionados con el rendimiento se obtienen en condiciones de crecimiento de déficit de nitrógeno.
- 30 13. El procedimiento de acuerdo con uno cualquiera de los puntos 1 a 12, en el que dicho ácido nucleico está unido operativamente a un promotor constitutivo, preferentemente a un promotor GOS2, más preferentemente a un promotor GOS2 de arroz.
14. El procedimiento de acuerdo con uno cualquiera de los puntos 1 a 12, en el que dicho ácido nucleico está unido operativamente a un promotor específico de semilla, preferentemente a un promotor WSI18, más preferentemente a un promotor WSI18 de arroz.
- 35 15. El procedimiento de acuerdo con cualquiera de los puntos 1 a 14, en el que dicho ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 es de origen vegetal, preferentemente de una planta dicotiledónea, adicionalmente preferentemente de la familia *Brassicaceae*, más preferentemente del género *Arabidopsis*, más preferentemente aún de *Arabidopsis thaliana*.
- 40 16. La planta o partes de la misma, incluyendo las semillas, obtenibles mediante un procedimiento de acuerdo con uno cualquiera de los puntos 1 a 15, en el que dicha planta o partes de la misma comprenden un ácido nucleico recombinante que codifica un polipéptido SPL11.
17. Una molécula de ácido nucleico aislada que comprende:
 - (i) un ácido nucleico representado por la SEC ID N°: 448;
 - (ii) el complemento de un ácido nucleico representado por la SEC ID N°: 448;
 - 45 (iii) un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % 99 % o más con la secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID N°: 449, y que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más con la SEC ID N°: 465: SYCQVEGCRDLSAKDYHRKHRV-CEPHSKAPKVVVAGLERRFCQQCSRFGHGLAEFDQKKKSCRRRLNDHNARRRRKPQPEAL;
 - 50 (iv) un ácido nucleico que se hibrida en condiciones rigurosas con la SEC ID N°: 448.
18. Un polipéptido aislado que comprende:

- (i) una secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID N°: 449;
 (ii) una secuencia de aminoácidos que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % 99 % o más con la secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID N°: 449, y que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más con la SEC ID N°: 465: SYCQVEGCRTDLSSAKDYHRKHRVCEPHSKAPKVVVAGLERRFCQQCSRFGH LAEFDQKKKSCRRRLNDHNARRRKPEAL.
 (iii) derivados de cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas (i) o (ii) anteriores.

19. Una construcción que comprende:

- (i) un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11;
 (ii) una o más secuencias de control capaces de dirigir la expresión de la secuencia de ácido nucleico de (i); y opcionalmente
 (iii) una secuencia de terminación de la transcripción.

20. La construcción de acuerdo con el punto 17 en el que dicho ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 es un ácido nucleico de acuerdo con el punto 156.

21. La construcción de acuerdo con el punto 19 o 20 en el que una de dichas secuencias de control es un promotor constitutivo, preferentemente un promotor GOS2, más preferentemente un promotor GOS2 de arroz.

22. La construcción de acuerdo con el punto 19 o 20 en el que una de dichas secuencias de control es un promotor específico de semilla, preferentemente un promotor WSI18, más preferentemente un promotor WSI18 de arroz.

23. El uso de una construcción de acuerdo con los puntos 19 a 22 en un procedimiento para fabricar plantas que tienen rasgos aumentados relacionadas con el rendimiento; particularmente rendimiento de semillas aumentado con respecto a las plantas de control y/o vigor temprano de plantas o plántulas.

24. La planta, parte de la planta, o célula de la planta transformada con una construcción de acuerdo con los puntos 158 a 161.

25. Procedimiento para la producción de una planta transgénica que tiene rasgos aumentados relacionados con el rendimiento, particularmente rendimiento de semillas y/o vigor temprano de plantas o plántulas aumentado con respecto a las plantas de control, que comprende:

- (i) introducir y expresar en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11; y
 (ii) cultivar la célula de la planta en condiciones que promuevan el crecimiento y el desarrollo de la planta.

26. Planta transgénica que tiene rendimiento aumentado, particularmente vigor de planta o de plántula y/o rendimiento de semilla aumentado, con respecto a las plantas de control, resultante de la expresión aumentada de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11, o una célula de planta transgénica procedente de dicha planta transgénica.

27. La planta transgénica de acuerdo con el punto 16, 24 o 26, o una célula de planta transgénica procedente de la misma, en la que dicha planta es una planta de cultivo dicotiledónea tal como soja, algodón o canola o una planta de cultivo monocotiledónea o un cereal, tal como arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, triticale, sorgo y avena.

28. Partes cosechables de una planta de acuerdo con el punto 2, en el que dichas partes cosechables son preferentemente biomasa de brote, flores y/o semillas.

29. Productos procedentes de una planta de acuerdo con el punto 27 y/o de partes cosechables de una planta de acuerdo con el punto 28.

30. El uso de ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 en el aumento del rendimiento, particularmente en el aumento del rendimiento de semilla y/o biomasa de brote en plantas, respecto a plantas de control.

Descripción de las figuras

V. Proteína de unión al promotor Squamosa de tipo 11 (SPL11)

La **Figura 1** representa la secuencia de aminoácidos y la estructura del dominio de la SEC ID N°: 428. Se indican los motivos conservados y los dominios. El dominio SBP se subraya mediante una línea discontinua; el Motivo 1 se indica en negrita; el Motivo 2 se indica en negrita y subrayado; el Motivo 3 se indica en letras mayúsculas y se subraya y el Motivo 4 está en negrita y subrayado con una línea doble.

La **Figura 2** representa un alineamiento de secuencia múltiple de polipéptidos SPL11. Se indica la posición de

los restos de aminoácidos conservados y los dominios correspondientes a los descritos en la Figura 27. Se proporciona una secuencia consenso representativa de polipéptidos SPL11. En la secuencia consenso se proporcionan los aminoácidos altamente conservados y los espacios vacíos en blanco entre medias representan cualquier aminoácido.

5 La **Figura 3** muestra un árbol filogenético de polipéptidos SPL11. El árbol filogenético es como se presenta en Xie y col. Plant Physiology, 2006, Vol. 142, págs. 280-293, que se incorpora por referencia en el presente documento en su totalidad. Los polipéptidos SPL11 se agrupan en el mismo grupo que AtSPL11 (idéntico a la SEC ID N°: 2) dentro de la clase denominada Clase S3.

10 La **Figura 4** proporciona un análisis de secuencia de genes miR156 de arroz (OsmiR156) y sus secuencias diana en polipéptidos SPL de arroz (Figura 30A) así como un alineamiento múltiple de ácidos nucleicos de SPL11 (Figura 30B). La Figura 30 A muestra un alineamiento de secuencia de secuencias maduras de OsmiR156 con secuencias complementarias de genes OsSPL. La secuencia de aminoácidos conservada codificada por las secuencias diana se muestra en la parte inferior. Los puntos entre las secuencias miR156 y OsSPL diana indican emparejamientos erróneos. La Figura 4B muestra un alineamiento múltiple de ácidos nucleicos de SPL11 en el que se indican restos de aminoácidos altamente conservados en la secuencia consenso. La posición del sitio diana miR156 altamente conservado se indica en negrita sobre la secuencia consenso. Las SEC ID N°: 431, SEC ID N°: 440 y SEC ID N°: 454 representativas de ácidos nucleicos de SPL11 que son insensibles a miR156 que no tienen el sitio diana miR156 conservado o muestran una gran divergencia en su secuencia en esa posición.

20 La **Figura 5** representa el vector binario para la expresión aumentada en *Oryza sativa* de SEC ID N°: 427 bajo el control de un promotor GOS2 de arroz (pGOS2) (Figura 31 A) o bajo un promotor WSI 18 de arroz (Figura 31B).

La **Figura 6** detalla ejemplos de secuencias SPL11 útiles en la realización de los procedimientos de acuerdo con la presente invención.

Ejemplos

25 La presente invención se describirá ahora con referencia a los siguientes ejemplos, que son solo a modo ilustrativo. Los siguientes ejemplos no pretenden definir completamente o de otra manera limitar el alcance de la invención.

Manipulación de ADN: a menos que se indique otra cosa, se realizarán técnicas de ADN recombinante de acuerdo con los protocolos convencionales descritos en Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ª Edición Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, Nueva York, o en los Volúmenes 1 y 2 de Ausubel y col. (1994), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols. Standard materiales y procedimientos convencionales de trabajos moleculares en plantas se describen en Plant Molecular Biology Labfax (1993) por R.D.D. Croy, publicado por BIOS Scientific Publications Ltd (RU) y Blackwell Scientific Publications (RU).

Proteína de unión al promotor Squamosa de tipo 11 (SPL11)

35 **Ejemplo 1: Identificación de secuencias relacionadas con la secuencia de ácidos nucleicos SPL11 usada en los procedimientos de la invención**

Las secuencias (ADNc de longitud completa, EST o genómicas) relacionadas con la secuencia de ácidos nucleicos usadas en los procedimientos de la presente invención se identificaron entre las conservadas en la base de datos de Nucleótidos Entrez en el National Center for Biotechnology Information (NCBI). La búsqueda de secuencias también se realizó en otras bases de datos públicas y de patente. Se usaron herramientas de búsqueda de secuencia tales como la Herramienta de Alineamiento Local Básica (BLAST, *Basic Local Alignment Tool*) (Altschul y col. (1990) J. Mol. Biol. 215: 403-410; y Altschul y col. (1997) Nucleic Acids Res. 25: 3389-3402). El programa se usa para encontrar regiones de similitud local entre las secuencias comparando las secuencias de ácidos nucleicos o polipéptidos con las bases de datos de secuencia y calculando el significado estadístico de los emparejamientos. Por ejemplo, el polipéptido codificado por el ácido nucleico usado en la presente invención se usó para el algoritmo TBLASTN, con configuraciones predeterminadas y el filtro para ignorar la activación de secuencias de baja complejidad. El resultado de los análisis se observó por comparación por pares, y se clasificó de acuerdo con la puntuación de probabilidad (valor E), en el que la puntuación refleja la probabilidad de que se produzca un alineamiento particular por casualidad (cuanto menor sea el valor E más significativo es el acierto). Además de los valores E, las comparaciones también se puntuaron por porcentaje de identidad. El porcentaje de identidad se refiere al número de nucleótidos (o aminoácidos) idénticos entre las dos secuencias de ácidos nucleicos (o polipeptídicas) comparadas sobre una longitud particular. En algunos casos, los parámetros predeterminados pueden ajustarse para modificar la rigurosidad de la búsqueda. Por ejemplo, el valor E puede aumentarse para mostrar menos emparejamientos rigurosos. De esta manera pueden identificarse emparejamientos cortos casi exactos.

55 La Tabla G1 proporciona una lista de secuencias de ácidos nucleicos relacionadas con la secuencia de ácidos nucleicos usada en los procedimientos de la presente invención. Los polipéptidos con una entrada extendida por un punto y un dígito representan variantes de corte y empalme.

Tabla G1: ejemplos de ácidos nucleicos y polipéptidos SPL11

Nombre	Alias	Origen de la planta	Ácido nucleico SEC ID N°:	Proteína SEC ID N°:
Arath_SPL11a	At1g27360	<i>Arabidopsis thaliana</i>	427	428
Arath_SPL11aa	NM_202191 (variante de corte y empalme)	<i>Arabidopsis thaliana</i>	429	428
Arath_SPL11aaa	NM_001084135	<i>Arabidopsis thaliana</i>	430	428
Arath_SPL11aaaa	SEC ID N°:1 Variante MiR156 insensible	Sintética	431	428
Arath_SPL11b	At1g27370	<i>Arabidopsis thaliana</i>	432	433
Arath_SPL11c	At5g43270	<i>Arabidopsis thaliana</i>	434	435
Orysa_SPL11a	LOC_Os02g04680	<i>Oryza sativa</i>	436	437
Orysa_SPL11b	LOC_Os06g49010	<i>Oryza sativa</i>	438	439
Poph_SPL11a	Populus SPL11a	Especies de <i>Populus</i>	440	441
Poph_SPL11_b	Populus SPL11b	Especies de <i>Populus</i>	442	443
Poph_SPL11c	Populus SPL11c	Especies de <i>Populus</i>	444	445
Brara_SPL11a	Br_AC189413	<i>Brassica rapa</i>	446	447
Zeama_SPL11a	ZM_60752693	<i>Zea mays</i>	448	449
Zeama_SPL11b	ZM_SPL11b	<i>Zea mays</i>	450	451
Triae_SPL11a	Ta_SPL11a	<i>Triticum aestivum</i>	452	453
Vitvi_SPL11a	Vv_SPL11a	<i>Vitis vinifera</i>	454	455

Ejemplo 2: alineamiento de secuencias polipeptídicas SPL11

- 5 El alineamiento de las secuencias polipeptídicas se realizó usando el programa AlignX a partir del Vector NTI (Invitrogen) que se basa en el conocido algoritmo Clustal W de alineamiento progresivo (Thompson y col. (1997) Nucleic Acids Res 25: 4876-4882; Chenna y col. (2003). Nucleic Acids Res 31: 3497-3500). Los valores predeterminados son para la penalización por apertura de hueco de 10, para la penalización de extensión de hueco de 0,1 y la matriz de peso seleccionada es Blosum 62 (si los polipéptidos se alinean). Se realizó una edición manual menor para optimizar adicionalmente el alineamiento. Se proporciona una secuencia consenso que comprende
- 10 aminoácidos representativos altamente conservados en cada posición; los espacios en blanco entre los aminoácidos en la secuencia consenso representan cualquier aminoácido. La conservación de alta secuencia entre los polipéptidos SPL11 se observa en su mayor parte a lo largo del dominio SBP de los polipéptidos. La posición de otros motivos de secuencia conservados fuera del dominio SBP del presente documento representados por el Motivo 1 al Motivo 4 (SEC ID N°: 466 a SEC ID N°: 472) se indica sobre la secuencia consenso.

- 15 La Figura 2 proporciona un alineamiento de polipéptidos SPL11 representativos

Ejemplo 3: cálculo del porcentaje de identidad global entre las secuencias polipeptídicas SPL11 útiles en la realización de los procedimientos de la invención

Los porcentajes de similitud e identidad globales entre las secuencias polipeptídicas de longitud completa útiles en la realización de los procedimientos de la invención se determinaron usando uno de los procedimientos disponibles en

la técnica, el programa informático MatGAT (Matrix Global Alignment Tool) (BMC Bioinformatics. 2003 4: 29. MatGAT: una aplicación que genera matrices de similitud/identidad utilizando secuencias de proteína o de ADN. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; programa informático presentado por Ledion Bitincka). El programa informático MatGAT genera matrices de similitud/identidad para secuencias de ADN o proteína sin la necesidad de alinear previamente los datos. El programa realiza una serie de alineamientos por pares usando el algoritmo de alineamiento global de Myers y Miller (con una penalización por apertura de hueco de 12, y una penalización por extensión de hueco de 2), calcula la similitud e identidad usando, por ejemplo, Blosum 62 (para polipéptidos), y después pone los resultados en una matriz de distancias. La similitud de secuencia se muestra en la mitad inferior de la línea divisoria y la identidad de secuencia se muestra en la mitad superior de la línea divisoria diagonal.

10 Los parámetros usados en la comparación fueron:

Matriz de puntuación: Blosum62

Hueco inicial: 12

Extensión de hueco: 2

Los resultados del análisis informático se muestran en la Tabla G2 para la similitud e identidad global sobre la longitud completa de las secuencias polipeptídicas y la Tabla G3 para la similitud del dominio SBP. El porcentaje de identidad se proporciona encima de la diagonal en negrita y el porcentaje de similitud se proporciona debajo de la diagonal (cara normal).

El porcentaje de identidad entre las secuencias polipeptídicas SPL11 útiles en la realización de los procedimientos de la invención puede ser tan solo del 20 % de identidad de aminoácidos en comparación con la SEC ID N°: 428. Típicamente, los polipéptidos SPL11 tienen una identidad de secuencia global (a lo largo de la secuencia de todo el polipéptido) en el intervalo del 40 %.

El porcentaje de identidad entre los dominios SBP comprendidos en las secuencias polipeptídicas SPL11 útiles en la realización de los procedimientos de la invención puede ser tan solo del 30 % de identidad de aminoácidos en comparación con la SEC ID N°: 456 (dominio SBP comprendido en Arath_SPL11a o SEC ID N°: 428). Los dominios SBP comprendidos en los polipéptidos SPL11 proporcionados en la Tabla G1 tienen una identidad de secuencia en el intervalo del 31 al 93,6 %.

Tabla G2: resultados MatGAT de similitud e identidad global sobre la longitud completa de las secuencias polipeptídicas.

Nombre de la secuencia	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1. Arath_SPL11a		75,3	37,2	31,2	30,9	38,4	34,3	29,9	31	27,5	30,7	31,4	31,5
2. Arath_SPL11b	82,3		36,6	33,2	32,1	37,9	36,4	29,7	31,3	29,5	30,7	31,2	33,2
3. Arath_SPL11c	52,5	52		33,6	34,9	40,4	38,6	33,7	48,5	32,9	31,8	32,4	34,4
4. Orysa_SPL11a	46,5	44,6	46,7		54,3	36,6	38,9	38,1	25,6	46,9	49,2	66,2	34,5
5. Orysa_SPL11	43,8	43,4	47,8	68,2		35,4	36,7	38,4	25,2	44,3	55,1	55,2	32,6
6. Poph_SPL11a	54,5	52	54,7	49	49,1		66,5	35,4	36,4	30	32,3	35,4	44,1
7. Poph_SPL11b	46,7	48,6	52,3	55,9	53,9	71,2		37,7	32,7	30,7	34,7	37	42,5
8. Poph_SPL11c	44,7	44,7	50,4	55,9	55,6	48,9	55,7		25,8	33,3	34,2	35,7	37,6
9. Brara_SPL11a	41,7	42,4	55,6	34,1	34,3	46,6	40	35,2		22,2	24,1	24,8	29,4
10. Zeama-SPL11a	42,1	42,5	44,6	61,4	58,3	42,7	45,9	51	31,5		41,6	49,4	28,6
11. Zeama_SPL11b	44,2	44,4	46,7	60,6	66,7	47,6	50,5	50,4	35,1	53,1		49,5	32,1
12. Triae_SPL11a	44	44	46,3	77	69,5	48	52	53,9	33,2	62,2	61,1		32,8
13. Vitvi_SPL11a	44,6	43,5	47,2	50,2	50,4	53,8	55,8	55,8	36,7	46,4	46,4	50,2	

Tabla G3: resultados MatGAT de similitud e identidad sobre el dominio SBP de las secuencias polipeptídicas.

Nombre de la secuencia	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1. Arath_SPL11a		93,7	77,2	73,4	75,9	58,3	62,2	49,5	46,6	73,4	73,4	68,2
2. Arath_SPL11b	96,2		79,7	73,4	73,4	59,3	63,3	49,5	48,9	75,9	77,2	71,8
3. Arath_SPL11c	86,1	88,6		81	77,2	63	66,3	54,2	59,1	81	78,5	74,1
4. Orysa_SPL11a	84,8	86,1	89,9		84,8	61,5	66,3	53,3	50	88,6	83,5	80
5. Orysa_SPL11b	88,6	91,1	91,1	91,1		59,3	64,3	50,5	47,7	87,3	83,5	78,8
6. Poph_SPL11a	64,8	67,6	68,5	65,7	66,7		60,6	52	45,4	62,4	57,4	60,2
7. Poph_SPL11b	69,4	72,4	72,4	70,4	72,4	71,3		45,2	41,3	66,3	62,2	61,5
8. Poph_SPL11c	63,3	64,3	65,3	64,3	66,3	66,7	65,3		31	53,3	50,5	56,1
9. Brara_SPL11a	62	64,6	68,4	63,3	64,6	56,5	55,1	43,9		51,1	51,2	46,8
10. Zeama_SPL11a	86,1	88,6	91,1	93,7	96,2	66,7	70,4	67,3	63,3		88,6	84,7
11. Zeama_SPL11b	88,6	91,1	89,9	88,6	93,7	63,9	69,4	64,3	64,6	92,4		90,6
12. Triae_SPL11a	82,4	84,7	84,7	84,7	88,2	67,6	72,4	71,4	60	88,2	90,6	
13. Vitvi_SPL11a	90,1	93,8	90,1	87,7	90,1	70,4	75,5	67,3	64,2	88,9	87,7	87,1

Ejemplo 4: identificación de dominios comprendidos en las secuencias polipeptídicas útiles en la realización de los procedimientos de la invención

- 5 La base de datos de Recursos Integrados de Familias de Proteínas, Dominios y Sitios (InterPro) es una interfaz integrada para las bases de datos de firma normalmente usadas para búsquedas basadas en texto y secuencia. La base de datos InterPro combina estas bases de datos, que usan diferentes metodologías y diversos grados de información biológica sobre proteínas bien caracterizadas, para obtener firmas de proteína. Las bases de datos colaboradoras incluyen SWISS-PROT, PROSITE, TrEMBL, PRINTS, ProDom y Pfam, Smart y TIGRFAMs. Pfam es una gran recolección de alineamientos de secuencias múltiples y modelos ocultos de Markov que cubren muchos dominios y familias de proteínas comunes. Pfam se distribuye a través del servidor del Sanger Institute en Reino Unido. Interpro se distribuye en el European Bioinformatics Institute en Reino Unido.

La Tabla G4 muestra las configuraciones (Límite de entrada, límite de confianza y límite de interferencia) como se describe en la base de datos Pfam que se usó para construir la HMMs_fs para dominios diferentes de SBP.

Tabla G4: información para construir HMM en la base de datos de dominios Pfam Versión 21.0

Información para construir HMMER		
	Pfam_ls [Descarga HMM]	Pfam_fs [Descarga HMM]
Límite de entrada	25.0 25.0;	25.0 25.0
Límite de confianza	41.4 41.4;	26.2 54.1
Límite de interferencia	20.8 20.8;	18.0 11.2
Procedimiento para construir HMM	hmmbuild -F HMM_ls SEED	hmmbuild -f -F HMM_fs SEED
	hmmcalibrate --seed 0 HMM_ls	hmmcalibrate --seed 0 HMM_fs

Los resultados del análisis Pfam para polipéptidos SPL11 representativos de origen vegetal se presentan en la Tabla G5. Las coordenadas de aminoácidos para el dominio SBP en la secuencia de referencia se indican en la columna correspondiente. También se proporciona el valor E del alineamiento.

Tabla G5: resultados del análisis Pfam para el dominio SBP (Referencia Pfam PF03110) de polipéptidos SPL11 representativos realizado en la Versión Pfam 21.0.

Nombre de la secuencia	Coordenadas de aminoácidos del dominio SBP	valor e del alineamiento
Arath_SPL11a	174-252	1.10E-50
Arath_SPL11b	175-253	1.61 E-47
Arath_SPL11c	168-246	1.90E-52
Orysa_SPL11a	181-259	5.10E-50
Orysa_SPL11b	179-257	3.90E-47
Popth_SPL11a	170-277	170-277
Popth_SPL11b	180-277	1.50E-41
Popth_SPL11c	171-249	7.80E-52
Brara_SPL11a	180-279	5.20E-44
Zeama_SPL11a	161-239	2.20E-51
Zeama_SPL11b	159-237	1.10E-48
Triae_SPL11a	184-262	2.90E-52
Vitvi_SPL11a	171-249	7.80E-52

Ejemplo 5: clonación de la secuencia de ácidos nucleicos usada en los procedimientos de la invención

- 5 La secuencia de ácidos nucleicos usada en los pacientes de la invención se amplificó por PCR usando como molde una biblioteca de ADNc de plántulas de *Arabidopsis thaliana* hecha a medida (en pCMV Sport 6.0; Invitrogen, Paisley, RU). La PCR se realizó usando la Taq ADN polimerasa Hifi en condiciones estándar, usando 200 ng de molde en una mezcla PCR de 50 pl. Se utilizó un cebador cadena arriba y cadena abajo representado por la SEC ID N°: 473 y SEC ID N°: 474 respectivamente, para amplificar por PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) la
- 10 región codificante de un ácido nucleico SPL11 representado por la SEC ID N°: 427. Los cebadores incluyen los sitios AttB para la recombinación Gateway para facilitar la clonación del fragmento de ADN amplificado por PCR en un vector de clonación Gateway.

- El fragmento de PCR amplificado se purificó también usando procedimientos convencionales. Después se realizó la primera etapa del procedimiento Gateway, la reacción BP, durante la cual el fragmento de PCR se recombina *in vivo* con el plásmido pDONR201 para producir, de acuerdo con la terminología Gateway, un “clon de entrada”, pSPL11. El plásmido pDONR201 se adquirió en Invitrogen, como parte de la tecnología Gateway®.
- 15

- El clon de entrada que comprendía la SEC ID N°: 427 se usó posteriormente en una reacción LR con un vector destinatario utilizado para transformación de *Oryza sativa*. Este vector contiene, como elementos funcionales dentro de los límites del ADN T: un marcador de selección de plantas; un casete de expresión marcador detectable y un casete Gateway diseñado para recombinación LR *in vivo* con la secuencia de ácidos nucleicos de interés ya clonada en el clon de entrada. Un promotor GOS2 de arroz (SEC ID N°: 476) para expresión constitutiva se localizaba
- 20 cadena arriba de este casete Gateway en el vector pGOS2::SPL11. La secuencia codificante de SPL11 también se clonó en un vector de expresión que comprendía un promotor WSI18 de arroz (SEC ID N°: 477) para la expresión específica de semilla (inducible por ABA) (pWSI18::SPL11).

- Después de la etapa de recombinación LR, los vectores de expresión resultantes pGOS2::SPL11 y pWSI18::SPL11 (Figura 5) se transformaron en la cepa LBA4044 de *Agrobacterium* de acuerdo con procedimientos bien conocidos en la técnica.
- 25

Ejemplo 6: transformación de plantas*Transformación de arroz*

- 30 El *Agrobacterium* que contenía el vector de expresión se usó para transformar plantas de *Oryza sativa*. Se descascarillaron semillas secas maduras de la variedad de cultivo japónica de arroz Nipponbare. La esterilización se

realizó incubando durante un minuto en etanol al 70 %, seguido de 30 minutos en HgCl_2 al 0,2 %, seguido de un lavado de 6 veces durante 15 minutos con agua destilada estéril. Las semillas estériles germinaron después en un medio que contenía 2,4-D (medio de inducción de callo). Después de incubación en la oscuridad durante cuatro semanas, los callos embrionarios, derivados de escutelo, se cortaron y se propagaron en el mismo medio. Después de 2 semanas, los callos se multiplicaron o se propagaron mediante subcultivo en el mismo medio durante otras 2 semanas. Trozos de callos embriogénicos se subcultivaron en medio reciente 3 días antes del co-cultivo (para reforzar la actividad de la división celular).

Para el co-cultivo se usó la cepa LBA4404 de *Agrobacterium* que contenía el vector de expresión. Se inoculó *Agrobacterium* en medio AB con los anticuerpos apropiados y se cultivó durante 3 días a 28 °C. Después, las bacterias se recogieron y se suspendieron en medio de co-cultivo líquido a una densidad (DO_{600}) de aproximadamente 1. Después, la suspensión se transfirió a una placa de Petri y los callos se sumergieron en la suspensión durante 15 minutos. Después, los tejidos de callo se secaron por transferencia en un papel de filtro y se transfirieron a medio de co-cultivo solidificado y se incubaron durante 3 días en la oscuridad a 25 °C. Los callos co-cultivados crecieron sobre un medio que contenía 2,4-D durante 4 semanas en la oscuridad a 28 °C en presencia de un agente de selección. Durante este periodo, rápidamente se desarrollaron islas de callos resistentes a crecimiento. Después de la transferencia de este material a un medio de regeneración e incubación a la luz, el potencial embriogénico se liberó y se desarrollaron brotes las siguientes cuatro a cinco semanas. Los brotes se extirparon de los callos y se incubaron durante 2 a 3 semanas en un medio que contenía auxina desde el cual se transfirieron al suelo. Los brotes endurecidos se cultivaron a alta humedad y en días cortos en un invernadero.

Se generaron aproximadamente 35 transformantes de arroz T0 independientes para una construcción. Los transformantes primarios se transfirieron desde una cámara de cultivo tisular a un invernadero. Después de un análisis de PCR cuantitativa para verificar el número de copias del inserto de ADN-T, solo una única copia de plantas transgénicas que presentaban tolerancia al agente de selección, se guardaron para la cosecha de la semilla T1. Después, las semillas se cosecharon de tres a cinco meses después del trasplante. El procedimiento produjo transformantes de locus único a una tasa de aproximadamente 50 % (Aldemita y Hodges 1996, Chan y col. 1993, Hiei y col. 1994).

Transformación de maíz

La transformación de maíz (*Zea mays*) se realizó con una modificación del procedimiento descrito por Ishida y col. (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. La transformación es dependiente del genotipo en maíz y solo genotipos específicos son susceptibles a transformación y regeneración. Como progenitores, la línea endogámica A188 (Universidad de Minnesota) o híbridos con A188, son buenas fuentes de material donante para la transformación aunque también pueden usarse otros genotipos satisfactoriamente. Se cosecharon espigas de plantas de maíz aproximadamente 11 días después de la polinización (DDP) cuando la longitud del embrión inmaduro era de aproximadamente 1 a 1,2 mm. Los embriones inmaduros se co-cultivaron con *Agrobacterium tumefaciens* que contenía el vector de expresión y las plantas transgénicas se recuperaron a través de organogénesis. Los embriones cortados se cultivaron en medio de inducción de callo y después en medio de la regeneración de maíz, que contenía el agente de selección (por ejemplo imidazolinona, aunque pueden usarse diversos marcadores de selección). Las placas de Petri se incubaron a la luz a 25 °C durante 2-3 semanas, o hasta que se desarrollasen los brotes. Los brotes verdes se transfirieron desde cada embrión al medio de enraizamiento de maíz y se incubaron a 25 °C durante 2-3 semanas, hasta el desarrollo de las raíces. Los brotes enraizados se trasplantaron al suelo en el invernadero. Se produjeron semillas T1 de plantas que presentaban tolerancia al agente de selección y que contenían una sola copia del inserto de ADN-T.

Transformación de trigo

La transformación de trigo se realizó con el procedimiento descrito por Ishida y col. (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. Normalmente se utiliza la variedad de cultivo Bobwhite (disponible en CIMMYT, México) para la transformación. Embriones inmaduros se co-cultivaron con *Agrobacterium tumefaciens* que contenía el vector de expresión y las plantas transgénicas se recuperaron a través de organogénesis. Después de la incubación con *Agrobacterium*, los embriones se cultivaron *in vitro* en medio de inducción de callo, después en medio de regeneración que contiene el agente de selección (por ejemplo imidazolinona, aunque pueden utilizarse diversos marcadores de selección). Las placas de Petri se incubaron a la luz a 25 °C durante 2-3 semanas o hasta que se desarrollasen los brotes. Los brotes verdes se transfirieron desde cada embrión al medio de enraizamiento y se incubaron a 25 °C durante 2-3 semanas, hasta el desarrollo de las raíces. Los brotes enraizados se trasplantaron al suelo en el invernadero. Se produjeron semillas T1 de plantas que presentaban tolerancia al agente de selección y que contenían una sola copia del inserto de ADN-T.

Transformación de soja

La soja se transformó de acuerdo con una modificación del procedimiento descrito en el Texas A y M patente de Estados Unidos 5.164.310. Diversas variedades comerciales de soja son susceptibles a transformación mediante este procedimiento. La variedad de cultivo Jack (disponible en la fundación Illinois Seed) se utiliza normalmente para la transformación. Se esterilizaron semillas de soja para la siembra *in vitro*. El hipocotiledóneo, el radículo y un

cotiledón se extirparon de plántulas jóvenes de siete días de vida. El epicótilo y el cotiledón restantes se cultivaron adicionalmente para desarrollar nodos axilares. Estos nodos axilares se extirparon y se incubaron con *Agrobacterium tumefaciens* que contenía el vector de expresión. Después del tratamiento de co-cultivo, los explantes se lavaron y se transfirieron a medios de selección. Los brotes regenerados se extirparon y se colocaron en un medio de elongación de brote. Los brotes no mayores de 1 cm se colocaron en medio de enraizamiento hasta que se desarrollaron las raíces. Los brotes enraizados se trasplantaron al suelo en el invernadero. Se produjeron semillas T1 de plantas que presentaban tolerancia al agente de selección y que contenían una sola copia del inserto de ADN-T.

Transformación de colza/canola

Peciolos cotiledonarios e hipocótilos de plántulas jóvenes de 5-6 días de vida se utilizaron como explantes para el cultivo tisular y se transformaron de acuerdo con Babic y col. (1998, Plant Cell Rep 17: 183-188). La variedad de cultivo comercial Westar (Agriculture Canadá) es la variedad convencional usada para transformación, pero también pueden usarse otras variedades. Se esterilizaron semillas de canola en la superficie para la siembra *in vitro*. Explantes de peciolos cotiledonarios con el cotiledón unido se extirparon de las plántulas *in vitro* y se inocularon con *Agrobacterium* (que contenía el vector de expresión) sumergiendo el extremo cortado del explante del peciolo en la suspensión bacteriana. Después, los explantes se cultivaron durante 2 días en medio MSBAP-3 que contenía BAP 3 mg/l, sacarosa al 3 %, Fitagar al 0,7 % a 23 °C, 16 h de luz. Después de dos días de co-cultivo con *Agrobacterium*, los explantes de peciolos se transfirieron a medio MSBAP-3 que contenía BAP 3 mg/l, cefotaxima, carbenicilina o timentina (300 mg/l) durante 7 días y después se cultivaron en medio MSBAP-3 con cefotaxima, carbenicilina o timentina y agente de selección hasta la regeneración del brote. Cuando los brotes tenían una longitud de 5 - 10 mm, se cortaron y se transfirieron al medio de elongación de brote (MSBAP-0,5 que contenía BAP 0,5 mg/l). Los brotes de aproximadamente 2 cm de longitud se transfirieron al medio de enraizamiento (MS0) para la inducción de raíces. Los brotes enraizados trasplantaron al suelo en el invernadero. Se produjeron semillas T1 de plantas que presentaban tolerancia al agente de selección y que contenían una sola copia del inserto de ADN-T.

Transformación de alfalfa

Utilizando el procedimiento de (McKersie y col., 1999 Plant Physiol 119: 839-847) se transformó un clon de regeneración de alfalfa (*Medicago sativa*). La regeneración y transformación de la alfalfa es dependiente del genotipo y por lo tanto se requiere una planta regenerada. Se han descrito procedimientos para obtener plantas regeneradas. Por ejemplo, estas pueden seleccionarse de variedades de cultivo Rangelander (Agriculture Canadá) o de cualquier otra variedad comercial de alfalfa como describen Brown DCW y A Atanassov (1985. Plant Cell Tissue Organ Culture 4: 111-112). Como alternativa, se ha seleccionado la variedad RA3 (Universidad de Wisconsin) para su uso en cultivo tisular (Walker y col., 1978 Am J Bot 65: 654-659). Explantes de peciolos se co-cultivaron durante una noche con un cultivo de *Agrobacterium tumefaciens* C58C1 pMP90 (McKersie y col., 1999 Plant Physiol 119: 839-847) o LBA4404 que contenía el vector de expresión. Los explantes se co-cultivaron durante 3 días en la oscuridad en un medio de inducción SH que contenía Pro 288 mg/l, tioprolina 53 mg/l, K2SO4 4,35 g/l y acetosiringinona 100 µm. Los explantes se lavaron en medio Murashige-Skoog de fuerza media (Murashige y Skoog, 1962) y se sembraron en placas en el mismo medio de inducción SH con acetosiringinona pero con un agente de selección adecuado y un antibiótico adecuado para inhibir el crecimiento de *Agrobacterium*. Después de varias semanas, los embriones somáticos se transfirieron al medio de desarrollo BOi2Y que no contenía reguladores de crecimiento, sin antibióticos, y sacarosa 50 g/l. Posteriormente, los embriones somáticos germinaron en medio Murashige-Skoog de fuerza media. Las plántulas enraizadas se trasplantaron en macetas y se cultivaron en un invernadero. Se produjeron semillas T1 de plantas que presentaban tolerancia al agente de selección y que contenían una sola copia del inserto de ADN-T.

Transformación de algodón

La transformación de algodón (*Gossypium hirsutum* L.) se realizó usando *Agrobacterium tumefaciens* en explantes de hipocotiledóneos. Las variedades de cultivo comerciales tales como Coker 130 o Coker 312 (SeedCo, Lubbock, TX) son variedades estándar usadas para la transformación, pero también pueden usarse otras variedades. Las semillas se esterilizaron en la superficie y germinaron en la oscuridad. Los explantes de hipocotiledóneos se extirparon de las plántulas germinadas a longitudes de aproximadamente 1-1,5 cm. El explante hipocotiledóneo se sumergió en el inóculo de *Agrobacterium tumefaciens*, que contenía el vector de expresión, durante 5 minutos y después se co-cultivó durante aproximadamente 48 horas en MS +1,8 mg/l KNO3 + glucosa al 2 % a 24 °C en la oscuridad. Los explantes se transfirieron al mismo medio que contenía marcadores seleccionables apropiados de bacterias y plantas (renovados varias veces) hasta observar callos embriogénicos. Los callos se separaron y se subcultivaron hasta aparecer embriones somáticos. Las plántulas procedentes de los embriones somáticos maduraron en medio de enraizamiento hasta el desarrollo de las raíces. Los brotes enraizados se trasplantaron a macetas en el suelo en el invernadero. Se produjeron semillas T1 de plantas que presentaban tolerancia al agente de selección y que contenían una sola copia del inserto de ADN-T.

Ejemplo 7: procedimiento de evaluación fenotípica**68.1 Configuración de la Evaluación**

Se generaron aproximadamente 35 transformantes de arroz T0 independientes. Los transformantes primarios se transfirieron desde una cámara de cultivo tisular a un invernadero para siembra y cosecha de la semilla T1. Se conservaron siete acontecimientos, de los cuales la progenie T1 segregó 3:1 para la presencia/ausencia del transgén. Para cada uno de estos acontecimientos, se seleccionan aproximadamente 10 plántulas T1 que contenían el transgén (hetero y homocigotos) y aproximadamente 10 plántulas T1 que carecían del transgén (nulicigotos) supervisando la expresión con marcador visual. Las plantas transgénicas y los correspondientes nulicigotos se cultivaron a cada lado en posiciones aleatorias. Las condiciones en el invernadero eran días cortos (12 horas de luz), 28 °C con luz y 22 °C en oscuridad, y una humedad relativa del 70 %. Las plantas crecieron en condiciones de cero estrés y se les proporcionó agua a intervalos regulares para asegurar que el agua y los nutrientes no eran limitantes para satisfacer las necesidades de la planta para el crecimiento completo y desarrollo.

Adicionalmente se evaluaron cuatro acontecimientos T1 en la generación T2 siguiendo el mismo procedimiento de evaluación que el de la generación T1 pero con más individuos por acontecimiento. Desde la etapa de siembra hasta la etapa de madurez las plantas pasaron varias veces a través de una cabina de formación de imágenes digital. En cada punto de tiempo se tomaron imágenes digitales (2048x1536 píxeles, 16 millones de colores) de cada planta desde al menos 6 ángulos diferentes.

Detección de sequía

Se cultivaron plantas de semillas T2 en suelo de maceta en condiciones normales hasta que alcanzaron la etapa de encabezamiento. Después se transfirieron a una sección “seca” donde se mantenía el riego. Se insertaron sondas de humedad en macetas seleccionadas al azar para supervisar el contenido hídrico del suelo (CHS). Cuando el CHS estaba por debajo de determinados umbrales, las plantas volvieron a regarse automáticamente de manera continua hasta que de nuevo alcanzaron un nivel normal. Después las plantas se volvieron a transferir a condiciones normales. El resto del cultivo (maduración de planta, cosecha de semilla) fue igual que para las plantas que no se cultivaron en condiciones de estrés abiótico. Los parámetros de cultivo y rendimiento se registraron como se detalla para el cultivo en condiciones normales.

Detección de la eficiencia del uso de nitrógeno

Se cultivaron plantas de arroz de semillas T2 en suelo de maceta en condiciones normales excepto para la solución de nutrientes. Las macetas se regaron desde el trasplante hasta la maduración con una solución de nutrientes específica que contenía un contenido de nitrógeno N (N) reducido, normalmente entre 7 a 8 veces menor. El resto del cultivo (maduración de planta, cosecha de semilla) es igual que para las plantas que no se cultivaron bajo estrés abiótico. Los parámetros de cultivo y rendimiento se registraron como se detalla para el cultivo en condiciones normales.

68.2 Análisis estadístico: ensayo F

Se utilizó un ANOVA (análisis de varianza) de dos factores como un modelo estadístico para la evaluación global de las características fenotípicas de la planta. Se realizó un ensayo F en todos los parámetros medidos de todas las plantas de todos los acontecimientos transformados con el gen de la presente invención. El ensayo F se realizó para verificar un efecto del gen sobre todos los acontecimientos de transformación y para verificar un efecto global del gen, también conocido efecto génico global. El umbral de significado de un efecto génico global verdadero se establece a un nivel de probabilidad de 5 % para el ensayo F. Un valor significativo del ensayo F para un efecto génico, significa que no solo la mera presencia o la posición del gen ocasionan las diferencias en el fenotipo.

Dado que se habían realizado dos experimentos con acontecimientos solapantes, se realizó un análisis combinado. Esto es útil para verificar la coherencia de los efectos sobre los dos experimentos, y si fuera este el caso, acumular pruebas de ambos experimentos para aumentar la confianza en la conclusión. El procedimiento utilizado fue una estrategia de modelo mixta que considera la estructura multinivel de los datos (es decir, experimento - acontecimiento - segregantes). Los valores de P se obtuvieron comparando el ensayo de relación de probabilidad con distribuciones de chi cuadrado.

68.3 Parámetros medidos**Medición de parámetros relacionados con biomasa**

Desde la etapa de siembra hasta la etapa de madurez las plantas pasaron varias veces a través de una cabina de formación de imágenes digital. En cada punto de tiempo se tomaron imágenes digitales (2048x1536 píxeles, 16 millones de colores) de cada planta desde al menos 6 ángulos diferentes.

El área por encima de la superficie de la planta (o biomasa foliar) se determinó contando el número total de píxeles en las imágenes digitales de las partes de la planta por encima de la superficie discriminadas del fondo. Este valor

- se promedió para las imágenes tomadas en el mismo momento de los diferentes ángulos y se convirtió a un valor de superficie física expresado en mm cuadrados por calibración. Los experimentos mostraron que el área de la planta por encima de la superficie medida de este modo se correlacionaba con la biomasa de las partes de la planta por encima de la superficie. El área por encima de la superficie es el área medida en el momento en el que la planta ha alcanzado su máxima biomasa foliar. El vigor temprano es el área por encima de la superficie de la planta (plántula) tres semanas después de la germinación. El aumento de la biomasa radicular se expresa como un incremento en la biomasa radicular total (medido como biomasa radicular máxima observada durante la vida útil de una planta); o como un aumento en el índice de raíz/brote (medido como la relación entre la masa radicular y la masa de brote en el período de crecimiento activo de raíces y brotes).
- 10 El vigor de emergencia se determinó contando el número total de píxeles de las partes de la planta por encima de la superficie discriminadas del fondo. Este valor se promedió para las imágenes tomadas en el mismo momento desde diferentes ángulos y se convirtió a un valor de superficie física expresado en mm cuadrados por calibración. Los resultados descritos a continuación son para plantas tres semanas después de la germinación.

Mediciones de parámetros relacionados con la semilla

- 15 Las panículas primarias maduras se cosecharon, se contaron, se metieron en bolsas, se etiquetaron con código de barras y después se secaron durante tres días en un horno a 37 ° C. Después, las panículas se trillaron y todas las semillas se recogieron y se contaron. Las vainas llenas se separaron de las vacías utilizando un dispositivo de soplado de aire. Las vainas vacías se desecharon y la fracción restante volvió a contarse. Las vainas llenas se pesaron en una balanza analítica. El número de semillas llenas se determinó contando el número de vainas llenas que quedaron después de la etapa de separación. El rendimiento total de la semilla se midió pesando todas las vainas cosechadas de una planta. El número total de semillas por planta se midió contando el número de vainas cosechadas de una planta. El peso de mil granos (PMG) se extrapoló del número de semillas llenas contadas y de su peso total. El índice de cosecha (IC) en la presente invención se define como la relación entre el rendimiento de semilla total y el área por encima de la superficie (mm²), multiplicado por un factor de 10⁶. El número total de flores por panícula como se define en la presente invención es la relación entre el número total de semillas y el número de panículas primarias maduras. La tasa de llenado de semilla, como se define en la presente invención, es la proporción (expresada en %) del número de semillas llenas sobre el número total de semillas (o floretes).

Ejemplo 8: Resultados de la evaluación fenotípica de las plantas transgénicas

- 30 En el presente documento se proporcionan los resultados de la evaluación de plantas de arroz transgénicas que expresan un ácido nucleico de SPL11 correspondiente a la construcción pGOS2::SPL11 y pWS118::SPL11 ya sea en condiciones de estrés por sequía o sin estrés. Se observó un aumento de al menos 5% para uno o más de los siguientes parámetros, vigor de emergencia (vigor temprano de las plántulas), rendimiento total de las semillas (peso de las semillas), la tasa de llenado de las semillas (tasa de carga de semilla), el número de semillas llenas, el número de flores (semillas) por panícula y el índice de cosecha, y de al menos 3% para el peso de mil granos (1000-semillas) en las plantas transgénicas en comparación con las plantas de control nulizigotas en al menos una de las condiciones de crecimiento.

LISTADO DE SECUENCIAS

- <110> BASF Plant Science GmbH
- 40 <120> Plantas que tienen rasgos potenciados relacionados con el rendimiento y un procedimiento de fabricación de las mismas
- <130> PF59065
- <150> EP 07107448.8
- <151> 03-05-2007
- <150> US 60/916575
- 45 <151> 08-05-2007
- <150> EP 07109052.6
- <151> 29-05-2007
- <150> EP 07109068.2
- <151> 29-05-2007
- 50 <150> US 60/942214

<151> 06-06-2007
 <150> EP 07109961.8
 <151> 11-06-2007
 <150> US 60/937989
 5 <151> 29-06-2007
 <150> EP 07110548.0
 <151> 19-06-2007
 <150> EP 07110557.1
 <151> 19-06-2007
 10 <150> US 60/948036
 <151> 05-07-2007
 <160> 478
 <170> PatentIn versión 3.3
 <210> 1
 15 <211> 753
 <212> ADN
 <213> *Arabidopsis thaliana*
 <400> 1
 atgagctgca atggttgccg tgttctccgg aaaggttgca gcgagaattg tatcctccgg 60
 ccatgtattc aatggattga aaccgcgat gctcaaggcc acgccaccgt cttcgtcgct 120
 aaattcttcg gccgtgctgg tctcatgtcc tttatctccg ctgttccgga ttctcaacgt 180
 cctgctttgt ttcagtcggt gctctacgaa gcttgtggaa gaactgtcaa tccagttaac 240
 ggagcaatcg gaatggttatg gactggaaac tggaaatatct gtcaagcggc tgttgaaaca 300
 gtgcttcgcg gcggttcttt aagaccgatc ccggagcttc tcactcacgg cggcgggtttc 360
 gctggccttc cttgccttac atctgaagaa goatctgaga tctgcaccga aatgttgaat 420
 ctccagcaaa atgattccac cgatcgtaac atctatcatc attcacgatt ctcaagctct 480
 agatctagat ctactatgga ttcttcttct ccgacgaaac gtaagagatt atcatcgga 540
 gaccaaccat cttcggagct tgatctatct ctcatcccta attttcccat taagcaagca 600
 acaccttctt ctacacggcg gcgatcagta acaccgtcga tgaactcaga ggactccggg 660
 acgacgacga ctacgacggc gttttgtgac aagggtgatg tgtacggtaa cggaggagga 720
 20 gaaacgacca agttgcttaa cttttttgtt taa 753
 <210> 2
 <211> 250
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis thaliana*
 25 <400> 2

ES 2 539 530 T3

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

<210> 3

<211> 53

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> cebador: prm009067

<400> 3

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt aaacaatgag ctgcaatggt tgc 53

10 <210> 4

<211> 50

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> cebador: prm009068

<400> 4

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggta ctaactctga gaaaaccgcc 50

<210> 5

<211> 14

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

$\langle 220 \rangle$

<223> motivo conservado 1

5 <220>

<221> INCIERTO

<222> (8)..(8)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<220>

10 <221> INCIERTO

<222> (14)..(14)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<400> 5

Met Ser Cys Asn Gly Cys Arg Xaa Leu Arg Lys Gly Cys Xaa
1 5 10

15 <210> 6

<211> 14

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

$\langle 220 \rangle$

20 <223> motivo conservado 2

$\langle 220 \rangle$

<221> INCIERTO

<222> (2)..(3)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

25 <220>

<221> INCIERTO

<222> (6)..(6)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

$\langle 220 \rangle$

30 <221> INCIERTO

<222> (8)..(8)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

$\langle 220 \rangle$

<221> INCIERTO

35 $\langle 222 \rangle$ (12)..(12)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

ES 2 539 530 T3

<400> 6

	Gln	Xaa	Xaa	Ala	Thr	Xaa	Phe	Xaa	Ala	Lys	Phe	Xaa	Gly	Arg
	1				5					10				

<210> 7

<211> 10

5 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> motivo conservado 3

<220>

10 <221> INCIERTO

<222> (2)..(2)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<220>

<221> INCIERTO

15 <222> (6)..(6)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<220>

<221> INCIERTO

<222> (9)..(9)

20 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<400> 7

	Phe	Xaa	Ser	Leu	Leu	Xaa	Glu	Ala	Xaa	Gly
	1				5					10

<210> 8

<211> 5

25 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> firma DP(V/I)YG

<220>

30 <221> VARIANTE

<222> (3)..(3)

<223> /reemplazo = "Ile"

<400> 8

	Asp	Pro	Val	Tyr	Gly
	1				5

35 <210> 9

<211> 15
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 5 <223> motivo Cys conservado
 <220>
 <221> INCIERTO
 <222> (2)..(3)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural
 10 <220>
 <221> INCIERTO
 <222> (5)..(10)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural
 <220>
 15 <221> INCIERTO
 <222> (12)..(14)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural
 <400> 9
 Cys Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Cys
 1 5 10 15
 20 <210> 10
 <211> 2194
 <212> ADN
 <213> *Oryza sativa*
 <400> 10

ES 2 539 530 T3

aatccgaaaa	gtttctgcac	cgttttcacc	ccctaactaa	caatataggg	aacgtgtgct	60
aaatataaaa	tgagacotta	tatatgtagc	gctgataact	agaactatgc	aagaaaaact	120
catccaccta	cttttagtggc	aatcgggcta	aataaaaaag	agtcgctaca	ctagtttcgt	180
tttccttagt	aattaagtgg	gaaaatgaaa	tcattattgc	ttagaatata	cgttcacatc	240
tctgtcatga	agttaaatta	ttcgaggtag	ccataattgt	catcaaactc	ttcttgaata	300
aaaaaatctt	tctagctgaa	ctcaatgggt	aaagagagag	atTTTTTTta	aaaaaataga	360
atgaagatat	tctgaacgta	ttggcaaaga	tttaaacata	taattatata	atTTTTtagt	420
ttgtgcattc	gtcatatcgc	acatcattaa	ggacatgtct	tactccatcc	caatttttat	480
ttagtaatta	aagacaattg	acttattttt	attattttatc	ttttttcgat	tagatgcaag	540
gtacttacgc	acacactttg	tgctcatgtg	catgtgtgag	tgcacctcct	caatacacgt	600
tcaactagca	acacatctct	aatatcactc	gcctatTTaa	tacatttagg	tagcaatatc	660
tgaattcaag	cactccacca	tcaccagacc	acttttaata	atatctaaaa	tacaaaaaat	720
aatttttacag	aatagcatga	aaagtatgaa	acgaactatt	taggtttttc	acatacaaaa	780
aaaaaaaagaa	ttttgctcgt	gcgcgagcgc	caatctccca	tattgggcac	acaggcaaca	840
acagagtggc	tgcccacaga	acaacccaca	aaaaacgatg	atctaacgga	ggacagcaag	900
tccgcaacaa	ccttttaaca	gcaggcTTtg	cggccaggag	agaggaggag	aggcaaaaga	960
aaccaagcat	cctccttctc	ccatctataa	attcctcccc	ccttttcccc	tctctatata	1020
ggaggcatcc	aagccaagaa	gaggggagagc	accaaggaca	cgcgactagc	agaagccgag	1080
cgaccgcctt	ctcgatccat	atcttccggt	cgagtTcttg	gtcgatctct	tcctcctcc	1140
acctcctcct	cacagggtat	gtgcctccct	tcggttggtc	ttggatttat	tgttctaggt	1200
tgtgtagtac	gggcgttgat	gttaggaaag	gggatctgta	tctgtgatga	ttcctgttct	1260
tggatttggg	atagaggggt	tcttgatgtt	gcatgttata	ggttcggttt	gattagtagt	1320
atggttttca	atcgtctgga	gagctctatg	gaaatgaaat	ggtttaggga	tcggaatctt	1380
gcgattttgt	gagtaccttt	tgtttgaggt	aaaatcagag	caccgggtgat	tttgcttggt	1440
gtaataaagt	acggttggtt	ggtcctcgat	tctggtagtg	atgcttctcg	atttgacgaa	1500
gctatccttt	gtttattccc	tattgaacaa	aaataatcca	actttgaaga	cggTcccggt	1560
gatgagattg	aatgattgat	tcttaagcct	gtccaaaatt	tcgcagctgg	cttgtttaga	1620
tacagtatgc	cccatcacga	aattcatgga	aacagttata	atcctcagga	acaggggatt	1680
ccctgttctt	ccgatttgct	ttagtcccag	aatttttttt	cccaaatac	ttaaaaagtc	1740
actttctggg	tcagttcaat	gaattgattg	ctacaaataa	tgcttttata	gcgttatcct	1800
agctgtagtt	cagttaatag	gtaatacccc	tatagtttag	tcaggagaag	aacttatccg	1860
atctctgata	tccattttta	attatatgaa	atgaactgta	gcataagcag	tattcatTTg	1920
gattattttt	tttatttagct	ctcaccocct	cattattctg	agctgaaagt	ctggcatgaa	1980
ctgtcctcaa	ttttgttttc	aaattcacat	cgattatcta	tgcatatatc	tcttgtatct	2040
acctgtagaa	gtttcttttt	ggttattcct	tgactgcttg	attacagaaa	gaaatttatg	2100
aagctgtaat	cgggatagtt	atactgcttg	ttcttatgat	tcatttcctt	tgtgcagttc	2160
ttggtgtagc	ttgccacttt	caccagcaaa	gttc			2194

<210> 11

<211> 307

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 11

ES 2 539 530 T3

Met	Arg	Met	Ser	Cys	Asn	Gly	Cys	Arg	Val	Leu	Arg	Lys	Gly	Cys	Ser
1				5					10					15	
Asp	Asn	Cys	Ala	Ile	Arg	Pro	Cys	Leu	Gln	Trp	Ile	Arg	Ser	Pro	Asp
			20					25					30		
Ala	Gln	Ala	Asn	Ala	Thr	Val	Phe	Leu	Ala	Lys	Phe	Tyr	Gly	Arg	Ala
		35					40					45			
Gly	Leu	Ile	Asn	Leu	Ile	Thr	Ala	Gly	Pro	Glu	His	Val	Arg	Pro	Ala
	50					55					60				
Ile	Phe	Arg	Ser	Leu	Leu	Tyr	Glu	Ala	Cys	Gly	Arg	Met	Leu	Asn	Pro
65				70					75					80	
Val	Tyr	Gly	Ser	Val	Gly	Leu	Leu	Trp	Ser	Gly	Asn	Trp	Gln	Leu	Cys
				85					90					95	
Gln	Ser	Ala	Val	Glu	Ser	Val	Leu	Arg	Gly	Met	Pro	Ile	Ala	Gln	Pro
			100					105					110		
Pro	Pro	Ser	Ala	Thr	Ala	Val	Pro	Pro	Leu	Pro	Thr	Cys	Asp	Ile	Arg
		115					120					125			
His	Val	Gly	Ala	Arg	Arg	Gly	Asp	Val	His	Gly	Ala	Ala	Ala	Gly	Pro
	130					135					140				
Val	Ala	Asp	Leu	His	Arg	Leu	Asp	Ile	Ser	Ser	Arg	Ala	Lys	Phe	Lys
145				150					155					160	
Arg	Pro	Gly	Gly	Gly	Ala	Ala	Ala	Ala	His	Arg	Ser	Asp	His	Ala	Ala
				165					170					175	
Phe	Glu	Leu	Val	Phe	Ser	Lys	Pro	Ala	Ala	Ala	Met	Ala	Val	Asp	Val
			180					185					190		
Ile	Arg	Gln	Ala	Gln	Pro	Leu	Asn	Trp	Ala	Pro	Gly	Ala	Leu	Ser	His
		195					200					205			
Glu	Ser	Ala	Ser	His	Asp	Ala	Ala	Pro	Pro	Glu	Ser	Glu	Gly	His	Ser
	210				215					220					
Asn	Asp	Thr	Ala	Asp	Thr	Val	Asp	Gly	Ser	His	Val	Ser	Gln	Ser	Glu
225					230					235				240	
Pro	Glu	Pro	Arg	Ala	Thr	Ser	Ala	Ala	Thr	Glu	Val	His	Asp	Ala	Gly
				245					250					255	
Leu	Asp	Leu	Thr	Leu	Gly	Leu	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Val	Gln	Lys
			260				265						270		
Thr	Glu	Pro	Ala	Asp	Ser	Asp	Gly	Gly	Ser	Gln	Gln	Gln	His	Asp	His
		275					280					285			
Arg	Lys	Glu	Lys	Pro	Val	Glu	Leu	Gly	Leu	Ala	Ile	Ser	Thr	Lys	Val
	290					295					300				
Ala	Ala	Gln													
305															

<210> 12

<211> 330

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 12

Met 1	Arg	Met	Ser	Cys 5	Asn	Gly	Cys	Arg	Val 10	Leu	Arg	Lys	Gly	Cys 15	Ser
Glu	Gly	Cys	Thr 20	Ile	Arg	Pro	Cys	Leu 25	Gln	Trp	Ile	Lys	Thr 30	Pro	Glu
Ala	Gln	Ala 35	Asn	Ala	Thr	Val	Phe 40	Leu	Ala	Lys	Phe	Tyr 45	Gly	Arg	Ala
Gly	Leu 50	Leu	Asn	Leu	Leu	Ala 55	Ala	Gly	Pro	Asp	His 60	Leu	Arg	Pro	Ala
Val 65	Phe	Arg	Ser	Leu	Leu 70	Tyr	Glu	Ala	Cys	Gly 75	Arg	Ile	Val	Asn 80	Pro
Ile	Tyr	Gly	Ser 85	Val	Gly	Leu	Leu	Trp	Ser 90	Gly	Gln	Trp	Gln 95	Ala	Cys
Gln	Ala	Ala 100	Val	Glu	Ala	Val	Leu	Lys 105	Gly	Asp	Pro	Val 110	Val	Gln	Val
Ser	Ser	Glu 115	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Gln 120	Ala	Thr	Pro	Pro 125	Leu	Arg	Ala
Tyr	Asp 130	Ile	Arg	His	Val	Ser 135	Lys	Asp	Ala	Glu	Ala 140	Asp	Ala	Ala	Ala
Asn 145	Leu	Leu	Arg	Val 150	Ala	Arg	Gly	Gly	Arg 155	Thr	Arg	Phe	Lys	Arg	Ala 160
Ser	Ser	Ser	Ser 165	Asn	Ser	Lys	His	Gly	Ala 170	Lys	Leu	Ala	Gly 175	Ala	Ala
Ala	Ala	Lys	Arg 180	Ala	Ala	Ser	Pro	Ser 185	Ser	Ser	Ser	Pro	Thr 190	His	Glu
Thr	Glu	Pro	Glu	Ala	Val	Val	Val	Val	Gly	Asp	His	Asp	Asp	Asp	His
His	His 210	Pro	Ala	Leu	Ser	His 215	Glu	Val	His	Glu	Glu 220	Ser	Ala	Gly	Ser
His 225	Asp	His	Asp	Asp 230	Asp	Asp	His	Val	Asp 235	Asp	Gly	Asp	Asn	Asn	Asp 240
Met	Ala	Ile	Ala 245	Asp	Val	Thr	Pro	Pro	Arg 250	Ala	Gly	Ser	Glu	Asp 255	Thr
Glu	Val	Glu	Thr 260	Gly	Ser	His	Val	Ser 265	Gln	Ala	Glu	Gln	Ser 270	Pro	Val
Pro	Val 275	Glu	His	Glu	Glu	Gly	Glu	Glu 280	Glu	Glu	Val	Gly 285	Leu	Glu	Leu
Thr	Leu 290	Gly	Phe	Gln	Pro	Leu 295	Val	Val	Arg	Ala	Ser 300	Arg	Arg	Pro	Ser
Ser 305	Ala	Glu	Ala	Arg	Cys 310	Asp	Leu	Ser	Gly 315	Leu	Ser	Ala	Glu	Ser	Ser 320
Arg	Ile	Gly	Leu 325	Arg	Leu	Glu	Leu	Pro	Ala 330						

<210> 13

<211> 204

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 13

ES 2 539 530 T3

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

<210> 14

<211> 232

<212> PRT

5

<213> *Oryza sativa*

<400> 14

ES 2 539 530 T3

```

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

Val Leu Gln Ser Cys Glu Leu Asp Leu Cys Leu Thr Pro Val Ser Pro
      180      185      190
Pro Ala Val Gln Leu Val Gly Gly Gly Gly Ala Ser Asp Glu His
      195      200      205
Ser Thr Thr Thr Cys Glu Glu Ala Ser Asp Gly Asp Gly Ala Gly Ala
210      215      220
Pro Thr Leu Leu Asn Leu Phe Ser
225      230

```

<210> 15

<211> 226

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 15

```

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

```

ES 2 539 530 T3

```

145          150          155          160
Ala Ala Ala Ala Pro Gln Pro Glu Pro Ser Cys Asp Leu Gly Leu Trp
          165          170          175
Leu Ser Pro Gly Ser Pro Pro Ala Pro Gly Asp Arg Arg Ser Gly Gly
          180          185          190
Arg Arg Ala Asp Thr Pro Ser Met Asn Ser Glu Gly Ser Val Thr Thr
          195          200          205
Cys Gly Val Val Gly Asp Gly Glu Arg Glu Pro Glu Leu Leu Asn Leu
          210          215          220
Phe Val
225

```

<210> 16

<211> 224

<212> PRT

5 <213> *Nicotiana benthamiana*

<400> 16

```

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

```

<210> 17

<211> 230

<212> PRT

<213> Max glicina

<400> 17

10

ES 2 539 530 T3

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

<210> 18

<211> 240

5

<212> PRT

<213> Max glicina

<400> 18

ES 2 539 530 T3

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

<210> 19

<211> 222

<212> PRT

5 <213> *Hordeum vulgare*

<400> 19

```

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

```

<210> 20

<211> 235

<212> PRT

5

<213> *Sorghum bicolor*

<400> 20

```

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

```

ES 2 539 530 T3

				165					170					175			
Leu	Cys	Leu	Leu	Ser	Pro	Gly	Ser	Pro	Pro	Pro	Pro	Ala	Gly	Asp	Arg		
			180					185					190				
Arg	Ala	Pro	Phe	Met	Arg	Pro	Gly	Thr	Pro	Ser	Ile	Thr	Ser	Asp	Asp		
		195					200					205					
Asp	Ser	Val	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Gly	Gly	Gly	Gly		
	210					215					220						
Asp	Arg	Glu	Pro	Val	Leu	Leu	Asn	Leu	Phe	Ala							
225					230					235							

<210> 21

<211> 231

<212> PRT

5

<213> *Aquilegia* sp.

<400> 21

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

<210> 22

<211> 228

<212> PRT

10

<213> *Vitis vinifera*

<400> 22

ES 2 539 530 T3

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

<210> 23

<211> 237

5

<212> PRT

<213> *Lotus japonicus*

<400> 23

ES 2 539 530 T3

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

<210> 24

<211> 232

<212> PRT

5 <213> *Gossypium hirsutum*

<400> 24

ES 2 539 530 T3

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

<210> 25

<211> 287

<212> PRT

5

<213> *Triticum aestivum*

<400> 25

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

ES 2 539 530 T3

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

<210> 26

<211> 274

<212> PRT

5

<213> *Solanum tuberosum*

<400> 26

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

<210> 27

<211> 301

<212> PRT

<213> *Medicago truncatula*

<400> 27

Met	Arg	Met	Ser	Cys	Asn	Gly	Cys	Arg	Val	Leu	Arg	Lys	Gly	Cys	Ser	1	5	10	15
Glu	Asn	Cys	Ser	Ile	Arg	Pro	Cys	Leu	Gln	Trp	Ile	Lys	Ser	Pro	Glu	20	25	30	
Ser	Gln	Ala	Asn	Ala	Thr	Val	Phe	Leu	Ala	Lys	Phe	Tyr	Gly	Arg	Ala	35	40	45	
Gly	Leu	Met	Asn	Leu	Val	Asn	Ala	Gly	Pro	Glu	His	Leu	Arg	Pro	Ala	50	55	60	
Ile	Phe	Arg	Ser	Leu	Leu	Tyr	Glu	Ala	Cys	Gly	Arg	Ile	Val	Asn	Pro	65	70	75	80
Ile	Tyr	Gly	Ser	Val	Gly	Leu	Leu	Trp	Ser	Gly	Ser	Trp	Gln	Leu	Cys	85	90	95	
Gln	Ala	Ala	Val	Glu	Ala	Val	Leu	Lys	Gly	Ala	Pro	Ile	Thr	Pro	Ile	100	105	110	
Thr	Ser	Glu	Ala	Ala	Ala	Asn	Gly	Arg	Gly	Pro	Pro	Leu	Lys	Ala	Tyr	115	120	125	
Asp	Ile	Arg	His	Val	Ser	Lys	Glu	Glu	Asn	Ser	Ala	Ala	Ser	Thr	Glu	130	135	140	
Leu	Thr	Gln	Gln	Arg	Val	Lys	Pro	Arg	Ser	Arg	Lys	Arg	Ser	Ser	Leu	145	150	155	160
Ala	Lys	Leu	Lys	Ile	Gln	Glu	Glu	Glu	Lys	Ser	Ser	Asn	Asp	Asn	Lys	165	170	175	
Gly	Val	Glu	Ser	Gly	Ser	Thr	Glu	Pro	Thr	Gly	Ser	Val	Glu	Pro	Val	180	185	190	
Glu	Glu	Val	Met	Asn	Arg	Ser	Val	Ser	His	Glu	Ser	Ser	Ile	Ser	His	195	200	205	
Gln	Ser	Glu	Ala	Val	Ala	Val	Val	Asp	Gly	Glu	Ser	Lys	Asp	Ser	Glu	210	215	220	
Ser	Glu	Thr	Ser	Met	Ile	Leu	Phe	Arg	Asp	Glu	Pro	Glu	Leu	Asp	Arg	225	230	235	240
Lys	Met	Lys	Pro	Ala	Asp	Arg	Thr	Gly	Glu	Asn	Gly	Glu	Glu	Lys	Val	245	250	255	
Gly	Leu	Glu	Leu	Thr	Leu	Gly	Leu	Glu	Pro	Val	Ser	Arg	Val	Tyr	His	260	265	270	
Val	Val	Pro	Val	Lys	Lys	Arg	Arg	Val	Val	Leu	Lys	Asp	Cys	Gly	Val	275	280	285	
Gly	Ser	Trp	Asn	Val	Glu	Leu	Gly	Leu	Gln	Tyr	Pro	Ala				290	295	300	

<210> 28

<211> 302

<212> PRT

<213> *Hordeum vulgare*

<400> 28

ES 2 539 530 T3

Met	Arg	Leu	Ser	Cys	Asn	Gly	Cys	Arg	Val	Leu	Arg	Lys	Gly	Cys	Ser
1				5					10					15	
Glu	Asp	Cys	Ser	Ile	Arg	Pro	Cys	Leu	Gln	Trp	Ile	Lys	Ser	Pro	Glu
			20					25					30		
Ala	Gln	Ala	Asn	Ala	Thr	Val	Phe	Leu	Ala	Lys	Phe	Tyr	Gly	Arg	Ala
		35					40					45			
Gly	Leu	Met	Asn	Leu	Ile	Asn	Ala	Gly	Thr	Asp	Asp	Ser	Leu	Arg	Pro
	50					55					60				
Gly	Ile	Phe	Arg	Ser	Leu	Leu	Tyr	Glu	Ala	Cys	Gly	Arg	Ile	Val	Asn
65					70					75					80
Pro	Ile	Tyr	Gly	Ser	Val	Gly	Leu	Leu	Trp	Ser	Asn	Asn	Trp	Gln	Met
				85					90					95	
Cys	Gln	Ala	Ala	Val	Glu	Ala	Val	Leu	Ser	Gly	Lys	Pro	Ile	Val	Gln
			100					105					110		
Val	Ser	Ser	Glu	Asp	Ala	Ala	Ala	Asp	Arg	Thr	Pro	Pro	Leu	Lys	Ala
		115					120					125			
Tyr	Asp	Ile	Arg	His	Val	Ser	Thr	Ser	Pro	Ala	Ala	Asp	Gly	Arg	Leu
	130					135					140				
His	Lys	Val	Ala	Lys	Pro	Gly	Arg	Thr	Arg	Phe	Lys	Arg	Ala	Ser	Ser
145					150					155					160
Ala	Ser	Ser	His	His	Asn	Pro	Ser	Ser	Asp	Ser	Asn	Asn	Lys	Pro	Lys
			165						170					175	
Pro	Gln	Pro	Arg	Pro	Pro	Thr	Ala	Glu	Glu	Glu	Leu	Asp	Arg	Gln	His
			180					185					190		
Arg	Lys	Glu	Met	Glu	Glu	Gly	Ala	Phe	Gln	Arg	Ala	Pro	Ser	His	Glu
		195					200					205			
Ser	Ser	Asp	Ser	Arg	His	Glu	Asp	Pro	Val	Glu	Pro	His	Ser	Gln	Gln
	210					215					220				
Glu	Ala	Ser	Ala	Asp	Thr	Glu	Ala	Glu	Ala	Gly	Ser	His	Val	Ser	Gln
225					230					235					240
Ala	Glu	Gln	Glu	Gln	Glu	Gln	Ser	Thr	Glu	Pro	Ala	Ala	Asp	His	Ala
				245						250				255	
Glu	Glu	Val	Glu	Lys	Asp	Asp	Glu	Glu	Leu	Gly	Leu	Glu	Leu	Thr	Leu
			260					265					270		
Gly	Phe	Ala	Pro	Val	Ala	Ala	Arg	Pro	Ala	Gly	Cys	His	Leu	Ser	Val
		275					280					285			
Arg	Thr	Ala	Ala	Glu	Pro	Ala	Phe	Val	Gly	Leu	Arg	Phe	Leu		
	290					295						300			

<210> 29

<211> 253

5

<212> PRT

<213> *Vitis vinifera*

<400> 29

ES 2 539 530 T3

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

<210> 30

$\langle 211 \rangle$ 234

<212> PRT

5 <213> *Solanum tuberosum*

<400> 30

ES 2 539 530 T3

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

<210> 31

<211> 334

<212> PRT

5

<213> *Pinus taeda*

<400> 31

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

ES 2 539 530 T3

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

<210> 32

<211> 336

<212> PRT

5 <213> *Pinus taeda*

<400> 32

ES 2 539 530 T3

Met 1	Arg	Met	Ser	Cys 5	Asn	Gly	Cys	Arg	Val 10	Leu	Arg	Lys	Gly	Cys 15	Ser
Glu	Thr	Cys	Ile 20	Ile	Arg	Pro	Cys	Leu 25	Gln	Trp	Ile	Lys	Asn 30	Glu	Glu
Ser	Gln	Ala 35	Asn	Ala	Thr	Val	Phe 40	Leu	Ala	Lys	Phe	Tyr 45	Gly	Arg	Ala
Gly	Leu 50	Met	Asn	Leu	Ile	Ser 55	Ala	Gly	Pro	Glu	His 60	Leu	Arg	Pro	Ala
Ile 65	Phe	Lys	Ser	Leu	Leu 70	Tyr	Glu	Ala	Cys	Gly 75	Arg	Met	Val	Asn 80	Pro
Ile	Phe	Gly	Ser	Val 85	Gly	Leu	Leu	Cys	Ser 90	Gly	Asn	Trp	Gln 95	Leu	Cys
Gln	Ala	Ala 100	Val	Glu	Ser	Ile	Leu	Lys 105	Gly	Cys	Pro	Ile 110	His	Pro	Ile
Leu	Val	Asp 115	Ser	Ser	Gly	Thr	Gln	Met 120	Pro	Thr	Glu	Arg 125	Ser	Asn	Thr
Asn	Pro 130	Ser	Val	Arg	Ser	Thr 135	Leu	Met	Glu	Thr	Ile 140	Thr	Asn	Glu	Leu
His 145	Lys	Val	Lys	Thr 150	Lys	Gly	Arg	Phe	Lys	Arg 155	Arg	Lys	Ser	Thr 160	Val
Lys	Asp	Val	Ser	Leu 165	Asn	Asn	Ser	Asp	Ala 170	Glu	Asp	Leu	Gly 175	Ala	Ser
Gln	Val	Phe 180	Asn	Leu	Arg	Trp	Arg	Arg 185	Cys	Tyr	Pro	Gly 190	Glu	Ser	Gln
Thr	Pro 195	Ala	Leu	Glu	Gly	Ile	Pro 200	Asn	His	Leu	Val	Ser 205	Ser	Asp	Ser
Ser	Cys 210	Glu	Ser	Leu	Glu	His 215	Phe	Asp	Asp	Leu	Arg 220	Asn	His	Lys	Glu
Ala 225	Asp	Met	Glu	Gly 230	His	Met	Ser	Lys	Ala 235	Met	Asp	Met	Gly	Pro 240	Val
Asn	Ile	Lys	Cys	Cys 245	Ser	Asp	Gln	Asn	Asp 250	His	Lys	Ala	Thr 255	Met	Glu
Ser	Val	Pro	Glu 260	Val	Ser	Tyr	Thr	Gln 265	Ala	Pro	Asp	Leu 270	Glu	Asp	Met
Gln	Ala 275	Ile	Lys	His	Glu	Tyr	Glu 280	Ser	Ile	Ser	Ser	Asp 285	Val	Thr	Asp
Val	Lys 290	Leu	Glu	Leu	Thr	Leu 295	Ser	Ser	Gln	Gly	Ser 300	Ala	Thr	His	Ala
Ala 305	Glu	Lys	His	His 310	Thr	Asn	Leu	His	Trp	Asn 315	Ser	Cys	Met	Glu	His
Ser	Asp	Glu	Pro	Thr 325	Ile	Thr	Tyr	Leu	Gly 330	Leu	Gly	Leu	Thr 335	Gln	Ala

<210> 33

<211> 184

5

<212> PRT

<213> Max glicina

<400> 33

ES 2 539 530 T3

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

<210> 34

<211> 230

<212> PRT

5

<213> *Triticum aestivum*

<400> 34

Met	Ser	Cys	Asn	Gly	Cys	Arg	Val	Leu	Arg	Lys	Gly	Cys	Ser	Asp	Ala
1			5					10						15	
Cys	Val	Leu	Arg	Pro	Ser	Ile	Glu	Trp	Ile	Asp	Gly	Ala	Gln	Pro	Gln

ES 2 539 530 T3

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

<210> 35

<211> 290

<212> PRT

5 <213> *Aquilegia* sp.

<400> 35

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

ES 2 539 530 T3

		195						200				205					
Phe	Ser	Val	Glu	Thr	Val	Glu	Ala	Ser	Leu	Val	Asn	Arg	Ala	Asp	Pro		
	210					215					220						
Glu	Pro	Val	Pro	Lys	Phe	Asp	Asn	Phe	Asn	Gly	Ser	Asp	Ala	Asp	Asp		
225					230					235					240		
Asn	Asn	Asn	Asp	Asp	Val	Glu	Leu	Glu	Leu	Thr	Leu	Gly	Phe	Glu	Pro		
			245					250						255			
Ser	Arg	Arg	Glu	Lys	Ser	Met	Ser	Pro	Lys	Lys	Trp	Arg	Asp	Glu	Ile		
			260					265					270				
Asn	Asn	Ser	Tyr	Thr	Asp	Thr	Cys	Lys	Ile	Glu	Val	Gly	Ile	Asp	Tyr		
		275					280					285					
Ala	Val																
	290																

<210> 36

<211> 217

<212> PRT

5 <213> *Solanum tuberosum*

<400> 36

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

<210> 37

<211> 212

<212> PRT

10 <213> *Solanum tuberosum*

<400> 37

ES 2 539 530 T3

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

<210> 38

<211> 217

5

<212> PRT

<213> *Solanum tuberosum*

<400> 38

ES 2 539 530 T3

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

<210> 39

<211> 277

<212> PRT

5

<213> *Picea alba*

<400> 39

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

<210> 40

<211> 363

<212> PRT

5

<213> *Pinus taeda*

<400> 40

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

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

<210> 41

<211> 276

<212> PRT

5

<213> *Pinus taeda*

<400> 41

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

ES 2 539 530 T3

[illegible]

<210> 42

<211> 218

<212> PRT

<213> *Lycopersicon esculentum*

<400> 42

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

<210> 43

<211> 238

<212> PRT

<213> *Populus tremuloides*

<400> 43

ES 2 539 530 T3

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

<210> 44

<211> 242

5

<212> PRT

<213> *Populus tremuloides*

<400> 44

ES 2 539 530 T3

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

Phe Leu

<210> 45

<211> 208

5

<212> PRT

<213> *Populus tremuloides*

<400> 45

ES 2 539 530 T3

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

<210> 46

<211> 208

<212> PRT

5

<213> *Populus tremuloides*

<400> 46

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

<210> 47

<211> 296

<212> PRT

<213> *Populus tremuloides*

<400> 47

```

Met Arg Met Ser Cys Asn Gly Cys Arg Val Leu Arg Lys Gly Cys Ser
1      5      10      15
Glu Asn Cys Ser Ile Arg Pro Cys Leu Gln Trp Ile Lys Ser Ser Glu
20      25      30
Ser Gln Ala Asn Ala Thr Val Phe Leu Ala Lys Phe Tyr Gly Arg Ala
35      40      45
Gly Leu Met Asn Leu Ile Asn Ala Gly Pro Glu His Leu Arg Pro Ala
50      55      60
Ile Phe Arg Ser Leu Leu Tyr Glu Ala Cys Gly Arg Ile Val Asn Pro
65      70      75      80
Ile Tyr Gly Ser Val Gly Leu Met Trp Ser Gly Ser Trp Gln Leu Cys
85      90      95
Gln Ala Ala Val Glu Ala Val Leu Lys Gly Ala Pro Ile Thr Pro Ile
100     105     110
Asn Ser Glu Ala Ala Val Asn Gly His Gly Pro Pro Leu Lys Val Tyr
115     120     125
Asp Ile Arg His Val Ser Lys Glu Glu Asn Ser Ala Ala Ser Asn Asp
130     135     140
Ala Asn Arg Ala Arg Thr Arg Cys Arg Val Arg Arg Val Val Lys Pro
145     150     155     160
Lys Ala Ser Lys Arg Ala Cys Phe Gly Asn Gly Leu Ala Ser Ile Ala
165     170     175
Val Asp Thr Leu Ser Ala Arg Asp Glu Leu Thr Arg Cys Thr Ser His
180     185     190
Glu Ser Ser Val Ser His Gln Ser Glu Leu Ala Val Leu Asp Gly Asp
195     200     205
Ser Lys Glu Ser Asp Glu Ser Met Val Ser Val Glu Thr Ala Glu Ala
210     215     220
Ser Leu Leu Phe Pro Pro Asn Pro Glu Ser Lys Asn Asp Cys Lys Ala
225     230     235     240
His Asp Val Ala Ser Asn Gly Ile Ser Gly Leu Glu Leu Gly Leu Asp
245     250     255
Leu Thr Leu Gly Leu Glu Pro Val Ser Arg Ala His His Val Val Pro
260     265     270
Val Lys Lys Arg Arg Val Glu Ala Tyr Gly Ser Gly Asp Val Asp Thr
275     280     285
Cys Lys Met Glu Leu Arg Leu Glu
290     295

```

5

<210> 48

<211> 241

<212> PRT

<213> *Populus tremuloides*

<400> 48

```

Met Ser Cys Asn Gly Cys Arg Val Leu Arg Lys Gly Cys Asn Asp Asn
1      5      10      15

```

10

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

<210> 49

<211> 273

<212> PRT

5

<213> *Populus tremuloides*

<400> 49

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

Arg Ser Thr Ser Lys Arg Lys Pro Ser Arg Thr Glu Ala Glu His Thr
 195 200 205
 Cys Phe Glu Phe Met Ile Gly Phe Asp Gly Leu Arg Ser Val Ser Pro
 210 215 220
 Asp Ser Val Leu Ser Trp Arg Pro Ser Leu Gly Ser Asp Asn Glu Glu
 225 230 235 240
 Thr Asp Ser Ile Gly Ser Val Glu Thr Val Glu Ala Ser Lys Leu Asp
 245 250 255
 Glu Pro Ala Glu Gly Ser Asp Leu Asp Leu Asp Leu Thr Leu Gly His
 260 265 270
 Tyr

<210> 50

<211> 231

<212> PRT

5 <213> *Caragana korshinskii*

<400> 50

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

225

230

<210> 51

<211> 264

<212> PRT

10 <213> *Brassica napus*

<400> 51

ES 2 539 530 T3

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

<210> 52

<211> 233

5

<212> PRT

<213> *Medicago truncatula*

<400> 52

ES 2 539 530 T3

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

<210> 53

<211> 278

<212> PRT

5 <213> *Medicago truncatula*

<400> 53

ES 2 539 530 T3

```

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

```

<210> 54

<211> 247

<212> PRT

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 54

```

Met Ser Cys Asn Gly Cys Arg Val Leu Arg Lys Gly Cys Ser Glu Asn
1      5      10      15
Cys Ile Leu Arg Pro Cys Ile Gln Trp Ile Glu Ser Pro Glu Ala Gln
      20      25      30

```

ES 2 539 530 T3

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

<210> 55

<211> 240

<212> PRT

5

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 55

ES 2 539 530 T3

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

<210> 56

<211> 233

5

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 56

ES 2 539 530 T3

```

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

```

<210> 57

<211> 263

<212> PRT

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 57

```

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

```

ES 2 539 530 T3

[illegible]

<210> 58

<211> 233

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 58

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

<210> 59

<211> 924

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 59

atgcgatga	gctgcaacgg	gtgcccgtg	ctgcgcaagg	ggtgcagcga	caactgcgcc	60
atccgcccct	gcctgcagt	gattcgacgc	cccgatgcgc	aggccaacgc	caccgtcttc	120
ctcgccaagt	tctacggccg	cgccggcctc	atcaacctca	tcaccgccc	ccccgagcac	180
gtccgtcctg	ccatattccg	gtcgctgctg	tacgaggctt	gcgggcggat	gctgaaccgg	240
gtgtacggat	ccgtcggcct	cctctggtcg	gggaactggc	agctttgcca	gtccgcccgc	300
gagtcgctcc	tccgcggcat	gcccacgcgc	cagccgcgcg	cgccgcgcac	cgccgtgccc	360
ccgctcccca	cctgcgacat	ccgccacgtc	ggcgccagga	gaggcgacgt	ccatggcgcc	420
gcgccgggco	cggttgccga	cctccaccgg	cttgacatca	gctcgcgcgc	caagtccaag	480
aggcccggcg	gcggcgccgc	cgccgcccac	aggccgcacc	atgccgcctt	cgagctcgct	540
ttctccaagc	ccgcccggcg	catggccgtc	gatgtgataa	ggcaggcgca	gcccgtcaac	600
tggggcgccc	ggcgcgctcag	ccacgagtcg	gcgagccacg	acgcccgcgc	gccggagagc	660
gagggccaca	gcaacgacac	ggccgacacc	gtggacggct	cccacgtcag	ccagtcggag	720
ccggagccga	gagcgacgtc	ggcgggcgacc	gaggtgcacg	acgcccgcct	agacctcaca	780
ttaggtctac	cgccgcggcc	gcccgcgggtg	caaaagaccg	agccggcgga	cagcgacggc	840
ggcagccagg	agcaacacga	tcacgggaag	gagaagccgg	tggagctcgg	cttggcgatc	900
tcaactaaag	tagcagctca	atga				924

5

<210> 60

<211> 993

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 60

atgcgatga	gttgcaacgg	ttgcccgggtg	ctgcgcaagg	gatgcagcga	agggtgcacc	60
atccgtccgt	gcctgcagt	gatcaagacc	cccgaggcgc	aggccaacgc	caccgtcttc	120
ctcgccaagt	tctacggccg	cgccgggctt	ctcaacctgc	tcgctgccgg	gcctgaccac	180
ctccgccccg	ccgtcttcgg	ctcgctcctc	tacgaggcct	gcggccgcgc	cgtcaaccgg	240
atctacggct	ccgtcggcct	gctctggtcg	ggccagtggc	aggcggtgcca	ggccgcgcgc	300
gaggccgtcc	tcaaggggcga	ccccgtcggt	caggtctcct	ctgaggccgc	cgccgcgcgc	360
caggccaccc	cgccgctcag	ggcctacgac	atccgccaacg	tctccaagga	cgccgagggc	420
gacgcccggc	ccaacctgct	ccgcgtcgcg	cgccgcccgc	gcacccgctt	caagcgcgcc	480
tcctccagct	ccaactccaa	gcacggcgcc	aagcttgccg	gagcagccgc	cgccaagcgc	540
gccgcgtccc	ccagcagcag	cagcccgcgc	cacgagacgg	agccggaggc	ggtggtcgct	600
gtcggtgacc	atgacgacga	ccaccaccac	cctgcgctga	gccacgaggt	ccacgaggag	660
tcggctggca	gccatgacca	cgacgacgac	gacctgtgtg	acgacggtga	caacaacgac	720
atggccatcg	ccgacgtgac	gcccgcgcgc	gcgggatcgg	aggataccga	ggtcgagacc	780
ggctcacacg	tgagccaggc	cgagcagagc	cccgctgcgg	tggagcacga	agagggggag	840

gaggaggagg	tcgggctgga	gctcacgctc	gggttccagc	cgctcgctcg	gcgcgcctcg	900
aggaggccct	cgctcgccga	ggcgccgctg	gacctagcgc	gcttgagcgc	ggagtcgagt	960
cgcacgggcc	tgccgctcga	gctgccagcg	tga			993

10

<210> 61

<211> 615

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 61

atgagctgca	acggttgccg	ggtgctgcgg	aaggggtgca	gtgacggctg	cgtgctgcgg	60
ccatgcctgc	agtggatcga	cgccgcccgc	gcgaggggcc	acgccaccgt	cttcgtcgcc	120
aagttcttct	gcgcgcggcg	actcctctcc	ttcatctccg	ctgtccccga	ggcgacgcga	180
cctgcgttgt	tccagtcgct	gctgtacgaa	gcagcggggc	gaaccatcaa	tccggtgcac	240
ggcgcggttg	gcctcctctg	gacgggggaa	tggccctctc	gccaggccgc	tgctgagacc	300
gtgctgcgtg	gaggcgccat	cgccctctct	ccggagctcg	gcggggcctg	cgccgcccgt	360
ggcggggacc	tctacggcgc	cgccaagcgc	aacggcggct	ggtctacctt	ctccactcgc	420

15

ES 2 539 530 T3

aagcgggtga	ggaaggccga	ggtacctgaa	gccccgtcgt	gcgacctagg	cctgtgcctc	480
agccccggct	ctccgcgcgc	ggtgggggag	aggaaaccag	cactgcggcc	ggggacgcgc	540
tcaatgagct	ccgatgagtc	cggcaccaca	accggaggcg	aaagggatcc	tgtgctgctc	600
aacctttttg	tctga					615

<210> 62

<211> 699

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<400> 62

atgagctgca	acgggtgccc	cgtgctgcgg	aaggggtgca	gcgacgcgtg	cgtgctgcgg	60
ccgagcatcg	agtggatcga	cgccgcgcag	ccgcaggcca	acgccaccgt	cttcgtcgcc	120
aagttcttcg	gccgcgcgcg	cctcgtcgcc	tccctcgccg	ccgtccctct	ccaccatcgt	180
ccagcgctgt	tccggctcgt	tctgtacgag	gcgtgcgggc	ggacgataaa	cccgggtgagc	240
ggcgccatcg	ggctcatgtg	gacgggcaac	tgggaacctc	gccaggccgc	cgccgacgcc	300
gtcctccgcg	gcgactccct	cgcgcgcctc	tgggcgtgc	cagccgcctt	caccgaccgc	360
gacatggccg	gcctctacgg	caacgtcgcc	gcgcgcgcgc	ggacctctc	ctcctcgccc	420
gacaacgaca	actcctccgc	ctccgcgcgc	ccccggagga	agcggcccag	gaataacggc	480
gccggcgccg	gcgtcggtca	gcagcagctg	ccgcacgcgc	tggctgcgtg	gtccagctcc	540
tgcgagctgg	acctctgcct	cacgcccgtc	tcaccgcgcg	ccgtgcagct	ggtgggtggg	600
ggcggcggcg	cgtcggacga	gcactcgacg	acgacgtgcg	aggaagccag	cgacggggat	660
ggcgccgggg	cgcccaacgt	gctgaacctc	ttcagctga			699

<210> 63

<211> 681

10 <212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 63

atgagctgca	acgggtgccc	cgtgctgcgg	aaggggtgca	gcgaggggtg	cgtggtgcgg	60
ccgtgcctgc	agtggatcga	cgccgcgcag	gcgcaggggc	acgccaccgt	gttcgtcgcc	120
aagttctttg	gccgcgcgcg	cctcatgtcc	ttctcaccg	ccgtccccga	gccgcagcgc	180
gcagcggtgt	tccagtcgct	gctgtacgag	gcggcgggga	ggacgatcaa	cccgggtggc	240
ggcgcggtcg	ggctgctctc	cgccggggagc	tggcacctct	gccaggccgc	ggtcgacacc	300
gtgctgcgcg	gcggaggcat	ccaaccgctg	ccggaccagg	tcgacgcgcg	cgccgcgggt	360
ggccgcgacg	tgttcgcctc	cacggcgagg	cgcgccatgg	gcgggtgctc	cacgttctcg	420
acggcgaaagc	ggtcgacgac	gacgacgacg	accaagaacc	ccggtactcc	gcatgacgcc	480
gcgcgcgcgc	cgccccagcc	ggaaccgtcg	tgcgacctcg	gcctgtggct	cagccccggc	540
tccccgcgcg	cgcccgggga	ccggcgatcc	ggcggcaggc	ggcccgacac	gccgtcgatg	600
aactccgagg	gatccgtcac	gacgtgcggc	gtcgtcgggc	acggcgagag	ggagcccagag	660
ctgctgaatc	tttttgtcta	g				681

<210> 64

15 <211> 1036

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 64

ES 2 539 530 T3

aaacattgaa	acactttgtc	ccactctctc	tctttctctt	tcttgtacca	aaagcttttt	60
gaatctccaa	gattatagca	aaaccaaaga	taaaatacta	acttaaaaag	atttctgaaa	120
ataatgagtt	gcaatggttg	togagttcta	cgaaaagggt	gcagtgagaa	ttgcatcctc	180
cgtccatgta	ttcaatggat	cgaatcacct	gaagctcaag	gccacgccac	cgtcttcgtc	240
gctaagttct	tggcccggtc	cggtttaaat	tctttcatct	ccgccgtacc	ggaatctcaa	300
tgccttgctt	tgtttcagtc	tttgctatac	gaagcttgtg	ggagaactgt	gaatccggtg	360
aacggagccg	tcgatttggt	gtggacgggg	aattggaatg	tttgtcaagc	ggcggttgag	420
acggtgcttc	gtggtgggtc	tttaaaacca	ataccggagc	ttcttaacgg	cgggtggattc	480
gccgggtttc	cgtctcctac	ttccgacgaa	gcttcggaga	tctgtacgga	aatgttgaat	540
ctacgaaaag	ctgatgattc	cggtgatcgg	aacattttatc	atcactgccg	attctcaagc	600
tctagatcta	gatcaagatc	aacagcttct	ccgccgaaac	ggaaacgatt	atcgtcggaa	660
caacaacctt	cgtcggagct	tgatctctct	cttatttcta	tttatccgat	taaaaccttg	720
ccgttttaagg	aagatacacc	gtcgaatgtac	tccggaggagt	ctgttaccac	ggtttcgttt	780
caaaacaaca	acgccgggtg	tccgtacgta	cgtcgcggcg	gaggaggagg	aggagcaacg	840
acaaagttgc	tcaatctctt	cgttgaaacg	gcgtcgtttt	tgttatgagg	gttaaaaatg	900
taatttcgag	taactttttg	ttgtggcctt	ttttggatta	atagccctta	atattttgtg	960
aaatgtagca	aattacgtga	tttatttctc	tctttaatta	tgagaaatta	tccaaagtaa	1020
tagagaataa	tgatat					1036

<210> 65

<211> 996

5

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 65

gttttttctt	tcctttcttc	aatcaaaacc	tatttgcattg	ctctcaaacc	cgaattaaat	60
cgacactttt	cagtttttgt	tttaacaagt	agagtttccc	aaaatatttg	atatattttc	120
ttttcaaatt	tccgaaaaga	aatgagttgc	aatggatgta	gagttcttcg	aaaagggttg	180
agtgaacat	gcatecttcg	tccttgcttc	caatggatcg	aatccgcgga	gtcacaaggc	240
cacgccaccg	tcttcgtcgc	taaattcttt	ggtcgtgctg	gtctcatgtc	tttcatctcc	300
tccgtacctg	aactccaacg	tcctgctttg	tttcagtcgt	tgttggttga	agcgtgtggg	360
agaacgggtg	atccggttaa	cggagcgggt	ggtatgttgt	ggaccaggaa	ctggcaogta	420
tgccaagcgg	cggttgagac	tgttcttcgc	ggcggaaact	tacgaccgat	atcagatctt	480
cttgaatctc	cgtcgttgat	gatctcctgt	gatgagttct	cagagatttg	gcacaaagac	540
gtttcaagaa	accaaaccga	ccattgtcgc	ttctccacct	ccagatccac	gacggagatg	600
aaagactctc	tggttaaacc	aaaacgattg	aagtcggatt	cggatcttga	tctccaagtg	660
aaccacgggt	taaccctaac	cgtccgggtc	gtaccgggtc	cttttcttcc	tcggtcgtcg	720
ttttgtaagg	tgggttaagg	tgatcgtccg	ggaagtccat	cggagggaatc	tgtaacgacg	780
tcgtgttggt	aaaatgggat	gagaggagat	aataaacaac	aaagaaacaa	aggagagaaa	840
aagttattga	acctttttgt	ttaaaaccga	cgaacgaaaa	caactcaaaga	ttttgaggct	900
ctctttttta	gggttttgag	tgggaatgga	tatttagtta	atgatttttc	tctatcgaga	960
aatatgataa	aattttgggg	aaaaaaaaaa	aaaaaa			996

<210> 66

10

<211> 804

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 66

ES 2 539 530 T3

ctcaaaaccca	aaacacatttt	tgtttttttgt	ttcccatcta	aaatgcgtat	gagttgtaac	60
ggatgtcgag	ttctacgaaa	aggctgcagt	gaaaactgta	gcataagacc	ttgtcttcaa	120
tggatcaaat	ccgctgaatc	tcaagccaac	gccaccgtct	tcctcgccaa	gttttatggc	180
cgtgcggggc	tcatgaacct	cctcaacacc	ggtcctgacc	acctccgtcc	tgcgatattt	240
agatcattgt	tgtacgaagc	atgcgggagg	attgtgaatc	cgatatacgg	atccgtgggg	300
ttattgtggt	caggaaactg	gcattctttgt	caagcggccg	ttgaggcagt	aatgagaggc	360
tcaccogtga	ctccgatcgc	atgcgacgca	gcggttactg	gtcaagcacc	tccttttaac	420
aacaagcttt	gcgacataag	acacgtgtca	agcagggacg	agaacgttaa	gagacggagc	480
cgtggtgcat	gcaaggaaga	gagaaacgtg	aggctcttga	gtcatgagtc	gtcactgagt	540
cacgagtcac	cgggtgtcttc	tgaggagacg	acgacggagg	aaccaaagac	ttggatcggg	600
cttgagctga	ctttgggggt	ggagccttta	gcacgtggaa	atcacgtggt	ggtaccgatg	660
aagaaaagaa	agttagagag	gtgtggcacg	tctgaggatg	aggacacgtg	taagattgag	720
cttggactgg	tgtgcagtga	gtgaatggtt	ctttttttgt	ggctggtctt	aattacaagt	780
tttgggtgtg	agtttttaggt	gtac				804

<210> 67

<211> 1217

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<400> 67

ctctctccgc	ttcccccaaa	aatccagggg	cttcttacac	gcacacaatc	ctttaaagct	60
atcgtctttc	ttatataatc	agtgaatctt	cattaacacc	tcacacaaaa	tctcagaaat	120
aactttcaca	acagagtcaa	agagttccaa	atcgtttgtt	tgtattttgt	acgatcaaag	180
ttgttggtac	ttgtaagata	atcgaaacca	aagatgcgga	tgagctgtaa	tggatgcaga	240
gttcttcgga	aaggggtgtg	tgaggattgt	agtataaggc	cgtgtttggc	ttggatcaaa	300
tcgcctgaag	cgcaagctaa	cgcaactgtc	tttctcgcca	agttctatgg	ccgtgctgga	360
ctcatgaacc	tcatcaacgc	cgggtcccaat	caccttcgtc	ctgggatttt	ccgatcgttg	420
ttgcacgaag	cttgtgggag	gattgtgaat	ccgatctatg	gttcgggtggg	tttgttgtgg	480
tcgggggaatt	ggcagctttg	tcaagacgcc	gtggaggctg	tgatgaaagg	agaaccggtc	540
aaagagatcg	ccacagacgc	tgcgacgacg	ggccaaggtc	cgccctctta	gatctacgac	600
atccgacata	tctccaagga	tgataactct	gcgcgcgcgg	ctactggctc	aaccgatttg	660
aaacttgcca	aaactcgccg	tgctaagcgg	gtctccaccg	tcgcgataca	ggcggaatcg	720
gagggaaagt	ctgacgaggc	tagtcacgat	tcgtcgttga	gtcatcagtc	tgaaatagtg	780
gctgctcatg	aaggagagag	caaggaatcc	gagagcaatg	tctctgaggt	tttggcattc	840
tcgcctccgg	ctgtgaaggg	ctccggcgag	ataaagcttg	acctaacttt	aaggctcgaa	900
ccggtgtcac	gtgcgtatca	tgtggtacct	gttaagaaga	gaaggatcgg	cgtgtttggc	960
acgtgtcaga	aggagagcac	gtgtaagact	gagcttatgc	tctaagctcc	gttttagcta	1020
tactcagaag	ttttgcccc	atcagctcta	ttcggtcggg	ctctgatgat	cttcaagtcg	1080
agccggtaac	ttttttttta	tatatagttc	tctattttcc	cctttaatgt	tcactttcca	1140
tttgtgacaa	aagaatagag	tatatgtaca	aaattattta	cagagattaa	ttcaagaatt	1200
ggctgagata	ttatcta					1217

<210> 68

10 <211> 983

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 68

caaaagttga	aaaataaccag	ctcatttcaact	tatgactcat	gagtaacttc	ttccttataa	60
attcaaattg	ttcacaactt	ccttgagttc	catttccgaa	cacaaacaca	catcatacgt	120
atatttgtca	ctaataaaca	tataaaggaa	tatgagaatc	agctgcaacg	ggtgtagggg	180
tctacgcaaa	ggttgcaacc	aagattgcac	cattcgacca	tgccttcaat	ggatcaaate	240
cgcagactct	caagccaatg	ctacactctt	ccttgctaa	ttctacggtc	gagccgggtc	300
tcttaacctc	atcgaatccg	gtcctgatca	ccttcgtccc	gcaatattta	ggtcacttct	360
gtacgaggct	tgtggtcgga	togtgaaccc	tgtagatgg	tgggttgggt	tgatgtggtc	420
agggaaactgg	gtcagtgcc	aagcagctgt	tgacgccgtg	ctcaacgggt	tacccataac	480
tcacacacct	cttccaagt	catccgcgtc	gcaccagatc	attcctcccc	acaggactta	540
cgatatacgc	cacgtggcta	aagatccaac	aaccggcgcc	gacagttcgg	agaatctggc	600
cacacgtgta	aacgctaaca	agagcaagac	gcaaactggc	cgattcaaac	gtgaatccgt	660
gaaccaacta	ggtgaatgta	gtcatgacat	gtggcaactc	ccaagttcta	gtgctacgca	720
tggttatggc	cacttcacgt	tggagaatgt	ggagagccga	agggaaagctc	cattttaatca	780
aagttctcca	aatcttgggt	ttgatgatca	agtcgatatc	aacgaggttg	gcttagagct	840
cagacttgg	tagaaccaga	agattgcatt	attattatca	taattctgtc	tttttaatta	900
ataatttcac	tttctatata	aaaggagaaa	aaaaaactaa	agcaaataca	atttagtatt	960
attgtcaate	attaggttat	cat				983

<210> 69

<211> 925

<212> ADN

5 <213> *Linum usitatissimum*

<400> 69

gtctccaacc	cccaaact	caaaaaatta	tagaaaatta	ccagccgcgc	gaagcagagg	60
tgatcgagg	atgagctgca	acggttgcag	agtactgagg	aaaggatgtg	gagagaattg	120
cgtgctgagg	tcacccctcc	gatggattcc	cactcctcaa	gcacaaggca	acccactttg	180
ttctctgcc	aattcttcgg	ccgcagcgac	ctcctctcct	ttatctctcc	cgtccccgat	240
cctcaacgcc	ccgctctgtt	ccagtcgctg	ctatctgaag	cgtgtgggag	gacgggtgaac	300
ccggttaacg	gggcggtggg	gctgctgtgg	agccgcaatt	ggcacgtgtg	tcaggctgcg	360
gtcgagaccg	ttctcgccgg	aggatcactg	catccgcttc	cgggaattgc	ggcagggggt	420
gcccgcgcga	atttcgacga	gtcgatgac	agctgctccg	ccgccggaat	cgtgctaat	480
cagctccgcc	cggcgatttt	ggcgattact	ggcggaatc	ggaatctatc	atcgtcctcc	540
tccacctcgg	agtatcgacg	tcttcataat	gctgctctgg	tgggtgtgg	gaatgagagg	600
aggattaata	acagagatgc	gagggcgctg	ttttttgcgg	aggaatcgga	aacgacgaca	660
ttcgagagca	ccggcggcga	tcggaagaag	ctgctgaatc	tttttgtttg	agtagagagg	720
aggaaagaaa	aaagagaagc	cgagtttttg	tcggcaaagg	aaagaacaag	acttgaatgc	780
ggttactgga	atgtgaactg	tactttgggt	ttctgtgttt	tgtttcttat	gaactttata	840
tgataatata	tatacataag	agagagaaa	aaagaacgcc	ggaatgacag	tccggcgagt	900
tttgggggaa	aaaaaaaaaa	aaaaa				925

<210> 70

10 <211> 201

<212> PRT

<213> *Linum usitatissimum*

<400> 70

ES 2 539 530 T3

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

<210> 71

<211> 894

<212> ADN

5 <213> *Triticum aestivum*

<400> 71

atgcggctta	gctgcaacgg	ctgccgcgtg	ctgcggaagg	gctgcagcga	ggactgcage	60
atccgcccc	gcctgcagtg	gatcaagagc	cccgaggcgc	aggccaacgc	caccgtcttc	120
ctcgccaagt	tctacggccg	cgcggggctc	atgaacctca	tcaacgcccg	cacggacgac	180
agcctccgcc	cggcatctt	ccgctcgctc	ctctacgagg	cctgcggccg	gatcgtcaac	240
cccatctacg	gctccgtcgg	cctgctctgg	tccaacaact	ggcagatgtg	ccaggccgcc	300
gtcgaggccg	tctcagcgg	caagcccatc	gtccaggtct	cctccgagga	tgccgccgcc	360
gaccggacac	cgccgctcaa	ggcgtaacgac	atccgccacg	tctccacctc	gccagccgcc	420
gacgggaggc	tccacaaggt	cgccaagccg	ggtcgcaccc	gcttcaagcg	cgcgtctctc	480
gcctcgctcc	accacaaccc	gtccagcgac	tccaacaaca	agcccaagcc	caagccgcag	540
cctcagacgc	ggcgcccac	ggcgaggag	gagcgggatc	gtcaacaccg	caaggagatg	600
gaggaggggc	cgttccagcg	tgtccgagc	caogaatcct	ccgacagccg	acacgaggac	660
cccggtggagc	cacactgcca	gcaagaggcg	tccgcggaca	cggaggccga	ggcggggtcg	720
cacgtcagcc	aggcagagca	ggagcagagc	acagagccgg	ccgcagagca	cgcggaggag	780
gtcgaaaagg	aggacgaaga	actagggctc	gagctcacgc	ttggattcgc	tcccgtcgca	840
gcacggcctg	ccgaattcac	ctgaccgtcc	gaaccggggg	gagcggcttt	cgcg	894

<210> 72

<211> 1068

10 <212> ADN

<213> *Medicago truncatula*

<400> 72

```

atgagttgca atgggtgcoo agttcttcga aaagggttga gtgagtcgtg tatttttacga 60
ccttggtttgc aatggatcga aactccagaa gctcaaggcc acgctactgt tttcgttagca 120
aaattcttttg gtcgggctgg tctcatgtcc ttcatttcca acgtccctga accacagaga 180
ccagctctgt ttcagtctct actggttgaa gcggtgtgga gaacgggttaa ccctgtgaac 240
ggtgctgttg gacttctttg gactggaaac tggcacgtgt gtcaagcagc agttgagacg 300
gttcttcgco gtggcacgct aaggccttta cggagctga cacttctgga cgcgcctctc 360
actgccacgg atgaagcttc tgaggcgga gacggtggtg ctgatgctat gtggaagatc 420
cgagaaccga atttcgggtt ggcgagctca cgatctagca ataagggtgtg ttctggaagc 480
aaacggagga gatcggagga gtttgtcaag gttccggcgg cgattaatct tgatttacga 540
ttgacgccga tttttcaaca gaaggcgggt gaggaacgcc ggcattggttc gccgtcgatg 600
acgtcggagg aatcggtgac gacgacggcg tgtttggaga ctgggatttg agatcgggtg 660
agtcacgggt gtgatcggaa agttctcaac cttttcatat gaggattttc tgtatttgtg 720
ttgagcgtga ctctcacgco cegttaaagtt tttctgtttt gctcacaata ctcatgtgtg 780
tgaaaagagt aaaacgggtt tgtagttcgg tgaattttcg tgagttacog gtccaggatt 840
tctctagaga gaaagatgat ggttcgctgg tgattttttt ctttttgctg ctaaatatga 900
gatgtgtaaa cctgtaaccg tggaatatca aatattaaat caaattaaat aaatagtttt 960
ttttttttta atcatcgctg tttgaaattt agtagtagtt ggataaacat tcagttatta 1020
tagttcaatt tgaacttcat atattttaat catataaact caatatta 1068

```

<210> 73

<211> 1257

<212> ADN

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 73

```

atgtcaggag ctaccaccgc ttcttcogga gaccacaaca acctcogtct cccaactcog 60
acgcttgacg cgaatcgca aactctgctg caatcgattt ctgctgaagg gggttacgct 120
tatgctcgca tggcggtgtt agcggtggcc ggtgaccaa ggcggcgcg 180
gatatggctt gggagcaact tcaactctgt cegtggcact cggttctccc cgtttggcgc 240
gacgcttact caatggcttg tctccacgta gctaaaatcc atttcgcgc cggcgagttt 300
ggtgagcgco ttggtgcgct tgatatgggt cttatcatgg gaggtatgct tctccgcaag 360
gatcttcatg attctgtttt gttggtctcc tctgaagctc gtaagatgac gaagagtctt 420
gaagaagctt ctggagattt caaagggtgag agattggtcc cggaaagtcc cgtcgacgct 480
aatgaggtcc ttaagattct accttgacgg totttaactt gtaaaagagt agagaagagg 540
tctggtttat ctttgagggg gtttctgcgt gattattatc tgccaggtag accagttggt 600
ataaccaatt ctatggctca ttggccagcc aggaccaagt ggaatcactt ggactacctc 660
aatgctgttg ctggtaacgg caccgttccc gtggaggtgg ggaaaaacta tttgtgttct 720
gattggaagc aagagcttgt gacattttct aagttccttg aacggatgco gaccaataaa 780
tcgtctccaa tggagcctac ttatcttgcc cagcatcctt tgtttgatca gataaatgaa 840
ctgagagatg atatatgtat tcttgattac tgttttgtcg gtggtgggga actccaatca 900
cttaatgcat ggtttggccc ggctgggaca gttactccgt tacaccatga tccacatcat 960
aatatacttg ctcagggtgt tggcaagaag tatataaggo tttacccatc ctctctgcaa 1020
gacgaacttt acccttactc tgagacaatg ctctgcaact ctagtccagg tgatctagac 1080
aatatcgacg aaaccgagtt cccaaaggcc atggagttgg agtttatgga ttgtattcta 1140
gaagaagggtg aaatgttgta catccctccc aaatggtggc actatgtcag gtccttaaca 1200
atgagttctt cggttagctt ctggtggagc aatgaagcag aatcttctag ctgctag 1257

```

<210> 74

<211> 418

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 74

```

Met Ser Gly Ala Thr Thr Ala Ser Ser Gly Asp His Asn Asn Leu Arg
1           5           10           15

```

ES 2 539 530 T3

Leu Pro Thr Pro Thr Leu Asp Ala Glu Ser Gln Thr Leu Leu Gln Ser
 20 25 30
 Ile Ser Ala Glu Gly Gly Tyr Ala Tyr Ala Arg Met Ala Val Leu Ala
 35 40 45
 Val Ala Gly Asp Gln Ser Ala Ala Glu Ala Ala Arg Asp Met Ala Trp
 50 55 60
 Glu Gln Leu His Ser Gly Pro Trp His Ser Val Leu Pro Val Trp Arg
 65 70 75 80
 Asp Ala Tyr Ser Met Ala Cys Leu His Val Ala Lys Ile His Phe Ala
 85 90 95
 Ala Gly Glu Phe Gly Glu Ala Leu Gly Ala Leu Asp Met Gly Leu Ile
 100 105 110
 Met Gly Gly Met Leu Leu Arg Lys Asp Leu His Asp Ser Val Leu Leu
 115 120 125
 Val Ser Ser Glu Ala Arg Lys Met Thr Lys Ser Leu Glu Glu Ala Ser
 130 135 140
 Gly Asp Phe Lys Gly Glu Arg Leu Val Pro Glu Val Pro Val Asp Val
 145 150 155 160
 Asn Glu Val Leu Lys Ile Leu Pro Cys Arg Ser Leu Thr Cys Lys Arg
 165 170 175
 Val Glu Lys Arg Ser Gly Leu Ser Leu Glu Gly Phe Leu Arg Asp Tyr
 180 185 190
 Tyr Leu Pro Gly Thr Pro Val Val Ile Thr Asn Ser Met Ala His Trp
 195 200 205
 Pro Ala Arg Thr Lys Trp Asn His Leu Asp Tyr Leu Asn Ala Val Ala
 210 215 220
 Gly Asn Arg Thr Val Pro Val Glu Val Gly Lys Asn Tyr Leu Cys Ser
 225 230 235 240
 Asp Trp Lys Gln Glu Leu Val Thr Phe Ser Lys Phe Leu Glu Arg Met
 245 250 255
 Arg Thr Asn Lys Ser Ser Pro Met Glu Pro Thr Tyr Leu Ala Gln His
 260 265 270
 Pro Leu Phe Asp Gln Ile Asn Glu Leu Arg Asp Asp Ile Cys Ile Pro
 275 280 285
 Asp Tyr Cys Phe Val Gly Gly Glu Leu Gln Ser Leu Asn Ala Trp
 290 295 300
 Phe Gly Pro Ala Gly Thr Val Thr Pro Leu His His Asp Pro His His
 305 310 315 320
 Asn Ile Leu Ala Gln Val Val Gly Lys Lys Tyr Ile Arg Leu Tyr Pro
 325 330 335
 Ser Phe Leu Gln Asp Glu Leu Tyr Pro Tyr Ser Glu Thr Met Leu Cys
 340 345 350
 Asn Ser Ser Gln Val Asp Leu Asp Asn Ile Asp Glu Thr Glu Phe Pro
 355 360 365
 Lys Ala Met Glu Leu Glu Phe Met Asp Cys Ile Leu Glu Glu Gly Glu
 370 375 380
 Met Leu Tyr Ile Pro Pro Lys Trp Trp His Tyr Val Arg Ser Leu Thr
 385 390 395 400
 Met Ser Leu Ser Val Ser Phe Trp Trp Ser Asn Glu Ala Glu Ser Ser
 405 410 415
 Ser Ser

<210> 75

<211> 2194

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 75

aatccgaaaa gtttctgcac cgttttcacc ccctaactaa caatataggg aacgtgtgct 60

```

aaatataaaa tgagacctta tatatgtagc gctgataact agaactatgc aagaaaaaact 120
catccacctta ctttagtggt aatcgggcta aataaaaaaag agtcgctaca ctagtttcgt 180
tttccttagt aattaagtgg gaaaatgaaa tcattattgc ttagaatata cgttcacatc 240
tctgtcatga agttaaatga ttcgaggtag ccataattgt catcaaactc ttottgaata 300
aaaaaatcct tctagctgaa ctcaatgggt aaagagagag atttttttta aaaaaataga 360
atgaagatat tctgaacgta ttggcaaaga tttaaacata taattatata attttatagt 420
ttgtgcattc gtcataatgc acatcattaa ggacatgtct tactocatcc caatttttat 480
ttagtaatta aagacaattg acttattttt attattttat ttttttcgat tagatgcaag 540
gtacttacgc acacactttg tgctcatgtg catgtgtgag tgcacctcct caatacacgt 600
tcaactagca acacatctct aatatcactc gcctatttaa tacatttagg tagcaatata 660
tgaattcaag cactccacca tcaccagacc acttttaata atatctaaaa tacaaaaaat 720
aatttttacg aatagcatga aaagtatgaa acgaactatt taggtttttc acatacaaaa 780
aaaaaaaaga ttttgctcgt gcgcgagcgc caatctccca tattgggcac acaggcaaca 840
acagagtggt tgccacacaga acaaccaca aaaaacgatg atctaacgga ggacagcaag 900
tccgcaacaa ccttttaaca gcaggctttg cggccaggag agaggaggag agggcaagaa 960
aaccaagcat cctccttctc ccactataaa attcctcccc ccttttcccc tctctatata 1020
ggaggcatcc aagccaagaa gagggagagc accaaggaca cgcgactagc agaagccgag 1080
cgaccgcctt ctogatccat atcttcgggt cgagttcttg gtgatctct tccctcctcc 1140
acctcctcct cacagggtat gtgcctccct tgggtgttgc ttggatttat tgttctaggt 1200
tgtgtagtac gggcgttgat gttaggaaag gggatctgta tctgtgatga ttctgttct 1260
tggatttggg atagaggggt tcttgatgtt goatgttata ggttcgggtt gattagtagt 1320
atggttttca atcgtctgga gagctctatg gaaatgaaat ggtttaggga tcggaatctt 1380
gcgattttgt gagtaccttt tgtttgaggt aaaatcagag caccggtgat tttgcttggt 1440
gtaataaagt acggttggtt ggtcctcgat tctggtagtg atgcttctcg atttgacgaa 1500
gctatccttt gtttattccc tattgaacaa aaataatcca actttgaaga cgggtccggtt 1560
gatgagattg aatgattgat tcttaagcct gtccaaaatt tcgcagctgg cttgtttaga 1620
tacagtagtc cccatcacga aattcatgga aacagttata atcctcagga acaggggatt 1680
ccctgttctt ccgatttgct ttagtccag aatttttttt cccaaatata ttaaaaagtc 1740
actttctggt tcagttcaat gaattgattg ctacaaataa tgcttttata gcgttatcct 1800
agctgtagtt cagttaatag gtaatacccc tatagtttag tcaggagaag aacttatccg 1860
atttctgata tccattttta attatatgaa atgaactgta gcataagcag tattcatttg 1920
gattattttt tttattagct ctaccccctt cattattctg agctgaaagt ctggcatgaa 1980
ctgtcctcaa ttttgtttcc aaattcacat cgattatota tgcattatcc tcttgatct 2040
acctgtagaa gtttcttttt gggtattcct tgactgcttg attacagaaa gaaatttatg 2100
aagctgtaat cgggatagtt ataactgctt ttcttatgat tcatttcctt tgtgcagttc 2160
ttggtgtagc ttgccacttt caccagcaaa gttc 2194

```

<210> 76

<211> 54

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> cebador 1

<400> 76

ggggacaagt ttgtacaaa aagcaggctt aaacaatgtc aggagctacc accg 54

10 <210> 77

<211> 50

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> cebador 2

<400> 77

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggta aaataaatcc attcgtacg 50

<210> 78

<211> 152

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> dominio JMJ-C de SEC ID N°: 02

<400> 78

```

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

```

<210> 79

<211> 32

10 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> caja conservada en el dominio JMJ-C de SEC ID N°: 02

<400> 79

```

Cys Ile Leu Glu Glu Gly Glu Met Leu Tyr Ile Pro Pro Lys Trp Trp
1      5      10      15
His Tyr Val Arg Ser Leu Thr Met Ser Leu Ser Val Ser Phe Trp Trp
20      25      30

```

<210> 80

<211> 23

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

20 <220>

<223> dominio DUF335

<400> 80

```

Arg Lys Met Thr Lys Ser Leu Glu Glu Ala Ser Gly Asp Phe Lys Gly
1      5      10      15
Glu Arg Leu Val Pro Glu Val
20

```

<210> 81
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 5 <220>
 <223> motivo conservado
 <220>
 <221> INCIERTO
 <222> (11)..(11)
 10 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural
 <400> 81
 Ala Leu Asp Met Gly Leu Ile Met Gly Gly Xaa Leu Leu Arg Lys Asp
 1 5 10 15
 Leu
 <210> 82
 <211> 3
 15 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> secuencia consenso de unión a FE (II)
 <220>
 20 <221> INCIERTO
 <222> (2)..(2)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural
 <220>
 <221> VARIANTE
 25 <222> (3)..(3)
 <223> /reemplazo = "Val"
 <400> 82
 His Xaa Asp
 1
 <210> 83
 30 <211> 1290
 <212> ADN
 <213> *Arabidopsis thaliana*
 <400> 83

ES 2 539 530 T3

atgtcaggag	ctaccaccgc	ttcctccgga	gaccacaaca	acctccgtct	cccaactccg	60
acgcttgacg	ccgaatcgca	aactctgctg	caatcgattt	ctgctgaagg	gggttacgct	120
tatgctcgca	tggcggtggt	agcggtggcc	ggtagccaaa	gcgcggcgga	ggcgggcgct	180
gatatggctt	gggagcaact	tcactctggt	ccgtggcact	cggttctccc	cgtttggcgc	240
gacgcttact	caatggcttg	tctccacgta	gctaaaatcc	atttcgccgc	cggcgagttt	300
ggtagggcgc	ttggtgcgct	tgatatgggt	cttatcatgg	gaggtatgct	tctcgcgaag	360
gatcttcatg	attctgtttt	gttgggtctc	tctgaagctc	gtaagatgac	gaagagtctt	420
gaagaagctt	ctggagattt	caaagggtgag	agattgggtc	cgggaagttc	cgtcgacgtc	480
aatgaggtga	gacatgtttt	ggctaatacta	caattacttg	tctttaagat	tctaccttgc	540
aggtcttttaa	cttgtaaaaag	agtagagaag	aggtctggtt	tatcttttga	gggggtttctg	600
cgtgattatt	atctgccagg	tacaccagtt	gttataacca	attctatggc	tcattggcca	660
gccaggacca	agtggaatca	cttggactac	ctcaatgctg	ttgctggtaa	ccgcaccggt	720
cccggtggagg	tggggaaaaa	ctatttgtgt	tctgattgga	agcaagagct	tgtgacattt	780
tctaagttcc	ttgaacggat	gcggaccaat	aaatcgtctc	caatggagcc	tacttatctt	840
gccagcatc	ctttgtttga	tcagataaat	gaactgagag	atgatatatg	tattcctgat	900
tactgttttg	tcggtgggtg	ggaactccaa	tcacttaatg	catgggtttg	cccggttggg	960
acagttactc	cgttacacca	tgatccacat	cataatatac	ttgctcaggt	tggttgcaag	1020
aagtatatata	ggctttaccc	atccttctctg	caagacgaac	tttaccctta	ctctgagaca	1080

atgctctgca	actctagtca	ggttgatcta	gacaatatcg	acgaaaccga	gttcccaaaag	1140
gccatggagt	tggagtttat	ggattgtatt	ctagaagaag	gtgaaatgtt	gtacatccct	1200
cccaaagggt	ggcactatgt	caggtcctta	acaatgagtc	tctcggttag	cttctgggtg	1260
agcaatgaag	cagaatcttc	tagctcgtag				1290

<210> 84

<211> 429

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 84

ES 2 539 530 T3

Met	Ser	Gly	Ala	Thr	Thr	Ala	Ser	Ser	Gly	Asp	His	Asn	Asn	Leu	Arg
1				5					10					15	
Leu	Pro	Thr	Pro	Thr	Leu	Asp	Ala	Glu	Ser	Gln	Thr	Leu	Leu	Gln	Ser
			20					25						30	
Ile	Ser	Ala	Glu	Gly	Gly	Tyr	Ala	Tyr	Ala	Arg	Met	Ala	Val	Leu	Ala
		35					40					45			
Val	Ala	Gly	Asp	Gln	Ser	Ala	Ala	Glu	Ala	Ala	Arg	Asp	Met	Ala	Trp
	50					55					60				
Glu	Gln	Leu	His	Ser	Gly	Pro	Trp	His	Ser	Val	Leu	Pro	Val	Trp	Arg
65					70					75					80
Asp	Ala	Tyr	Ser	Met	Ala	Cys	Leu	His	Val	Ala	Lys	Ile	His	Phe	Ala
				85					90					95	
Ala	Gly	Glu	Phe	Gly	Glu	Ala	Leu	Gly	Ala	Leu	Asp	Met	Gly	Leu	Ile
			100					105					110		
Met	Gly	Gly	Met	Leu	Leu	Arg	Lys	Asp	Leu	His	Asp	Ser	Val	Leu	Leu
		115					120					125			
Val	Ser	Ser	Glu	Ala	Arg	Lys	Met	Thr	Lys	Ser	Leu	Glu	Glu	Ala	Ser
	130					135						140			
Gly	Asp	Phe	Lys	Gly	Glu	Arg	Leu	Val	Pro	Glu	Val	Pro	Val	Asp	Val
145					150					155					160
Asn	Glu	Val	Arg	His	Val	Leu	Ala	Asn	Leu	Gln	Leu	Leu	Val	Leu	Lys
				165					170					175	
Ile	Leu	Pro	Cys	Arg	Ser	Leu	Thr	Cys	Lys	Arg	Val	Glu	Lys	Arg	Ser
			180					185					190		
Gly	Leu	Ser	Leu	Glu	Gly	Phe	Leu	Arg	Asp	Tyr	Tyr	Leu	Pro	Gly	Thr
		195					200					205			
Pro	Val	Val	Ile	Thr	Asn	Ser	Met	Ala	His	Trp	Pro	Ala	Arg	Thr	Lys
	210					215						220			
Trp	Asn	His	Leu	Asp	Tyr	Leu	Asn	Ala	Val	Ala	Gly	Asn	Arg	Thr	Val
225				230						235					240
Pro	Val	Glu	Val	Gly	Lys	Asn	Tyr	Leu	Cys	Ser	Asp	Trp	Lys	Gln	Glu
				245					250					255	
Leu	Val	Thr	Phe	Ser	Lys	Phe	Leu	Glu	Arg	Met	Arg	Thr	Asn	Lys	Ser
			260					265					270		
Ser	Pro	Met	Glu	Pro	Thr	Tyr	Leu	Ala	Gln	His	Pro	Leu	Phe	Asp	Gln
		275					280					285			
Ile	Asn	Glu	Leu	Arg	Asp	Asp	Ile	Cys	Ile	Pro	Asp	Tyr	Cys	Phe	Val
	290					295					300				
Gly	Gly	Gly	Glu	Leu	Gln	Ser	Leu	Asn	Ala	Trp	Phe	Gly	Pro	Ala	Gly
305					310					315					320
Thr	Val	Thr	Pro	Leu	His	His	Asp	Pro	His	His	Asn	Ile	Leu	Ala	Gln
				325					330					335	
Val	Val	Gly	Lys	Lys	Tyr	Ile	Arg	Leu	Tyr	Pro	Ser	Phe	Leu	Gln	Asp
			340					345					350		
Glu	Leu	Tyr	Pro	Tyr	Ser	Glu	Thr	Met	Leu	Cys	Asn	Ser	Ser	Gln	Val
		355					360					365			
Asp	Leu	Asp	Asn	Ile	Asp	Glu	Thr	Glu	Phe	Pro	Lys	Ala	Met	Glu	Leu
	370					375					380				
Glu	Phe	Met	Asp	Cys	Ile	Leu	Glu	Glu	Gly	Glu	Met	Leu	Tyr	Ile	Pro
385					390					395					400
Pro	Lys	Trp	Trp	His	Tyr	Val	Arg	Ser	Leu	Thr	Met	Ser	Leu	Ser	Val
				405					410					415	
Ser	Phe	Trp	Trp	Ser	Asn	Glu	Ala	Glu	Ser	Ser	Ser	Ser			
			420					425							

<210> 85

<211> 1518

5

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 85

```

atgccgacgg gatgcgagtt tccgatgac aaaaccttcg agaatgctct tactgccgcc      60
gacttcgagt ctaccgtcga gctcaccac ttcccagcag tttttcgggg atgtgctagt      120
gtctgggatg cgtattctaa gtggaatcca ttcaacagtg gcctcgatta tctggaggaa      180
cgtgcagggt cagttgaagt ggaggcaatg ctttcgagga cggctccagt tttcaatggt      240
gatatcagaa gccatgagag ggtgtcattg cttttctcgg attttatcag attctgcaag      300
cagcatatga gaggcaaagg gaatggttct ggtgttgatg ctaagtctgc agatttaaatt      360
cctatgtgtg aggactatag acctggacaa atatacctag cacagtttcc aattctgaat      420
gatgagaaag aagagaagggt tctacttaag attctgagac aagatatcca gacgccaca      480
tttttagacg caaagtcact ttcttctatc aacttttgga tgaattctgc agaagctcga      540
tcaagtaccc actatgatcc acatcataac cttctatgog tagtctcagg gcgtaaaaaa      600
gttgatttgt ggcccccttc cgccagtcoc tgcgtctacc cgatgcctat atacggagaa      660
gcatcaaac accatgtcgg tggctctaga aatccaaatt tatcagatta tccaagagca      720
gagcattcac tgaagcagtc acaggagatt actcttaacg ctggtgatgc agtattcatt      780
cctgaagggt ggttccatca ggtggatagt gatgaactga ctggtgctgt caacttttgg      840
tggcaatcaa actatatgtc taacatgcct gaacacatgg attcgtatta tctgcgtcga      900
atcacaagaa gattgataga cagagaaatg agcctgttag tctcgaagcc ttcttcaact      960
gatttaaggc acctgtctga gcatattgac caatctcgca ttgagatggc agaaggtggg      1020
aatgataata taggcaatga aagcattaaa aagggcctca gcacattgca tgaaaaagcg      1080
tcgtgcacg atctagatcc ttctgcttcc caggcgcttc atgatcttat ttcttttagtc      1140
catgaccacg ttaatgctgt tgatacaaaa gatgatcgcg ttgccattt gctttggaat      1200
cttgaagcct ctagacttcg ggatgttctc cttgcaatgg cacgttattt cccaagaact      1260
ttagaagcat taatactcca catgctctca cccattgctg cggaagtctt aacacagaag      1320
tttgatgaga ttgaccaaca gactggtgaa gaagatagga ccagttctt tcgggaattt      1380
tatagtgcac tcgatgatga agcagctgog atggatataa ttttaagtag gaaagaggct      1440
tttgcatctc aggcatttaa gaatgtacta gacaagtttt tgggggtcaa cattgcttca      1500
ccaacaacaa acatttga

```

<210> 86

<211> 505

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 86

```

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

```

130		135		140
Glu Lys Val Leu Leu Lys Ile Leu Arg Gln Asp Ile Gln Thr Pro Thr				
145		150		155
Phe Leu Asp Ala Lys Ser Leu Ser Ser Ile Asn Phe Trp Met Asn Ser				
	165		170	175
Ala Glu Ala Arg Ser Ser Thr His Tyr Asp Pro His His Asn Leu Leu				
	180		185	190
Cys Val Val Ser Gly Arg Lys Lys Val Val Leu Trp Pro Pro Ser Ala				
	195		200	205
Ser Pro Ser Leu Tyr Pro Met Pro Ile Tyr Gly Glu Ala Ser Asn His				
	210		215	220
Ser Ser Val Gly Leu Glu Asn Pro Asn Leu Ser Asp Tyr Pro Arg Ala				
225		230		235
Glu His Ser Leu Lys Gln Ser Gln Glu Ile Thr Leu Asn Ala Gly Asp				
	245		250	255
Ala Val Phe Ile Pro Glu Gly Trp Phe His Gln Val Asp Ser Asp Glu				
	260		265	270
Leu Thr Val Ala Val Asn Phe Trp Trp Gln Ser Asn Tyr Met Ser Asn				
	275		280	285
Met Pro Glu His Met Asp Ser Tyr Tyr Leu Arg Arg Ile Thr Arg Arg				
	290		295	300
Leu Ile Asp Arg Glu Met Ser Leu Leu Val Ser Lys Pro Ser Ser Thr				
305		310		315
Asp Leu Arg His Leu Ser Glu His Ile Asp Gln Ser Arg Ile Glu Met				
	325		330	335
Ala Glu Gly Gly Asn Asp Asn Ile Gly Asn Glu Ser Ile Lys Lys Gly				
	340		345	350
Leu Ser Thr Leu His Glu Lys Ala Ser Leu His Asp Leu Asp Pro Ser				
	355		360	365
Ala Ser Gln Ala Leu His Asp Leu Ile Ser Leu Val His Asp His Val				
	370		375	380
Asn Ala Val Asp Thr Lys Asp Asp Arg Val Ala His Leu Leu Trp Asn				
385		390		395
Leu Glu Ala Ser Arg Leu Arg Asp Val Leu Leu Ala Met Ala Arg Tyr				
	405		410	415
Phe Pro Arg Thr Leu Glu Ala Leu Ile Leu His Met Leu Ser Pro Ile				
	420		425	430
Ala Ala Glu Val Leu Thr Gln Lys Phe Asp Glu Ile Asp Gln Gln Thr				
	435		440	445
Gly Glu Glu Asp Arg Thr Gln Phe Phe Arg Glu Phe Tyr Ser Ala Phe				
	450		455	460
Asp Asp Glu Ala Ala Ala Met Asp Ile Ile Leu Ser Arg Lys Glu Ala				
465		470		475
Phe Ala Phe Gln Ala Phe Lys Asn Val Leu Asp Lys Phe Leu Gly Val				
	485		490	495
Asn Ile Ala Ser Pro Thr Thr Asn Ile				
	500		505	

<210> 87

<211> 1038

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 87

atggcctaaag	agatagagaa	tttatggaga	gaagtggagag	aattgagctt	aggaactaaa	60
atcgatcggtt	ttgattctca	accgtctccg	gtgaagtttc	tccgaaacta	cgtgtctcag	120
agcaagcctt	gtgtaatctc	caaagctatt	actcattggc	cggcgttaaa	actctgggtca	180
gatccggctt	acctcaccgg	agctttgtca	gatgacgttg	tctcgctaca	tctcactcct	240
aacggctgcg	cagacgccgt	caccggagat	agtgatcttt	gtttcgcttc	ggctcatggt	300
gagaaagttc	tggtcccgga	ggctcttaag	gttggttcaat	cgctcggtaa	aggactgaag	360
gttggttatt	tgcaacagca	aaacgattgt	tttagaacgg	agtattcgac	ggttgcgtta	420

```

gactgacgacg gtgatattga gtgggctacg gaggcatttg gttgttcgcc ggaagctgtg 480
aaccttttga ttggtactga tgactccgtg acttcatttc ataaagatca ctatgagaat 540
ctttacgctg ttgtttcagg ggagaaacat ttccttcttc ttcctccgac tgatgttcac 600
cgtctctata tcgaacagta tccggcagct aattactott accaccgaga tactgatgcg 660
ttcaagcttg aggttgagga gccggtagg catgtacctt ggtctagtgt tgatccatac 720
ccttcgccag agaaggaagc aagcgagaga ttgaaatttc cgttggttctt tgatggcccg 780
aagccgtttc attgtactgt caaggctggc gaggttcttt acctgccaa catgtggttt 840
caccatgtta gtcaaaccac aggagatgga gggtatacca ttgcagtga ctattggtat 900
gacatgcagt ttgacatcaa gtatgcttat ttttaacttct tgcaatcttt attatacaag 960
tcattctcac tcaatccagt tctttcttgg agagaagacg aagattcaga atccagtgat 1020
gcagagattg ctccctga 1038

```

<210> 88

<211> 431

<212> PRT

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 88

```

Met Ala Lys Glu Ile Glu Asn Leu Trp Arg Glu Val Arg Glu Leu Ser
1      5      10      15
Leu Gly Thr Lys Ile Asp Arg Phe Asp Ser Gln Pro Ser Pro Val Lys
20      25      30
Phe Leu Arg Asn Tyr Val Ser Gln Ser Lys Pro Cys Val Ile Ser Lys
35      40      45
Ala Ile Thr His Trp Pro Ala Leu Lys Leu Trp Ser Asp Pro Ala Tyr
50      55      60
Leu Thr Gly Ala Leu Ser Asp Asp Val Val Ser Leu His Leu Thr Pro
65      70      75      80
Asn Gly Cys Ala Asp Ala Val Thr Gly Asp Ser Asp Leu Cys Phe Ala
85      90      95
Ser Ala His Val Glu Lys Val Leu Phe Pro Glu Ala Leu Lys Val Val
100      105      110
Gln Ser Ser Cys Lys Gly Leu Lys Val Gly Tyr Leu Gln Gln Gln Asn
115      120      125
Asp Cys Phe Arg Thr Glu Tyr Ser Thr Val Ala Leu Asp Cys Asp Gly
130      135      140
Asp Ile Glu Trp Ala Thr Glu Ala Phe Gly Cys Ser Pro Glu Ala Val
145      150      155      160
Asn Leu Trp Ile Gly Thr Asp Asp Ser Val Thr Ser Phe His Lys Asp
165      170      175
His Tyr Glu Asn Leu Tyr Ala Val Val Ser Gly Glu Lys His Phe Leu
180      185      190
Leu Leu Pro Pro Thr Asp Val His Arg Leu Tyr Ile Glu Gln Tyr Pro
195      200      205
Ala Ala Asn Tyr Ser Tyr His Arg Asp Thr Asp Ala Phe Lys Leu Glu
210      215      220
Val Glu Glu Pro Val Arg His Val Pro Trp Ser Ser Val Asp Pro Tyr
225      230      235      240
Pro Ser Pro Glu Lys Glu Ala Ser Glu Arg Leu Lys Phe Pro Leu Phe
245      250      255
Phe Asp Gly Pro Lys Pro Phe His Cys Thr Val Lys Ala Gly Glu Val
260      265      270
Leu Tyr Leu Pro Ser Met Trp Phe His His Val Ser Gln Thr Pro Gly
275      280      285
Asp Gly Gly Tyr Thr Ile Ala Val Asn Tyr Trp Tyr Asp Met Gln Phe
290      295      300
Asp Ile Lys Tyr Ala Tyr Phe Asn Phe Leu Gln Ser Leu Leu Tyr Lys
305      310      315      320
Ser Ser Ser Leu Asn Pro Val Leu Ser Trp Arg Glu Asp Glu Asp Ser
325      330      335
Glu Ser Ser Asp Ala Glu Gly Ser Lys Phe Thr Pro Ser Ala Thr Asn

```

ES 2 539 530 T3

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

<210> 89

<211> 1142

<212> ADN

5 <213> *Medicago truncatula*

<400> 89

atgaatgaga	agatagaaga	actatggaga	gaagtaacgag	aattaagtct	aggaagcaaa	60
agaagcatag	aacgttttaga	atcagcacca	acaccactcc	aattccatag	aaacttcate	120
actccaaaca	aaccttgcac	catctccaac	tccatctccc	attggccctc	cctctctctc	180
tgggtcccacc	cttcttacct	cactcaatcc	ctctcttcca	ccaccgtctc	cctccatctc	240
acccccaccg	gctccgcgca	ctctttaacc	cctctccccct	cttccccctc	ctccctctgc	300
ttcgccctctg	cccatgtcca	aaacctcccc	ttccccgaag	ccctccgtct	catcaactcc	360
tctaaccctt	cccaatgtgt	cgcttacgcg	cagcaacaga	acgatttgtt	tgtttcacag	420
tatgattcca	ttgttaaaga	ttgtgatcaa	catattgctt	gggctactga	agcatttggt	480
ttagagcctg	aagctgttaa	cttttggtat	ggaaacaaac	attcatctac	ttggtttcat	540
aaggatcatt	atgagaatct	ttatgtctgt	gttactggtc	aaaaacactt	tcttttgttt	600
cctcctactg	atgttcacgt	cttttatatt	cgggaattacc	ctgctgtctc	ttataaatat	660
tacatggaaa	ctggagagtt	tgattttgaa	cttgacaagc	caactaggtc	tgtgccttgg	720
tgtagtgtga	acctttttcc	ttctccggag	aacttgaggg	acgagatttc	aaagtttcc	780
ttatacttca	atggccctcc	accgtttgag	tgtactgtca	aggctgggga	gattctttac	840
ttgtatgatt	ctcttctttt	gcattgcac	atgccaagca	tgtggtttca	tcatgttaga	900
caaagtgggg	atgatggaga	attaactatt	gcagtaaatt	attggtatga	tatgcaattt	960
gacattaagt	atgcttattt	caacttttta	caatctattg	attaccgatc	tcctacgagt	1020
ccaatgatgc	ctgagaaatt	gtgtgaggag	atagattttg	gtcctgatga	cgatgagact	1080
agatgaatta	tcattttctca	gtcggtgata	ttcggcaatg	tggctcttcc	atcgaatgct	1140
ga						1142

$\langle 210 \rangle$ 90

<211> 361

10 <212> PRT

<213> *Medicago truncatula*

$\langle 400 \rangle$ 90

Met	Asn	Glu	Lys	Ile	Glu	Glu	Leu	Trp	Arg	Glu	Val	Arg	Glu	Leu	Ser	
1				5					10					15		
Leu	Gly	Ser	Lys	Arg	Ser	Ile	Glu	Arg	Leu	Glu	Ser	Ala	Pro	Thr	Pro	
			20					25					30			
Leu	Gln	Phe	His	Arg	Asn	Phe	Ile	Thr	Pro	Asn	Lys	Pro	Cys	Ile	Ile	
		35					40					45				
Ser	Asn	Ser	Ile	Ser	His	Trp	Pro	Ser	Leu	Ser	Leu	Trp	Ser	His	Pro	
	50					55					60					
Ser	Tyr	Leu	Thr	Gln	Ser	Leu	Ser	Ser	Thr	Thr	Val	Ser	Leu	His	Leu	
65				70						75					80	
Thr	Pro	Thr	Gly	Ser	Ala	Asp	Ser	Leu	Thr	Pro	Leu	Pro	Ser	Ser	Pro	
			85						90					95		
Ser	Ser	Leu	Cys	Phe	Ala	Ser	Ala	His	Val	Gln	Asn	Leu	Pro	Phe	Pro	
			100					105					110			
Glu	Ala	Leu	Arg	Leu	Ile	Asn	Ser	Ser	Asn	Pro	Ser	Gln	Cys	Val	Ala	
		115					120					125				
Tyr	Ala	Gln	Gln	Gln	Asn	Asp	Cys	Phe	Arg	Ser	Glu	Tyr	Asp	Ser	Ile	
	130					135					140					
Val	Lys	Asp	Cys	Asp	Gln	His	Ile	Ala	Trp	Ala	Thr	Glu	Ala	Phe	Gly	
145				150						155					160	
Leu	Glu	Pro	Glu	Ala	Val	Asn	Leu	Trp	Ile	Gly	Asn	Lys	His	Ser	Ser	
			165					170						175		
Thr	Trp	Phe	His	Lys	Asp	His	Tyr	Glu	Asn	Leu	Tyr	Ala	Val	Val	Thr	
			180					185					190			
Gly	Gln	Lys	His	Phe	Leu	Leu	Phe	Pro	Pro	Thr	Asp	Val	His	Arg	Phe	
		195					200					205				
Tyr	Ile	Arg	Asn	Tyr	Pro	Ala	Ala	Thr	Tyr	Lys	Tyr	Tyr	Met	Glu	Thr	
	210					215					220					
Gly	Glu	Phe	Asp	Leu	Glu	Leu	Asp	Lys	Pro	Thr	Arg	Tyr	Val	Pro	Trp	
225				230						235					240	
Cys	Ser	Val	Asn	Pro	Phe	Pro	Ser	Pro	Glu	Asn	Leu	Glu	Asp	Glu	Ile	
			245						250					255		
Ser	Lys	Phe	Pro	Leu	Tyr	Phe	Asn	Gly	Pro	Pro	Pro	Phe	Glu	Cys	Thr	
			260					265					270			
Val	Lys	Ala	Gly	Glu	Ile	Leu	Tyr	Leu	Tyr	Asp	Ser	Leu	Leu	Leu	His	
		275					280					285				
Cys	Ile	Met	Pro	Ser	Met	Trp	Phe	His	His	Val	Arg	Gln	Ser	Gly	Asp	
	290					295				300						
Asp	Gly	Glu	Leu	Thr	Ile	Ala	Val	Asn	Tyr	Trp	Tyr	Asp	Met	Gln	Phe	
305				310						315					320	
Asp	Ile	Lys	Tyr	Ala	Tyr	Phe	Asn	Phe	Leu	Gln	Ser	Ile	Asp	Tyr	Arg	
			325						330					335		
Ser	Pro	Thr	Ser	Pro	Met	Met	Pro	Glu	Lys	Leu	Cys	Glu	Glu	Ile	Asp	
			340					345					350			
Phe	Gly	Pro	Asp	Asp	Asp	Glu	Thr	Arg								
		355					360									

<210> 91

<211> 1071

5

<212> ADN

<213> *Brachypodium sylvaticum*

<400> 91

ES 2 539 530 T3

tcaatcggtc	ttctcctcaa	gatcaccttc	caaggcagca	tctttgttgt	ccagcggaga	60
attactgac	tccagtgacc	tcaggaagtt	aaagtaacga	tacttgatgt	caaactgcat	120
gtcataccag	taattcacag	caatggtgag	cccgttaggc	ccggggctct	ggctgacatg	180
gtgaaaccac	atgctcggca	agtagagcac	ctcgccagca	cggacggtgc	accgtatcgg	240
cctgggcccc	tcgaagtaga	gcgggaagga	tgagacctgc	gccgccatct	cctccggcga	300
cgaagggttc	gggtccacgc	tgctccacgg	cacgatcttc	tcgggctctt	ccatctccag	360
cttaagcccc	gtcagctcct	cctctccttc	gttctccttg	acgtagcggg	cggcggggtg	420
gtcgcgggac	tagaggcggg	ggtgctcggg	ggggggcaag	aggaggaaat	gcttctcgcc	480
ggagaggacg	gcgtagacgt	tgtcgtagtg	gtccttggtg	aaggagggtg	cggagcagga	540
gttgccgac	cagagggtga	cggcctccgg	gaggcagccg	agcgctcgc	tggcccaggg	600
cacgtgcgcg	tccaogtcgc	cggccaccgc	cgcgtactcc	ccgcgcaggg	agtcgtcctg	660
ctgctgcgcg	tacgccacca	ggccgccagc	ggccgcccg	tcggagcccc	tgatgagccg	720
cacggcggta	gggaagtcga	cccggcggac	gtgcgcggac	gcgaagcacc	tggcgcggg	780
gaggcacggg	tgaggggcga	gggcgtcggc	gcggccgtcg	ggggtgaggt	ggacggagac	840
gtcgggtggg	cggagcgcgt	cggtgaggta	ggattcggtg	ggccagaggg	aggcggcggg	900
ccagtggcgg	gtggcggcgg	cggagacgag	gagcgggcgg	cccggggaga	cgtggtcgcg	960
gaggaaggcg	agcgggggtc	ggggcaggtc	ggcgcgcggc	acggcctccg	gagagtggag	1020
accagcagg	tcccgtgatt	ccgccacag	ctcccgcacc	gcgcgctcca	t	1071

<210> 92

<211> 356

<212> PRT

5 <213> *Brachypodium sylvaticum*

<400> 92

ES 2 539 530 T3

Met Glu Arg Ala Val Arg Glu Leu Trp Ala Glu Ser Arg Asp Leu Leu
1 5 10 15
Gly Leu His Ser Pro Glu Ala Val Pro Arg Ala Asp Leu Pro Pro Thr
20 25 30
Pro Leu Ala Phe Leu Arg Asp His Val Ser Pro Gly Arg Pro Leu Leu
35 40 45
Val Ser Ala Ala Ala Thr Arg His Trp Pro Ala Ala Ser Leu Trp Pro
50 55 60
Thr Glu Ser Tyr Leu Thr Asp Ala Leu Arg Ser Thr Asp Val Ser Val
65 70 75 80
His Leu Thr Pro Asp Gly Arg Ala Asp Ala Leu Ala Pro His Pro Cys
85 90 95
Leu Pro Gly Ala Arg Cys Phe Ala Ser Ala His Val Arg Arg Val Asp
100 105 110
Phe Pro Thr Ala Val Arg Leu Ile Arg Gly Ser Asp Arg Ala Ala Ala
115 120 125
Gly Gly Leu Val Ala Tyr Ala Gln Gln Gln Asp Asp Cys Leu Arg Gly
130 135 140
Glu Tyr Ala Ala Val Ala Gly Asp Val Asp Ala His Val Pro Trp Ala
145 150 155 160
Ser Glu Ala Leu Gly Cys Leu Pro Glu Ala Val Asn Leu Trp Ile Gly
165 170 175
Asn Ser Cys Ser Val Thr Ser Phe His Lys Asp His Tyr Asp Asn Val
180 185 190
Tyr Ala Val Leu Ser Gly Glu Lys His Phe Leu Leu Leu Pro Pro Thr
195 200 205
Glu His Arg Leu Tyr Val Arg Asp Tyr Pro Ala Ala Arg Tyr Val
210 215 220
Thr Glu Asn Glu Gly Glu Glu Glu Leu Thr Gly Leu Lys Leu Glu Met
225 230 235 240
Glu Glu Pro Glu Arg Ile Val Pro Trp Ser Ser Val Asp Pro Asn Pro
245 250 255
Ser Ser Pro Glu Glu Met Ala Ala Gln Val Ser Ser Phe Pro Leu Tyr
260 265 270
Phe Glu Gly Pro Arg Pro Ile Arg Cys Thr Val Arg Ala Gly Glu Val
275 280 285
Leu Tyr Leu Pro Ser Met Trp Phe His His Val Ser Gln Ser Pro Gly
290 295 300
Pro Asn Gly Leu Thr Ile Ala Val Asn Tyr Trp Tyr Asp Met Gln Phe
305 310 315 320
Asp Ile Lys Tyr Ala Tyr Phe Asn Phe Leu Arg Ser Leu Glu Ile Ser
325 330 335
Asn Ser Pro Leu Asp Asn Lys Asp Ala Ala Leu Glu Gly Asp Leu Glu
340 345 350
Glu Lys Asn Asp
355

<210> 93

<211> 1080

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 93

atggagcgcg	cagtgcggga	gctgtgggcg	gagtcgcggg	acctgctggg	cctccactcc	60
ccggacgacg	ccgccgccgc	cgacgccgcg	atgccccgcg	ccgagatgcc	cccgcgcgcg	120
ctcgcgtttc	tccgcgacca	cgtctcgcgc	gggcgccttc	tcctcgtgtc	ctccgccgcc	180
accagccact	ggccggccgc	ctcgtctgtg	ccgaccgact	cctacctcac	cgacgcgctc	240
cgctccaccg	ccgtctcgtc	ccacctcacc	cccgacggcc	gcgcgcgacg	cctcgccccg	300
caccgcgcgc	cgagccaccc	cggcgcccaag	tgcttcgcct	ccgcgcacgt	ccgccaggtc	360

ES 2 539 530 T3

gacttcccca	ccgccgtgcg	cctcatccgg	agctccgate	cgccctccgg	cctggtggcc	420
tacgcgcagc	agcaggacga	ctgcctgcgc	ggggagtaag	ccgccgtcgc	cggcgacgtg	480
gacgcgcacg	tgccttgggc	cagcgacgcg	ctcggtgcc	tccccgaggc	cgtcaacctc	540
tggatcgga	gcgcctgctc	ccagacctcc	ttccacaagg	accactacga	caacatctac	600
gtcgtcgtct	ccggcgagaa	gcacttcctc	ctcttgcccc	ccaccgagca	ccaccgcctc	660
tacgtccgcg	actaccccg	cgccactac	gcgcggaag	atgaagcgga	gctgaggctt	720
aagctggagc	tggaggagcc	cgagaggatc	gtgccatgga	gcagcggtga	ccccctaccg	780
ccgtcgccgg	aggaggcggc	cgcgaggcg	tcattccttc	cgtctactt	cgaggggccc	840
aggccgatcc	gctgcacggt	gcgcgcgggc	gagatgctct	acttgccgag	catgtggttt	900
caccatgtga	gccagagccc	cgggccgaac	gggctcacca	ttgcagtga	ctactggtat	960
gacatgcagt	ttgacattaa	gtatgcctac	ttcaacttct	tgaggtcatt	ggagatcgat	1020

ggtagtctgt	cgaaaaagac	ggatgctttg	gaagacgata	tcgaggagac	gaatgattga	1080

<210> 94

<211> 354

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 94

ES 2 539 530 T3

Met	Glu	Arg	Ala	Val	Arg	Glu	Leu	Trp	Ala	Glu	Ser	Arg	Asp	Leu	Leu
1				5					10					15	
Gly	Leu	His	Ser	Pro	Asp	Asp	Ala	Ala	Ala	Ala	Asp	Ala	Ala	Met	Pro
			20				25						30		
Arg	Ala	Glu	Met	Pro	Pro	Thr	Pro	Leu	Ala	Phe	Leu	Arg	Asp	His	Val
		35					40					45			
Ser	Pro	Gly	Arg	Pro	Leu	Leu	Val	Ser	Ser	Ala	Ala	Thr	Ser	His	Trp
	50					55					60				
Pro	Ala	Ala	Ser	Leu	Trp	Pro	Thr	Asp	Ser	Tyr	Leu	Thr	Asp	Ala	Leu
65					70					75					80
Arg	Ser	Thr	Ala	Val	Ser	Leu	His	Leu	Thr	Pro	Asp	Gly	Arg	Ala	Asp
				85					90					95	
Ala	Leu	Ala	Pro	His	Pro	Arg	Pro	Ser	His	Pro	Gly	Ala	Lys	Cys	Phe
			100					105					110		
Ala	Ser	Ala	His	Val	Arg	Gln	Val	Asp	Phe	Pro	Thr	Ala	Val	Arg	Leu
		115					120					125			
Ile	Arg	Ser	Ser	Asp	Pro	Ala	Ser	Gly	Leu	Val	Ala	Tyr	Ala	Gln	Gln
	130					135					140				
Gln	Asp	Asp	Cys	Leu	Arg	Gly	Glu	Tyr	Ala	Ala	Val	Ala	Gly	Asp	Val
145					150					155					160
Asp	Ala	His	Val	Pro	Trp	Ala	Ser	Asp	Ala	Leu	Gly	Cys	Leu	Pro	Glu
				165					170					175	
Ala	Val	Asn	Leu	Trp	Ile	Gly	Ser	Ala	Cys	Ser	Gln	Thr	Ser	Phe	His
		180						185					190		
Lys	Asp	His	Tyr	Asp	Asn	Ile	Tyr	Val	Val	Val	Ser	Gly	Glu	Lys	His
		195					200					205			
Phe	Leu	Leu	Leu	Pro	Pro	Thr	Glu	His	His	Arg	Leu	Tyr	Val	Arg	Asp
	210					215					220				
Tyr	Pro	Ala	Ala	His	Tyr	Ala	Ala	Glu	Asp	Glu	Ala	Glu	Leu	Arg	Leu
225					230					235					240
Lys	Leu	Glu	Leu	Glu	Glu	Pro	Glu	Arg	Ile	Val	Pro	Trp	Ser	Ser	Val
				245					250					255	
Asp	Pro	Tyr	Pro	Pro	Ser	Pro	Glu	Glu	Ala	Ala	Ala	Gln	Ala	Ser	Ser
			260						265					270	
Phe	Pro	Leu	Tyr	Phe	Glu	Gly	Pro	Arg	Pro	Ile	Arg	Cys	Thr	Val	Arg
		275					280					285			
Ala	Gly	Glu	Met	Leu	Tyr	Leu	Pro	Ser	Met	Trp	Phe	His	His	Val	Ser
	290					295					300				
Gln	Ser	Pro	Gly	Pro	Asn	Gly	Leu	Thr	Ile	Ala	Val	Asn	Tyr	Trp	Tyr
305					310					315					320
Asp	Met	Gln	Phe	Asp	Ile	Lys	Tyr	Ala	Tyr	Phe	Asn	Phe	Leu	Arg	Ser

				325					330				335		
Leu	Glu	Ile	Asp	Gly	Ser	Ser	Ser	Lys	Lys	Thr	Asp	Ala	Leu	Glu	Asp
			340					345					350		
Asp	Leu														

<210> 95

<211> 3552

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 95

atggggacag	agctaatagag	aatctgtgtg	aaagaagata	gtgatgattt	gccatctgtt	60
cctcctgggt	ttgaatcata	tgcaactttt	accttaaaaa	gagtagtccc	tgctactact	120
tctgataaa	ccaagactcc	tgcaattgaa	agtgtttctg	caaccgaaca	agctaagatg	180
gaagttgaat	ctgatgaagc	caaagctgct	cgggctctac	gccgtagacc	ttggattaat	240
catagcggat	gtgatgatga	tgggtattgt	gctgcaaaaca	atgacaatgc	tgcatctcaa	300
aatcctgatc	aaaattgtga	tgtgaagcca	gctcttccaa	agggtgtggt	caggggatgt	360
gaagaatgta	aagattgtca	gaaggagttt	gaagacactt	taaattatat	cgctaaaata	420
agaccggagg	ctgaaaagta	tggaaatctgt	cgcattgttc	ctcctccttc	ctggaaaccg	480
ccgtgcccac	tgaagaaaaa	gcaagtatgg	gagggttcta	aatttacaac	acgtgtccaa	540
agagttgata	aacttcagaa	tcggagttca	atgaagaaga	tttcaaagct	tcctaataca	600
atgagaaaaga	agaaaagaaa	gtgcatgaaa	atgggaatgg	attctgtcac	taatggtatg	660
ggcgatccct	gttctgcaag	cactggaatg	aatgaacttg	agacgtttgg	gtttgaacct	720
ggctccaggt	tcacactaaa	agacttccaa	aaatatgctg	atgagttcaa	ggctcagtac	780
tttaaaaaga	gtgaaacttc	tacagacgat	aaatgtaaag	ttgataattc	aatagactgc	840
tgggagccag	cacttgagga	tgttgaaggt	gaatattggc	ggatagtaga	taaagcaact	900
gaagagatag	agggtgctata	tgggtgctgac	cttgaacttg	gggtatttgg	tagcggattc	960
cccaagatat	catcaagtca	caatgcttct	tcttcagaag	ataaatatgc	aaaatcaggc	1020
tggaaacttaa	ataactttcc	aaggcttccg	ggatccctcc	ttaagtacga	gggcagtgat	1080
atttcgggtg	tccttgtgcc	gtggctgtat	attggatgtg	gcttttcttc	ttctgattgg	1140
catgttgaag	atcaccactt	gtattcgttg	aattatatgc	actggggtgc	accgaatttg	1200
tggatgggtg	ttggggggaa	ggatgctgtt	aaactcgagg	aggcaatgag	gaagcatttg	1260
cctgaccttt	ttgaagaaca	gcctgactta	cttcataagc	tagttacaca	actctccccg	1320
tcaaaaactga	aaaccgcagg	agtacctgtg	caccgttgcg	tccagcatgc	tggagagttt	1380
gtcttgactt	ttcctcgggc	atatcatgct	ggatttaatt	ctggtttcaa	ctgtgctgaa	1440
gctgtgaatg	tagcaccctg	tgactgggta	cctcatgggc	agattgccat	agagttatac	1500
tgtcaaacagg	gtagaaaaac	gtccatctcg	catgataaat	tgttgcttgg	ggcagcaagg	1560
gaagtagtga	aagccgactg	ggagctgaac	ttactaagga	aaaatactgt	agataactta	1620
agggtgaaag	cattcagtg	gaaggatgga	attttggcaa	aaacattaaa	ggcacgcatt	1680
gacatggaac	gtacgagaag	agaatttctg	tgcaactctt	cacttgcatt	gaaaatgcac	1740
agtaatttctg	atgctaccaa	cgagagagag	tgtcttatat	gcttctttga	tttgcacctg	1800
tctgctgctg	gctgtcgttg	ttccccggag	aagtattcat	gtttgactca	tgtgaaggag	1860
ttgtgttcat	gtccatgggt	tactaaatat	tttctatttc	gctatgatat	cgtgaactg	1920
aattgttcttg	ttgagggcagt	ggaaggaaaa	ctgagtcttg	tatatagatg	ggcgctcaa	1980
gatttaggat	tggcattaag	tacagacgtc	tcagggaagca	agatggagat	agatgaagaa	2040
ggaaaagtcc	acaaggaccc	gactccacaa	acaactgcac	tttcagggaa	ggatttgacg	2100
ttgaaagtta	catcgaaaga	agtaagttaa	gagttagaaa	agactagtaa	attatctcat	2160
gttaattttac	ttctgaaaga	aaaggaggag	caaataacgt	caagtcactg	tatgaagcct	2220
gtcaaaagaag	aaactgtttg	tgattcttct	gatccaaacg	tttcagcttg	ccaaccatct	2280
gaaggaggca	taactgtgat	gacagctgtt	aagtccgcaa	gtggtaaaaa	gaattcacag	2340
agtctaccca	atgatgtgat	actcctcagc	gatgtagtgt	atgacatacc	taggaaaacga	2400
ggttctgtga	gaagagatgc	aatttcttct	ggcaagaaat	tagaaaatac	agagagaccg	2460
accacgcttt	tggcgtaga	agcttctgcc	aaaattgctg	ctccaatttg	ccaaagggaa	2520
ggagattcgc	tgcgtgatac	acgaaacact	atatcattgc	ctactaatga	ccaaaaaaca	2580
atgagaagg	atgtaccgag	ttctacttcg	cacgcggaag	ttaatgcgga	ggctactggg	2640
cttactcaag	atataatgta	cagaatggca	actaacagcc	acggtggtgg	aaaacctact	2700
agttgtaaat	ccaaaaactc	tggaggtttg	gctatagtgg	atgttgtgga	tgggacaaga	2760
agtagttcag	gtacaccgtc	ttgttcgcaa	aataatagtc	cggatagggt	catccgcca	2820
aagggtcccc	gcattgcaaa	ggctgtgagg	agaatcaatt	gcaatgtaga	gcctttaagt	2880
tatggatgtg	tgctgtctgg	aaaatcatgg	tgcagccggc	gagcaatttt	tcctaaagga	2940
tttcgtagcc	gggttaagta	cataaacatt	ttggatccaa	caaatatgtg	cttctacatt	3000
tcagaaattc	tggatgctgg	acgcaacagt	ccattgttca	tgggttactt	ggagagtaat	3060
cccagtgagg	tgttcgttca	tatgtcgcc	acaagatgct	gggagatgg	agagagagaga	3120
gtaaatcaag	agataactaa	gcagcaca	ctgtgga	agatcttcc	tcctttgcaa	3180
ccctctggga	gtcccgacgg	ttttgaaatg	tttggatatt	cgctaccgcg	aatcgtacag	3240
gctatcgaag	cattagacgt	gaatcgagtt	tgcacagact	attgggattc	caggccttat	3300
tcccggccac	aagttcagtt	ccctgcaaat	cctcttctca	gagaagccaa	cacaagtggc	3360
agatcgaatg	tgggaaatct	ccagctaaac	cctggacacc	atatatcgcc	tactggaata	3420
aattctattc	ttaaagtctt	gttcaagaaa	gctagcatgg	aggaactaag	ctcacttcaa	3480
gagggttttaa	gtgagactaa	ctcagatatg	gtgaccgaac	ttgtgaagga	agagatccag	3540
aaccgtcgct	ga					3552

<210> 96

<211> 1183

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 96

Met	Gly	Thr	Glu	Leu	Met	Arg	Ile	Cys	Val	Lys	Glu	Asp	Ser	Asp	Asp
1				5					10					15	
Leu	Pro	Ser	Val	Pro	Pro	Gly	Phe	Glu	Ser	Tyr	Ala	Thr	Phe	Thr	Leu
			20					25					30		
Lys	Arg	Val	Val	Pro	Ala	Thr	Thr	Ser	Asp	Lys	Ala	Lys	Thr	Pro	Ala
		35					40					45			
Ile	Glu	Ser	Val	Ser	Ala	Thr	Glu	Gln	Ala	Lys	Met	Glu	Val	Glu	Ser
	50					55					60				
Asp	Glu	Ala	Lys	Ala	Ala	Arg	Ala	Leu	Arg	Arg	Arg	Pro	Trp	Ile	Asn
65					70					75					80
His	Ser	Gly	Cys	Asp	Asp	Asp	Gly	Asp	Cys	Ala	Ala	Asn	Asn	Asp	Asn
			85						90					95	
Ala	Ala	Ser	Gln	Asn	Pro	Asp	Gln	Asn	Cys	Asp	Val	Lys	Pro	Ala	Leu
			100					105					110		
Pro	Lys	Gly	Val	Val	Arg	Gly	Cys	Glu	Glu	Cys	Lys	Asp	Cys	Gln	Lys
		115					120					125			
Glu	Phe	Glu	Asp	Thr	Leu	Asn	Tyr	Ile	Ala	Lys	Ile	Arg	Pro	Glu	Ala
	130					135					140				
Glu	Lys	Tyr	Gly	Ile	Cys	Arg	Ile	Val	Pro	Pro	Pro	Ser	Trp	Lys	Pro
145					150					155					160
Pro	Cys	Pro	Leu	Lys	Glu	Lys	Gln	Val	Trp	Glu	Gly	Ser	Lys	Phe	Thr
			165						170					175	
Thr	Arg	Val	Gln	Arg	Val	Asp	Lys	Leu	Gln	Asn	Arg	Ser	Ser	Met	Lys
			180					185					190		
Lys	Ile	Ser	Lys	Leu	Pro	Asn	Gln	Met	Arg	Lys	Lys	Lys	Arg	Lys	Cys
		195				200						205			
Met	Lys	Met	Gly	Met	Asp	Ser	Val	Thr	Asn	Gly	Met	Gly	Asp	Pro	Cys
	210					215					220				
Ser	Ala	Ser	Thr	Gly	Met	Asn	Glu	Leu	Glu	Thr	Phe	Gly	Phe	Glu	Pro
225					230					235					240
Gly	Pro	Gly	Phe	Thr	Leu	Lys	Asp	Phe	Gln	Lys	Tyr	Ala	Asp	Glu	Phe
			245						250					255	
Lys	Ala	Gln	Tyr	Phe	Lys	Lys	Ser	Glu	Thr	Ser	Thr	Asp	Asp	Lys	Cys
			260					265					270		
Lys	Val	Asp	Asn	Ser	Ile	Asp	Cys	Trp	Glu	Pro	Ala	Leu	Glu	Asp	Val
		275					280					285			
Glu	Gly	Glu	Tyr	Trp	Arg	Ile	Val	Asp	Lys	Ala	Thr	Glu	Glu	Ile	Glu
	290					295					300				
Val	Leu	Tyr	Gly	Ala	Asp	Leu	Glu	Thr	Gly	Val	Phe	Gly	Ser	Gly	Phe
305					310					315					320
Pro	Lys	Ile	Ser	Ser	Ser	His	Asn	Ala	Ser	Ser	Ser	Glu	Asp	Lys	Tyr
				325					330					335	
Ala	Lys	Ser	Gly	Trp	Asn	Leu	Asn	Asn	Phe	Pro	Arg	Leu	Pro	Gly	Ser

ES 2 539 530 T3

				340				345					350			
Leu	Leu	Lys	Tyr	Glu	Gly	Ser	Asp	Ile	Ser	Gly	Val	Leu	Val	Pro	Trp	
		355					360					365				
Leu	Tyr	Ile	Gly	Met	Cys	Phe	Ser	Ser	Phe	Cys	Trp	His	Val	Glu	Asp	
	370					375					380					
His	His	Leu	Tyr	Ser	Leu	Asn	Tyr	Met	His	Trp	Gly	Ala	Pro	Lys	Leu	
385					390					395					400	
Trp	Tyr	Gly	Val	Gly	Gly	Lys	Asp	Ala	Val	Lys	Leu	Glu	Glu	Ala	Met	
				405					410					415		
Arg	Lys	His	Leu	Pro	Asp	Leu	Phe	Glu	Glu	Gln	Pro	Asp	Leu	Leu	His	
			420					425					430			
Lys	Leu	Val	Thr	Gln	Leu	Ser	Pro	Ser	Lys	Leu	Lys	Thr	Ala	Gly	Val	
	435						440					445				
Pro	Val	His	Arg	Cys	Val	Gln	His	Ala	Gly	Glu	Phe	Val	Leu	Thr	Phe	
	450					455					460					
Pro	Arg	Ala	Tyr	His	Ala	Gly	Phe	Asn	Ser	Gly	Phe	Asn	Cys	Ala	Glu	
465					470					475					480	
Ala	Val	Asn	Val	Ala	Pro	Val	Asp	Trp	Leu	Pro	His	Gly	Gln	Ile	Ala	
			485						490					495		
Ile	Glu	Leu	Tyr	Cys	Gln	Gln	Gly	Arg	Lys	Thr	Ser	Ile	Ser	His	Asp	
			500				505						510			
Lys	Leu	Leu	Leu	Gly	Ala	Ala	Arg	Glu	Val	Val	Lys	Ala	Asp	Trp	Glu	
	515						520					525				
Leu	Asn	Leu	Leu	Arg	Lys	Asn	Thr	Val	Asp	Asn	Leu	Arg	Trp	Lys	Ala	
	530					535					540					
Phe	Ser	Ala	Lys	Asp	Gly	Ile	Leu	Ala	Lys	Thr	Leu	Lys	Ala	Arg	Ile	
545					550					555					560	
Asp	Met	Glu	Arg	Thr	Arg	Arg	Glu	Phe	Leu	Cys	Asn	Ser	Ser	Leu	Ala	
			565						570					575		
Leu	Lys	Met	His	Ser	Asn	Phe	Asp	Ala	Thr	Asn	Glu	Arg	Glu	Cys	Cys	
			580					585					590			
Ile	Cys	Phe	Phe	Asp	Leu	His	Leu	Ser	Ala	Ala	Gly	Cys	Arg	Cys	Ser	
	595						600					605				
Pro	Glu	Lys	Tyr	Ser	Cys	Leu	Thr	His	Val	Lys	Glu	Leu	Cys	Ser	Cys	
	610					615					620					
Pro	Trp	Val	Thr	Lys	Tyr	Phe	Leu	Phe	Arg	Tyr	Asp	Ile	Asp	Glu	Leu	
625					630					635					640	
Asn	Val	Leu	Val	Glu	Ala	Val	Glu	Gly	Lys	Leu	Ser	Ser	Val	Tyr	Arg	
			645						650					655		
Trp	Ala	Arg	Gln	Asp	Leu	Gly	Leu	Ala	Leu	Ser	Thr	Asp	Val	Ser	Gly	
			660					665					670			
Ser	Lys	Met	Glu	Ile	Asp	Glu	Glu	Gly	Lys	Val	His	Lys	Asp	Pro	Thr	
	675															

Ala Ala Pro Ile Cys Gln Arg Glu Gly Asp Ser Leu Arg Asp Thr Arg
 835 840 845
 Asn Thr Ile Ser Leu Pro Thr Asn Asp Gln Lys Thr Met Arg Arg Asp
 850 855 860
 Val Pro Ser Ser Thr Ser His Ala Glu Val Asn Ala Glu Ala Thr Gly
 865 870 875 880
 Leu Thr Gln Asp Ile Cys Asn Arg Met Ala Thr Asn Ser His Gly Gly
 885 890 895
 Gly Lys Pro Thr Ser Cys Lys Ser Lys Asn Ser Gly Gly Leu Ala Ile
 900 905 910
 Val Asp Val Val Asp Gly Thr Arg Ser Ser Ser Gly Thr Pro Ser Cys
 915 920 925
 Ser Gln Asn Asn Ser Pro Asp Arg Phe Ile Arg Gln Lys Gly Pro Arg
 930 935 940
 Ile Ala Lys Val Val Arg Arg Ile Asn Cys Asn Val Glu Pro Leu Ser
 945 950 955 960
 Tyr Gly Cys Val Leu Ser Gly Lys Ser Trp Cys Ser Arg Arg Ala Ile
 965 970 975
 Phe Pro Lys Gly Phe Arg Ser Arg Val Lys Tyr Ile Asn Ile Leu Asp
 980 985 990
 Pro Thr Asn Met Cys Phe Tyr Ile Ser Glu Ile Leu Asp Ala Gly Arg
 995 1000 1005
 Asn Ser Pro Leu Phe Met Val Tyr Leu Glu Ser Asn Pro Ser Glu
 1010 1015 1020
 Val Phe Val His Met Ser Pro Thr Arg Cys Trp Glu Met Val Arg
 1025 1030 1035
 Glu Arg Val Asn Gln Glu Ile Thr Lys Gln His Lys Ala Gly Lys
 1040 1045 1050
 Ser Asp Leu Pro Pro Leu Gln Pro Ser Gly Ser Pro Asp Gly Phe
 1055 1060 1065
 Glu Met Phe Gly Tyr Ser Ser Pro Ala Ile Val Gln Ala Ile Glu
 1070 1075 1080
 Ala Leu Asp Val Asn Arg Val Cys Thr Asp Tyr Trp Asp Ser Arg
 1085 1090 1095
 Pro Tyr Ser Arg Pro Gln Val Gln Phe Pro Ala Asn Pro Leu Leu
 1100 1105 1110
 Arg Glu Ala Asn Thr Ser Gly Arg Ser Asn Val Gly Asn Leu Gln
 1115 1120 1125
 Leu Asn Pro Gly His His Ile Ser Pro Thr Gly Ile Asn Ser Ile
 1130 1135 1140
 Leu Lys Val Leu Phe Lys Lys Ala Ser Met Glu Glu Leu Ser Ser
 1145 1150 1155
 Leu Gln Glu Val Leu Ser Glu Thr Asn Ser Asp Met Val Thr Glu
 1160 1165 1170
 Leu Val Lys Glu Glu Ile Gln Asn Arg Arg
 1175 1180

<210> 97

<211> 2793

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 97

atgaatgcta	atgagcaaac	tcgatccgcc	aatggcattg	gcaatggcaa	tggtgagtct	60
attcccggga	ttccagatga	cttacggtgc	aagagatcgg	atggtaaaca	gtggagatgc	120
actgcaatgt	ccatggctga	taagactgtt	tgtgagaagc	actacatcca	agcaaagaag	180
cgggcggtta	attctgcttt	cagggcgaac	cagaagaaag	cgaaaaggcg	atcatcggtta	240
ggcgaaacag	atacgtattc	ggaaggggaag	atggatgatt	tcgagttacc	agtcaccagc	300
attgaccact	ataataacgg	tcttgccctc	gcttccaaga	gtaatggtag	actagagaag	360
agacataata	aaagcctgat	gcggtactcg	cccagagacac	cgatgatgag	gagtttctct	420
ccacgtgttg	cagtggtatt	gaatgatgac	ttgggtagag	atgttgtaat	gtttgaagag	480

```

ggctacagat cttataggac accaccatct gttgctgtta tggatccgac acgaaacaga 540
tcacaccaaa gcaccagtc tttggaatac tcagcagcaa gcacagatgt gtctgcagag 600
tcttttgggg aaatctgcca tcaatgccag agaaaagata gagagagaat catttcttgc 660
ctcaaagtga atcaaagagc cttctgccac aattgtctat cggcaaggta ctccgagata 720
tcacttgaag aagtcgagaa agtttgccct gcatgtcgtg gcttgtgtga ttgcaaactc 780
tgcctgcgtt cagataatac aataaaggtt cggatccggg aaatacccg tttggacaag 840
ttgcagatct tttatcgtct attatcagct gtcctaccag tcataaagca gatccatctt 900
gaacaatgta tggaaagtga actagagaag aggtctcgtg aagttgagat tgatcttgtc 960
agggcaagat tgaaagcaga tgagcagatg tgctgcaacg tgtgtcggat accagttgtt 1020
gactactacc gtcactgtcc gaactgctca tatgaccttt gcctgagatg ctgtcaagat 1080
ctacgggaag agtcttcagt gacgattagt gggactaacc aaaacgtaca agatagaaaa 1140
ggagctcccc aactaaaact aaacttttca tacaagtttc ctgagtggga agccaacggt 1200
gtagggagca tcccttgccc tcctaaggag tatggaggct gcggttcaca tttcttgaa 1260
cttgcccgc ttttcaagat gaattgggtt gcaaagcttg tgaaaaatgc tgaggagatt 1320
gttagtggtt gcaaattatc tgatcttctg aaccttgata tgtgtgattc aagattctgc 1380
aaatttgctg agagagaaga gagcgggtgac aactacgtgt acagcccgtc gcttgaaacg 1440
attaaaactg atggagtagc taagtttgag caacaatggg cagaggggtc gcttggtact 1500
gtgaaaatgg tacttgatga ctcatcttgc tctagatgg atcctgagac tatttggagg 1560
gatatagacg agctttcggg cgagaaactg agagaacatg atccattctt gaaggccatt 1620
aattgcttgg atggtttaga ggttgatgta agacttgggg agtttacaag agcatataaa 1680
gatggaaaga accaagagac aggtcttccg ctatttggtg agttaaagga ctggccgagc 1740
ccaagtgtct ccgaggagtt cattttctac caaagacctg agtttatcag aagtttccg 1800
tttctcgagt acattcatcc ccggttaggc cttctgaatg ttgcagccaa gttacctcat 1860
tactcgctcc aaaacgattc aggtccaaag atttatgtgt cttgtgggac gtaccaagaa 1920
atcagtgtcg gcgattcatt gactggtatt cactacaaca tgcgtgacat ggtataccta 1980
ttggtgcaca cgtctgaaga aacaacattc gaaaggggtg gaaaaacaaa acctgttcca 2040
gaggaacctg accagaagat gagcgaatc gagtcacttc ttagccctga gcagaaatta 2100
agggacggag agttacatga tctatcactt ggtgaagcca gtatggagaa gaatgaacct 2160
gagttggcgt tgactgtgaa tccagagaac ttaacggaaa acggtgacaa catggaatct 2220
tcttgcaatc cttcatgtgc aggaggagcc cagtgggatg tctttcgacg ccaagacgtc 2280
ccaaagttgt ccgggtattt gcagagaaca ttccagaagc ctgataatat ccagactgat 2340
tttgtgtcac gcccggttga tgaaggattg ttcttaaatg aacaccacaa gagacaacta 2400
agagacgagt ttggagttga gccatggaca tttgagcaac atcgtggtga ggctatcttc 2460
attccggctg gatgtccgtt ccaaatacct aatcttcagt cgaatattca ggtggcactt 2520
gacttcttgt gccctgaaag cgttgagag tcagcaagac tagctgaaga aatccggtgt 2580
ttaccaaacg accacgaggc aaaacttcag attctagaga ttggaaagat atcattatac 2640
gcagctagct cagccattaa agaggttcag aaactggtct tggatccaaa gtttggagca 2700
gagcttggat ttgaagactc taacttaacc aaagcagctc ctcacaactt agacgaggca 2760
accaagcggc cgcagcaaaa cagctgcact taa 2793

```

<210> 98

<211> 930

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 98

```

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

```

ES 2 539 530 T3

		115				120				125					
Tyr	Ser	Pro	Glu	Thr	Pro	Met	Met	Arg	Ser	Phe	Ser	Pro	Arg	Val	Ala
	130					135					140				
Val	Asp	Leu	Asn	Asp	Asp	Leu	Gly	Arg	Asp	Val	Val	Met	Phe	Glu	Glu
145					150					155					160
Gly	Tyr	Arg	Ser	Tyr	Arg	Thr	Pro	Pro	Ser	Val	Ala	Val	Met	Asp	Pro
				165					170					175	
Thr	Arg	Asn	Arg	Ser	His	Gln	Ser	Thr	Ser	Pro	Met	Glu	Tyr	Ser	Ala
		180					185						190		
Ala	Ser	Thr	Asp	Val	Ser	Ala	Glu	Ser	Leu	Gly	Glu	Ile	Cys	His	Gln
		195					200					205			
Cys	Gln	Arg	Lys	Asp	Arg	Glu	Arg	Ile	Ile	Ser	Cys	Leu	Lys	Cys	Asn
210						215					220				
Gln	Arg	Ala	Phe	Cys	His	Asn	Cys	Leu	Ser	Ala	Arg	Tyr	Ser	Glu	Ile
225					230					235					240
Ser	Leu	Glu	Glu	Val	Glu	Lys	Val	Cys	Pro	Ala	Cys	Arg	Gly	Leu	Cys
				245					250					255	
Asp	Cys	Lys	Ser	Cys	Leu	Arg	Ser	Asp	Asn	Thr	Ile	Lys	Val	Arg	Ile
			260					265					270		
Arg	Glu	Ile	Pro	Val	Leu	Asp	Lys	Leu	Gln	Tyr	Leu	Tyr	Arg	Leu	Leu
		275					280					285			
Ser	Ala	Val	Leu	Pro	Val	Ile	Lys	Gln	Ile	His	Leu	Glu	Gln	Cys	Met
290						295					300				
Glu	Val	Glu	Leu	Glu	Lys	Arg	Leu	Arg	Glu	Val	Glu	Ile	Asp	Leu	Val
305					310					315					320
Arg	Ala	Arg	Leu	Lys	Ala	Asp	Glu	Gln	Met	Cys	Cys	Asn	Val	Cys	Arg
				325					330					335	
Ile	Pro	Val	Val	Asp	Tyr	Tyr	Arg	His	Cys	Pro	Asn	Cys	Ser	Tyr	Asp
			340					345					350		
Leu	Cys	Leu	Arg	Cys	Cys	Gln	Asp	Leu	Arg	Glu	Glu	Ser	Ser	Val	Thr
		355				360						365			
Ile	Ser	Gly	Thr	Asn	Gln	Asn	Val	Gln	Asp	Arg	Lys	Gly	Ala	Pro	Lys
370						375					380				
Leu	Lys	Leu	Asn	Phe	Ser	Tyr	Lys	Phe	Pro	Glu	Trp	Glu	Ala	Asn	Gly
385					390					395					400
Asp	Gly	Ser	Ile	Pro	Cys	Pro	Pro	Lys	Glu	Tyr	Gly	Gly	Cys	Gly	Ser
			405						410					415	
His	Ser	Leu	Asn	Leu	Ala	Arg	Ile	Phe	Lys	Met	Asn	Trp	Val	Ala	Lys
			420					425					430		
Leu	Val	Lys	Asn	Ala	Glu	Glu	Ile	Val	Ser	Gly	Cys	Lys	Leu	Ser	Asp
		435						440					445		
Leu	Leu	Asn	Pro	Asp	Met	Cys	Asp	Ser	Arg	Phe	Cys	Lys	Phe	Ala	Glu
450						455					460				
Arg	Glu	Glu	Ser	Gly	Asp	Asn	Tyr	Val	Tyr	Ser	Pro	Ser	Leu	Glu	Thr
465					470					475					480
Ile	Lys	Thr	Asp	Gly	Val	Ala	Lys	Phe	Glu	Gln	Gln	Trp	Ala	Glu	Gly
				485					490					495	
Arg	Leu	Val	Thr	Val	Lys	Met	Val	Leu	Asp	Asp	Ser	Ser	Cys	Ser	Arg
			500					505					510		
Trp	Asp	Pro	Glu	Thr	Ile	Trp	Arg	Asp	Ile	Asp	Glu	Leu	Ser	Asp	Glu
		515					520					525			
Lys	Leu	Arg	Glu	His	Asp	Pro	Phe	Leu	Lys	Ala	Ile	Asn	Cys	Leu	Asp
		530				535					540				
Gly	Leu	Glu	Val	Asp	Val	Arg	Leu	Gly	Glu	Phe	Thr	Arg	Ala	Tyr	Lys
545					550					555					560
Asp	Gly	Lys	Asn	Gln	Glu	Thr	Gly	Leu	Pro	Leu	Leu	Trp	Lys	Leu	Lys
				565					570					575	
Asp	Trp	Pro	Ser	Pro	Ser	Ala	Ser	Glu	Glu	Phe	Ile	Phe	Tyr	Gln	Arg
			580					585					590		
Pro	Glu	Phe	Ile	Arg	Ser	Phe	Pro	Phe	Leu	Glu	Tyr	Ile	His	Pro	Arg

	595		600		605
Leu Gly	Leu Leu Asn Val	Ala Ala Lys Leu Pro	His Tyr Ser Leu Gln		
610		615		620	
Asn Asp Ser Gly Pro	Lys Ile Tyr Val	Ser Cys Gly Thr Tyr Gln Glu			
625	630	635		640	
Ile Ser Ala Gly Asp	Ser Leu Thr Gly	Ile His Tyr Asn Met Arg Asp			
	645	650		655	
Met Val Tyr Leu Leu	Val His Thr Ser	Glu Glu Thr Thr Phe Glu Arg			
	660	665		670	
Val Arg Lys Thr Lys	Pro Val Pro Glu Glu	Pro Asp Gln Lys Met Ser			
	675	680		685	
Glu Asn Glu Ser Leu	Leu Ser Pro Glu Gln	Lys Leu Arg Asp Gly Glu			
	690	695		700	
Leu His Asp Leu Ser	Leu Gly Glu Ala	Ser Met Glu Lys Asn Glu Pro			
705	710	715		720	
Glu Leu Ala Leu Thr	Val Asn Pro Glu	Asn Leu Thr Glu Asn Gly Asp			
	725	730		735	
Asn Met Glu Ser Cys	Thr Ser Ser Cys	Ala Gly Gly Ala Gln Trp			
	740	745		750	
Asp Val Phe Arg Arg	Gln Asp Val Pro	Lys Leu Ser Gly Tyr Leu Gln			
	755	760		765	
Arg Thr Phe Gln Lys	Pro Asp Asn Ile	Gln Thr Asp Phe Val Ser Arg			
	770	775		780	
Pro Leu Tyr Glu Gly	Leu Phe Leu Asn	Glu His His Lys Arg Gln Leu			
785	790	795		800	
Arg Asp Glu Phe Gly	Val Glu Pro Trp	Thr Phe Glu Gln His Arg Gly			
	805	810		815	
Glu Ala Ile Phe Ile	Pro Ala Gly Cys	Pro Phe Gln Ile Thr Asn Leu			
	820	825		830	
Gln Ser Asn Ile Gln	Val Ala Leu Asp	Phe Leu Cys Pro Glu Ser Val			
	835	840		845	
Gly Glu Ser Ala Arg	Leu Ala Glu Glu	Ile Arg Cys Leu Pro Asn Asp			
	850	855		860	
His Glu Ala Lys Leu	Gln Ile Leu Glu	Ile Gly Lys Ile Ser Leu Tyr			
865	870	875		880	
Ala Ala Ser Ser Ala	Ile Lys Glu Val	Gln Lys Leu Val Leu Asp Pro			
	885	890		895	
Lys Phe Gly Ala Glu	Leu Gly Phe Glu	Asp Ser Asn Leu Thr Lys Ala			
	900	905		910	
Val Ser His Asn Leu	Asp Glu Ala Thr	Lys Arg Pro Gln Gln Asn Ser			
	915	920		925	
Cys Thr					
930					

<210> 99

<211> 2793

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 99

atgaatgcta	atgagcaaac	tcgatccgcc	aatggcattg	gcaatggcaa	tggtgagtct	60
attccccgga	ttccagatga	cttacggtgc	aagagatcgg	atggtaaaca	gtggagatgc	120
actgcaatgt	ccatggctga	taagactgtt	tgtgagaagc	actacatcca	agcaaagaag	180
cgggcggtta	attctgcttt	cagggcgaac	cagaagaaag	cgaaaaggcg	atcatcggtta	240
ggcgaaacag	atacgtattc	ggaagggaag	atggatgatt	tcgagttacc	agtcaccagc	300
attgaccact	ataataacgg	tcttgccctct	gcttccaaga	gtaatggtag	actagagaag	360
agacataata	aaagcctgat	gcggtactcg	cccagagacac	cgatgatgag	gagtttctct	420
ccacgtgttg	cagtggattt	gaatgatgac	ttgggttagag	atgttgtaat	gtttgaagag	480
ggctacagat	cttataggac	accaccatct	gttgctgtta	tggatccgac	acgaaacaga	540
tcacacaaaa	gcaccagtcc	tatggaatac	tcagcagcaa	gcacagatgt	gtctgcagag	600
tctttggggg	aaatctgcc	tcaatgccag	agaaaagata	gagagagaat	catttcttgc	660

```

ctcaaatgca atcaaagagc cttctgccac aattgtctat cggcaaggta ctcgagagata 720
tcacttgaag aagtcgagaa agtttgccct gcatgtcgtg gcttgtgtga ttgcaaactct 780
tgcttgcgtt cagataatac aataaagggt cggatccggg aaatacccggt tttggacaag 840
ttgcagtatc tttatcgtct attatcagct gtcctaccag tcataaagca gatccatctt 900
gaacaatgta tgggaagtga actagagaag aggttcctgt aagttgagat tgatcttgtc 960
agggcaagat tgaaagcaga tgagcagatg tgtgtcgaac tgtgtcggat accagttgtt 1020
gactactacc gtcactgtcc gaactgtctc tatgacctt gcctgagatg ctgtcaagat 1080
ctacgggaag agtcttcagt gacgattagt gggactaacc aaaacgtaca agatagaaaa 1140
ggagctccca aactaaaact aaacttttca tacaagtttc ctgagtggga agccaacggt 1200
gatgggagca tcccttgccc tctaaggag tatggagggt gcggttcaca ttctttgaat 1260
cttgcccgc ttttcaagat gaattgggtt gcaaagcttg tgaaaaatgc tgaggagatt 1320
gttagtggtt gcaaattatc tgatcttctg aacctgata tgtgtgattc aagattctgc 1380
aaatttgctg agagagaaga gagcgggtgac aactacgtgt acagcccgct gcttgaaacg 1440
attaaaaactg atggagtagc taagtttgag caacaatggg cagagggtcg gcttggtact 1500
gtgaaaatgg tacttgatga ctcatcttgc tctagatggg atcctgagac tatttgagg 1560
gatatagacg agctttcggg agagaaactg agagaacatg atccattctt gaaggccatt 1620
aattgcttgg atggtttaga ggttgatgta agacttgggg agtttacaag agcatataaa 1680
gatggaaaga accaagagac aggtcttccg ctattgtgga agttaaagga ctggccgagc 1740
ccaagtgcct cagaggagtt cattttctac caaagacctg agtttatcag aagttttccg 1800
tttctcgagt acattcatcc ccggttaggc cttctgaatg ttgcagccaa gttacctcat 1860
tactcgctcc aaaacgatcc aggtccaaag atttatgtgt cttgtgggac gtaccaagaa 1920
atcagtgtct gcgattcatt gactggtatt cactacaaca tgcgtgacat ggtataccta 1980
ttggtgcaca cgtctgaaga aacaacattc gaaaggggtg gaaaaacaaa acctgttcca 2040
gaggaacctg accagaagat gagcgaaaat gagtcacttc ttagccctga gcagaaatta 2100
agggacggag agttacatga tctatcactt ggtgaagcca gtatggagaa gaatgaacct 2160
gagttggcgt tgactgtgaa tcagagaac ttaacggaaa acggtgacaa catggaatct 2220
tcttgacatc cttcatgtgc aggaggagcc cagtgggatg tctttcgacg ccaagacgtc 2280
ccaaagttgt ccgggtatct gcagagaaca ttccagaagc ctgataatat ccagactgat 2340
tttgtgtcac gcccggttga tgaaggattg ttcttaaatg aacaccacaa gagacaacta 2400
agagacgagt ttggagttga gccatggaca tttgagcaac atcgtggtga ggctatcttc 2460
attccggtct gatgtccgtt ccaaatacct aatcttcagt cgaatattca ggtggcactt 2520
gacttcttgt gccctgaaag cgttgagag tcagcaagac tagctgaaga aatccggtgt 2580
ttaccaaacg accacgaggc aaaacttcag attctagaga ttggaaagat atcattatac 2640
gcagctagct cagccattaa agaggttcag aaactggtct tggatccaaa gtttgagca 2700
gagcttggtt ttgaagactc taacttaacc aaagcagctc ctcacaactt agacgaggca 2760
accaagcggc cgcagcaaaa cagctgcact taa 2793

```

<210> 100

<211> 930

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 100

```

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

```

ES 2 539 530 T3

Val 145	Asp	Leu	Asn	Asp	Asp 150	Leu	Gly	Arg	Asp	Val 155	Val	Met	Phe	Glu	Glu 160
Gly	Tyr	Arg	Ser	Tyr	Arg 165	Thr	Pro	Pro	Ser 170	Val	Ala	Val	Met	Asp 175	Pro
Thr	Arg	Asn	Arg	Ser	His 180	Gln	Ser	Thr	Ser 185	Pro	Met	Glu	Tyr	Ser 190	Ala
Ala	Ser	Thr	Asp	Val	Ser 195	Ala	Glu	Ser	Leu 200	Gly	Glu	Ile	Cys	His	Gln
Cys	Gln	Arg	Lys	Asp	Arg 210	Glu	Arg	Ile	Ile 215	Ser	Cys	Leu	Lys	Cys	Asn
Gln	Arg	Ala	Phe	Cys	His 225	Asn	Cys	Leu	Ser 230	Ala	Arg	Tyr	Ser	Glu	Ile 240
Ser	Leu	Glu	Glu	Val	Glu 245	Lys	Val	Cys	Pro 250	Ala	Cys	Arg	Gly	Leu	Cys 255
Asp	Cys	Lys	Ser	Cys	Leu 260	Arg	Ser	Asp	Asn 265	Thr	Ile	Lys	Val	Arg	Ile 270
Arg	Glu	Ile	Pro	Val	Leu 275	Asp	Lys	Leu	Gln 280	Tyr	Leu	Tyr	Arg	Leu	Leu 285
Ser	Ala	Val	Leu	Pro	Val 290	Ile	Lys	Gln	Ile 295	His	Leu	Glu	Gln	Cys	Met 300
Glu	Val	Glu	Leu	Glu	Lys 305	Arg	Leu	Arg	Glu 310	Val	Glu	Ile	Asp	Leu	Val 320
Arg	Ala	Arg	Leu	Lys	Ala 325	Asp	Glu	Gln	Met 330	Cys	Cys	Asn	Val	Cys	Arg 335
Ile	Pro	Val	Val	Asp	Tyr 340	Tyr	Arg	His	Cys 345	Pro	Asn	Cys	Ser	Tyr	Asp 350
Leu	Cys	Leu	Arg	Cys	Cys 355	Gln	Asp	Leu	Arg 360	Glu	Glu	Ser	Ser	Val	Thr 365
Ile	Ser	Gly	Thr	Asn	Gln 370	Asn	Val	Gln	Asp 375	Arg	Lys	Gly	Ala	Pro	Lys 380
Leu	Lys	Leu	Asn	Phe	Ser 385	Tyr	Lys	Phe	Pro 390	Glu	Trp	Glu	Ala	Asn	Gly 400
Asp	Gly	Ser	Ile	Pro	Cys 405	Pro	Pro	Lys	Glu 410	Tyr	Gly	Gly	Cys	Gly	Ser 415
His	Ser	Leu	Asn	Leu	Ala 420	Arg	Ile	Phe	Lys 425	Met	Asn	Trp	Val	Ala	Lys 430
Leu	Val	Lys	Asn	Ala	Glu 435	Glu	Ile	Val	Ser 440	Gly	Cys	Lys	Phe	Ala	Glu 445
Leu	Leu	Asn	Pro	Asp	Met 450	Cys	Asp	Ser	Arg 455	Phe	Cys	Lys	Phe	Ala	Glu 460
Arg	Glu	Glu	Ser	Gly	Asp 465	Asn	Tyr	Val	Tyr 470	Ser	Pro	Ser	Leu	Glu	Thr 480
Ile	Lys	Thr	Asp	Gly	Val 485	Ala	Lys	Phe	Glu 490	Gln	Gln	Trp	Ala	Glu	Gly 495
Arg	Leu	Val	Thr	Val	Lys 500	Met	Val	Leu	Asp 505	Asp	Ser	Ser	Cys	Ser	Arg 510
Trp	Asp	Pro	Glu	Thr	Ile 515	Trp	Arg	Asp	Ile 520	Asp	Glu	Leu	Ser	Asp	Glu 525
Lys	Leu	Arg	Glu	His	Asp 530	Pro	Phe	Leu	Lys 535	Ala	Ile	Asn	Cys	Leu	Asp 540
Gly	Leu	Glu	Val	Asp	Val 545	Arg	Leu	Gly	Glu 550	Phe	Thr	Arg	Ala	Tyr	Lys 560
Asp	Gly	Lys	Asn	Gln	Glu 565	Thr	Gly	Leu	Pro 570	Leu	Leu	Trp	Lys	Leu	Lys 575
Asp	Trp	Pro	Ser	Pro	Ser 580	Ala	Ser	Glu	Glu 585	Phe	Ile	Phe	Tyr	Gln	Arg 590
Pro	Glu	Phe	Ile	Arg	Ser 595	Phe	Pro	Phe	Leu 600	Glu	Tyr	Ile	His	Pro	Arg 605
Leu	Gly	Leu	Leu	Asn	Val 610	Ala	Ala	Lys	Leu 615	Pro	His	Tyr	Ser	Leu	Gln 620
Asn	Asp	Ser	Gly	Pro	Lys	Ile	Tyr	Val	Ser	Cys	Gly	Thr	Tyr	Gln	Glu

625					630					635					640
Ile	Ser	Ala	Gly	Asp	Ser	Leu	Thr	Gly	Ile	His	Tyr	Asn	Met	Arg	Asp
				645					650					655	
Met	Val	Tyr	Leu	Leu	Val	His	Thr	Ser	Glu	Glu	Thr	Thr	Phe	Glu	Arg
			660					665					670		
Val	Arg	Lys	Thr	Lys	Pro	Val	Pro	Glu	Glu	Pro	Asp	Gln	Lys	Met	Ser
		675					680					685			
Glu	Asn	Glu	Ser	Leu	Leu	Ser	Pro	Glu	Gln	Lys	Leu	Arg	Asp	Gly	Glu
	690					695					700				
Leu	His	Asp	Leu	Ser	Leu	Gly	Glu	Ala	Ser	Met	Glu	Lys	Asn	Glu	Pro
705					710					715					720
Glu	Leu	Ala	Leu	Thr	Val	Asn	Pro	Glu	Asn	Leu	Thr	Glu	Asn	Gly	Asp
			725					730						735	
Asn	Met	Glu	Ser	Ser	Cys	Thr	Ser	Ser	Cys	Ala	Gly	Gly	Ala	Gln	Trp
		740					745						750		
Asp	Val	Phe	Arg	Arg	Gln	Asp	Val	Pro	Lys	Leu	Ser	Gly	Tyr	Leu	Gln
		755					760					765			
Arg	Thr	Phe	Gln	Lys	Pro	Asp	Asn	Ile	Gln	Thr	Asp	Phe	Val	Ser	Arg
	770					775					780				
Pro	Leu	Tyr	Glu	Gly	Leu	Phe	Leu	Asn	Glu	His	His	Lys	Arg	Gln	Leu
785					790					795					800
Arg	Asp	Glu	Phe	Gly	Val	Glu	Pro	Trp	Thr	Phe	Glu	Gln	His	Arg	Gly
			805						810					815	
Glu	Ala	Ile	Phe	Ile	Pro	Ala	Gly	Cys	Pro	Phe	Gln	Ile	Thr	Asn	Leu
			820				825						830		
Gln	Ser	Asn	Ile	Gln	Val	Ala	Leu	Asp	Phe	Leu	Cys	Pro	Glu	Ser	Val
		835					840					845			
Gly	Glu	Ser	Ala	Arg	Leu	Ala	Glu	Glu	Ile	Arg	Cys	Leu	Pro	Asn	Asp
	850				855						860				
His	Glu	Ala	Lys	Leu	Gln	Ile	Leu	Glu	Ile	Gly	Lys	Ile	Ser	Leu	Tyr
865				870						875					880
Ala	Ala	Ser	Ser	Ala	Ile	Lys	Glu	Val	Gln	Lys	Leu	Val	Leu	Asp	Pro
			885						890					895	
Lys	Phe	Gly	Ala	Glu	Leu	Gly	Phe	Glu	Asp	Ser	Asn	Leu	Thr	Lys	Ala
		900						905					910		
Val	Ser	His	Asn	Leu	Asp	Glu	Ala	Thr	Lys	Arg	Pro	Gln	Gln	Asn	Ser
		915					920					925			
Cys	Thr														
	930														

<210> 101

<211> 2835

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 101

atgcagggtca	atcttgatga	aacttgatga	tcagtgatta	gaatgaatgc	taatgagcaa	60
actcgatccg	ccaatggcat	tggcaatggc	aatgggtgagt	ctattcccgg	gattccagat	120
gacttacggg	gcaagagatc	ggatggtaaa	cagtgagat	gcactgcaat	gtccatggct	180
gataagactg	tttgtagagaa	gcactacatc	caagcaaaga	agcggggcggc	taattctgct	240
ttcagggcga	accagaagaa	agcgaagagg	cgatcatcgt	taggcgaaac	agatacgtat	300
tcggaaggga	agatggatga	tttcgagtta	ccagtcacca	gcattgacca	ctataataaac	360
ggtcttgcc	ctgcttccaa	gagtaatggt	agactagaga	agagacataa	taaaagcctg	420
atgcggtact	cgcccgagac	accgatgatg	aggagtttct	ctccacgtgt	tgcatggat	480
ttgaatgatg	acttgggtag	agatgttgta	atgtttgaag	agggtacag	atcttatagg	540
acaccaccat	ctgttgctgt	tatggatccg	acacgaaaca	gatcacacca	aagcaccagt	600
cctatggaat	actcagcagc	aagcacagat	gtgtctgcag	agtctttggg	ggaaatctgc	660
catcaatgcc	agagaaaaga	tagagagaga	atcatttctt	gcctcaaagt	caatcaaaga	720
gccttctgcc	acaattgtct	atcggcaagg	tactcggaga	tatcacttga	agaagtcgag	780
aaagtttgcc	ctgcatgtcg	tggcttggtg	gattgcaa	cttgccgtgcg	ttcagataat	840
acaataaagg	ttcggatccg	ggaaataccc	gttttgagaca	agttgcagta	tctttatcgt	900

```

ctattatcag ctgtctacc agtcataaag cagatccatc ttgaacaatg tatggaagtt 960
gaactagaga agaggcttcg tgaagttgag attgatcttg tcagggcaag attgaaagca 1020
gatgagcaga tgtgctgcaa cgtgtgtcgg ataccagttg ttgactacta ccgtcactgt 1080
ccgaactgct catatgacct ttgocctgaga tgctgtcaag atctacggga agagtcttca 1140
gtgacgatta gtgggactaa ccaaaacgta caagatagaa aaggagctcc caaactaaaa 1200
ctaaactttt catacaagtt tcctgagtgg gaagccaacg gtgatgggag catcccttgc 1260
cctcctaagg agtatggagg ctgoggttca cattcttga atcttgcccg cattttcaag 1320
atgaattggg ttgcaaagct tgtgaaaaat gctgaggaga ttgttagtgg ctgcaaatta 1380
tctgatcttc tgaaccctga tatgtgtgat tcaagattct gcaaatttgc tgagagagaa 1440
gagagcgggtg acaactacgt gtacagcccg tcgcttgaaa cgattaaaaac tgatggagta 1500
gctaagtttg agcaacaatg ggcagagggt cggcttggtta ctgtgaaaat ggtacttgat 1560
gactcatctt gctctagatg ggatcctgag actatttgga gggatataga cgagctttcg 1620
gacgagaaac tgagagaaca tgatccattc ttgaaggcca ttaattgctt ggatggttta 1680
gaggttgatg taagacttgg ggagtttaca agagcatata aagatggaaa gaaccaagag 1740
acaggtcttc cgctatttgg gaagttaaag gactggccga gcccaagtgc ttccgaggag 1800
ttcattttct accaaagacc tgagttttatc agaagtttct cgtttctcga gtacattcat 1860
ccccggttag gccttctgaa tgttgcagcc aagttacctc attactcgct ccaaaacgat 1920
tcaggtccaa agattttatgt gtcttgtggg acgtaccaag aaatcagtgc tggcgattca 1980
ttgactggta ttcactacaa catgcgtgac atggtatacc tattggtgca cacgtctgaa 2040
gaaacaacat tcgaaagggt gagaaaaaca aaacctgttc cagaggaacc tgaccagaag 2100
atgagcgaaa atgagtcact tcttagccct gagcagaaat taagggacgg agagttacat 2160
gatctatcac ttggtgaagc cagtatggag aagaatgaac ctgagttggc gttgactgtg 2220
aatccagaga acttaacgga aaacggtgac aacatggaat cttcttgac atcttcatgt 2280
gcaggaggag cccagtggga tgtctttcga cgccaagacg tcccaaagtt gtccgggtat 2340
ttgcagagaa cattccagaa gcctgataat atccagactg attttgtgtc acgcccgttg 2400
tatgaaggat tgttctttaa tgaacaccac aagagacaac taagagacga gtttgagatt 2460
gagccatgga catttgagca acatcgtggt gaggctatct tcattccggc tggatgtccg 2520
ttccaaatca ctaatcttca gtogaatatt caggtggcag ttgacttctt gtgccctgaa 2580
agcgttgagg agtcagcaag actagctgaa gaaatccggg gtttaccaaa cgaccacgag 2640
gcaaaacttc agattctaga gattggaaag atatcattat acgcagctag ctacgccatt 2700
aaagaggttc agaaaactggt cttggatcca aagtttggag cagagcttgg atttgaagac 2760
tctaacttaa ccaaagcagt ctctcacaac ttagaacgag caaccaagcg gccgcagcaa 2820
aacagctgca cttaa 2835

```

<210> 102

<211> 944

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 102

```

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

```


ES 2 539 530 T3

				165				170					175			
Arg	Ser	Tyr	Arg	Thr	Pro	Pro	Ser	Val	Ala	Val	Met	Asp	Pro	Thr	Arg	
			180					185					190			
Asn	Arg	Ser	His	Gln	Ser	Thr	Ser	Pro	Met	Glu	Tyr	Ser	Ala	Ala	Ser	
		195					200					205				
Thr	Asp	Val	Ser	Ala	Glu	Ser	Leu	Gly	Glu	Ile	Cys	His	Gln	Cys	Gln	
	210					215					220					
Arg	Lys	Asp	Arg	Glu	Arg	Ile	Ile	Ser	Cys	Leu	Lys	Cys	Asn	Gln	Arg	
225					230					235					240	
Ala	Phe	Cys	His	Asn	Cys	Leu	Ser	Ala	Arg	Tyr	Ser	Glu	Ile	Ser	Leu	
			245					250					255			
Glu	Glu	Val	Glu	Lys	Val	Cys	Pro	Ala	Cys	Arg	Gly	Leu	Cys	Asp	Cys	
		260						265					270			
Lys	Ser	Cys	Leu	Arg	Ser	Asp	Asn	Thr	Ile	Lys	Val	Arg	Ile	Arg	Glu	
		275					280					285				
Ile	Pro	Val	Leu	Asp	Lys	Leu	Gln	Tyr	Leu	Tyr	Arg	Leu	Leu	Ser	Ala	
	290					295					300					
Val	Leu	Pro	Val	Ile	Lys	Gln	Ile	His	Leu	Glu	Gln	Cys	Met	Glu	Val	
305					310					315					320	
Glu	Leu	Glu	Lys	Arg	Leu	Arg	Glu	Val	Glu	Ile	Asp	Leu	Val	Arg	Ala	
			325					330					335			
Arg	Leu	Lys	Ala	Asp	Glu	Gln	Met	Cys	Cys	Asn	Val	Cys	Arg	Ile	Pro	
			340					345					350			
Val	Val	Asp	Tyr	Tyr	Arg	His	Cys	Pro	Asn	Cys	Ser	Tyr	Asp	Leu	Cys	
		355					360					365				
Leu	Arg	Cys	Cys	Gln	Asp	Leu	Arg	Glu	Glu	Ser	Ser	Val	Thr	Ile	Ser	
	370					375					380					
Gly	Thr	Asn	Gln	Asn	Val	Gln	Asp	Arg	Lys	Gly	Ala	Pro	Lys	Leu	Lys	
385					390					395					400	
Leu	Asn	Phe	Ser	Tyr	Lys	Phe	Pro	Glu	Trp	Glu	Ala	Asn	Gly	Asp	Gly	
			405					410					415			
Ser	Ile	Pro	Cys	Pro	Pro	Lys	Glu	Tyr	Gly	Gly	Cys	Gly	Ser	His	Ser	
			420					425					430			
Leu	Asn	Leu	Ala	Arg	Ile	Phe	Lys	Met	Asn	Trp	Val	Ala	Lys	Leu	Val	
		435					440					445				
Lys	Asn	Ala	Glu	Glu	Ile	Val	Ser	Gly	Cys	Lys	Leu	Ser	Asp	Leu	Leu	
	450					455					460					
Asn	Pro	Asp	Met	Cys	Asp	Ser	Arg	Phe	Cys	Lys	Phe	Ala	Glu	Arg	Glu	
465					470					475					480	
Glu	Ser	Gly	Asp	Asn	Tyr	Val	Tyr	Ser	Pro	Ser	Leu	Glu	Thr	Ile	Lys	
			485					490					495			
Thr	Asp	Gly	Val	Ala	Lys	Phe	Glu	Gln	Gln	Trp	Ala	Glu	Gly	Arg	Leu	
			500					505					510			
Val	Thr	Val	Lys	Met	Val	Leu	Asp	Asp	Ser	Ser	Cys	Ser	Arg	Trp	Asp	
		515					520					525				
Pro	Glu	Thr	Ile	Trp	Arg	Asp	Ile	Asp	Glu	Leu	Ser	Asp	Glu	Lys	Leu	
	530					535					540					
Arg	Glu	His	Asp	Pro	Phe	Leu	Lys	Ala	Ile	Asn	Cys	Leu	Asp	Gly	Leu	
545					550					555					560	
Glu	Val	Asp	Val	Arg	Leu	Gly	Glu	Phe	Thr	Arg	Ala	Tyr	Lys	Asp	Gly	
			565					570					575			
Lys	Asn	Gln	Glu	Thr	Gly	Leu	Pro	Leu	Leu	Trp	Lys	Leu	Lys	Asp	Trp	
			580					585					590			
Pro	Ser	Pro	Ser	Ala	Ser	Glu	Glu	Phe	Ile	Phe	Tyr	Gln	Arg	Pro	Glu	
		595					600					605				
Phe	Ile	Arg	Ser	Phe	Pro	Phe	Leu	Glu	Tyr	Ile	His	Pro	Arg	Leu	Gly	
	610					615					620					
Leu	Leu	Asn	Val	Ala	Ala	Lys	Leu	Pro	His	Tyr	Ser	Leu	Gln	Asn	Asp	
625					630					635					640	
Ser	Gly	Pro	Lys	Ile	Tyr	Val	Ser	Cys	Gly	Thr	Tyr	Gln	Glu	Ile	Ser	
			645						650				655			

Ala	Gly	Asp	Ser	Leu	Thr	Gly	Ile	His	Tyr	Asn	Met	Arg	Asp	Met	Val
			660					665					670		
Tyr	Leu	Leu	Val	His	Thr	Ser	Glu	Glu	Thr	Thr	Phe	Glu	Arg	Val	Arg
		675					680					685			
Lys	Thr	Lys	Pro	Val	Pro	Glu	Glu	Pro	Asp	Gln	Lys	Met	Ser	Glu	Asn
	690					695					700				
Glu	Ser	Leu	Leu	Ser	Pro	Glu	Gln	Lys	Leu	Arg	Asp	Gly	Glu	Leu	His
705					710					715					720
Asp	Leu	Ser	Leu	Gly	Glu	Ala	Ser	Met	Glu	Lys	Asn	Glu	Pro	Glu	Leu
			725						730					735	
Ala	Leu	Thr	Val	Asn	Pro	Glu	Asn	Leu	Thr	Glu	Asn	Gly	Asp	Asn	Met
			740				745						750		
Glu	Ser	Ser	Cys	Thr	Ser	Ser	Cys	Ala	Gly	Gly	Ala	Gln	Trp	Asp	Val
		755					760					765			
Phe	Arg	Arg	Gln	Asp	Val	Pro	Lys	Leu	Ser	Gly	Tyr	Leu	Gln	Arg	Thr
	770					775					780				
Phe	Gln	Lys	Pro	Asp	Asn	Ile	Gln	Thr	Asp	Phe	Val	Ser	Arg	Pro	Leu
785					790					795					800
Tyr	Glu	Gly	Leu	Phe	Leu	Asn	Glu	His	His	Lys	Arg	Gln	Leu	Arg	Asp
			805						810						815
Glu	Phe	Gly	Val	Glu	Pro	Trp	Thr	Phe	Glu	Gln	His	Arg	Gly	Glu	Ala
			820					825					830		
Ile	Phe	Ile	Pro	Ala	Gly	Cys	Pro	Phe	Gln	Ile	Thr	Asn	Leu	Gln	Ser
		835					840					845			
Asn	Ile	Gln	Val	Ala	Leu	Asp	Phe	Leu	Cys	Pro	Glu	Ser	Val	Gly	Glu
	850					855					860				
Ser	Ala	Arg	Leu	Ala	Glu	Glu	Ile	Arg	Cys	Leu	Pro	Asn	Asp	His	Glu
865					870					875					880
Ala	Lys	Leu	Gln	Ile	Leu	Glu	Ile	Gly	Lys	Ile	Ser	Leu	Tyr	Ala	Ala
			885						890					895	
Ser	Ser	Ala	Ile	Lys	Glu	Val	Gln	Lys	Leu	Val	Leu	Asp	Pro	Lys	Phe
			900					905					910		
Gly	Ala	Glu	Leu	Gly	Phe	Glu	Asp	Ser	Asn	Leu	Thr	Lys	Ala	Val	Ser
		915					920					925			
His	Asn	Leu	Asp	Glu	Ala	Thr	Lys	Arg	Pro	Gln	Gln	Asn	Ser	Cys	Thr
	930					935						940			

<210> 103

<211> 2643

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 103

atggagggtg	aagttgctac	taacggagtg	attctcaagc	ataatggtgt	aaaggatatt	60
tctttagaaa	cttgttggcc	agagaagaag	aaaccggttg	aggcaacgag	tcttagcagt	120
ggttcacacag	acatagaaga	agagattagt	gtggaatgtc	ctaagcgagt	ggctaataca	180
agacggaaac	ggtctaaagc	tgatgagatt	aaaacgaaat	cttcaagaaa	gaggaaatgt	240
gatgatgaga	acaagtgtga	agagaatgag	aagaagcaga	ggagctctgt	taaaaagaga	300
gcaactacat	ggaaagaaga	agaagttgtt	gttgatgatg	aaaagaaatg	cgaacaacaa	360
ctccaactag	tcccttccag	caaggcaaca	tctogaagca	ggagcaagaa	atcagtcagt	420
gtggatactt	ggttggttaa	caacgagatt	gatgttagcg	ctttgagttc	gcgttctgag	480
tctgaacttt	cggattctta	tctgaaaacc	gagtaactta	atgactgcag	aagcatgaca	540
aggagtttaa	aggcaaat	gggagagctt	gcaatttgcc	atcaatgctc	taaaggggaa	600
agaagatata	ttttcatttg	caacttttgt	gaagtgaggt	tgtattgttt	tccatgcata	660
aagaaatggt	atccccattt	gtccacggat	gatatacttg	aaaaatgtcc	cttttgccga	720
ggaacttgca	actgctgcac	atgtttgcac	tctagtgtgt	taatcgagac	atctaagaga	780
aagctcgata	aatacgaaag	attttatcat	cttcgcttct	tgattgtggc	gatgcttctt	840
tctctgaaaa	agttatgcaa	agcacaagat	caagaaatcg	aaaccgaggc	taaggttcaa	900
gattcaatgg	cttctcaagt	tgatatatcc	gagagtctat	gctcaaataga	agagcgtgtc	960
ttctgttaacc	actgtgcaac	atcaattgtt	gacttgcatc	gaagctgtcc	aaagtgttca	1020
tatgaattgt	gtctgaactg	ttgccaagag	atccgtggag	gttggctttc	tgaccgcccg	1080

```

gaatgtcagc tacaattcga gtacagaggg acccgggtata tacatggcga agctgcagaa 1140
ccgagctcct cttctgtttc cgaggatgaa actaaaactc catccatcaa gtggaatgct 1200
gatgaaaatg gaagcatatc gtgtgcgcca aaagagctag gaggttgcgg ggactctgtg 1260
ctggagctta agcgaatcct accagtgcct tggatgtcag atttgagcga aaaggcagaa 1320
acattcttag cctcttatag tatcaaaccg ccaatgtcat attgtagatg ttcttctgat 1380
atgagttagta tgaagaggaa ggcagcttcg agggacggat ctagtgcaca ttacctttat 1440
ttctctgatt ctttggtatg cctgaagcaa gaagaacttc tgcatttcca agagcattgg 1500
tccaaagggtg aaccagtgat tgttcgaaat gctcttaaca acacagctgg ttttaagctgg 1560
gagccaatgg tgatgtggcg ggctttatgt gagaatgttg attcagcaat tagctctaata 1620
atgtctgatg tcaaagctat cgattgttta gctaattgtg aggtgaagat aaatactcta 1680
tgtttctttg aaggatatag caaagggaaga acatatgaaa acttctggcc tgagatgctg 1740
aagctgaagg attggcctcc ttcagacaag tttgaaaacc ttttacctcg tcaactgcgat 1800
gagttcattt ccgcattacc atttcaagaa tacagcgatc ctagatcagg aattctcaac 1860
atttctacaa aacttctga aggaattcct aaaccagatc ttggtccaaa aacttatgtt 1920
gcatatggga cttcagatga gctcggtaga ggagattcag tcaactaagct tcaactgtgat 1980
atgtcagatg ctgtaagttt cagaattgtt aatattctga tgcatactgc tgaagtaaca 2040
ctaagtgagg agcaaaggtc tgcaattgca gatttgaaac agaaacataa gcaacagaat 2100
gagaaagagc ttcaggagca aaatggttta gaggaagaag aggttggtgag tgatgagatt 2160
gtggtttatg atgaaacaag tgggtgcactt tgggacatct ttaaaagaga agatgttctt 2220
aagcttgaag agtatctaag gaagcattgc atagaattca gacatactta ttgctctcgt 2280
gttacaaggg tgtatcatcc aatacatgat cagtcataatt tcttaaccgt ggagcataaa 2340
agaaaactca aggcagaatt tgggattgag ccattggacat ttgtgcaaaa gctaggagaa 2400
gcagtgttta ttccagcagg ttgtctcat caagttcgga atctcaagtc gtgcacaaag 2460
gtagctgttg attttgtttc ccctgaaaac atcgatgagt gtctccgttt gactgatgag 2520
tttcgacaac tccctaagaa ccataaagcc agagaagaca aacttgagat aaaaaagatg 2580
gtgatctatg cagttgaaca agctctgaaa gaagtggaga cattattgct agatgcgagc 2640
taa 2643

```

<210> 104

<211> 880

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 104

```

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

```

ES 2 539 530 T3

210	215	220
Pro His Leu Ser Thr Asp	Asp Ile Leu Glu Lys Cys	Pro Phe Cys Arg
225	230	235
Gly Thr Cys Asn Cys Cys	Thr Cys Leu His Ser	Ser Gly Leu Ile Glu
	245	250
Thr Ser Lys Arg Lys Leu	Asp Lys Tyr Glu Arg	Phe Tyr His Leu Arg
	260	265
Phe Leu Ile Val Ala Met	Leu Pro Phe Leu Lys	Lys Leu Cys Lys Ala
	275	280
Gln Asp Gln Glu Ile Glu	Thr Glu Ala Lys Val	Gln Asp Ser Met Ala
	290	295
Ser Gln Val Asp Ile Ser	Glu Ser Leu Cys Ser	Asn Glu Glu Arg Val
305	310	315
Phe Cys Asn His Cys Ala	Thr Ser Ile Val Asp	Leu His Arg Ser Cys
	325	330
Pro Lys Cys Ser Tyr Glu	Leu Cys Leu Asn Cys	Cys Gln Glu Ile Arg
	340	345
Gly Gly Trp Leu Ser Asp	Arg Pro Glu Cys Gln	Leu Gln Phe Glu Tyr
	355	360
Arg Gly Thr Arg Tyr Ile	His Gly Glu Ala Ala	Glu Pro Ser Ser Ser
	370	375
Ser Val Ser Glu Asp Glu	Thr Lys Thr Pro Ser	Ile Lys Trp Asn Ala
385	390	395
Asp Glu Asn Gly Ser Ile	Arg Cys Ala Pro Lys	Glu Leu Gly Gly Cys
	405	410
Gly Asp Ser Val Leu Glu	Leu Lys Arg Ile Leu	Pro Val Thr Trp Met
	420	425
Ser Asp Leu Glu Gln Lys	Ala Glu Thr Phe Leu	Ala Ser Tyr Ser Ile
	435	440
Lys Pro Pro Met Ser Tyr	Cys Arg Cys Ser Ser	Asp Met Ser Ser Met
	450	455
Lys Arg Lys Ala Ala Ser	Arg Asp Gly Ser Ser	Asp Asn Tyr Leu Tyr
465	470	475
Ser Pro Asp Ser Leu Asp	Val Leu Lys Gln Glu	Glu Leu Leu His Phe
	485	490
Gln Glu His Trp Ser Lys	Gly Glu Pro Val Ile	Val Arg Asn Ala Leu
	500	505
Asn Asn Thr Ala Gly Leu	Ser Trp Glu Pro Met	Val Met Trp Arg Ala
	515	520
Leu Cys Glu Asn Val Asp	Ser Ala Ile Ser Ser	Asn Met Ser Asp Val
	530	535
Lys Ala Ile Asp Cys Leu	Ala Asn Cys Glu Val	Lys Ile Asn Thr Leu
545	550	555
Cys Phe Phe Glu Gly Tyr	Ser Lys Gly Arg Thr	Tyr Glu Asn Phe Trp
	565	570
Pro Glu Met Leu Lys Leu	Lys Asp Trp Pro Pro	Ser Asp Lys Phe Glu
	580	585
Asn Leu Leu Pro Arg His	Cys Asp Glu Phe Ile	Ser Ala Leu Pro Phe
	595	600
Gln Glu Tyr Ser Asp Pro	Arg Ser Gly Ile Leu	Asn Ile Ala Thr Lys
	610	615
Leu Pro Glu Gly Leu Leu	Lys Pro Asp Leu Gly	Pro Lys Thr Tyr Val
625	630	635
Ala Tyr Gly Thr Ser Asp	Glu Leu Gly Arg Gly	Asp Ser Val Thr Lys
	645	650
Leu His Cys Asp Met Ser	Asp Ala Val Ser Phe	Arg Ile Val Asn Ile
	660	665
Leu Met His Thr Ala Glu	Val Thr Leu Ser Glu	Glu Gln Arg Ser Ala
	675	680
Ile Ala Asp Leu Lys Gln	Lys His Lys Gln Gln	Asn Glu Lys Glu Leu
690	695	700

Gln	Glu	Gln	Asn	Gly	Leu	Glu	Glu	Glu	Glu	Val	Val	Ser	Asp	Glu	Ile
705					710					715				720	
Val	Val	Tyr	Asp	Glu	Thr	Ser	Gly	Ala	Leu	Trp	Asp	Ile	Phe	Lys	Arg
				725					730					735	
Glu	Asp	Val	Pro	Lys	Leu	Glu	Glu	Tyr	Leu	Arg	Lys	His	Cys	Ile	Glu
			740					745					750		
Phe	Arg	His	Thr	Tyr	Cys	Ser	Arg	Val	Thr	Lys	Val	Tyr	His	Pro	Ile
		755					760					765			
His	Asp	Gln	Ser	Tyr	Phe	Leu	Thr	Val	Glu	His	Lys	Arg	Lys	Leu	Lys
	770					775					780				
Ala	Glu	Phe	Gly	Ile	Glu	Pro	Trp	Thr	Phe	Val	Gln	Lys	Leu	Gly	Glu
785				790						795					800
Ala	Val	Phe	Ile	Pro	Ala	Gly	Cys	Pro	His	Gln	Val	Arg	Asn	Leu	Lys
				805					810					815	
Ser	Cys	Thr	Lys	Val	Ala	Val	Asp	Phe	Val	Ser	Pro	Glu	Asn	Ile	Asp
			820					825					830		
Glu	Cys	Leu	Arg	Leu	Thr	Asp	Glu	Phe	Arg	Gln	Leu	Pro	Lys	Asn	His
		835					840					845			
Lys	Ala	Arg	Glu	Asp	Lys	Leu	Glu	Ile	Lys	Lys	Met	Val	Ile	Tyr	Ala
	850					855					860				
Val	Glu	Gln	Ala	Leu	Lys	Glu	Val	Glu	Thr	Leu	Leu	Leu	Asp	Arg	Ser
865					870					875					880

<210> 105

<211> 2364

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 105

atggaaaatc	ctccattaga	atctgagatc	aaagaggata	tgtctttgaa	gaatcatcct	60
ccagacaagg	ataaggacaa	agacactatc	atggaacaac	ctagtagtcc	acgtcatcgg	120
aaggttggtg	ctagatgggt	acctgatgaa	gcacagaggc	caattatcaa	tgacgctccc	180
gtattcactc	catcactaga	ggagtttgta	gatccacttg	cgtatatcga	gaagatacgt	240
ccactagcag	agccgtatgg	tatctgtcga	atcatcccac	catcgacatg	gaagcctcct	300
tgcgggctta	aggagaagag	tatatgggag	cagacaaagt	ttcctactcg	gattcaaacc	360
gtagacctgc	ttcagaaccg	tgagccgatg	aagaagaaac	cgaagagtag	aaagcggaaa	420
cggagaagaa	actcgagaat	gggttcgtct	aagagacgat	ctggttcttc	tcccgcgtgaa	480
tgaacttcac	cacccgaggc	tgaggagaag	tttggtttca	attctgggtc	agacttcact	540
cttgatgagt	ttgagaaata	tgctctgcac	tttaaagact	cgtactttga	aaagaaagac	600
tctggtggag	atatagtaaa	atggacaccg	tctgtggatg	atatagaagg	ggaatactgg	660
cggatagttg	agcaaccaac	agatgaagtg	gaggtttact	atggagctga	cttgaggaaat	720
gggggtgctt	gaagcgggtt	ttataaaaga	gccgagaagt	ttaccggtag	cgatatggag	780
cagtacacat	tatctggctg	gaacttgaat	aaacttaccac	ggcttcctgg	ctctgtactc	840
tcttttgaag	attgtgacat	atccggagtt	ctagtttccat	ggctatatgt	gggaatgtgt	900
ttttcatcat	tttgttggca	tgtggaggac	catattttat	attcacttaa	ctatcatcac	960
tttggggagc	caaaagtatg	gtatgggtgt	ccaggaagca	atgcaaccgc	tctcgagaag	1020
gcgatgagga	aacattttacc	tgacttggtc	gaagacagcc	tgatctacta	catggcctgg	1080
gcgtatcatg	ctggattcaa	ctgcggtttc	aactgcgcag	aagcgggtta	tgtggctccg	1140
gttgattggt	tggctcatgg	acagaacgct	gtggaactat	atagtaaaga	gacaagggaag	1200
acttctctgt	ctcacgacaa	gcttcttctt	ggagcagctt	atgaagcggg	gaaggctctt	1260
tgggaactct	cagcttctga	gggaaaggaa	aatacaacaa	atgtgagatg	gaagagtttc	1320
tgtgggaaga	acgggacact	taccaacgcg	atacaagctc	ggttacaaat	ggaagagggg	1380
agaattacag	ctcttggtag	ggattcttca	agcttgaaga	agatggagaa	ggactttgat	1440
tcaaactgtg	aaagggaatg	tttctcatgc	ttttatgatt	tgcatctctc	ggcttctggc	1500
tgcaagtgtc	ctcccgaaga	atacgcgtgc	cttaaaccatg	cagatgatct	ttgttcatgt	1560
gatgtgaaag	atggatttat	tcttctccgg	tacacaatgg	atgagttaag	ctcgttggtc	1620
agagcattgg	aaggggaatc	agatgattta	aagatatggg	cttocaaggt	tttaggcatt	1680
gaacatagtg	atgaagatca	gacaaagact	agttcagtta	tcagtgagga	gaagaagtta	1740
aaggaaggtt	cttttgatct	gaacattgac	ttagagatgg	attatcaaga	agacgttaaa	1800
gaagaagcca	gcactagtg	cggcgagtta	accgcctcag	agaaccttgg	tgtatcggtc	1860
gagcctataa	acctcggtt	cttgattttt	ggaaagcttt	ggtgcaataa	gtatgctata	1920

ES 2 539 530 T3

```

ttcccaaaag gattcaggag tcgtgtcaag ttctacaatg ttcttgatcc aacaagaatg 1980
agcaattaca tctctgaggt ttgggatgca ggactcatgg gtccattggt cagggttact 2040
ctggaagaat ctccagacga gagcttcttc aatgtctctg cacaacaatg ctgggaaatg 2100
gtgatgcgga gagttaaaga tacatcaaca agtcttggtc ttctatattt accacagttt 2160
gagagtatca acgggcttca aatgtttggt ttctctcac cctctatagt tcaggccatt 2220
gaagctcttg acccaaacca tcgactagtt gactactgga accacaagaa ccaaacttca 2280
tcagactcaa aagatcactt catatcatca aactgttcog caagtttaac caaaggaaaa 2340
cttttcggag tagatttgat gtaa 2364

```

<210> 106

<211> 787

<212> PRT

5

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 106

```

Met Glu Asn Pro Pro Leu Glu Ser Glu Ile Lys Glu Asp Met Ser Leu
1      5      10
Lys Asn His Pro Pro Asp Lys Asp Lys Asp Lys Asp Thr Ile Met Glu
20     25     30
Gln Pro Ser Ser Pro Arg His Arg Lys Val Val Ala Arg Trp Leu Pro
35     40     45
Asp Glu Ala Gln Arg Pro Ile Ile Asn Asp Ala Pro Val Phe Thr Pro
50     55     60
Ser Leu Glu Glu Phe Val Asp Pro Leu Ala Tyr Ile Glu Lys Ile Arg
65     70     75     80
Pro Leu Ala Glu Pro Tyr Gly Ile Cys Arg Ile Ile Pro Pro Ser Thr
85     90     95
Trp Lys Pro Pro Cys Arg Leu Lys Glu Lys Ser Ile Trp Glu Gln Thr
100    105    110
Lys Phe Pro Thr Arg Ile Gln Thr Val Asp Leu Leu Gln Asn Arg Glu
115    120    125
Pro Met Lys Lys Lys Pro Lys Ser Arg Lys Arg Lys Arg Arg Arg Asn
130    135    140
Ser Arg Met Gly Ser Ser Lys Arg Arg Ser Gly Ser Ser Pro Ala Glu
145    150    155    160
Ser Thr Ser Ser Pro Glu Ala Glu Glu Lys Phe Gly Phe Asn Ser Gly
165    170    175    180
Ser Asp Phe Thr Leu Asp Glu Phe Glu Lys Tyr Ala Leu His Phe Lys
185    190    195
Asp Ser Tyr Phe Glu Lys Lys Asp Ser Gly Gly Asp Ile Val Lys Trp
200    205    210
Thr Pro Ser Val Asp Asp Ile Glu Gly Glu Tyr Trp Arg Ile Val Glu
215    220    225
Gln Pro Thr Asp Glu Val Glu Val Tyr Tyr Gly Ala Asp Leu Glu Asn
230    235    240
Gly Val Leu Gly Ser Gly Phe Tyr Lys Arg Ala Glu Lys Phe Thr Gly
245    250    255
Ser Asp Met Glu Gln Tyr Thr Leu Ser Gly Trp Asn Leu Asn Asn Leu
260    265    270
Pro Arg Leu Pro Gly Ser Val Leu Ser Phe Glu Asp Cys Asp Ile Ser
275    280    285
Gly Val Leu Val Pro Trp Leu Tyr Val Gly Met Cys Phe Ser Ser Phe
290    295    300
Cys Trp His Val Glu Asp His His Leu Tyr Ser Leu Asn Tyr His His
305    310    315    320
Phe Gly Glu Pro Lys Val Trp Tyr Gly Val Pro Gly Ser Asn Ala Thr
325    330    335
Ala Leu Glu Lys Ala Met Arg Lys His Leu Pro Asp Leu Phe Glu Asp
340    345    350
Ser Leu Ile Tyr Tyr Met Ala Trp Ala Tyr His Ala Gly Phe Asn Cys

```

		355					360					365				
Gly	Phe	Asn	Cys	Ala	Glu	Ala	Val	Asn	Val	Ala	Pro	Val	Asp	Trp	Leu	
	370					375					380					
Ala	His	Gly	Gln	Asn	Ala	Val	Glu	Leu	Tyr	Ser	Lys	Glu	Thr	Arg	Lys	
385					390					395					400	
Thr	Ser	Leu	Ser	His	Asp	Lys	Leu	Leu	Leu	Gly	Ala	Ala	Tyr	Glu	Ala	
				405					410						415	
Val	Lys	Ala	Leu	Trp	Glu	Leu	Ser	Ala	Ser	Glu	Gly	Lys	Glu	Asn	Thr	
			420					425						430		
Thr	Asn	Leu	Arg	Trp	Lys	Ser	Phe	Cys	Gly	Lys	Asn	Gly	Thr	Leu	Thr	
		435					440					445				
Asn	Ala	Ile	Gln	Ala	Arg	Leu	Gln	Met	Glu	Glu	Gly	Arg	Ile	Thr	Ala	
	450					455					460					
Leu	Gly	Arg	Asp	Ser	Ser	Ser	Leu	Lys	Lys	Met	Glu	Lys	Asp	Phe	Asp	
465					470					475					480	
Ser	Asn	Cys	Glu	Arg	Glu	Cys	Phe	Ser	Cys	Phe	Tyr	Asp	Leu	His	Leu	
				485					490					495		
Ser	Ala	Ser	Gly	Cys	Lys	Cys	Ser	Pro	Glu	Glu	Tyr	Ala	Cys	Leu	Lys	
			500					505					510			
His	Ala	Asp	Asp	Leu	Cys	Ser	Cys	Asp	Val	Lys	Asp	Gly	Phe	Ile	Leu	
		515					520					525				
Leu	Arg	Tyr	Thr	Met	Asp	Glu	Leu	Ser	Ser	Leu	Val	Arg	Ala	Leu	Glu	
	530					535					540					
Gly	Glu	Ser	Asp	Asp	Leu	Lys	Ile	Trp	Ala	Ser	Lys	Val	Leu	Gly	Ile	
545					550					555					560	
Glu	His	Ser	Asp	Glu	Asp	Gln	Thr	Lys	Thr	Ser	Ser	Val	Ile	Ser	Glu	
				565					570						575	
Glu	Lys	Lys	Leu	Lys	Glu	Gly	Ser	Phe	Asp	Leu	Asn	Ile	Asp	Leu	Glu	
			580					585					590			
Met	Asp	Tyr	Gln	Glu	Asp	Val	Lys	Glu	Glu	Ala	Ser	Thr	Ser	Gly	Gly	
		595					600					605				
Glu	Leu	Thr	Ala	Ser	Glu	Asn	Leu	Gly	Val	Ser	Val	Glu	Pro	Ile	Asn	
	610					615					620					
Leu	Gly	Phe	Leu	Ile	Phe	Gly	Lys	Leu	Trp	Cys	Asn	Lys	Tyr	Ala	Ile	
625					630					635					640	
Phe	Pro	Lys	Gly	Phe	Arg	Ser	Arg	Val	Lys	Phe	Tyr	Asn	Val	Leu	Asp	
				645					650					655		
Pro	Thr	Arg	Met	Ser	Asn	Tyr	Ile	Ser	Glu	Val	Leu	Asp	Ala	Gly	Leu	
			660					665					670			
Met	Gly	Pro	Leu	Phe	Arg	Val	Thr	Leu	Glu	Glu	Ser	Pro	Asp	Glu	Ser	
			675				680					685				
Phe	Phe	Asn	Val	Ser	Ala	Gln	Gln	Cys	Trp	Glu	Met	Val	Met	Arg	Arg	
	690					695					7					

<210> 107

<211> 2652

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 107

ES 2 539 530 T3

```

atggattctg gagttaaatt ggagcatatg aattgtttcc aattatctta tcaatattcg      60
tggaacgacta ggaagaagag aactctgaaa ccattcatgt caaaagggttc tagccctagt    120
agtagtagtg atagtaggaa acggaagctt tcgagagctg aagatagcga tgattcagcg     180
gttaaaccga atgcgaaacg aaggagaaaag atatgcaaag tagaagaata ttatgaagat     240
gatgattgca tattaagtga ttgggttcag aggaatactg cgaaaaggat tgataagcgc     300
aacgaagaag ttgaagttat gggttaagata gagtcaagggtg atgattgcac aaatggtaag    360
tggttttctg atgttagtag taaaaggaaa gataaacgac aagtagaagt tgatgaagat     420
gaggaatggg aagaagaagt tacactgtgt tctaagatca aggcaacgtc gtcgcgaagc     480
agaaccata gtttaagtgc taacagtcca gaaaatgtta cagatgttat tagtccttgt      540
cgttcacggt ctccagcttc taatgtatca gattccattc agaaaaatga ctgcaccagt     600
agtagaaaac agagtggccc aatttgtcat cagtgtctga aaggggaaaag gataacactt     660
ctcatttgta gtgaatgtga gaagacaatg ttttgtcttc aatgtataag gaaatggtat     720
ccaaatctat ctgaggatga tgttgttgag aaatggtcctt tatgccgtca aaatgtaat      780
tgtagcaaat gcttgcatct gaattggttta attgagacat cgaagaggga actcgcgaaa     840
tctgaaagac gtcacatcat ccagtatctt attacgttga tgcttccttt tctgaataag     900
ttatccatat tccagaagct agagattgaa tttgaggcaa ctgttcaagg aaaactgcct     960
tctgaagttg aaataactgc ggctataagc tacactgatg aacgtgtata ctgtgatcat    1020
tgtgcaactt caattgttga cttgcatcga agctgtccaa agtgccttta tgaactttgt    1080
ttgaagtgtc gtcaagagat tcgtgaagga tcgctttctg aacgccctga aatgaagttc    1140
cattatgttg atagaggaca tcgatatatg catggtttag atgctgcgga accgagcttg    1200
tcttccactt ttgaagacga agaagctaac ccatctgacg ctaagtggag ccttgggtgaa    1260
aatggaagca tcacttgtgc accagaaaag ctagggtggt gtggtgaacg gatgctagag    1320
cttaggcgga tcctaccact cacgtggatg tcagatttag agcacaaaagc agagactttc    1380
ttatcatcat acaatataag ccctagaatg ttgaactgta ggtgttcttc tttggagaca    1440
gagctgacaa ggaaatcagc ttcgaggaca acatcaagtg acaactacct tttctgtcct    1500
gaatctctcg gtgtcttgaa ggaagaagag cttcttcatt ttcaagagca ttgggcaaaa    1560
ggcgaaccag taatcgttag gaacgctctt gacaacacac ctgggtttaag ctgggagccg    1620
atggttatgt ggcgggcttt atgcgaaaat gtgaattcaa catcaagctc tgagatgtcc    1680
caagtcaaag caattgattg cttagctaata tgtgaggtgg agatcaatac tcgtcagttc    1740
tttgaagggt atagcaaagg aagaacatat gaaaatttct ggccctgagat gttgaagctt    1800
aaggactggc ctcttctga taagtttgaa gatcttctac ctcgctactg tgatgagttc    1860
atatccgcgt tacctttcca ggaatatagt gatectagaa ctggaattct taacattgca    1920
acaaagtctc ctgaaggatt tatcaaacca gatttaggtc caaaaactta catgcctat     1980
gggattccag atgagcttgg tagaggcgat tccgtgacta agcttcaact cgatatgtca    2040
gacgcggtga atattctaac gcatacggcc gaagtgaacc taagtcaaga acaaatatcc    2100
tcagtcaaag cactgaaaca gaaacacaag ttacagaata aggtcgataa acagagtact    2160
gaagactgta acgaaaagga agaagaagaa gaagaagaat tgaacatgcc agagatttcg    2220
agcaatgaaa atgaagaaac gggcagtgct ctttgggaca tatttaggag agaagacggt    2280
cccaagttag aagagtatct aagaaagcat tgcaaagaat ttagacacac ttattgtagt    2340
ccagttacaa aggtttatca tccgatacat gaccaatcat gctatttaac cttagagcac    2400
aaaagaaaac tcaaggcgga atatgggatc gagccatgga catttgtgca aaagctaggt    2460
gaagcggtgt ttattccgcg gggttgtcct catcaagttc ggaatctaaa gtcgtgcaca    2520
aaagtcgcag ttgactttgt gtcaccagag aacatccatg agtgtctgcy tttgaccgaa    2580
gagtttcgcc aacttcccaa aaaccacaag gccagagagg acaaactcga ggcaagtctt    2640
ttatctcttt ga

```

<210> 108

<211> 883

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 108

```

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

```


Ala 65	Lys	Arg	Arg	Arg	Lys 70	Ile	Cys	Lys	Val	Glu 75	Glu	Tyr	Tyr	Glu	Asp 80
Asp	Asp	Cys	Ile	Leu 85	Ser	Asp	Trp	Val	Gln 90	Arg	Asn	Thr	Ala	Lys 95	Arg
Ile	Asp	Lys	Arg	Asn 100	Glu	Glu	Val	Glu 105	Val	Met	Val	Lys	Ile	Glu 110	Ser
Gly	Asp	Asp	Cys	Thr 115	Ile	Gly	Lys	Trp 120	Phe	Ser	Asp	Val	Ser	Ser 125	Lys
Arg	Lys 130	Asp	Lys	Arg	Gln	Val	Glu	Val 135	Asp	Glu	Asp	Glu	Glu	Trp	Glu 140
Glu 145	Glu	Val	Thr	Leu 150	Cys	Ser	Lys	Ile	Lys	Ala	Thr	Ser	Ser	Arg	Ser 160
Arg	Thr	His	Ser	Leu 165	Ser	Ala	Asn	Ser	Pro	Glu	Asn	Val	Thr	Asp	Val 175
Ile	Ser	Pro	Cys	Arg 180	Ser	Arg	Ser	Pro	Ala	Ser	Asn	Val	Ser	Asp	Ser 190
Ile	Gln	Lys	Asn	Asp 195	Cys	Thr	Ser	Ser	Arg	Lys	Gln	Ser	Gly	Pro	Ile 205
Cys	His 210	Gln	Cys	Leu	Lys	Gly	Glu	Arg	Ile	Thr	Leu	Ile	Cys	Ser	
Glu 225	Cys	Glu	Lys	Thr 230	Met	Phe	Cys	Leu	Gln	Cys	Ile	Arg	Lys	Trp	Tyr 240
Pro	Asn	Leu	Ser	Glu 245	Asp	Asp	Val	Val	Glu	Lys	Cys	Pro	Leu	Cys	Arg 255
Gln	Asn	Cys	Asn	Cys 260	Ser	Lys	Cys	Leu	His	Leu	Asn	Gly	Leu	Ile	Glu 270
Thr	Ser	Lys	Arg	Glu 275	Leu	Ala	Lys	Ser	Glu	Arg	Arg	His	His	Leu	Gln 285
Tyr	Leu	Ile	Thr	Leu 290	Met	Leu	Pro	Phe	Leu	Asn	Lys	Leu	Ser	Ile	Phe 300
Gln	Lys	Leu	Glu	Ile 305	Glu	Phe	Glu	Ala	Thr	Val	Gln	Gly	Lys	Leu	Pro 320
Ser	Glu	Val	Glu	Ile 325	Thr	Ala	Ala	Ile	Ser	Tyr	Thr	Asp	Glu	Arg	Val 335
Tyr	Cys	Asp	His	Cys 340	Ala	Thr	Ser	Ile	Val	Asp	Leu	His	Arg	Ser	Cys 350
Pro	Lys	Cys	Ser	Tyr 355	Glu	Leu	Cys	Leu	Lys	Cys	Cys	Gln	Glu	Ile	Arg 365
Glu	Gly	Ser	Leu	Ser 370	Glu	Arg	Pro	Glu	Met	Lys	Phe	His	Tyr	Val	Asp 380
Arg	Gly	His	Arg	Tyr 385	Met	His	Gly	Leu	Asp	Ala	Ala	Glu	Pro	Ser	Leu 400
Ser	Ser	Thr	Phe	Glu 405	Asp	Glu	Glu	Ala	Asn	Pro	Ser	Asp	Ala	Lys	Trp 415
Ser	Leu	Gly	Glu	Asn 420	Gly	Ser	Ile	Thr	Cys	Ala	Pro	Glu	Lys	Leu	Gly 430
Gly	Cys	Gly	Glu	Arg 435	Met	Leu	Glu	Leu	Arg	Arg	Ile	Leu	Pro	Leu	Thr 445
Trp	Met	Ser	Asp	Leu 450	Glu	His	Lys	Ala	Glu	Thr	Phe	Leu	Ser	Ser	Tyr 460
Asn	Ile	Ser	Pro	Arg 465	Met	Leu	Asn	Cys	Arg	Cys	Ser	Ser	Leu	Glu	Thr 480
Glu	Leu	Thr	Arg	Lys 485	Ser	Ala	Ser	Arg	Thr	Thr	Ser	Ser	Asp	Asn	Tyr 495
Leu	Phe	Cys	Pro	Glu 500	Ser	Leu	Gly	Val	Leu	Lys	Glu	Glu	Glu	Leu	Leu 510
His	Phe	Gln	Glu	His 515	Trp	Ala	Lys	Gly	Glu	Pro	Val	Ile	Val	Arg	Asn 525
Ala	Leu	Asp	Asn	Thr 530	Pro	Gly	Leu	Ser	Trp	Glu	Pro	Met	Val	Met	Trp 540
Arg	Ala	Leu	Cys	Glu	Asn	Val	Asn	Ser	Thr	Ser	Ser	Ser	Glu	Met	Ser

545 550 555 560
Gln Val Lys Ala Ile Asp Cys Leu Ala Asn Cys Glu Val Glu Ile Asn
565 570 575
Thr Arg Gln Phe Phe Glu Gly Tyr Ser Lys Gly Arg Thr Tyr Glu Asn
580 585 590
Phe Trp Pro Glu Met Leu Lys Leu Lys Asp Trp Pro Pro Ser Asp Lys
595 600 605
Phe Glu Asp Leu Leu Pro Arg His Cys Asp Glu Phe Ile Ser Ala Leu
610 615 620
Pro Phe Gln Glu Tyr Ser Asp Pro Arg Thr Gly Ile Leu Asn Ile Ala
625 630 635 640
Thr Lys Leu Pro Glu Gly Phe Ile Lys Pro Asp Leu Gly Pro Lys Thr
645 650 655
Tyr Ile Ala Tyr Gly Ile Pro Asp Glu Leu Gly Arg Gly Asp Ser Val
660 665 670
Thr Lys Leu His Cys Asp Met Ser Asp Ala Val Asn Ile Leu Thr His
675 680 685
Thr Ala Glu Val Thr Leu Ser Gln Glu Gln Ile Ser Val Lys Ala
690 695 700
Leu Lys Gln Lys His Lys Leu Gln Asn Lys Val Asp Lys Gln Ser Thr
705 710 715 720
Glu Asp Cys Asn Glu Lys Glu Glu Glu Glu Glu Glu Leu Asn Met
725 730 735
Pro Glu Ile Ser Ser Asn Glu Asn Glu Glu Thr Gly Ser Ala Leu Trp
740 745 750
Asp Ile Phe Arg Arg Glu Asp Val Pro Lys Leu Glu Glu Tyr Leu Arg
755 760 765
Lys His Cys Lys Glu Phe Arg His Thr Tyr Cys Ser Pro Val Thr Lys
770 775 780
Val Tyr His Pro Ile His Asp Gln Ser Cys Tyr Leu Thr Leu Glu His
785 790 795 800
Lys Arg Lys Leu Lys Ala Glu Tyr Gly Ile Glu Pro Trp Thr Phe Val
805 810 815
Gln Lys Leu Gly Glu Ala Val Phe Ile Pro Ala Gly Cys Pro His Gln
820 825 830
Val Arg Asn Leu Lys Ser Cys Thr Lys Val Ala Val Asp Phe Val Ser
835 840 845
Pro Glu Asn Ile His Glu Cys Leu Arg Leu Thr Glu Glu Phe Arg Gln
850 855 860
Leu Pro Lys Asn His Lys Ala Arg Glu Asp Lys Leu Glu Ala Ser Leu
865 870 875 880
Leu Ser Leu

<210> 109

<211> 3351

<212> ADN

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 109

atgtatggta atgacttgga tactttctgtt tacggggagtg gttttcctcg aataggcgac 60
caaagaccag aatcagttga ggcagatata tgggatgagt attgtggtag cccctggaat 120
ctcaataaca tgcctaagtt gaaaggatct atgcttcagg ccattcgaca taacattaat 180
ggtgttacag tgccttggtc atatcttgga atgctcttct cttctttttg ttggcatttt 240
gaggaccatt gtttttactc tgtcaattat ctacactggg gagaggcaaa atgttggtat 300
ggtattccag gcagtgcctgc tagtgctttt gaaaagggtca tgcgaaaaaac cctacccgat 360
ctctttgatg ctccagccaga tttgctcttt caactagtta ccatgttgag tccgactgtt 420
ttacaagaaa ataaagtccc ggtctacaca gtattacagg agccaggaaa cttcgtgatc 480
acatttccaa aatcctttca tgctggattc aattttggtc taaattgtgc agaggccgtc 540
aactttgcta ctgctgattg gctaccttat ggtgggttctg gggcggagct gtatcggctg 600
taccggaaac cttcagtcac atctcatgaa gagcttctct gcgtggttagc taagggaaac 660

```

tgctgcaata acgaagggtc aatacatttg aagaaagaat tgctcagaat atacagcaag 720
gaaaaaacct ggagagagca gctctggaaa agtgggtattt tgagatcttc tcctatgttt 780
gtgectgaat ggcgtgatcc tgtgggcatc gaagaggatc caacatgcat catatgccag 840
cagtttcttc atctttctgc tatcgtctgc aattgcaggc catctgtttt tgcattgctta 900
gagcactgga agcatctttg tgaatgtgaa cctacgaagt tgcgacttga atatcgttat 960
acccttgccg agttagatat gatggtacaa gaagttgaaa agtttggtgg gtgcaaaaaca 1020
caagaaacca aaatctcaca acggccgagt tcaggcacca aacgatctat tgctttaaat 1080
aaaaagcagg agggaatgca agtgagtcag gcacggccag cagacaaatg gcttcttaga 1140
gcatcaaagg ttcttgacgc tgcgttttct agtgttgaat atgccaccct tttgaaggaa 1200
tcagaacagt ttctttgggc tggatcagaa atggaccgtg tacgagatgt tacaaaaagt 1260
ttgaacaaag caaagatatg ggctgaagct gtttagtgact gtctttcaaa agtcgaagggt 1320
gaagtcaacg atgattcaat gaaagttcac ttggaattta ttgatgagtt gctgagagtt 1380
aatcttgctc ctgtctttaa ttctggttat ctgaaactaa aggactatgc tgaagaagct 1440
agaaaaattg ccgagaaaaa cgattcagct ctctcgagta gcccaactat caccagctg 1500
gagctattgc attctgaagt ctccagatcg ccaatctccc taaaaaaaaca cgagatcttg 1560
tcaaagaaaa tctcttcgcg aaagatgtta gctaaaaggg cgaaacgcta tctcacagac 1620
gctaaacctc caggaattga aatggatgca cttttcaagc taaattcaga gatgttagag 1680
cttcatgttc aacttccaga aacagaaggg attctggatt tggtaaagaa atcagaatca 1740
gcccgtgata aaagtaacaa agttttgact ggttctttat ctctcgagaa tgtggaagag 1800
ttgcttcattg atctgatag ttccagcatt aacgttctct agttgaatat ctgaggcag 1860
tatcatgttg acactttgtc ttggatttca cgctttaatg atgtaatggt tgatgttcgt 1920
gaaggcaagg accaacgaaa gctaattagt gacctcagtt ccttctacg ggatggagca 1980
tccttaggca ttcaagttga aggactccct ctgtttgaag ttgaattgaa gaaggcatct 2040
tgccgggaaa aagctcgaac ggtttatact gcaagaaaat ctctggattt cattgagcaa 2100
ctgctctcgg aagctgttat actacacatc gaagaggagg agatatttgt tgagatctcg 2160
ggaattttgt caacagcacg gtgttgggag gaaagagcaa gcactatcct tgaaaatgaa 2220
actcagatgt acgagcttaa agatctcgta aggatgtcag tcaacattga tgcggtttta 2280
cctactctgc aaggcataga gaacacaatc tcgtcggctg aaacttggct tcagaaatct 2340
gagccttttc tatcagccac ttctctatg gcatcatctc catgttctat gcttgaactt 2400
cctgtattaa aggatctagt tactcaggct aaattgctca atgttcagct tcaagagcca 2460
cgaattcttg aaacattgtt gcttaactgc gagagggtgg agtgtgataa tcatcagctc 2520
ttgcaagaaa ctgaagattt gttggacaat gcgaaaatag atgatggcac gcatagcaat 2580
atccttccga agataatgga ttgataaacc agagtggact ccgctaggag atctggtctg 2640
gcccttggtc tcaatttcga tgaacttccc aaacttcgaa ctgcaagtct aaaactagga 2700
tggtgttgta agaccatcac gttaagctct agctcaccta cctctgagtt gctagaagat 2760
gttggaaagc cctcgttaca gcatattcag cagcaactta aagagggaca aacacttgaa 2820
atattacctg aagagtatta cttaggcaag agactcatgg agttaaaaga cactggactg 2880
gagtgggcaa aacgagctag aaaggtggta acagactcag gtgctcttgc cttggaagat 2940
gttttcgagc ttatttctga ggggtgaaaac ttacctgttc atgcagagca ggaacttcag 3000
tctttacgag ctcgagtat gttacactgc atttgtctaa agccatacaa ctcaagatcc 3060
atggttctct ttagtcaatg tggcgaatgg tatcacacct attgtttaaa gtttcattgg 3120
cggcctaagg cttatgtctg ctccgcttgc tgtccactgg cagaaaaccac tccacagatc 3180
gatcccgcca gagcaacaga gccagagaga ccgtctctga accaaagacg gacaagaatg 3240
gtcgcgactg atgcagcagt taatgactta aagtggaaaa cccgaaaaca catcaaacgg 3300
acaactaaac ggagtctca ggttcatatt ctccctggt ttttactta a 3351

```

<210> 110

<211> 1116

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 110

```

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

```

ES 2 539 530 T3

65					70					75				80
Glu	Asp	His	Cys	Phe	Tyr	Ser	Val	Asn	Tyr	Leu	His	Trp	Gly	Glu
				85					90				95	
Lys	Cys	Trp	Tyr	Gly	Ile	Pro	Gly	Ser	Ala	Ala	Ser	Ala	Phe	Glu
			100					105					110	
Val	Met	Arg	Lys	Thr	Leu	Pro	Asp	Leu	Phe	Asp	Ala	Gln	Pro	Asp
			115				120					125		
Leu	Phe	Gln	Leu	Val	Thr	Met	Leu	Ser	Pro	Thr	Val	Leu	Gln	Glu
			130				135				140			
Lys	Val	Pro	Val	Tyr	Thr	Val	Leu	Gln	Glu	Pro	Gly	Asn	Phe	Val
145					150					155				160
Thr	Phe	Pro	Lys	Ser	Phe	His	Ala	Gly	Phe	Asn	Phe	Gly	Leu	Asn
			165					170					175	
Ala	Glu	Ala	Val	Asn	Phe	Ala	Thr	Ala	Asp	Trp	Leu	Pro	Tyr	Gly
			180					185					190	
Ser	Gly	Ala	Glu	Leu	Tyr	Arg	Leu	Tyr	Arg	Lys	Pro	Ser	Val	Ile
		195					200					205		
His	Glu	Glu	Leu	Leu	Cys	Val	Val	Ala	Lys	Gly	Asn	Cys	Cys	Asn
		210				215					220			
Glu	Gly	Ser	Ile	His	Leu	Lys	Lys	Glu	Leu	Leu	Arg	Ile	Tyr	Ser
225					230					235				240
Glu	Lys	Thr	Trp	Arg	Glu	Gln	Leu	Trp	Lys	Ser	Gly	Ile	Leu	Arg
			245						250				255	
Ser	Pro	Met	Phe	Val	Pro	Glu	Cys	Ala	Asp	Ser	Val	Gly	Ile	Glu
			260					265				270		
Asp	Pro	Thr	Cys	Ile	Ile	Cys	Gln	Gln	Phe	Leu	His	Leu	Ser	Ala
		275					280					285		
Val	Cys	Asn	Cys	Arg	Pro	Ser	Val	Phe	Ala	Cys	Leu	Glu	His	Trp
		290				295					300			
His	Leu	Cys	Glu	Cys	Glu	Pro	Thr	Lys	Leu	Arg	Leu	Glu	Tyr	Arg
305					310					315				320
Thr	Leu	Ala	Glu	Leu	Asp	Met	Met	Val	Gln	Glu	Val	Glu	Lys	Phe
			325						330				335	
Gly	Cys	Lys	Thr	Gln	Glu	Thr	Lys	Ile	Ser	Gln	Arg	Pro	Ser	Ser
			340					345					350	
Thr	Lys	Arg	Ser	Ile	Ala	Leu	Asn	Lys	Lys	Gln	Glu	Gly	Met	Gln
		355					360					365		
Ser	Gln	Ala	Arg	Pro	Ala	Asp	Lys	Trp	Leu	Leu	Arg	Ala	Ser	Lys
		370				375					380			
Leu	Asp	Ala	Ala	Phe	Ser	Ser	Val	Glu	Tyr	Ala	Thr	Leu	Leu	Lys
385					390					395				400
Ser	Glu	Gln	Phe	Leu	Trp	Ala	Gly	Ser	Glu	Met	Asp	Arg	Val	Arg
			405						410				415	
Val	Thr	Lys	Ser	Leu	Asn	Lys	Ala	Lys	Ile	Trp	Ala	Glu	Ala	Val
			420					425					430	
Asp	Cys	Leu	Ser	Lys	Val	Glu	Gly	Glu	Val	Asn	Asp	Asp	Ser	Met
		435					440					445		
Val	His	Leu	Glu	Phe	Ile	Asp	Glu	Leu	Leu	Arg	Val	Asn	Pro	Val
		450			455						460			
Cys	Phe	Asn	Ser	Gly	Tyr	Leu	Lys	Leu	Lys	Asp	Tyr	Ala	Glu	Glu
465					470					475				480
Arg	Lys	Leu	Ser	Glu	Lys	Ile	Asp	Ser	Ala	Leu	Ser	Ser	Ser	Pro
			485						490					495
Ile	Thr	Gln	Leu	Glu	Leu	Leu	His	Ser	Glu	Val	Ser	Arg	Ser	Pro
			500					505					510	
Ser	Leu	Lys	Lys	His	Glu	Ile	Leu	Ser	Lys	Lys	Ile	Ser	Ser	Ala
		515					520					525		
Met	Leu	Ala	Lys	Arg	Ala	Lys	Arg	Tyr	Leu	Thr	Asp	Ala	Lys	Pro
		530				535					540			
Gly	Ile	Glu	Met	Asp	Ala	Leu	Phe	Lys	Leu	Asn	Ser	Glu	Met	Leu
545					550					555				560

Leu	His	Val	Gln	Leu	Pro	Glu	Thr	Glu	Gly	Ile	Leu	Asp	Leu	Val	Lys		
				565					570					575			
Lys	Ser	Glu	Ser	Ala	Arg	Asp	Lys	Ser	Asn	Lys	Val	Leu	Thr	Gly	Ser		
			580					585					590				
Leu	Ser	Leu	Glu	Asn	Val	Glu	Glu	Leu	Leu	His	Glu	Phe	Asp	Ser	Phe		
		595				600						605					
Ser	Ile	Asn	Val	Pro	Glu	Leu	Asn	Ile	Leu	Arg	Gln	Tyr	His	Val	Asp		
	610					615					620						
Thr	Leu	Ser	Trp	Ile	Ser	Arg	Phe	Asn	Asp	Val	Met	Val	Asp	Val	Arg		
625					630					635					640		
Glu	Gly	Lys	Asp	Gln	Arg	Lys	Leu	Ile	Ser	Asp	Leu	Ser	Ser	Leu	Leu		
				645					650					655			
Arg	Asp	Gly	Ala	Ser	Leu	Gly	Ile	Gln	Val	Glu	Gly	Leu	Pro	Leu	Val		
			660					665					670				
Glu	Val	Glu	Leu	Lys	Lys	Ala	Ser	Cys	Arg	Glu	Lys	Ala	Arg	Thr	Val		
		675					680					685					
Tyr	Thr	Ala	Arg	Lys	Ser	Leu	Asp	Phe	Ile	Glu	Gln	Leu	Leu	Ser	Glu		
	690					695					700						
Ala	Val	Ile	Leu	His	Ile	Glu	Glu	Glu	Glu	Ile	Phe	Val	Glu	Ile	Ser		
705					710					715					720		
Gly	Ile	Leu	Ser	Thr	Ala	Arg	Cys	Trp	Glu	Glu	Arg	Ala	Ser	Thr	Ile		
				725					730					735			
Leu	Glu	Asn	Glu	Thr	Gln	Met	Tyr	Glu	Leu	Lys	Asp	Leu	Val	Arg	Met		
		740						745					750				
Ser	Val	Asn	Ile	Asp	Ala	Val	Leu	Pro	Thr	Leu	Gln	Gly	Ile	Glu	Asn		
		755					760					765					
Thr	Ile	Ser	Ser	Ala	Glu	Thr	Trp	Leu	Gln	Lys	Ser	Glu	Pro	Phe	Leu		
	770					775					780						
Ser	Ala	Thr	Ser	Ser	Met	Ala	Ser	Ser	Pro	Cys	Ser	Met	Leu	Glu	Leu		
785					790					795					800		
Pro	Val	Leu	Lys	Asp	Leu	Val	Thr	Gln	Ala	Lys	Leu	Leu	Asn	Val	Gln		
			805					810						815			
Leu	Gln	Glu	Pro	Arg	Ile	Leu	Glu	Thr	Leu	Leu	Leu	Asn	Cys	Glu	Arg		
			820					825					830				
Trp	Gln	Cys	Asp	Asn	His	Gln	Leu	Gln	Glu	Thr	Glu	Asp	Leu	Leu			
		835					840					845					
Asp	Asn	Ala	Lys	Ile	Asp	Asp	Gly	Thr	His	Ser	Asn	Ile	Leu	Pro	Lys		
	850					855					860						
Ile	Met	Asp	Leu	Ile	Thr	Arg	Val	Asp	Ser	Ala	Arg	Arg	Ser	Gly	Leu		
865					870				875						880		
Ala	Leu	Gly	Leu	Asn	Phe	Asp	Glu	Leu	Pro	Lys	Leu	Arg	Thr	Ala	Ser		
			885						890					895			
Leu	Lys	Leu	Gly	Trp	Cys	Cys	Lys	Thr	Ile	Thr	Leu	Ser	Ser	Ser	Ser		
		900						905					910				
Pro	Thr	Ser	Glu	Leu	Leu	Glu	Asp	Val	Gly	Lys	Pro	Ser	Leu	Gln	His		
		915					920						925				
Ile	Gln	Gln	His	Leu	Lys	Glu	Gly	Gln	Thr	Leu	Glu	Ile	Leu	Pro	Glu		
	930					935					940						
Glu	Tyr	Tyr	Leu	Gly	Lys	Arg	Leu	Met	Glu	Leu	Lys	Asp	Thr	Gly	Leu		
945					950					955					960		
Glu	Trp	Ala	Lys	Arg	Ala	Arg	Lys	Val	Val	Thr	Asp	Ser	Gly	Ala	Leu		
			965						970					975			
Ala	Leu	Glu	Asp	Val	Phe	Glu	Leu	Ile	Ser	Glu	Gly	Glu	Asn	Leu	Pro		
		980						985					990				
Val	His	Ala	Gln	Gln	Glu	Leu	Gln	Ser	Leu	Arg	Ala	Arg	Ser	Met	Leu		
		995					1000						1005				
His	Cys	Ile	Cys	Leu	Lys	Pro	Tyr	Asn	Ser	Arg	Ser	Met	Val	Ser			
	1010					1015						1020					
Cys	Ser	Gln	Cys	Gly	Glu	Trp	Tyr	His	Thr	Tyr	Cys	Leu	Lys	Leu			
	1025					1030						1035					

His Trp Arg Pro Lys Ala Tyr Val Cys Ser Ala Cys Cys Pro Leu
 1040 1045 1050
 Ala Glu Thr Thr Pro Gln Ile Asp Pro Ala Arg Ala Thr Glu Pro
 1055 1060 1065
 Glu Arg Pro Ser Leu Asn Gln Arg Arg Thr Arg Met Val Ala Thr
 1070 1075 1080
 Asp Ala Ala Val Asn Asp Leu Lys Trp Lys Thr Arg Lys His Ile
 1085 1090 1095
 Lys Arg Thr Thr Lys Arg Ser Pro Gln Val His Ile Leu Pro Trp
 1100 1105 1110
 Phe Phe Thr
 1115

<210> 111

<211> 2751

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 111

atgaacgacgt	taggacaaaag	agatcgccga	ccagatgctc	tcggtagtct	cagtgttcta	60
ccagatgaga	ccatctgtgt	tcttctcgaa	taccttgctc	cccagatat	tgctcacctc	120
gcttgtgtca	gcagtgat	gtatattcta	tgtaataag	aaccattgtg	gatgagtttg	180
tgtctcagaa	gagcaaaaag	tcctcttgaa	tacaaagggt	cttggaaaaa	aacaacattg	240
catctagaag	gagttactca	agaaaatgac	gcatacagaa	aatgttttca	ttttgatgga	300
ttcatgtcgt	tgtacttgta	taaacgattc	tataggtgta	atacatctct	tgacgggttc	360
tcttttgata	atgggaatgt	ggaacgtagg	agaaatatct	ccttggtatga	gttttctaag	420
gaatacgaag	ccaagaaacc	tgttttgctt	tctggccttg	ctgattcttg	gccagccagt	480
aatacgtgga	ctatcgacca	actctcagag	aaatatgggtg	aagtcccgtt	tagaatatct	540
cagaggagcc	ccaacaaaat	ttccatgaag	ttcaaggatt	acatcgcata	tatgaaaact	600
cagcgggatg	aagatcctct	atacgttttc	gatgacaagt	ttggagaagc	tgctccagaa	660
ttattgaaag	actatagtgt	gccccatttg	tttcaagaag	attggtttga	gatcttagac	720
aaggaaagtc	gtctccata	cagatggctt	atagttggtc	cggagaggtc	tggtgcattc	780
tggcattgtg	accagctct	taccagcgc	tggaacaccc	tgctttgcgg	tcggaaaagg	840
tgggcattgt	atccccctgg	aaaagtgcct	ctaggtgtta	cagtccatgt	caatgaagat	900
gagggtgatg	tcagcattga	tacaccctca	tctctgcagt	ggtggctaga	ctattatccc	960
cttcttgccg	acgaagacaa	accgattgag	tgacactac	tacctggcga	aacgatttat	1020
gttccaagtg	gttgggtgga	ctgtatcctt	aatcttgaa	caacagtggc	tggtaccag	1080
aattttgtga	acaaagaaaa	ctttgggttc	gtgtgcttgg	atatggcgcc	tggttaccat	1140
cacaaaggag	tttgccgtgc	tggtgttctt	gctcttgatg	atgaaaatc	tgaagatttg	1200
gaagaagaaa	cacacgatga	agaagataat	actttgagct	attcagaact	taccaggaaa	1260
gagaagagga	cacggatgaa	tggaaggtgga	gagactgaaa	accgcgaaga	ggatgtgaat	1320
ggagtatcga	agagatataa	tatgtggaag	aatggatttt	catatgatat	cgatttcttc	1380
gcttcatttc	ttgataaaga	aagagatcat	tacaatttcc	catggtcaat	ggggaactct	1440
gtaggccaac	gagaaatgag	agcctggcta	tccaagcttt	gggttctgaa	gocctgagatg	1500
agagaactaa	tatggaaggg	agcatgcatt	gctttaaatg	ctgagaaatg	gttgcgatgc	1560
ctagaggaag	tatgtacttt	ccacaacttg	cogttgggtta	ccgaagatga	aaagcttcca	1620
gttggaaactg	gcagcaaccc	tcttgagttt	tatgacattc	ttggccgggc	tgattctcct	1680
ttgaaaacac	atatttctga	agttctagca	agcgggatcc	ttttcttcga	aaaaggatct	1740
tacaaagtgt	tcctttggga	tggaagagaa	atcccagata	ttatctctag	ctccagtttc	1800
gattttgatg	catccatgtt	aaacagcgaa	ttcccatattg	gtatttgga	taaaacgcta	1860
cgtgaacata	aaaaccaggg	gaagccagca	cccagattctt	ttgggttcatt	gagttcacat	1920
gtttggccat	atattataac	caaaagatgc	aaagggaaga	tttttgccca	actaagagat	1980
gatctaacct	ggaacgacgc	tcagaacctg	gctttcttcc	tcggacaaca	actacgcaac	2040
cttcactctac	ttccatatcc	accggtcaca	cgctcggagt	tggtgaatgt	gtgtgctgtt	2100
catgaggagt	tgaacattcc	agcagaatgg	aaagtttttg	tcgatgctct	gtgccaaaag	2160
aagaaggacg	tcactagtgc	tctggaaaac	tggggaaatc	cgatacctcg	ggctctgatg	2220
accaagatag	acgaatacat	tcccgatgac	ttttttgtag	atttactcca	cgtcttcaag	2280
gagacaaatg	gtggagatga	aatcaagccc	tgacactgga	tacactcaga	cgtaatggat	2340
gacaacattc	acatggaacc	atacgcagat	gattcagttg	atggtcaaca	caactcatgg	2400
cgtcccagtc	atattcttga	cttcagcgat	ttaaccatag	gagatcccat	ctgcgacttg	2460

ES 2 539 530 T3

ataccaatat	acttggacgt	ctttagagga	gacgctgac	ttcttaagaa	gcttctagaa	2520
aattatggac	ttccattaat	cagaagtaga	tcttcagaga	acggaacaac	aaaaacagca	2580
gacagtacga	ggaagaaagt	attgtctcca	tcttaccgta	caatgtgtta	ctgtatatta	2640
catgaagaaa	atgtgttggg	ttcaatattc	agtatttggg	acgaacttcg	gactgctgaa	2700
tcatgggaac	aagttgagca	aactgttttg	agtctactta	acacctacta	a	2751

<210> 112

<211> 916

<212> PRT

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 112

ES 2 539 530 T3

Met	Thr	Thr	Leu	Gly	Gln	Arg	Asp	Arg	Arg	Pro	Asp	Ala	Leu	Gly	Ser
1				5					10					15	
Leu	Ser	Val	Leu	Pro	Asp	Glu	Thr	Ile	Cys	Val	Leu	Leu	Glu	Tyr	Leu
			20					25					30		
Ala	Pro	Arg	Asp	Ile	Ala	His	Leu	Ala	Cys	Val	Ser	Ser	Val	Met	Tyr
		35					40					45			
Ile	Leu	Cys	Asn	Glu	Glu	Pro	Leu	Trp	Met	Ser	Leu	Cys	Leu	Arg	Arg
	50					55					60				
Ala	Lys	Gly	Pro	Leu	Glu	Tyr	Lys	Gly	Ser	Trp	Lys	Lys	Thr	Thr	Leu
65					70				75						80
His	Leu	Glu	Gly	Val	Thr	Gln	Glu	Asn	Asp	Ala	Tyr	Arg	Lys	Cys	Phe
			85					90					95		
His	Phe	Asp	Gly	Phe	Met	Ser	Leu	Tyr	Leu	Tyr	Lys	Arg	Phe	Tyr	Arg
			100					105					110		
Cys	Asn	Thr	Ser	Leu	Asp	Gly	Phe	Ser	Phe	Asp	Asn	Gly	Asn	Val	Glu
		115					120					125			
Arg	Arg	Arg	Asn	Ile	Ser	Leu	Asp	Glu	Phe	Ser	Lys	Glu	Tyr	Asp	Ala
		130				135					140				
Lys	Lys	Pro	Val	Leu	Leu	Ser	Gly	Leu	Ala	Asp	Ser	Trp	Pro	Ala	Ser
145					150				155						160
Asn	Thr	Trp	Thr	Ile	Asp	Gln	Leu	Ser	Glu	Lys	Tyr	Gly	Glu	Val	Pro
			165						170					175	
Phe	Arg	Ile	Ser	Gln	Arg	Ser	Pro	Asn	Lys	Ile	Ser	Met	Lys	Phe	Lys
			180					185					190		
Asp	Tyr	Ile	Ala	Tyr	Met	Lys	Thr	Gln	Arg	Asp	Glu	Asp	Pro	Leu	Tyr
		195					200					205			
Val	Phe	Asp	Asp	Lys	Phe	Gly	Glu	Ala	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Lys	Asp
	210					215					220				
Tyr	Ser	Val	Pro	His	Leu	Phe	Gln	Glu	Asp	Trp	Phe	Glu	Ile	Leu	Asp
225					230				235						240
Lys	Glu	Ser	Arg	Pro	Pro	Tyr	Arg	Trp	Leu	Ile	Val	Gly	Pro	Glu	Arg
			245						250					255	
Ser	Gly	Ala	Ser	Trp	His	Val	Asp	Pro	Ala	Leu	Thr	Ser	Ala	Trp	Asn
			260					265					270		
Thr	Leu	Leu	Cys	Gly	Arg	Lys	Arg	Trp	Ala	Leu	Tyr	Pro	Pro	Gly	Lys
		275					280						285		
Val	Pro	Leu	Gly	Val	Thr	Val	His	Val	Asn	Glu	Asp	Glu	Gly	Asp	Val
	290					295					300				
Ser	Ile	Asp	Thr	Pro	Ser	Ser	Leu	Gln	Trp	Trp	Leu	Asp	Tyr	Tyr	Pro
305					310				315						320
Leu	Leu	Ala	Asp	Glu	Asp	Lys	Pro	Ile	Glu	Cys	Thr	Leu	Leu	Pro	Gly
			325						330					335	
Glu	Thr	Ile	Tyr	Val	Pro	Ser	Gly	Trp	Trp	His	Cys	Ile	Leu	Asn	Leu
		340						345					350		
Glu	Pro	Thr	Val	Ala	Val	Thr	Gln	Asn	Phe	Val	Asn	Lys	Glu	Asn	Phe
		355					360					365			
Gly	Phe	Val	Cys	Leu	Asp	Met	Ala	Pro	Gly	Tyr	His	His	Lys	Gly	Val
	370					375					380				
Cys	Arg	Ala	Gly	Leu	Leu	Ala	Leu	Asp	Asp	Glu	Asn	Ser	Glu	Asp	Leu

ES 2 539 530 T3

385					390					395					400
Glu	Glu	Glu	Thr	His	Asp	Glu	Glu	Asp	Asn	Thr	Leu	Ser	Tyr	Ser	Asp
				405					410					415	
Leu	Thr	Arg	Lys	Glu	Lys	Arg	Thr	Arg	Met	Asn	Gly	Gly	Gly	Glu	Thr
			420					425					430		
Glu	Asn	Arg	Glu	Glu	Asp	Val	Asn	Gly	Val	Ser	Lys	Arg	Tyr	Asn	Met
		435					440					445			
Trp	Lys	Asn	Gly	Phe	Ser	Tyr	Asp	Ile	Asp	Phe	Leu	Ala	Ser	Phe	Leu
	450					455					460				
Asp	Lys	Glu	Arg	Asp	His	Tyr	Asn	Phe	Pro	Trp	Ser	Met	Gly	Asn	Ser
465					470					475				480	
Val	Gly	Gln	Arg	Glu	Met	Arg	Ala	Trp	Leu	Ser	Lys	Leu	Trp	Val	Leu
			485					490					495		
Lys	Pro	Glu	Met	Arg	Glu	Leu	Ile	Trp	Lys	Gly	Ala	Cys	Ile	Ala	Leu
			500					505					510		
Asn	Ala	Glu	Lys	Trp	Leu	Arg	Cys	Leu	Glu	Glu	Val	Cys	Thr	Phe	His
		515					520					525			
Asn	Leu	Pro	Leu	Val	Thr	Glu	Asp	Glu	Lys	Leu	Pro	Val	Gly	Thr	Gly
	530					535					540				
Ser	Asn	Pro	Leu	Glu	Phe	Tyr	Asp	Ile	Leu	Gly	Arg	Ala	Asp	Ser	Pro
545					550				555					560	
Leu	Lys	Thr	His	Ile	Pro	Glu	Val	Leu	Ala	Ser	Gly	Ile	Leu	Phe	Phe
			565					570					575		
Glu	Lys	Gly	Ser	Tyr	Lys	Val	Val	Pro	Trp	Asp	Gly	Lys	Arg	Ile	Pro
			580					585					590		
Asp	Ile	Ile	Ser	Ser	Ser	Ser	Phe	Asp	Phe	Asp	Ala	Ser	Met	Leu	Asn
		595					600					605			
Ser	Glu	Phe	Pro	Phe	Gly	Ile	Trp	Asn	Lys	Thr	Leu	Arg	Glu	His	Lys
	610				615						620				
Asn	Gln	Gly	Lys	Pro	Ala	Pro	Asp	Ser	Phe	Gly	Ser	Leu	Ser	Ser	His
625				630						635				640	
Val	Trp	Pro	Tyr	Ile	Ile	Thr	Lys	Arg	Cys	Lys	Gly	Lys	Ile	Phe	Ala
			645					650					655		
Gln	Leu	Arg	Asp	Leu	Thr	Trp	Asn	Asp	Ala	Gln	Asn	Leu	Ala	Phe	
			660				665					670			
Phe	Leu	Gly	Gln	Gln	Leu	Arg	Asn	Leu	His	Leu	Leu	Pro	Tyr	Pro	Pro
		675					680					685			
Val	Thr	Arg	Pro	Glu	Leu	Leu	Asn	Val	Asn	Ala	Val	His	Glu	Glu	Leu
	690				695						700				
Asn	Ile	Pro	Ala	Glu	Trp	Lys	Val	Phe	Val	Asp	Ala	Leu	Cys	Gln	Lys
705				710					715					720	
Lys	Lys	Asp	Val	Thr	Ser	Arg	Leu	Glu	Asn	Trp	Gly	Asn	Pro	Ile	Pro
			725					730					735		
Arg	Ala	Leu	Met	Thr	Lys	Ile	Asp	Glu	Tyr	Ile	Pro	Asp	Asp	Phe	Phe
			740				745					750			
Val	Asp	Leu	Leu	His	Val	Phe	Lys	Glu	Thr	Asn	Gly	Gly	Asp	Glu	Ile
	755					760					765				
Lys	Pro	Cys	Thr	Trp	Ile	His	Ser	Asp	Val	Met	Asp	Asp	Asn	Ile	His
	770				775					780					
Met	Glu	Pro	Tyr	Ala	Asp	Asp	Ser	Val	Asp	Gly	Gln	His	Asn	Ser	Trp
785				790					795					800	
Arg	Pro	Ser	His	Ile	Leu	Asp	Phe	Ser	Asp	Leu	Thr	Ile	Gly	Asp	Pro
			805						810				815		
Ile	Cys	Asp	Leu	Ile	Pro	Ile	Tyr	Leu	Asp	Val	Phe	Arg	Gly	Asp	Ala
			820				825					830			
Asp	Leu	Leu	Lys	Lys	Leu	Leu	Glu	Asn	Tyr	Gly	Leu	Pro	Leu	Ile	Arg
	835					840					845				
Ser	Arg	Ser	Ser	Glu	Asn	Gly	Thr	Thr	Lys	Thr	Ala	Asp	Ser	Thr	Arg
	850				855					860					
Lys	Lys	Val	Leu	Ser	Pro	Ser	Tyr	Arg	Thr	Met	Cys	Tyr	Cys	Ile	Leu

ES 2 539 530 T3

865 870 875 880
 His Glu Glu Asn Val Leu Gly Ser Ile Phe Ser Ile Trp Asp Glu Leu
 885 890 895
 Arg Thr Ala Glu Ser Trp Glu Gln Val Glu Gln Thr Val Trp Ser Leu
 900 905 910
 Leu Asn Thr Tyr
 915

<210> 113

<211> 2421

<212> ADN

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 113

atggagcctt	tcagtgcctgc	tcagaacaaa	gaggacaagg	acactagcgt	agaacctcct	60
cgtaggcgtt	gtcatcgaaa	gaacaagggc	actaatgtag	aacctcctag	tagtccgtat	120
catccgaagg	ttcttgctag	atgggatccg	gctaataaaa	agaggccaga	cattggtgaa	180
gctccagtat	tcacccttac	atcagaggag	tttgaagata	cgcttgctta	catagaaaaa	240
atacgtccct	tagctgaatc	atcttggtatt	tgtcgaatcg	tgccaccgtc	gaattggtct	300
cctccttgcc	ggcttaaagg	ggatagtata	tggagaataa	aaaatttccc	aacctgtgtt	360
cagtttggtg	acctgcttca	gaacagagga	cccgtaaga	agaagacacc	taaaggaagg	420
aaacggaaac	gaggaaaaata	ctcaagaacc	gtcgccccc	agaaacgaaa	tggctctgtt	480
tctaaatcag	tttctacccc	caaggcgacc	gaagaagaga	atcttggttt	cgaatctggt	540
ccagaattta	ctcttgagaa	gtttgagaaa	tacgtccaag	atctcaaaga	ctcctacttt	600
gaaagaaaaa	acaatgttgg	agatccatct	gttgaggaga	tcgaaggaga	gtactggaga	660
atcattgaga	aagaaacaaa	tgaagttaag	gtattgtatg	ggacggattt	ggagaatccc	720
atacttgga	gcggtttctc	caaaggggta	aaaattccaa	ccagaagaaa	tgatatggat	780
aaatacatat	cttctgggtg	gaatttgaac	aacctcgccc	gtctgcaggg	atctctacta	840
tcctttgagg	attgtgagat	ctcaggggtt	caggtgccat	ggctctatgt	gggcatgtgc	900
ttttcaacgt	tttgttgcca	tgttgaggac	aatcatctat	attcactgaa	ctatcatcac	960
tttggcgagc	caaaagtatg	gtacggaggt	ccgggaagcc	atgcaactgg	gctagagaag	1020
gcaatgagaa	aacatctacc	agatttgttc	gatgaacaac	ctgatctact	tcattgaactg	1080
gttactcagt	tttctccaac	gattttgaaa	aatgaggagg	tcccggttta	tcgagctgtt	1140
cagaatgcag	gggagtatgt	tctaaccattc	cctagagcat	atcattccggg	tttcaactgc	1200
ggattcaact	gtgcagaagc	ggtgaatgtg	gctccgggtg	attggctggc	tcattggacag	1260
aatgctgtgg	aaatatatag	ccaagagact	cggaaaacgt	ctctatctca	tgacaaaatt	1320
ctccttgagg	cagcttttga	agctgttaag	tccctctcag	cacatggggg	agataatata	1380
aaaaggttca	gctggaagag	attctgtggg	aaggacggta	tcataactaa	ggccatcgag	1440
gcacggttac	ggatggaaga	aaaaagaatt	gaggctcttg	gaaatgggtt	cagcttggtg	1500
aagatggata	aagactttga	ttcaaactgt	gaaagggaat	gcatctcttg	ctttagtgc	1560
ttgcatctct	ctgctactgg	ctgcaagaat	tgtcatcttc	tcgaagaata	tgggtgcacg	1620
aaacacgata	tttgttcatg	tgaagggaag	gaccgtttca	ttttctctcg	ttacaccata	1680
gatgagttaa	gctcattggg	aagagcattg	gaagggtgaat	cagatgatct	aaaagcttgg	1740
ctttccaaag	tcattggaag	ttgttcagag	actcagaagg	gagaatctag	tgggattatc	1800
gttaaggaaa	agcaggatca	agaagaatgt	tttgatctga	atggtgagtg	taataaatct	1860
tctgagatat	gtgaggatgc	atccatcatg	gacttagctg	cttatcatgt	tgaacctata	1920
aatcttgggt	tcttggctcg	gggaaagctt	tgggtgaaca	agcatgctat	atttccaaaa	1980
gggtttaaga	gtcgtgttaa	gttctataac	gtgcaagatc	caatgagaat	aagctattac	2040
gtctctgaga	ttgtagatgc	aggacttctg	ggtccactct	tcaagggttac	tttgggaagaa	2100
tctcaagacg	agagcttctc	ttatgcctca	cctcagaagt	gctgggaaat	ggtgttgctt	2160
agagtttaagg	aagagatcat	gagacgcagc	aacccaaaaa	aagatgtcca	tatgttgga	2220
agcatcgatg	ggttaaaaaa	gtttggtttt	cgtctctcgt	ttattgttca	ggccactgag	2280
gctcttgacc	cgaacctatg	ccaagtggag	tattggaacc	ataagaatga	gaaggattcg	2340
ctggaaatga	aagattgctt	catgtcaaat	tcttcccaga	gcttaagcaa	agcaagactt	2400
tttgggggtg	atttgaattg	a				2421

<210> 114

<211> 806

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 114

```

Met Glu Pro Phe Ser Ala Ala Gln Asn Lys Glu Asp Lys Asp Thr Ser
1      5      10      15
Val Glu Pro Pro Arg Arg Arg Cys His Arg Lys Asn Lys Gly Thr Asn
20      25      30
Val Glu Pro Pro Ser Ser Pro Tyr His Pro Lys Val Leu Ala Arg Trp
35      40      45
Asp Pro Ala Asn Glu Lys Arg Pro Asp Ile Gly Glu Ala Pro Val Phe
50      55      60
His Pro Thr Ser Glu Glu Phe Glu Asp Thr Leu Ala Tyr Ile Glu Lys
65      70      75      80
Ile Arg Pro Leu Ala Glu Ser Phe Gly Ile Cys Arg Ile Val Pro Pro
85      90      95
Ser Asn Trp Ser Pro Pro Cys Arg Leu Lys Gly Asp Ser Ile Trp Lys
100     105     110
Asn Lys Asn Phe Pro Thr Arg Val Gln Phe Val Asp Leu Leu Gln Asn
115     120     125
Arg Gly Pro Val Lys Lys Lys Thr Pro Lys Gly Arg Lys Arg Lys Arg
130     135     140
Gly Lys Tyr Ser Arg Thr Val Ala Pro Lys Lys Arg Asn Gly Ser Val
145     150     155     160
Ser Lys Ser Val Ser Thr Pro Lys Ala Thr Glu Glu Glu Asn Phe Gly
165     170     175
Phe Glu Ser Gly Pro Glu Phe Thr Leu Glu Lys Phe Glu Lys Tyr Ala
180     185     190
Gln Asp Phe Lys Asp Ser Tyr Phe Glu Arg Lys Asp Asn Val Gly Asp
195     200     205
Pro Ser Val Glu Glu Ile Glu Gly Glu Tyr Trp Arg Ile Ile Glu Lys
210     215     220
Glu Thr Asn Glu Val Lys Val Leu Tyr Gly Thr Asp Leu Glu Asn Pro
225     230     235     240
Ile Leu Gly Ser Gly Phe Ser Lys Gly Val Lys Ile Pro Thr Arg Arg
245     250     255
Asn Asp Met Asp Lys Tyr Ile Ser Ser Gly Trp Asn Leu Asn Asn Leu
260     265     270
Ala Arg Leu Gln Gly Ser Leu Leu Ser Phe Glu Asp Cys Glu Ile Ser
275     280     285
Gly Val Gln Val Pro Trp Leu Tyr Val Gly Met Cys Phe Ser Thr Phe
290     295     300
Cys Trp His Val Glu Asp Asn His Leu Tyr Ser Leu Asn Tyr His His
305     310     315     320
Phe Gly Glu Pro Lys Val Trp Tyr Gly Val Pro Gly Ser His Ala Thr
325     330     335
Gly Leu Glu Lys Ala Met Arg Lys His Leu Pro Asp Leu Phe Asp Glu
340     345     350
Gln Pro Asp Leu Leu His Glu Leu Val Thr Gln Phe Ser Pro Thr Ile
355     360     365
Leu Lys Asn Glu Gly Val Pro Val Tyr Arg Ala Val Gln Asn Ala Gly
370     375     380
Glu Tyr Val Leu Thr Phe Pro Arg Ala Tyr His Ser Gly Phe Asn Cys
385     390     395     400
Gly Phe Asn Cys Ala Glu Ala Val Asn Val Ala Pro Val Asp Trp Leu
405     410     415
Ala His Gly Gln Asn Ala Val Glu Ile Tyr Ser Gln Glu Thr Arg Lys
420     425     430
Thr Ser Leu Ser His Asp Lys Ile Leu Leu Gly Ala Ala Phe Glu Ala
435     440     445
Val Lys Ser Leu Ser Ala His Gly Glu Asp Asn Thr Lys Arg Phe Ser
450     455     460
Trp Lys Arg Phe Cys Gly Lys Asp Gly Ile Ile Thr Lys Ala Ile Glu
465     470     475     480

```

Ala Arg Leu Arg Met Glu Glu Lys Arg Ile Glu Ala Leu Gly Asn Gly
485 490 495
Phe Ser Leu Val Lys Met Asp Lys Asp Phe Asp Ser Asn Cys Glu Arg
500 505 510
Glu Cys Ile Ser Cys Phe Ser Asp Leu His Leu Ser Ala Thr Gly Cys
515 520 525
Lys Asn Cys Ser Ser Leu Glu Tyr Gly Cys Thr Lys His Asp Ile
530 535 540
Cys Ser Cys Glu Gly Lys Asp Arg Phe Ile Phe Leu Arg Tyr Thr Ile
545 550 555 560
Asp Glu Leu Ser Ser Leu Val Arg Ala Leu Glu Gly Glu Ser Asp Asp
565 570 575
Leu Lys Ala Trp Leu Ser Lys Val Met Glu Gly Cys Ser Glu Thr Gln
580 585 590
Lys Gly Glu Ser Ser Gly Ile Ile Val Lys Glu Lys Gln Val Gln Glu
595 600 605
Glu Cys Phe Asp Leu Asn Gly Glu Cys Asn Lys Ser Ser Glu Ile Cys
610 615 620
Glu Asp Ala Ser Ile Met Asp Leu Ala Ala Tyr His Val Glu Pro Ile
625 630 635 640
Asn Leu Gly Phe Leu Val Val Gly Lys Leu Trp Cys Asn Lys His Ala
645 650 655
Ile Phe Pro Lys Gly Phe Lys Ser Arg Val Lys Phe Tyr Asn Val Gln
660 665 670
Asp Pro Met Arg Ile Ser Tyr Tyr Val Ser Glu Ile Val Asp Ala Gly
675 680 685
Leu Leu Gly Pro Leu Phe Lys Val Thr Leu Glu Glu Ser Gln Asp Glu
690 695 700
Ser Phe Ser Tyr Ala Ser Pro Gln Lys Cys Trp Glu Met Val Leu Leu
705 710 715 720
Arg Val Lys Glu Glu Ile Met Arg Arg Ser Asn Gln Lys Gln Asp Val
725 730 735
His Met Leu Glu Ser Ile Asp Gly Leu Lys Met Phe Gly Phe Arg Ser
740 745 750
Pro Phe Ile Val Gln Ala Thr Glu Ala Leu Asp Pro Asn His Gly Gln
755 760 765
Val Glu Tyr Trp Asn His Lys Asn Glu Lys Asp Ser Leu Glu Met Lys
770 775 780
Asp Cys Phe Met Ser Asn Ser Ser Gln Ser Leu Ser Lys Ala Arg Leu
785 790 795 800
Phe Gly Val Asp Leu Asn
805

<210> 115

<211> 2127

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 115

atgggcattg	aaggtgtatc	aacgtatttg	aaatctggaa	atatggacac	aatttctgct	60
ccgccagggt	ttgtatctca	aacatcggtt	gtgctgagga	atgtaccccg	agacaaagaa	120
agtcccagggt	ccgtgtcgag	acaagagcag	acaactggat	tcggcacaga	tgataaagat	180
agttgcaata	tgtttcttaa	aagccgaccg	tggatagtg	atggtcacac	aattcccagc	240
tcagaggcct	taaggccgaa	aaaaactgag	gtacggagaa	gacggcccct	caaagtgtct	300
gagaccaaag	tccttgagga	agctcctgtg	ttcaacccaa	ccgaagagga	attcagggac	360
acactctcat	atatatcaag	cttgctgtgac	agagctgagc	cgtatggaat	ctgttgtgtt	420
gttctctccac	cttcatggaa	acctccatgt	cttctcaagg	agaaacaaat	atgggagggt	480
tctacatttt	tccttcaagt	tcagctcttt	ggaattcaga	ccgagaaccg	aaagattaaa	540
aaggagggtt	atgcagatag	taatgatgct	gcattctgaag	gggttcagtt	atgtagagta	600
gaacgtggtc	ctgggtatac	tttgaagtcc	tttaaaaact	ttgcagatac	atacaagaag	660
agtcattttg	gcatagaagga	tgagggtttg	gggttcagaga	actcatctcc	atcacttaaa	720

```

ccaaatgagc taattgtggc agacattgaa aaagagtaca gacaaattgt tgagagtcca 780
cttattgaaa ttgggggtgct ttatggcaat gatttagaca ctgcaacggt ttggaagtggga 840
tttcccttat ctgcaccatc tgaatctagc aaatattcat cagggttgaa tctgaacagt 900
acggctaagc ttcttggttc tttctatca ttagaagact gcgaatcagt ttgtgttcct 960
cgtctaagtg taggaatgtg cttgtcttcc cagttctgga aatctgagaa ggagagactc 1020
tactctctct gctatttgca tgtgggcgct cctagagtgt ggtattccgt agcaggatgt 1080
catcgatcaa agtttaaggc tgccatgaaa agcttcatcc ttgagatgtc aggagaacag 1140
ccaaagaaga gtcataatcc tgtgatgatg atgtctccat atcaattgag cgtggagggt 1200
ataccagtga cccgctgtgt ccagcacctt ggccagtatg ttattatatt tccagggtcg 1260
tattactctg cctttgactg tggttcaac tgtttggaga aagcaaactt tgctcccctt 1320
gatttggttc cccatgggga tattgtgtgt cagggtgaatc aagagatgag taaaacgtcg 1380
ctgatatcgt atgataagct attatttagt gctgcaaggg aagctgtaaa atgtcttaag 1440
gaatatgggt gtcgaagaa aaacacagca tgttacagca gatggaatga ttcttgtggg 1500
acggatgggt tgttctccaa cataatcaag tcacggatca aactggagaa aaatagacgt 1560
gaatttctta tcagttcact agaatcgcaa aggatggaca agagttatga tgctgtgaac 1620
aaaaggaat gctgtgtatg tcttggggat ttgtatcttt ccgcggttaa ctgttcatgc 1680
tctgctaato gttactcgtg tctgaaccac atgaggaagc tctgtgcatg tccgtgtgac 1740
agaaagagtt ttctctatag gtacactatg gatgagttga atcttctcgt tgaagccctg 1800
gaaggtaaaa agctcagctc tatgttcaga tgggcaggca tagatcaaaa attctgtgct 1860
tctccagcca ccacaagttc aaaacccgaa gaagacaaag gcaaggaaac agatgaggtt 1920
acaccctgta atatcacgag gaaagatgtc gcagctggaa ctaaggacca gacaagagt 1980
aaggcgagat ctttggctga tatactgaat gttaaagatg gaaacaatga tgcaaaggag 2040
actttagaat cttgttctaa gaaatcaaac aggccatgag ataacgattc ctctgaggcc 2100
aacgcgcaaa agaaacagaa gcagtga 2127

```

<210> 116

<211> 708

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 116

```

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

```

ES 2 539 530 T3

Pro	Asn	Glu	Leu	Ile	Val	Ala	Asp	Ile	Glu	Lys	Glu	Tyr	Arg	Gln	Ile	
				245					250					255		
Val	Glu	Ser	Pro	Leu	Ile	Glu	Ile	Gly	Val	Leu	Tyr	Gly	Asn	Asp	Leu	
			260					265					270			
Asp	Thr	Ala	Thr	Phe	Gly	Ser	Gly	Phe	Pro	Leu	Ser	Ala	Pro	Ser	Glu	
		275					280					285				
Ser	Ser	Lys	Tyr	Ser	Ser	Gly	Trp	Asn	Leu	Asn	Ser	Thr	Ala	Lys	Leu	
	290					295					300					
Pro	Gly	Ser	Leu	Leu	Ser	Leu	Glu	Asp	Cys	Glu	Ser	Val	Cys	Val	Pro	
305					310					315					320	
Arg	Leu	Ser	Val	Gly	Met	Cys	Leu	Ser	Ser	Gln	Phe	Trp	Lys	Ser	Glu	
				325					330					335		
Lys	Glu	Arg	Leu	Tyr	Ser	Leu	Cys	Tyr	Leu	His	Val	Gly	Ala	Pro	Arg	
			340					345					350			
Val	Trp	Tyr	Ser	Val	Ala	Gly	Cys	His	Arg	Ser	Lys	Phe	Lys	Ala	Ala	
		355					360					365				
Met	Lys	Ser	Phe	Ile	Leu	Glu	Met	Ser	Gly	Glu	Gln	Pro	Lys	Lys	Ser	
	370					375					380					
His	Asn	Pro	Val	Met	Met	Met	Ser	Pro	Tyr	Gln	Leu	Ser	Val	Glu	Gly	
385					390					395					400	
Ile	Pro	Val	Thr	Arg	Cys	Val	Gln	His	Pro	Gly	Gln	Tyr	Val	Ile	Ile	
			405						410					415		
Phe	Pro	Gly	Ser	Tyr	Tyr	Ser	Ala	Phe	Asp	Cys	Gly	Phe	Asn	Cys	Leu	
			420					425					430			
Glu	Lys	Ala	Asn	Phe	Ala	Pro	Leu	Asp	Trp	Leu	Pro	His	Gly	Asp	Ile	
		435					440					445				
Ala	Val	Gln	Val	Asn	Gln	Glu	Met	Ser	Lys	Thr	Ser	Leu	Ile	Ser	Tyr	
	450					455					460					
Asp	Lys	Leu	Leu	Phe	Ser	Ala	Ala	Arg	Glu	Ala	Val	Lys	Cys	Leu	Lys	
465					470					475					480	
Glu	Tyr	Gly	Leu	Ser	Lys	Lys	Asn	Thr	Ala	Cys	Tyr	Thr	Arg	Trp	Asn	
			485					490						495		
Asp	Ser	Cys	Gly	Thr	Asp	Gly	Leu	Phe	Ser	Asn	Ile	Ile	Lys	Ser	Arg	
			500					505					510			
Ile	Lys	Leu	Glu	Lys	Asn	Arg	Arg	Glu	Phe	Leu	Ile	Ser	Ser	Leu	Glu	
		515					520						525			
Ser	Gln	Arg	Met	Asp	Lys	Ser	Tyr	Asp	Ala	Val	Asn	Lys	Arg	Glu	Cys	
	530					535						540				
Cys	Val	Cys	Leu	Gly	Asp	Leu	Tyr	Leu	Ser	Ala	Val	Asn	Cys	Ser	Cys	
545					550					555					560	
Ser	Ala	Asn	Arg	Tyr	Ser	Cys	Leu	Asn	His	Met	Arg	Lys	Leu	Cys	Ala	
			565						570					575		
Cys	Pro	Cys	Asp	Arg	Lys	Ser	Phe	Leu	Tyr	Arg	Tyr	Thr	Met	Asp	Glu	
			580					585					590			
Leu	Asn	Leu	Leu	Val	Glu	Ala	Leu	Glu	Gly	Lys	Lys	Leu	Ser	Ser	Met	
		595					600						605			
Phe	Arg	Trp	Ala	Gly	Ile	Asp	Gln	Lys	Phe	Cys	Ala	Ser	Pro	Ala	Thr	
	610					615					620					
Thr	Ser	Ser	Lys	Pro	Glu	Glu	Asp	Lys	Gly	Lys	Glu	Thr	Asp	Glu	Val	
625					630					635					640	
Thr	Pro	Cys	Asn	Ile	Thr	Arg	Lys	Asp	Val	Ala	Ala	Gly	Thr	Lys	Asp	
			645						650					655		
Gln	Thr	Arg	Val	Lys	Ala	Arg	Ser	Leu	Ala	Asp	Ile	Leu	Asn	Val	Lys	
			660					665					670			
Asp	Gly	Asn	Asp	Ala	Lys	Glu	Thr	Leu	Glu	Ser	Cys	Ser	Lys	Lys		
		675				680					685					
Ser	Asn	Arg	Pro	Cys	Asp	Asn	Asp	Ser	Ser	Glu	Ala	Asn	Ala	Pro	Lys	
	690					695					700					
Lys	Gln	Lys	Gln													
705																

<210> 117

<211> 3084

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 117

atggattctg	tggaggaaga	aggtgttgtt	agggttgaag	aagagaacgg	acgcggtggt	60
ctccgtaggc	atcggagggt	ttctacgaag	ctggcggaatt	acgtagatcc	tccgactgac	120
gacgaagaag	atggaggacc	caagcgaaaag	ggcaaaaagg	gtggaaatag	ggctccgaaa	180
aagacaccga	agaaagacga	ggagatgcaa	aagaacgaaa	ttgatgaagc	aaaccgagtc	240
actggtctgg	tgaaggaaaa	aagagccgcg	actaagattc	tgaatcgcaa	agactccatt	300
attgaagtag	gagaagcttc	tggaaagcatg	cccaagggaag	taaagggaat	taggattggg	360
aaaagggaag	gagaaatcga	tggtagagatt	ccaactaagc	cgggcaagaa	gccaaagact	420
acagtagacc	cgagaatcat	tggttacaga	ccggacaata	tgtgccatca	atgtcaaaag	480
agcgatagga	ttgttgaacg	gtgtcagacc	tgcaatagta	agcgttattg	tcatccatgc	540
ttggacactt	ggtacccccct	tatagcaaaa	gaagatgttg	ccaagaaatg	catgttctgc	600
cttagtactt	gcaattgcag	agcatgcttg	cgtctagata	ctaaattgaa	agggataaat	660
tcgaacctca	tagtcagcga	ggaagaaaaag	gtccaagcct	ctaagtttat	tctgcagagc	720
cttctcccac	atctgaaagg	aataaatgat	gaacaagttg	ctgagaagga	agttgaggcc	780
aaaatatacg	gactgaagtt	tgaagaggtg	aggccccaaag	acgctaaagc	tttccctgat	840
gaaagactat	actgtgatat	ctgcaagact	tctatctatg	atctccatag	gaattgcaag	900
tccgttagtt	ttgatatactg	ccttagctgt	tgcccttgaga	tccgcaatgg	aaaggctctg	960
gcattgtaagg	aggatgtgtc	ttggaattat	attaaccgag	gtttagagta	tgaacatgga	1020
caagaaggaa	aagtgtattga	aaagccggcg	aataagctag	atgataagtt	gaaagataag	1080
ctggatggta	agccggatga	taagccgaag	ggtaagccaa	agggtaggcc	aaagggttaag	1140
ccggatgata	agccgaaggg	taaactgaag	ggtaagcagg	atgataaacc	ggatgataag	1200
ccagatgaga	agccgggttaa	tacagaccat	atgaagtacc	cttctctgtg	gaaagcaaat	1260
gaagctggga	tcattacttg	ttgttgtggt	gctggggagt	tagtgctgaa	acgactactt	1320
ccggatgggt	ggatatctga	gttgggtcaac	agagttgaaa	aaactgctga	agctggcgag	1380
cttttgaatt	tacctgaaac	ggttttggag	cgatgccctt	gttctaactc	tgacagacat	1440
attgacatag	acagctgtaa	tttgttaaaa	gctgcttgct	gagaagggtc	agaagacaat	1500
tatctttact	ctccaagtgt	atgggatgtt	caacaagatg	atttgaagca	ttttcagcac	1560
cattgggttaa	aaggcgagcc	tgtgattgtg	agaaatgtgc	ttgaagctac	atctggttta	1620
agctgggaac	caatggtaat	gcacgtgccc	tgccgccaga	taagccatgt	ccagcatgga	1680
tcacttaagg	atgttgttgc	tgttgattgt	ttggacttct	gtgaggtaaa	agttaatctt	1740
catgaatttt	ttactggata	cacggatggc	cgatatgata	gaatgggttg	gccactagtt	1800
ctgaaactga	aagattggcc	tccagctaaa	gtcttcaaag	ataacttgcc	acgtcatgct	1860
gaggagtctt	tatgtagttt	gcctttgaag	cattacactc	atccggttaa	tggacctttg	1920
aatctcgctg	tcaagcttcc	ccaaaattgc	ttgaagccag	acatgggacc	aaagacgtac	1980
gttgcttctg	gattttgctca	agaattaggc	cgtggagatt	ctgttactaa	gctccactgc	2040
gacatgtctg	atgcggtgaa	tattttgacg	cacatactct	aagtgcccaa	tatgcaacct	2100
ggaattggaa	atctgaaaaa	gaagcatgcc	gaacaagatc	tcaaggagct	gtatagctca	2160
gtagctaaca	aggaggaaat	gatggagatt	cttgaaaatt	ccagacaaca	agtcacaaat	2220
gttgaaactg	atgatggagc	tctttgggac	attttccgta	gagaagatat	tcctaaatta	2280
gaaagttaca	ttgagaaaca	tcacaaggag	ttcagacatc	tctactgctg	tcctgtgtct	2340
caggttgttc	atcctatata	tgaccagaac	ttctatctga	cgcggtatca	tataatgaag	2400
ctgaaagaag	aatatggcat	tgaaccttgg	acottcaatc	agaagcttgg	tgatgctgtt	2460
ttgatacctg	tatggttggc	tcatcaagtt	agaaatttga	agtcctgcaa	taaggtagcg	2520
cttgactctg	tctcacctga	aaatgtcagc	gagtgtttac	gcttgacaaa	acagtatcgt	2580
ctacttccac	caaatacattt	tgcaaaaagaa	gacaagttag	gggttaagaa	gatgatagtc	2640
catgcagttg	ataaagctct	cagagactta	agtggagaga	agtcctccaga	acctgaagag	2700
aagaaacaaa	atatgagagg	gccgaagaag	ggggcagcca	aggcagttgc	caaggctctc	2760
aaagacttat	ctccaagtga	aaagaagtct	tcggaagcag	ctgaagagga	gatatacaat	2820
gggatagtca	atgcaatcga	taagggtctc	aaagacttac	ctccaagtga	agagaagtct	2880
tccgaagcca	aagtggagat	atcaaatggg	atagtcagtg	caatggataa	ggatctcgaa	2940
cacatatctt	caagcgaaaa	gaagtcacg	gaagaggaag	gggtgaaaag	accaaatatt	3000
gtgaggacat	atgagcggag	aaaaaagctg	ggaagtgaag	taaccaacgc	atacattgac	3060
agattagaaa	tggagaagat	gtag				3084

5

<210> 118

<211> 1027

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 118

Met	Asp	Ser	Val	Glu	Glu	Gly	Val	Val	Arg	Val	Glu	Glu	Glu	Asn
1			5				10						15	
Gly	Arg	Gly	Gly	Leu	Arg	Arg	His	Arg	Val	Ser	Thr	Lys	Leu	Ala
			20				25					30		
Asn	Tyr	Val	Asp	Pro	Pro	Thr	Asp	Asp	Glu	Glu	Asp	Gly	Gly	Pro
		35					40					45		Lys
Arg	Lys	Gly	Lys	Arg	Gly	Gly	Asn	Arg	Ala	Pro	Lys	Lys	Thr	Pro
	50					55					60			Lys
Lys	Asp	Glu	Glu	Met	Gln	Lys	Asn	Glu	Ile	Asp	Glu	Ala	Asn	Arg
65					70					75				80
Thr	Gly	Leu	Val	Lys	Glu	Lys	Arg	Ala	Ala	Thr	Lys	Ile	Leu	Asn
				85					90					95
Lys	Asp	Ser	Ile	Ile	Glu	Val	Gly	Glu	Ala	Ser	Gly	Ser	Met	Pro
			100					105					110	Lys
Glu	Val	Lys	Gly	Ile	Arg	Ile	Gly	Lys	Arg	Lys	Gly	Glu	Ile	Asp
		115					120					125		Gly
Glu	Ile	Pro	Thr	Lys	Pro	Gly	Lys	Lys	Pro	Lys	Thr	Thr	Val	Asp
	130					135						140		Pro
Arg	Ile	Ile	Gly	Tyr	Arg	Pro	Asp	Asn	Met	Cys	His	Gln	Cys	Gln
145					150					155				Lys
Ser	Asp	Arg	Ile	Val	Glu	Arg	Cys	Gln	Thr	Cys	Asn	Ser	Lys	Arg
				165					170					Tyr
Cys	His	Pro	Cys	Leu	Asp	Thr	Trp	Tyr	Pro	Leu	Ile	Ala	Lys	Glu
			180					185					190	Asp
Val	Ala	Lys	Lys	Cys	Met	Phe	Cys	Ser	Ser	Thr	Cys	Asn	Cys	Arg
		195					200					205		Ala
Cys	Leu	Arg	Leu	Asp	Thr	Lys	Leu	Lys	Gly	Ile	Asn	Ser	Asn	Leu
	210					215					220			Ile
Val	Ser	Glu	Glu	Glu	Lys	Val	Gln	Ala	Ser	Lys	Phe	Ile	Leu	Gln
225					230					235				Ser
Leu	Leu	Pro	His	Leu	Lys	Gly	Ile	Asn	Asp	Glu	Gln	Val	Ala	Glu
				245					250					Lys
Glu	Val	Glu	Ala	Lys	Ile	Tyr	Gly	Leu	Lys	Phe	Glu	Glu	Val	Arg
			260					265					270	Pro
Gln	Asp	Ala	Lys	Ala	Phe	Pro	Asp	Glu	Arg	Leu	Tyr	Cys	Asp	Ile
		275					280					285		Cys
Lys	Thr	Ser	Ile	Tyr	Asp	Leu	His	Arg	Asn	Cys	Lys	Ser	Cys	Ser
	290				295						300			Phe
Asp	Ile	Cys	Leu	Ser	Cys	Cys	Leu	Glu	Ile	Arg	Asn	Gly	Lys	Ala
305					310					315				Leu
Ala	Cys	Lys	Glu	Asp	Val	Ser	Trp	Asn	Tyr	Ile	Asn	Arg	Gly	Leu
				325					330					Glu
Tyr	Glu	His	Gly	Gln	Glu	Gly	Lys	Val	Ile	Glu	Lys	Pro	Ala	Asn
			340					345					350	Lys
Leu	Asp	Asp	Lys	Leu	Lys	Asp	Lys	Leu	Asp	Gly	Lys	Pro	Asp	Asp
		355					360					365		Lys
Pro	Lys	Gly	Lys	Pro	Lys	Gly	Arg	Pro	Lys	Gly	Lys	Pro	Asp	Asp
														Lys
			370				375					380		
Pro	Lys	Gly	Lys	Leu	Lys	Gly	Lys	Gln	Asp	Asp	Lys	Pro	Asp	Asp
385					390					395				Lys
Pro	Asp	Glu	Lys	Pro	Val	Asn	Thr	Asp	His	Met	Lys	Tyr	Pro	Ser
				405						410				Leu
Trp	Lys	Ala	Asn	Glu	Ala	Gly	Ile	Ile	Thr	Cys	Cys	Cys	Gly	Ala
			420					425					430	Gly
Glu	Leu	Val	Leu	Lys	Arg	Leu	Leu	Pro	Asp	Gly	Trp	Ile	Ser	Glu
														Leu

	435					440					445				
Val	Asn	Arg	Val	Glu	Lys	Thr	Ala	Glu	Ala	Gly	Glu	Leu	Leu	Asn	Leu
450						455					460				
Pro	Glu	Thr	Val	Leu	Glu	Arg	Cys	Pro	Cys	Ser	Asn	Ser	Asp	Arg	His
465					470					475					480
Ile	Asp	Ile	Asp	Ser	Cys	Asn	Leu	Leu	Lys	Ala	Ala	Cys	Arg	Glu	Gly
				485					490					495	
Ser	Glu	Asp	Asn	Tyr	Leu	Tyr	Ser	Pro	Ser	Val	Trp	Asp	Val	Gln	Gln
			500					505					510		
Asp	Asp	Leu	Lys	His	Phe	Gln	His	His	Trp	Val	Lys	Gly	Glu	Pro	Val
		515					520					525			
Ile	Val	Arg	Asn	Val	Leu	Glu	Ala	Thr	Ser	Gly	Leu	Ser	Trp	Glu	Pro
	530					535					540				
Met	Val	Met	His	Arg	Ala	Cys	Arg	Gln	Ile	Ser	His	Val	Gln	His	Gly
545					550					555					560
Ser	Leu	Lys	Asp	Val	Val	Ala	Val	Asp	Cys	Leu	Asp	Phe	Cys	Glu	Val
				565					570					575	
Lys	Val	Asn	Leu	His	Glu	Phe	Phe	Thr	Gly	Tyr	Thr	Asp	Gly	Arg	Tyr
			580					585					590		
Asp	Arg	Met	Gly	Trp	Pro	Leu	Val	Leu	Lys	Leu	Lys	Asp	Trp	Pro	Pro
		595					600					605			
Ala	Lys	Val	Phe	Lys	Asp	Asn	Leu	Pro	Arg	His	Ala	Glu	Glu	Phe	Leu
	610					615					620				
Cys	Ser	Leu	Pro	Leu	Lys	His	Tyr	Thr	His	Pro	Val	Asn	Gly	Pro	Leu
625					630					635					640
Asn	Leu	Ala	Val	Lys	Leu	Pro	Gln	Asn	Cys	Leu	Lys	Pro	Asp	Met	Gly
				645					650					655	
Pro	Lys	Thr	Tyr	Val	Ala	Ser	Gly	Phe	Ala	Gln	Glu	Leu	Gly	Arg	Gly
			660					665					670		
Asp	Ser	Val	Thr	Lys	Leu	His	Cys	Asp	Met	Ser	Asp	Ala	Val	Asn	Ile
		675					680					685			
Leu	Thr	His	Ile	Ser	Glu	Val	Pro	Asn	Met	Gln	Pro	Gly	Ile	Gly	Asn
	690					695					700				
Leu	Lys	Lys	Lys	His	Ala	Glu	Gln	Asp	Leu	Lys	Glu	Leu	Tyr	Ser	Ser
705					710				715						720
Val	Ala	Asn	Lys	Glu	Glu	Met	Met	Glu	Ile	Leu	Glu	Asn	Ser	Arg	Gln
				725					730					735	
Gln	Val	Gln	Asn	Val	Glu	Thr	Asp	Asp	Gly	Ala	Leu	Trp	Asp	Ile	Phe
			740					745					750		
Arg	Arg	Glu	Asp	Ile	Pro	Lys	Leu	Glu	Ser	Tyr	Ile	Glu	Lys	His	His
		755					760					765			
Lys	Glu	Phe	Arg	His	Leu	Tyr	Cys	Cys	Pro	Val	Ser	Gln	Val	Val	His
	770					775					780				
Pro	Ile	His	Asp	Gln	Asn	Phe	Tyr	Leu	Thr	Arg	Tyr	His	Ile	Met	Lys
785					790					795					

Lys Ser Ser Glu Ala Ala Glu Glu Glu Ile Ser Asn Gly Ile Val Asn
 930 935 940
 Ala Ile Asp Lys Gly Leu Lys Asp Leu Pro Pro Ser Glu Glu Lys Ser
 945 950 955 960
 Ser Glu Ala Lys Val Glu Ile Ser Asn Gly Ile Val Ser Ala Met Asp
 965 970 975
 Lys Asp Leu Glu His Ile Ser Ser Ser Glu Lys Lys Ser Thr Glu Glu
 980 985 990
 Glu Gly Val Lys Arg Pro Asn Ile Val Arg Thr Tyr Glu Arg Arg Lys
 995 1000 1005
 Lys Leu Gly Ser Glu Val Thr Asn Ala Tyr Ile Asp Arg Leu Glu
 1010 1015 1020
 Met Glu Lys Met
 1025

<210> 119

<211> 4083

<212> ADN

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 119

atggcgggttt	cagagcagag	tcaagatgtg	tttccatggc	ttaaatogtt	accggttgc	60
ccagagttca	gacctactct	agcagagttt	caagatccga	tcgcttacat	tttgaagatt	120
gaagaagaag	cttctagata	tggaaatctgt	aaaattctgc	ctccactgcc	tcctccttcc	180
aaaaaaacct	cgattttctaa	tetcaaccgt	tctctggcgg	caagagcggc	ggcgagggtt	240
cgtgacggcg	gctttggcgc	gtgtgattat	gacggtggtc	ccacattcgc	cacgcgccag	300
cagcagatcg	ggttttgccc	taggaacacag	cgtccagtgc	agagacctgt	gtggcagagt	360
ggagaggagt	actcttttgg	tgagttcgag	tttaaagcta	agaactttga	gaagaattat	420
ctcaagaaat	gtggtaaaaa	gagtoaaactc	tctgcccttg	aaattgaaac	actttactgg	480
agagccactg	tggataaaac	cttctctgtt	gagtatgcca	atgacatgcc	tggctcggct	540
tttatccctc	tgagtctggc	tgctgcgagg	aggagagagt	ctgggtggtga	aggaggaaca	600
gttggtgaga	ccgcttgga	catgagggca	atgtctagag	ccgaaggatc	attgcttaag	660
ttcatgaagg	aagagatccc	tggagttaca	tcaccaattgg	tgtatgttgc	tatgatgttt	720
agttggtttg	cttggcatgt	ggaggaccat	gaccttcata	gtctcaatta	cttgcataatg	780
ggtgctggta	agacttggtg	cggtgtgcca	aaggatgctg	ctctggcttt	tgaggagggt	840
gttaggggttc	atgggttacgg	tgaagagctc	aatcctcttg	tgacattttc	tactcttgggt	900
gagaagacaa	ctgtgatgtc	tctgaagta	tttgttaaag	ccggaatacc	gtgttgccag	960
ttagtcaaaa	atcctggaga	gtttgtcgtc	acctttccgg	gagcttatca	ttcgggattt	1020
agtcattggat	ttaatttttg	agaagcatct	aacattgcca	ctcccgaatg	gttgagaatg	1080
gctaaagatg	ctgctatccg	gcgagctgct	ataaattacc	ctccaatggt	ttctcatctc	1140
cagctacttt	attggtctta	ggttctagag	tgccaacaag	catcaatccc	1200	
aaaccacgga	gttctagatt	aaaagataag	gcaagaagcg	aaggagaaaag	attgacccaaa	1260
aagctatttg	tgcaaaaacat	tatccacaac	aacgaattgc	tttcttctct	cggaaaagga	1320
tcccacgtgg	cccttctccc	acagagttcc	tcagatatat	cagtttggtc	tgacctgcga	1380
attggatccc	atttgataac	caaccaggaa	aacccaatcc	agttaaagtg	tgaggactta	1440
agttctgata	gtgttgtggt	tgatctcagt	aacggtttta	aggatacagt	ttcagtga	1500
gaaaaattta	catctttatg	tgaaaggagc	agaaatcacc	tagcaagcac	ggagaaggac	1560
actcaagaaa	ctctgtctga	tgctgaaagg	aggaagaatg	atgcagctgt	tgcgctttcg	1620
gatcaaaagg	ttttctcttg	tgttacatgt	ggagtcttaa	gctttgattg	tgtagctatc	1680
gttcaacctt	aagaagcagc	tgctagatat	ctcatgtctg	cagattgtag	cttcttcaat	1740
gattggacag	ctgcttctgg	atctgcaaat	cttgggtcagg	ctgcaagatc	acttcacctc	1800
caaagcaaag	agaagcatga	tgtaaattac	ttctacaatg	ttcctgttca	aactatggat	1860
cattcagtga	agactggcga	tcaaaaaact	tcaacaactt	ccccgacaat	agcgcataaa	1920
gataatgatg	ttcttgggat	gttagcttca	gcataatggag	actcttctga	ttccgaggaa	1980
gaagatcaaa	aaggcttagt	tacccttagt	tccaaagggg	aaacaaaaac	gtatgatcaa	2040
gaaggttcag	atggccatga	ggaggctaga	gatggtagaa	cttctgattt	tatctgccag	2100
agactaacca	gcgaacagaa	tgggttaagc	aaaggcggaa	aatcatcact	tctgggaaata	2160
gctttaccat	ttattccaag	atctgatgac	gattcatgtc	ggttgcacgt	gttttgtctt	2220
gagcatgctg	cggaagtggg	acagcaactt	cgtccttttg	gggggattaa	cttaattgta	2280
ctgtgccatc	cagagtaccc	caggatagag	gctgaagcaa	agatagttgc	cgaagagctc	2340
gtcatcaatc	acgaatggaa	tgatactgaa	ttcaggaatg	tgacccgaga	ggatgaggaa	2400

```

acgattcagg cagcgttggg taatgttgaa gctaagggtg ggaacagtga ttggaccgta 2460
aaattgggtg ttaacctttc ttacagcgct attctcagtc gctctcctct gtacagtaag 2520
cagatgccgt ataactccat catatacaag gcgttcgggc gcagctctcc agtagcgagc 2580
tcaccctcga aacccaaagt ctctggtaaa agatcggtcc gacagaggaa atatgttggt 2640
ggaaaatggt gtggttaagt ttggatgtca catcagggtc atcccttttt gctggagcag 2700
gacttagagg gggaagaatc tgaaagaagt tgtcatcttc gagttgctat ggatgaggat 2760
gccactggaa agagatcggt tcctaataat gtttccaggg attcgacaac aatgtttgga 2820
agaaagtatt gtaggaagag aaagataaga gcaaaggcgg tgccacgcaa gaagcttact 2880
tcttttaaga gggaagatgg agtttctgat gacacatcag aagatcattc ttataagcag 2940
caatggaggg cttccgggaa tgaggaagag tcttattttg agacagggaa cacagcttct 3000
ggtgattcat caaatcaaat gtctgatccg cacaagggaa ttatcagaca taaaggttat 3060
aaagaatttg agtcagatga tgaggtttca gaccgttcac ttggggaaga gtatactgta 3120
cgggcatgtg cagcttcaga gagctcaatg gagaatggct ctcagcattc aatgtatgac 3180
catgatgatg atgatgatga tatcgacagg cagcctaggg ggattccaag gagccaacag 3240
acaagagttt ttaggaatcc agtttcatat gagtcagaag ataatggcgt ttatcagcaa 3300
agcggaaaga tatccataag taataggcaa gctaatcgaa tggttggtga atatgattca 3360
gcagagaatt ctttgaggga acgaggcttt tgcagtacag ggaaaaggca aaccagggtca 3420
acagccaaac gaatagcaaa aaccaagaca gttcagagtt cgagagacac aaaaggctcg 3480
tttttgcaag aatttgcatc tggaaagaag aatgaagaat tggattcata catggaggga 3540
cctagcacac ggcttagggg gagacatcag aagccgtcga gaggggtctt agaaacaaaa 3600
ccaaagaaga ttggttaaga gagaagtggg aatgcttctt tctccagagt tgcaactgaa 3660
aaagatgtgg aggaaaaaga agaagaagaa gaagaagaag agaatgagga agaggaatgt 3720
gcagcatacc aatgtaacat ggagggttgc acgatgagtt tcagttcggg aaaacagttg 3780
atgttacaca aaagaaacat atgccaattt aaaggctgtg gtaaaaactt cttctcacac 3840
aagtatttgg ttcaaacacca gcgtgttcac tcagacgacc gtcctctgaa atgtccatgg 3900
aagggatgta agatgacggt caagtgggtt tgggtctaga ccgagcacat aagggttcac 3960
acaggcgcta ggcccttatgt ttgcgttgaa ccggattgtg gtcaaacatt cagggttgtc 4020
tctgacttca gccggcataa aaggaagacc ggtcattcgg ttaagaagac caacaaaagg 4080
tga

```

<210> 120

<211> 1360

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 120

```

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

```

		195					200					205			
Arg	Ala	Met	Ser	Arg	Ala	Glu	Gly	Ser	Leu	Leu	Lys	Phe	Met	Lys	Glu
	210					215					220				
Glu	Ile	Pro	Gly	Val	Thr	Ser	Pro	Met	Val	Tyr	Val	Ala	Met	Met	Phe
225					230					235					240
Ser	Trp	Phe	Ala	Trp	His	Val	Glu	Asp	His	Asp	Leu	His	Ser	Leu	Asn
				245					250					255	
Tyr	Leu	His	Met	Gly	Ala	Gly	Lys	Thr	Trp	Tyr	Gly	Val	Pro	Lys	Asp
			260					265					270		
Ala	Ala	Leu	Ala	Phe	Glu	Glu	Val	Val	Arg	Val	His	Gly	Tyr	Gly	Glu
		275					280					285			
Glu	Leu	Asn	Pro	Leu	Val	Thr	Phe	Ser	Thr	Leu	Gly	Glu	Lys	Thr	Thr
	290					295					300				
Val	Met	Ser	Pro	Glu	Val	Phe	Val	Lys	Ala	Gly	Ile	Pro	Cys	Cys	Arg
305					310					315					320
Leu	Val	Gln	Asn	Pro	Gly	Glu	Phe	Val	Val	Thr	Phe	Pro	Gly	Ala	Tyr
				325					330					335	
His	Ser	Gly	Phe	Ser	His	Gly	Phe	Asn	Phe	Gly	Glu	Ala	Ser	Asn	Ile
			340					345					350		
Ala	Thr	Pro	Glu	Trp	Leu	Arg	Met	Ala	Lys	Asp	Ala	Ala	Ile	Arg	Arg
		355					360					365			
Ala	Ala	Ile	Asn	Tyr	Pro	Pro	Met	Val	Ser	His	Leu	Gln	Leu	Leu	Tyr
	370					375					380				
Asp	Phe	Val	Leu	Ala	Leu	Gly	Ser	Arg	Val	Pro	Thr	Ser	Ile	Asn	Pro
385					390					395					400
Lys	Pro	Arg	Ser	Ser	Arg	Leu	Lys	Asp	Lys	Ala	Arg	Ser	Glu	Gly	Glu
				405					410					415	
Arg	Leu	Thr	Lys	Lys	Leu	Phe	Val	Gln	Asn	Ile	Ile	His	Asn	Asn	Glu
			420					425					430		
Leu	Leu	Ser	Ser	Leu	Gly	Lys	Gly	Ser	Pro	Val	Ala	Leu	Leu	Pro	Gln
		435					440					445			
Ser	Ser	Ser	Asp	Ile	Ser	Val	Cys	Ser	Asp	Leu	Arg	Ile	Gly	Ser	His
		450				455				460					
Leu	Ile	Thr	Asn	Gln	Glu	Asn	Pro	Ile	Gln	Leu	Lys	Cys	Glu	Asp	Leu
465					470					475					480
Ser	Ser	Asp	Ser	Val	Val	Val	Asp	Leu	Ser	Asn	Gly	Leu	Lys	Asp	Thr
			485						490					495	
Val	Ser	Val	Lys	Glu	Lys	Phe	Thr	Ser	Leu	Cys	Glu	Arg	Ser	Arg	Asn
			500					505					510		
His	Leu	Ala	Ser	Thr	Glu	Lys	Asp	Thr	Gln	Glu	Thr	Leu	Ser	Asp	Ala
		515					520					525			

675	680	685
Ala Arg Asp Gly Arg Thr Ser	Asp Phe Asn Cys Gln Arg Leu Thr Ser	
690	695	700
Glu Gln Asn Gly Leu Ser Lys Gly Gly Lys Ser Ser	Leu Leu Glu Ile	
705	710	715
Ala Leu Pro Phe Ile Pro Arg Ser Asp Asp Asp Ser Cys Arg Leu His		720
	725	730
Val Phe Cys Leu Glu His Ala Ala Glu Val Glu Gln Gln Leu Arg Pro		735
	740	745
Phe Gly Gly Ile Asn Leu Met Leu Leu Cys His Pro Glu Tyr Pro Arg		750
	755	760
Ile Glu Ala Glu Ala Lys Ile Val Ala Glu Glu Leu Val Ile Asn His		765
	770	775
Glu Trp Asn Asp Thr Glu Phe Arg Asn Val Thr Arg Glu Asp Glu Glu		780
785	790	795
Thr Ile Gln Ala Ala Leu Asp Asn Val Glu Ala Lys Gly Gly Asn Ser		800
	805	810
Asp Trp Thr Val Lys Leu Gly Val Asn Leu Ser Tyr Ser Ala Ile Leu		815
	820	825
Ser Arg Ser Pro Leu Tyr Ser Lys Gln Met Pro Tyr Asn Ser Ile Ile		830
	835	840
Tyr Lys Ala Phe Gly Arg Ser Ser Pro Val Ala Ser Ser Pro Ser Lys		845
	850	855
Pro Lys Val Ser Gly Lys Arg Ser Ser Arg Gln Arg Lys Tyr Val Val		860
865	870	875
Gly Lys Trp Cys Gly Lys Val Trp Met Ser His Gln Val His Pro Phe		880
	885	890
Leu Leu Glu Gln Asp Leu Glu Gly Glu Ser Glu Arg Ser Cys His		895
	900	905
Leu Arg Val Ala Met Asp Glu Asp Ala Thr Gly Lys Arg Ser Phe Pro		910
	915	920
Asn Asn Val Ser Arg Asp Ser Thr Thr Met Phe Gly Arg Lys Tyr Cys		925
	930	935
Arg Lys Arg Lys Ile Arg Ala Lys Ala Val Pro Arg Lys Lys Leu Thr		940
945	950	955
Ser Phe Lys Arg Glu Asp Gly Val Ser Asp Asp Thr Ser Glu Asp His		960
	965	970
Ser Tyr Lys Gln Gln Trp Arg Ala Ser Gly Asn Glu Glu Glu Ser Tyr		975
	980	985
Phe Glu Thr Gly Asn Thr Ala Ser Gly Asp Ser Ser Asn Gln Met Ser		990
	995	1000
Asp Pro His Lys Gly Ile Ile Arg His Lys Gly Tyr Lys Glu Phe		1005
	1010	1015
Glu Ser Asp Asp Glu Val Ser Asp Arg Ser Leu Gly Glu Glu Tyr		1020
	1025	1030
Thr Val Arg Ala Cys Ala Ala Ser Glu Ser Ser Met Glu Asn Gly		1035
	1040	1045
Ser Gln His Ser Met Tyr Asp His Asp Asp Asp Asp Asp Asp Ile		1050
	1055	1060
Asp Arg Gln Pro Arg Gly Ile Pro Arg Ser Gln Gln Thr Arg Val		1065
	1070	1075
Phe Arg Asn Pro Val Ser Tyr Glu Ser Glu Asp Asn Gly Val Tyr		1080
	1085	1090
Gln Gln Ser Gly Arg Ile Ser Ile Ser Asn Arg Gln Ala Asn Arg		1095
	1100	1105
Met Val Gly Glu Tyr Asp Ser Ala Glu Asn Ser Leu Glu Glu Arg		1110
	1115	1120
Gly Phe Cys Ser Thr Gly Lys Arg Gln Thr Arg Ser Thr Ala Lys		1125
	1130	1135
Arg Ile Ala Lys Thr Lys Thr Val Gln Ser Ser Arg Asp Thr Lys		1140
	1145	1150
		1155

Gly	Arg	Phe	Leu	Gln	Glu	Phe	Ala	Ser	Gly	Lys	Lys	Asn	Glu	Glu
1160						1165					1170			
Leu	Asp	Ser	Tyr	Met	Glu	Gly	Pro	Ser	Thr	Arg	Leu	Arg	Val	Arg
1175						1180					1185			
His	Gln	Lys	Pro	Ser	Arg	Gly	Ser	Leu	Glu	Thr	Lys	Pro	Lys	Lys
1190						1195					1200			
Ile	Gly	Lys	Lys	Arg	Ser	Gly	Asn	Ala	Ser	Phe	Ser	Arg	Val	Ala
1205						1210					1215			
Thr	Glu	Lys	Asp	Val	Glu	Glu	Lys	Glu	Glu	Glu	Glu	Glu	Glu	Glu
1220						1225					1230			
Glu	Asn	Glu	Glu	Glu	Glu	Cys	Ala	Ala	Tyr	Gln	Cys	Asn	Met	Glu
1235						1240					1245			
Gly	Cys	Thr	Met	Ser	Phe	Ser	Ser	Glu	Lys	Gln	Leu	Met	Leu	His
1250						1255					1260			
Lys	Arg	Asn	Ile	Cys	Pro	Ile	Lys	Gly	Cys	Gly	Lys	Asn	Phe	Phe
1265						1270					1275			
Ser	His	Lys	Tyr	Leu	Val	Gln	His	Gln	Arg	Val	His	Ser	Asp	Asp
1280						1285					1290			
Arg	Pro	Leu	Lys	Cys	Pro	Trp	Lys	Gly	Cys	Lys	Met	Thr	Phe	Lys
1295						1300					1305			
Trp	Ala	Trp	Ser	Arg	Thr	Glu	His	Ile	Arg	Val	His	Thr	Gly	Ala
1310						1315					1320			
Arg	Pro	Tyr	Val	Cys	Ala	Glu	Pro	Asp	Cys	Gly	Gln	Thr	Phe	Arg
1325						1330					1335			
Phe	Val	Ser	Asp	Phe	Ser	Arg	His	Lys	Arg	Lys	Thr	Gly	His	Ser
1340						1345					1350			
Val	Lys	Lys	Thr	Asn	Lys	Arg								
1355						1360								

<210> 121

<211> 2523

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 121

atggagaaaa	tgagagggaa	gcgaatcaga	ccaagagatt	ccggcgagtt	agtcgaagat	60
gggagatctg	aaagcgagcg	taagacgagg	aagaaagaga	atgatgttgt	gagcaaagga	120
agaatcggaa	gaggaagagg	aagaggagag	gtttcgaagc	gatctattga	aatagacatt	180
tctaattccc	agaaggatat	taagcctgac	ggaagcagaa	agtgtttggg	ttcgacgtgt	240
catcattgta	agatcttgac	gagtgagagt	gatcttatct	tctgttcaaa	gtgtaacaag	300
aagtgttatt	gctttgactg	catcaagaga	tcgatttcag	aaagaacaca	tgaggaagtt	360
agagctgctt	gtccattctg	tatgatgact	tgcatttgca	gagcttggtt	gcggttgccct	420
ttggttatca	agcctccaag	tgaaaaagat	acagatgtca	agcttaagca	gctgcagtat	480
ctgttagtca	aagttctccc	agttcttaag	gatatttata	cggagcagaa	ccgtgaacta	540
gagattgaat	caacaattag	aggacaccct	gtgacagaa	ctaatatcaa	gaggtgcaaa	600
cttgacccaa	gcgaacgcac	atactgtgat	ctctgcgcga	catccattgc	caattttcac	660
agaagctgtc	cgaacaaaaa	ttgttcagtc	gatatatgtc	tttcttgctg	caaggaacta	720
agtgagggct	tccatcaaga	gagagatggg	aagaaaaatg	cagaagggaa	aggatatgaa	780
tgctgaatcc	cagcagggtca	aggaaaagac	tggagcgcac	atgttccact	gcattttctcg	840
acttggaagc	ttaactcaga	cagtagcatt	ccatgccttc	caaaagagtg	tggtgggtgt	900
ggtacttcaa	cactggagtt	gagacgctta	tggaaaagag	attgggttga	aaaattaata	960
acgaatgccg	agaaatgtac	tctgaatttt	aggccaacag	atgtggatat	tgttcatgaa	1020
tgttcctcat	gctctaccaa	ttctgattcc	attagaaggc	aggcagcttt	taggaagaat	1080
gctcatgata	atttcttata	ctccccaat	gctgttgatc	tggtgaaga	cgatattgct	1140
cattttcagt	ttaattggat	gaaggcagaa	cctgtgatag	tcagaaatgt	tctcgagaag	1200
acatctggac	taagttggga	accaatggtt	atgtggaggg	cttgtaggga	aatggatcca	1260
aagcgtaaa	gtacagaaga	agagacaaca	aaagtgaag	ctttggattg	cttggaactg	1320
tgtgaggttg	aaataaatct	gcacagttt	tttgagggtc	acttagaagg	ccgcacgcat	1380
aaaaacgggt	ggccagaaat	gttgaaattg	aaggactggc	ctccctcaga	tttatttgaa	1440
aagcgccttc	caaggcataa	tgtctgagtt	attgcgcgat	tgcttttctt	tgattacact	1500

```

gacccaaagt ctggtatcct aaatctcgca acaagatttc cggaaggatc cttgaagcca 1560
gatcttggac ccaagacata cattgogtac ggtttccatg aagagcttaa tagaggagat 1620
tcggtgacaa aacttcattg tgacatttct gacgcggtca atgtgttgac acacacagct 1680
aaagtggaaa tccctcccggt caaatacca aacataaaaag tacatcagaa aaaatatgca 1740
gaagccatgt tgcagaaaca acaatacagt ggtcaagtga aagaagccag cgaacttgaa 1800
aacaagtcaa tgaaagaagt ggatgaaagt aaaaaggatt taaaagacaa ggcagctaac 1860
gaagaacaat caaataacag ttcaagaccg tcggggtcag gagaagctga gaaagtaatt 1920
atttcaaaag aggataatcc cacacaacct gctgtgagta caagtgtgga atccatacaa 1980
gaacagaagc tggatgctcc aaaagaaaact gatggcaata ccaatgagag gtcaaaggct 2040
gtgcatggtg gtgctgtctg ggatatcttt cgaagagagg atgttccaaa acttattcag 2100
tttttgaaaa ggcacgagca tgagtttcgt cacttcaata acgaaccctt ggaatccggt 2160
attcacccaa ttcatgacca gactatgttc ttgagtgata gccagaagaa acagctgaaa 2220
gaagaatttg atatagaacc atggaccttt gagcaacacc tcggcgaagc agtcttcata 2280
cctgcagggt gtcctcacca agtgaggaat agacagtctt gcataaagggt ggcactagac 2340
tttgtggctc ctgaaagcgt cgaagaatgc cttaggctaa cacaggagtt ccggagattg 2400
cctaaagacc acagttctag cgaggataaa ttggagctta agaaaattgc actgtatgct 2460
gcgagttcag ccataagaga ggtaaaaggg ctaatgcaaa gctcccagac cagtgatacc 2520
taa 2523

```

<210> 122

<211> 840

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 122

```

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

```

ES 2 539 530 T3

Ser	Ile	Pro	Cys	Pro	Pro	Lys	Glu	Cys	Gly	Gly	Cys	Gly	Thr	Ser	Thr
	290					295					300				
Leu	Glu	Leu	Arg	Arg	Leu	Trp	Lys	Arg	Asp	Trp	Val	Glu	Lys	Leu	Ile
305					310					315					320
Thr	Asn	Ala	Glu	Lys	Cys	Thr	Leu	Asn	Phe	Arg	Pro	Thr	Asp	Val	Asp
				325					330					335	
Ile	Val	His	Glu	Cys	Ser	Ser	Cys	Ser	Thr	Asn	Ser	Asp	Ser	Ile	Arg
			340					345					350		
Arg	Gln	Ala	Ala	Phe	Arg	Lys	Asn	Ala	His	Asp	Asn	Phe	Leu	Tyr	Ser
		355					360					365			
Pro	Asn	Ala	Val	Asp	Leu	Ala	Glu	Asp	Asp	Ile	Ala	His	Phe	Gln	Phe
	370					375					380				
His	Trp	Met	Lys	Ala	Glu	Pro	Val	Ile	Val	Arg	Asn	Val	Leu	Glu	Lys
385					390					395					400
Thr	Ser	Gly	Leu	Ser	Trp	Glu	Pro	Met	Val	Met	Trp	Arg	Ala	Cys	Arg
				405					410					415	
Glu	Met	Asp	Pro	Lys	Arg	Lys	Gly	Thr	Glu	Glu	Glu	Thr	Thr	Lys	Val
			420					425					430		
Lys	Ala	Leu	Asp	Cys	Leu	Asp	Trp	Cys	Glu	Val	Glu	Ile	Asn	Leu	His
		435					440					445			
Gln	Phe	Phe	Glu	Gly	Tyr	Leu	Glu	Gly	Arg	Met	His	Lys	Asn	Gly	Trp
	450					455					460				
Pro	Glu	Met	Leu	Lys	Leu	Lys	Asp	Trp	Pro	Pro	Ser	Asp	Leu	Phe	Glu
465					470					475					480
Lys	Arg	Leu	Pro	Arg	His	Asn	Ala	Glu	Phe	Ile	Ala	Ala	Leu	Pro	Phe
				485					490					495	
Phe	Asp	Tyr	Thr	Asp	Pro	Lys	Ser	Gly	Ile	Leu	Asn	Leu	Ala	Thr	Arg
			500					505					510		
Phe	Pro	Glu	Gly	Ser	Leu	Lys	Pro	Asp	Leu	Gly	Pro	Lys	Thr	Tyr	Ile
		515					520					525			
Ala	Tyr	Gly	Phe	His	Glu	Glu	Leu	Asn	Arg	Gly	Asp	Ser	Val	Thr	Lys
	530					535					540				
Leu	His	Cys	Asp	Ile	Ser	Asp	Ala	Val	Asn	Val	Leu	Thr	His	Thr	Ala
545					550					555					560
Lys	Val	Glu	Ile	Pro	Val	Lys	Tyr	Gln	Asn	Ile	Lys	Val	His	Gln	
				565				570					575		
Lys	Lys	Tyr	Ala	Glu	Ala	Met	Leu	Gln	Lys	Gln	Gln	Tyr	Ser	Gly	Gln
			580					585					590		
Val	Lys	Glu	Ala	Ser	Glu	Leu	Glu	Asn	Lys	Ser	Met	Lys	Glu	Val	Asp
		595					600					605			
Glu	Ser	Lys	Lys	Asp	Leu	Lys	Asp	Lys	Ala	Ala	Asn	Glu	Glu	Gln	Ser
	610					615					620				
Asn	Asn	Ser	Ser	Arg	Pro	Ser	Gly	Ser	Gly	Glu	Ala	Glu	Lys	Val	Ile
625					630					635					640
Ile	Ser	Lys	Glu	Asp	Asn	Pro	Thr	Gln	Pro	Ala	Val	Ser	Thr	Ser	Val
				645				650						655	
Glu	Ser	Ile	Gln	Glu	Gln	Lys	Leu	Asp	Ala	Pro	Lys	Glu	Thr	Asp	Gly
			660					665					670		
Asn	Thr	Asn	Glu	Arg	Ser	Lys	Ala	Val	His	Gly	Gly	Ala	Val	Trp	Asp
		675					680					685			
Ile	Phe	Arg	Arg	Glu	Asp	Val	Pro	Lys	Leu	Ile	Gln	Phe	Leu	Lys	Arg
	690				695					700					
His	Glu	His	Glu	Phe	Arg	His	Phe	Asn	Asn	Glu	Pro	Leu	Glu	Ser	Val
705					710					715					720
Ile	His	Pro	Ile	His	Asp	Gln	Thr	Met	Phe	Leu	Ser	Asp	Ser	Gln	Lys
				725					730					735	
Lys	Gln	Leu	Lys	Glu	Glu	Phe	Asp	Ile	Glu	Pro	Trp	Thr	Phe	Glu	Gln
			740				745						750		
His	Leu	Gly	Glu	Ala	Val	Phe	Ile	Pro	Ala	Gly	Cys	Pro	His	Gln	Val
	755						760					765			
Arg	Asn	Arg	Gln	Ser	Cys	Ile	Lys	Val	Ala	Leu	Asp	Phe	Val	Ala	Pro

ES 2 539 530 T3

770		775		780	
Glu Ser Val Glu Glu Cys Leu Arg Leu Thr Gln Glu Phe Arg Arg Leu					
785		790		795	800
Pro Lys Asp His Ser Ser Ser Glu Asp Lys Leu Glu Leu Lys Lys Ile					
		805		810	815
Ala Leu Tyr Ala Ala Ser Ser Ala Ile Arg Glu Val Lys Gly Leu Met					
		820		825	830
Gln Ser Ser Arg Arg Ser Asp Thr					
835		840			

<210> 123

<211> 2865

<212> ADN

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 123

atggatcagc	ttgcatctct	agcagagtct	gtggctatgg	aggaagattc	tgagaaacaa	60
tcgattaaag	gagagagtag	tcttgaacct	gactctactc	cttctagtc	taaaataact	120
gctaggtgga	atccatcaga	agcttgcagg	cctttgggtg	atgaagctcc	catcttttat	180
cccactaatg	aggattttga	tgatccactt	ggttacatag	agaagttg	ctctaaagca	240
gaatcatatg	gcatatgtcg	aattgtgccg	cctgttgcat	ggaggcccc	ttgccctctg	300
aaggagaaaa	aaatatggga	gaattctaaa	tttcccaccc	ggattcagtt	cattgacttg	360
cttcaaaaacc	gagaaccgat	taaaaaatct	actaaaacca	agaagagaaa	acggagaaga	420
atctctaaaa	ttggatacac	aagaagaaaa	agagattcag	gctgtgatac	ggcttccctc	480
ggctctagtg	atagtgaagg	aaaatttggg	tttcagactg	ggccagattt	taccctggaa	540
gaatttcaga	agtatgatga	atactttaag	gaatgctatt	ttcagtcaga	ggatcatcct	600
ggttccaaag	cgtctgaaaa	taagaaatct	aaacctaaag	ttaaggacct	tgaaggtaga	660
tattggcgga	tagtgaggca	ggcaactgat	gaagtagagg	tgtactatgg	agctgacttg	720
gaaacaaaga	aatttggga	tggtttccca	aagtataaac	cggggtatcc	tataagtga	780
gcagatcaat	actctcaatg	tgggttggaa	ctaaataatt	tgtcccgctc	gcccggatca	840
gttctagctt	ttgagagctg	cgatatctca	ggagtcattg	tgccatggct	ttatgttgga	900
atgtgctttt	caactttttg	ttggcatggt	gaagatccat	accttttattc	catgaactac	960
ttacacacag	gtgatccaaa	agtttgggtat	gggatccctg	gaaacccatgc	tgagcttttt	1020
gaaaatgtaa	tgaaaaagcg	tcttccagat	ttgtttgaag	aacagcctga	cttgctacat	1080
caactgggtca	ctcagttatc	tccaagaatc	ttaaaagagg	agggagtacc	tgtctatcga	1140
gctgtccagc	gcagtggaga	attcattcta	accttcccta	aggcctatca	ttctgggttt	1200
aattgtggtt	tcaactgtgc	ggaagcagta	aatgttgcac	cagttgattg	gctggttcat	1260
ggacagaatg	cagtgggaag	ctatagcaag	cagcggcgaa	agagttcatt	gtcacatgac	1320
aagctgcttc	ttggagctgc	tatggaagct	acttattgcc	tctgggagct	ttcactttca	1380
aagaagaaga	ctcctgtgat	tgcgagatgg	aaaagggttt	gtagttagga	tggattgctt	1440
acgaaggcag	tcaagaagcg	tgtgcagatg	gaagaagaaa	gactaaatca	ccttcaagat	1500
ggttttagct	tgcgaagat	ggagggtgat	ttcgacaata	agagagaacg	ggagtgcctc	1560
ttgtgcttct	atgatttgca	tatgtctgct	tcaagotgca	agtgttcccc	caaccgggtt	1620
gcatgtctta	tccacgctaa	ggatctgtgt	tcatgtgaaa	gtaaggatag	atatatccta	1680
attcgccaca	cttgggatga	gttatgggca	cttgtagag	ctctagaagg	ggactttgat	1740
gccatagacc	tatgggcaag	taaatgtcgt	gaccagtatc	cttcacagca	tccaagagca	1800
agagaatatg	cttacctcaa	gtctgcccc	tgtataaaga	gccgtgggtc	atcaaaagta	1860
cagcagcgag	aacaaaacaa	tcttcagtta	gtgtctgaac	gcttacaag	tgatctaacc	1920
tcaacaagg	aagttcagtt	gaaacaagat	ggtgattcag	atgtaaatcg	ccatggtcat	1980
gaaagcgaaa	gaaatcatgt	acatgggatc	actgataagt	cagctgtcac	ggatgtaaaa	2040
cttgggtgtg	gaggttaagt	tgatgagaag	aagatctcgg	ttgaatctca	aaaccacat	2100
tcagtttcag	atgtagggtg	tagcgagctg	gcgaagaaag	tggatgggtg	tttaggagg	2160
aaggacaaa	atgctgcaac	caatagggtta	agtctctctg	ttgagctttt	gagttctgga	2220
tctctcgttg	ttaaaaagct	gtggtgcagt	aaacaggcca	tatacccaaa	agggttcaag	2280
agccgtgtta	agttcttaag	tgtgcttgac	ccaacaaacc	taaccaacta	catctcagag	2340
gttctggatg	cagggtctct	tgggtccattg	ttcagggtct	cagtagaaga	ttaccccact	2400
gagaattttc	cgaatgtatc	tgtgaaaaag	tgtgtggcaa	tggtgacaca	aaggctcaaa	2460
ctcgaaatca	tcaagaaatg	tgatcaacca	gttagctctt	tgacctcttt	acaacctttg	2520
gagagtataa	atgggcttga	aatgttttga	tttctctccc	cgcacgtaat	taagggtggt	2580
gaggctcttg	atccaaagca	tcaattggag	gagtattgga	acaaaaaagc	agtgaactg	2640
tttgggtgctg	aaccaataaa	ggaaggagaa	aaggatgata	cagagaaaag	aggggttca	2700
gatccctctt	tggaccggga	cacaaggctt	ctgctgggac	tgttgaagaa	ggcgacacct	2760
gaagaattag	taatgatgca	tggacttctg	tgtggtgaga	ctcgcaacac	cgagctcaag	2820
gaagagctct	ctactttggg	tgataagatg	gagataagtc	cttaa		2865

<210> 124

<211> 954

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

5

<400> 124

```

Met Asp Gln Leu Ala Ser Leu Ala Glu Ser Val Ala Met Glu Glu Asp
1      5      10      15
Ser Glu Lys Gln Ser Ile Lys Gly Glu Ser Ser Leu Glu Pro Asp Ser
20      25      30
Thr Pro Ser Ser Pro Lys Ile Thr Ala Arg Trp Asn Pro Ser Glu Ala

35      40      45
Cys Arg Pro Leu Val Asp Asp Ala Pro Ile Phe Tyr Pro Thr Asn Glu
50      55      60
Asp Phe Asp Asp Pro Leu Gly Tyr Ile Glu Lys Leu Arg Ser Lys Ala
65      70      75      80
Glu Ser Tyr Gly Ile Cys Arg Ile Val Pro Pro Val Ala Trp Arg Pro
85      90      95
Pro Cys Pro Leu Lys Glu Lys Lys Ile Trp Glu Asn Ser Lys Phe Pro
100     105     110
Thr Arg Ile Gln Phe Ile Asp Leu Leu Gln Asn Arg Glu Pro Ile Lys
115     120     125
Lys Ser Thr Lys Thr Lys Lys Arg Lys Arg Arg Arg Ile Ser Lys Ile
130     135     140
Gly Tyr Thr Arg Arg Lys Arg Asp Ser Gly Cys Asp Thr Ala Ser Ser
145     150     155     160
Gly Ser Ser Asp Ser Glu Gly Lys Phe Gly Phe Gln Thr Gly Pro Asp
165     170     175
Phe Thr Leu Glu Glu Phe Gln Lys Tyr Asp Glu Tyr Phe Lys Glu Cys
180     185     190
Tyr Phe Gln Ser Glu Asp His Pro Gly Ser Lys Ala Ser Glu Asn Lys
195     200     205
Lys Phe Lys Pro Lys Val Lys Asp Leu Glu Gly Glu Tyr Trp Arg Ile
210     215     220
Val Glu Gln Ala Thr Asp Glu Val Glu Val Tyr Tyr Gly Ala Asp Leu
225     230     235     240
Glu Thr Lys Lys Phe Gly Ser Gly Phe Pro Lys Tyr Lys Pro Gly Tyr
245     250     255
Pro Ile Ser Glu Ala Asp Gln Tyr Ser Gln Cys Gly Trp Asn Leu Asn
260     265     270
Asn Leu Ser Arg Leu Pro Gly Ser Val Leu Ala Phe Glu Ser Cys Asp
275     280     285
Ile Ser Gly Val Ile Val Pro Trp Leu Tyr Val Gly Met Cys Phe Ser
290     295     300
Thr Phe Cys Trp His Val Glu Asp His His Leu Tyr Ser Met Asn Tyr
305     310     315     320
Leu His Thr Gly Asp Pro Lys Val Trp Tyr Gly Ile Pro Gly Asn His
325     330     335
Ala Glu Ser Phe Glu Asn Val Met Lys Lys Arg Leu Pro Asp Leu Phe
340     345     350
Glu Glu Gln Pro Asp Leu Leu His Gln Leu Val Thr Gln Leu Ser Pro
355     360     365
Arg Ile Leu Lys Glu Glu Gly Val Pro Val Tyr Arg Ala Val Gln Arg
370     375     380
Ser Gly Glu Phe Ile Leu Thr Phe Pro Lys Ala Tyr His Ser Gly Phe
385     390     395     400

```

ES 2 539 530 T3

Asn	Cys	Gly	Phe	Asn	Cys	Ala	Glu	Ala	Val	Asn	Val	Ala	Pro	Val	Asp
				405					410					415	
Trp	Leu	Val	His	Gly	Gln	Asn	Ala	Val	Glu	Gly	Tyr	Ser	Lys	Gln	Arg
			420					425					430		
Arg	Lys	Ser	Ser	Leu	Ser	His	Asp	Lys	Leu	Leu	Leu	Gly	Ala	Ala	Met
		435					440					445			
Glu	Ala	Thr	Tyr	Cys	Leu	Trp	Glu	Leu	Ser	Leu	Ser	Lys	Lys	Lys	Thr
	450					455					460				
Pro	Val	Ile	Ala	Arg	Trp	Lys	Arg	Val	Cys	Ser	Glu	Asp	Gly	Leu	Leu
465					470					475					480
Thr	Lys	Ala	Val	Lys	Lys	Arg	Val	Gln	Met	Glu	Glu	Glu	Arg	Leu	Asn
				485					490					495	
His	Leu	Gln	Asp	Gly	Phe	Ser	Leu	Arg	Lys	Met	Glu	Gly	Asp	Phe	Asp
			500					505					510		
Asn	Lys	Arg	Glu	Arg	Glu	Cys	Phe	Leu	Cys	Phe	Tyr	Asp	Leu	His	Met
		515					520					525			
Ser	Ala	Ser	Ser	Cys	Lys	Cys	Ser	Pro	Asn	Arg	Phe	Ala	Cys	Leu	Ile
	530					535					540				
His	Ala	Lys	Asp	Leu	Cys	Ser	Cys	Glu	Ser	Lys	Asp	Arg	Tyr	Ile	Leu
545					550					555					560
Ile	Arg	His	Thr	Leu	Asp	Glu	Leu	Trp	Ala	Leu	Val	Arg	Ala	Leu	Glu
				565					570					575	
Gly	Asp	Leu	Asp	Ala	Ile	Asp	Leu	Trp	Ala	Ser	Lys	Cys	Arg	Asp	Gln
			580						585				590		
Tyr	Pro	Ser	Gln	His	Pro	Arg	Ala	Arg	Glu	Tyr	Ala	Tyr	Leu	Lys	Ser
		595					600					605			
Ala	Pro	Cys	Ile	Lys	Ser	Arg	Gly	Ser	Ser	Lys	Val	Gln	Gln	Arg	Glu
	610					615					620				
Gln	Asn	Asn	Leu	Gln	Leu	Val	Ser	Glu	Arg	Leu	Gln	Ser	Asp	Leu	Thr
625					630					635					640
Ser	Asn	Lys	Glu	Val	Gln	Leu	Lys	Gln	Asp	Gly	Asp	Ser	Asp	Val	Asn
				645					650					655	
Arg	His	Gly	His	Glu	Ser	Glu	Arg	Asn	His	Val	His	Gly	Ile	Thr	Asp
			660					665					670		
Lys	Ser	Ala	Val	Thr	Asp	Val	Lys	Leu	Gly	Val	Gly	Gly	Lys	Phe	Asp
		675					680					685			
Glu	Lys	Lys	Ile	Ser	Val	Glu	Ser	Gln	Asn	Pro	His	Ser	Val	Ser	Asp
	690					695					700				
Val	Gly	Cys	Ser	Glu	Leu	Ala	Lys	Lys	Val	Asp	Gly	Cys	Leu	Gly	Gly
705					710					715					720
Lys	Asp	Gln	Asn	Ala	Ala	Thr	Asn	Arg	Leu	Ser	Leu	Ser	Val	Glu	Leu
				725					730					735	
Leu	Ser	Ser	Gly	Ser	Leu	Val	Val	Lys	Lys	Leu	Trp	Cys	Ser	Lys	Gln
			740					745					750		
Ala	Ile	Tyr	Pro	Lys	Gly	Phe	Lys	Ser	Arg	Val	Lys	Phe	Leu	Ser	Val
		755					760					765			
Leu	Asp	Pro	Thr	Asn	Leu	Thr	Asn	Tyr	Ile	Ser	Glu	Val	Leu	Asp	Ala
	770					775					780				
Gly	Leu	Leu	Gly	Pro	Leu	Phe	Arg	Val	Ser	Val	Glu	Asp	Tyr	Pro	Thr
785					790					795					800
Glu	Asn	Phe	Ser	Asn	Val	Ser	Ala	Glu	Lys	Cys	Trp	Gln	Met	Val	Thr
				805					810					815	
Gln	Arg	Leu	Lys	Leu	Glu	Ile	Ile	Lys	Lys	Cys	Asp	Gln	Pro	Val	Ser
			820					825					830		
Ser	Leu	Thr	Ser	Leu	Gln	Pro	Leu	Glu	Ser	Ile	Asn	Gly	Leu	Glu	Met
		835					840					845			
Phe	Gly	Phe	Leu	Ser	Pro	His	Val	Ile	Lys	Val	Val	Glu	Ala	Leu	Asp
	850					855					860				
Pro	Lys	His	Gln	Leu	Glu	Glu	Tyr	Trp	Asn	Gln	Lys	Ala	Val	Lys	Leu
865					870					875					880
Phe	Gly	Ala	Glu	Pro	Ile	Lys	Glu	Gly	Glu	Lys	Asp	Asp	Thr	Glu	Lys

				885					890					895					
Gly	Gly	Ala	Ser	Asp	Pro	Ser	Leu	Asp	Arg	Asp	Thr	Arg	Leu	Leu	Arg				
			900					905					910						
Gly	Leu	Leu	Lys	Lys	Ala	Thr	Pro	Glu	Glu	Leu	Val	Met	Met	His	Gly				
			915				920					925							
Leu	Leu	Cys	Gly	Glu	Thr	Arg	Asn	Thr	Glu	Leu	Lys	Glu	Glu	Leu	Ser				
	930					935					940								
Thr	Leu	Val	Asp	Lys	Met	Glu	Ile	Ser	Pro										
945					950														

<210> 125

<211> 2694

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 125

atgataactgc	ttcatgggtca	ggatthttgat	gatccacttg	gttacataga	gaagttgccc	60
tctaaagcag	aatcatatgg	catatgtcga	attgtgccgc	ctgttgcatg	gaggccccct	120
tgccctctga	aggagaaaaa	aatatgggag	aattctaaat	ttcccacccg	gattcagttc	180
attgacttgc	ttcaaaaccg	agaaccgatt	aaaaaatcta	ctaaaaccaa	gaagagaaaa	240
cggagaagaa	tctctaaaat	tgatacacaca	agaagaaaaa	gagattcagg	ctgtgatacg	300
gcttcctctg	gctctagtga	tagtgaagga	aaatttggtt	ttcagactgg	gccagatttt	360
accctggaag	aatttcagaa	gtatgatgaa	tactttaagg	aatgctatth	tcagtcagag	420
gatcatcctg	gttccaaagc	gtctgaaaat	aagaaattta	aacctaaagg	taaggacctt	480
gaaggtgaat	attggcggat	agtggagcag	gcaactgatg	aagtagaggt	gtactatgga	540
gctgacttgg	aaacaaagaa	atthtggagt	ggthttcccaa	agtataaacc	gggggtatcct	600
ataagtgaag	cagatcaata	ctctcaatgt	ggthtgaacc	taaataatth	gtcccgtctg	660
cccggatcag	tcttagcttt	tgagagctgc	gatattctcag	gagtcattgt	gccatggctt	720
tatgttggaa	tgtgcttttc	aactthttgt	tgcatgtttg	aagatcatca	cctttattcc	780
atgaactact	tacacacagg	tgatccaaaa	gtttgggtatg	ggatccctgg	aaacctatgt	840
gagtcctttt	aaaatgtaat	gaaaaagcgt	cttcagattt	tgthtgaaga	acagcctgac	900
ttgctacatc	aactgggtcac	tcagttatct	ccaagaatct	taaaagagga	gggagtacct	960
gtctatcgag	ctgtccagcg	cagtggagaa	ttcattctaa	ccttccctaa	ggcctatcat	1020
tctgggttta	attgtggtht	caactgtgct	gaagcagtaa	atgttgccacc	agttgattgg	1080
ctggttcatg	gacagaatgc	agtggaaagg	tatagcaagg	agcggcgaaa	gagttcattg	1140
tcacatgaca	agctgcttct	tgagagctgt	atggaagcta	cttattgcct	ctgggagctt	1200
tcactttcaa	agaagaagac	tctgtgattt	gcgagatgga	aaagggtht	tagtgaggat	1260
ggattgctta	cgaaggcagt	caagaagcgt	gtgcagatgg	aagaagaaa	actaaatcac	1320
cttcaagatg	gtthttagctt	gcgaaagatg	gaggggtgatt	tcgacaataa	gagagaacgg	1380
gagtgcttct	tgtgcttcta	tgatttgcct	atgtctgctt	caagctgcaa	gtgttccccc	1440
aaacggtht	catgtcttat	ccacgttaag	gatctgtgth	catgtgaaa	taaggataga	1500
tatactctaa	ttcgccacac	cttggatgag	ttatgggcac	tggtcagagc	tctagaagg	1560
gatcttgatg	ccatagacct	atgggcaagt	aatgtctgtg	accagtatcc	ttcacagcat	1620
ccaagagcaa	gagaatatgc	ttacctcaag	tctgccccat	gtataaagag	ccgtggttca	1680
tcaaaagtac	agcagcgaga	acaaaacaat	cttcagttag	tgtctgaacg	cttacaaggt	1740
gatctaacct	caaacaagga	agttcagttg	aaacaagatg	gtgattcaga	tgtaaatcgc	1800
catggctcat	aaagcgaaa	aatcatgta	catgggatca	ctgataagtc	agctgtcacg	1860
gatgtaaaac	ttggtgtggg	aggtaagtht	gatgagaaga	agatttcggg	tgaatctcaa	1920
aaaccacatt	cagthttcaga	tgtagggtgt	agcgagctgg	cgaagaaa	ggatggtht	1980
ttaggaggg	aggaccaaaa	tgtgcaacc	aataggthta	gtctctctgt	tgagcttht	2040
agthtctgg	ctctcgtht	taaaaagctg	tggtgcagta	aacaggccat	atacccaaaa	2100
gggttcaaga	gccgtgttaa	gttcttaagt	gtgcttgacc	caacaaacct	aaccaactac	2160
atctcagagg	ttctggatgc	agggcttctt	ggtccattgt	tcagggtctc	agtagaagat	2220
taccccactg	agaatttctc	gaatgtatct	gctgaaaagt	gctggcaaat	ggtgacacaa	2280
aggctcaaac	tcgaaatcat	caagaaatgt	gatcaaccag	ttagctcttt	gacctcttta	2340
caaccttht	agagtataaa	tggtcttgaa	atgtthtgg	ttctctcccc	gcacgtaatt	2400
aaggtgtht	aggctcttga	tccaaagcat	caattggagg	agtattggaa	ccaaaaagca	2460
gtgaaactgt	ttggtgctga	accaataaag	gaaggagaaa	aggatgatac	agagaaaagg	2520
gggtcttcag	atccctcttt	ggaccgggac	acaaggcttc	tgctgtgact	gttgaagaag	2580
gcgacacctg	aagaattagt	aatgatgcat	ggacttctgt	gtggtgagac	tcgcaacacc	2640
gagctcaagg	aagagctctc	tactthtgg	gataagatgg	agataagtht	ttaa	2694

<210> 126

<211> 897

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 126

Met	Ile	Leu	Leu	His	Gly	Gln	Asp	Phe	Asp	Asp	Pro	Leu	Gly	Tyr	Ile	1	5	10	15
Glu	Lys	Leu	Arg	Ser	Lys	Ala	Glu	Ser	Tyr	Gly	Ile	Cys	Arg	Ile	Val	20	25	30	
Pro	Pro	Val	Ala	Trp	Arg	Pro	Pro	Cys	Pro	Leu	Lys	Glu	Lys	Lys	Ile	35	40	45	
Trp	Glu	Asn	Ser	Lys	Phe	Pro	Thr	Arg	Ile	Gln	Phe	Ile	Asp	Leu	Leu	50	55	60	
Gln	Asn	Arg	Glu	Pro	Ile	Lys	Lys	Ser	Thr	Lys	Thr	Lys	Lys	Arg	Lys	65	70	75	80
Arg	Arg	Arg	Ile	Ser	Lys	Ile	Gly	Tyr	Thr	Arg	Arg	Lys	Arg	Asp	Ser	85	90	95	
Gly	Cys	Asp	Thr	Ala	Ser	Ser	Gly	Ser	Ser	Asp	Ser	Glu	Gly	Lys	Phe	100	105	110	
Gly	Phe	Gln	Thr	Gly	Pro	Asp	Phe	Thr	Leu	Glu	Glu	Phe	Gln	Lys	Tyr	115	120	125	
Asp	Glu	Tyr	Phe	Lys	Glu	Cys	Tyr	Phe	Gln	Ser	Glu	Asp	His	Pro	Gly	130	135	140	
Ser	Lys	Ala	Ser	Glu	Asn	Lys	Lys	Phe	Lys	Pro	Lys	Val	Lys	Asp	Leu	145	150	155	160
Glu	Gly	Glu	Tyr	Trp	Arg	Ile	Val	Glu	Gln	Ala	Thr	Asp	Glu	Val	Glu	165	170	175	
Val	Tyr	Tyr	Gly	Ala	Asp	Leu	Glu	Thr	Lys	Lys	Phe	Gly	Ser	Gly	Phe	180	185	190	
Pro	Lys	Tyr	Lys	Pro	Gly	Tyr	Pro	Ile	Ser	Glu	Ala	Asp	Gln	Tyr	Ser	195	200	205	
Gln	Cys	Gly	Trp	Asn	Leu	Asn	Asn	Leu	Ser	Arg	Leu	Pro	Gly	Ser	Val	210	215	220	
Leu	Ala	Phe	Glu	Ser	Cys	Asp	Ile	Ser	Gly	Val	Ile	Val	Pro	Trp	Leu	225	230	235	240
Tyr	Val	Gly	Met	Cys	Phe	Ser	Thr	Phe	Cys	Trp	His	Val	Glu	Asp	His	245	250	255	
His	Leu	Tyr	Ser	Met	Asn	Tyr	Leu	His	Thr	Gly	Asp	Pro	Lys	Val	Trp	260	265	270	
Tyr	Gly	Ile	Pro	Gly	Asn	His	Ala	Glu	Ser	Phe	Glu	Asn	Val	Met	Lys	275	280	285	
Lys	Arg	Leu	Pro	Asp	Leu	Phe	Glu	Glu	Gln	Pro	Asp	Leu	Leu	His	Gln	290	295	300	
Leu	Val	Thr	Gln	Leu	Ser	Pro	Arg	Ile	Leu	Lys	Glu	Glu	Gly	Val	Pro	305	310	315	320
Val	Tyr	Arg	Ala	Val	Gln	Arg	Ser	Gly	Glu	Phe	Ile	Leu	Thr	Phe	Pro	325	330	335	
Lys	Ala	Tyr	His	Ser	Gly	Phe	Asn	Cys	Gly	Phe	Asn	Cys	Ala	Glu	Ala	340	345	350	
Val	Asn	Val	Ala	Pro	Val	Asp	Trp	Leu	Val	His	Gly	Gln	Asn	Ala	Val	355	360	365	
Glu	Gly	Tyr	Ser	Lys	Gln	Arg	Lys	Ser	Ser	Leu	Ser	His	Asp	Lys		370	375	380	
Leu	Leu	Leu	Gly	Ala	Ala	Met	Glu	Ala	Thr	Tyr	Cys	Leu	Trp	Glu	Leu	385	390	395	400
Ser	Leu	Ser	Lys	Lys	Lys	Thr	Pro	Val	Ile	Ala	Arg	Trp	Lys	Arg	Val	405	410	415	
Cys	Ser	Glu	Asp	Gly	Leu	Leu	Thr	Lys	Ala	Val	Lys	Lys	Arg	Val	Gln	420	425	430	

Met	Glu	Glu	Glu	Arg	Leu	Asn	His	Leu	Gln	Asp	Gly	Phe	Ser	Leu	Arg
		435					440					445			
Lys	Met	Glu	Gly	Asp	Phe	Asp	Asn	Lys	Arg	Glu	Arg	Glu	Cys	Phe	Leu
	450					455					460				
Cys	Phe	Tyr	Asp	Leu	His	Met	Ser	Ala	Ser	Ser	Cys	Lys	Cys	Ser	Pro
465					470					475					480
Asn	Arg	Phe	Ala	Cys	Leu	Ile	His	Ala	Lys	Asp	Leu	Cys	Ser	Cys	Glu
				485					490						495
Ser	Lys	Asp	Arg	Tyr	Ile	Leu	Ile	Arg	His	Thr	Leu	Asp	Glu	Leu	Trp
			500					505					510		
Ala	Leu	Val	Arg	Ala	Leu	Glu	Gly	Asp	Leu	Asp	Ala	Ile	Asp	Leu	Trp
		515					520					525			
Ala	Ser	Lys	Cys	Arg	Asp	Gln	Tyr	Pro	Ser	Gln	His	Pro	Arg	Ala	Arg
	530					535					540				
Glu	Tyr	Ala	Tyr	Leu	Lys	Ser	Ala	Pro	Cys	Ile	Lys	Ser	Arg	Gly	Ser
545					550					555					560
Ser	Lys	Val	Gln	Gln	Arg	Glu	Gln	Asn	Asn	Leu	Gln	Leu	Val	Ser	Glu
				565					570						575
Arg	Leu	Gln	Ser	Asp	Leu	Thr	Ser	Asn	Lys	Glu	Val	Gln	Leu	Lys	Gln
			580					585					590		
Asp	Gly	Asp	Ser	Asp	Val	Asn	Arg	His	Gly	His	Glu	Ser	Glu	Arg	Asn
		595				600					605				
His	Val	His	Gly	Ile	Thr	Asp	Lys	Ser	Ala	Val	Thr	Asp	Val	Lys	Leu
	610					615					620				
Gly	Val	Gly	Gly	Lys	Phe	Asp	Glu	Lys	Lys	Ile	Ser	Val	Glu	Ser	Gln
625					630					635					640
Asn	Pro	His	Ser	Val	Ser	Asp	Val	Gly	Cys	Ser	Glu	Leu	Ala	Lys	Lys
				645					650					655	
Val	Asp	Gly	Cys	Leu	Gly	Gly	Lys	Asp	Gln	Asn	Ala	Ala	Thr	Asn	Arg
			660					665					670		
Leu	Ser	Leu	Ser	Val	Glu	Leu	Leu	Ser	Ser	Gly	Ser	Leu	Val	Val	Lys
		675				680					685				
Lys	Leu	Trp	Cys	Ser	Lys	Gln	Ala	Ile	Tyr	Pro	Lys	Gly	Phe	Lys	Ser
	690					695					700				
Arg	Val	Lys	Phe	Leu	Ser	Val	Leu	Asp	Pro	Thr	Asn	Leu	Thr	Asn	Tyr
705					710					715					720
Ile	Ser	Glu	Val	Leu	Asp	Ala	Gly	Leu	Leu	Gly	Pro	Leu	Phe	Arg	Val
				725					730					735	
Ser	Val	Glu	Asp	Tyr	Pro	Thr	Glu	Asn	Phe	Ser	Asn	Val	Ser	Ala	Glu
			740				745					750			
Lys	Cys	Trp	Gln	Met	Val	Thr	Gln	Arg	Leu	Lys	Leu	Glu	Ile	Ile	Lys
		755					760					765			
Lys	Cys	Asp	Gln	Pro	Val	Ser	Ser	Leu	Thr	Ser	Leu	Gln	Pro	Leu	Glu
	770					775					780				
Ser	Ile	Asn	Gly	Leu	Glu	Met	Phe	Gly	Phe	Leu	Ser	Pro	His	Val	Ile
785					790					795					800
Lys	Val	Val	Glu	Ala	Leu	Asp	Pro	Lys	His	Gln	Leu	Glu	Glu	Tyr	Trp
				805					810					815	
Asn	Gln	Lys	Ala	Val	Lys	Leu	Phe	Gly	Ala	Glu	Pro	Ile	Lys	Glu	Gly
			820					825					830		
Glu	Lys	Asp	Asp	Thr	Glu	Lys	Gly	Gly	Ala	Ser	Asp	Pro	Ser	Leu	Asp
		835					840					845			
Arg	Asp	Thr	Arg	Leu	Leu	Arg	Gly	Leu	Leu	Lys	Lys	Ala	Thr	Pro	Glu
	850					855					860				
Glu	Leu	Val	Met	Met	His	Gly	Leu	Leu	Cys	Gly	Glu	Thr	Arg	Asn	Thr
865					870					875					880
Glu	Leu	Lys	Glu	Glu	Leu	Ser	Thr	Leu	Val	Asp	Lys	Met	Glu	Ile	Ser
				885					890					895	
Pro															

<210> 127

<211> 4023

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 127

atgggtaatg	ttgaaattcc	gaattggcctt	aaagcctttgc	cattgggcacc	tgtgttttaga	60
cctacagaca	ctgaattttgc	agatcccatt	gcttacatat	cgaaaatcga	aaaggaagct	120
agtgcctttg	ggattttgcaa	gatcatttct	cctttaccca	agccatcgaa	aaagtatgtt	180
ttctacaact	tgaacaagtc	tcttttgaag	tgtcccgaaat	tggtttcaga	tgttgacatt	240
togaagggtg	gtaaagagga	tagagctgta	ttcaccacta	ggcagcaaga	gttaggcca	300
actgtgaaaa	aaaacaaagg	agagaagggg	aagagtaatt	ctcaaaggag	tgggtgttaag	360
cagggtttggc	aaagtggagg	cgtttatata	ttggatcagt	ttgaagctaa	gtcgaaagct	420
ttctacaaaa	cccaattagg	aacgggttaag	gaactggcac	cagttgtcat	tgaggcattg	480
ttctggaaaag	cggttttaga	gaagcctata	tatatagagt	atgctaata	cgtgcctggc	540
tctgctttcg	gtgagccaga	ggatcatttc	aggcatttcc	ggcagaggaa	gaggaggggc	600
aggggatttt	ctcagaggaa	gacagaaaat	aatgatccat	caggtaagaa	cgtgaaaaag	660
tcatagcctg	aggtagaaaa	ggcaccctt	gcttctacaa	gtttatcacc	tcaggattcg	720
tccaagcaga	agaacatgga	tattgttgat	gaaatggaag	gtactgcagg	ctggaagctc	780
tccaacagtt	cgtggaacct	tcagatgatt	gcacgttcc	ctggttctgt	tacacgtttc	840
atgccagatg	acatttcttg	tgttacatct	cccatgggtt	atatcggtat	gttgttcagt	900
tgggtttgct	ggcacgttga	ggatcatgag	cttcacagta	tgaattatct	tcacactggc	960
tcaccaaaga	cttgggtacgc	tgtcccttgt	gattatgccc	ttgactttga	agagggttatc	1020
cgcaaaaatt	cttatggcag	gaacattgac	caactggctg	ctctcaccga	actaggcgaa	1080
aagacaaact	ttgtatcacc	tgagatgata	gttgcatctg	gcattccctg	ctgtagggtg	1140
gtacaaaatc	ctggtgaatt	tgttgtgact	tttccgaggt	cttatcatgt	aggattcagc	1200
cacggtttta	actgtgggga	agccgcta	tttggaaacc	cacagtggct	caacgtagca	1260
aagggaagctg	ctgtgcgtcg	ggcagccatg	aattatctac	ccatgctgtc	ccatcagcag	1320
ctgctatata	tcttgactat	gtcctttgtt	tcaagagtgc	cacgatcatt	gctaccaggt	1380
ggctgtagct	cccgactaag	agatcggcag	agagaagaaa	gagagtctct	tgtgaaaaga	1440
gcttttgtag	aagatatatt	gaacgaaaac	aagaatttat	ctgttctctt	tcgagaacca	1500
ggctctcggt	tgggtgatgtg	ggaccctgat	ttacttccgc	gtcatagcgc	actggctctt	1560
gcagctgctg	gagttgctgg	tgtttctgct	gtttccacct	cagcagtgcc	aaaaaaagaa	1620
cttgaggagg	gtcattctga	attgcagaat	aaagaaaaga	cttctctttt	agaggaattg	1680
agcttgttca	tggagaagct	gaatgatgta	tactacgacg	atgatgatgg	tctgcttaac	1740
gattttccaa	ttgatactgg	aaccttgcca	tgtgtggctt	gtggcggtct	tggcttcccc	1800
tttatgtctg	tcgtacagcc	ttctgaaaaa	gcattaaaaa	atctctcaga	gagacaagga	1860
gagacagatg	ctcaggaaat	tatgacactg	tcacagaaa	agtctgactg	cgaatggaaa	1920
acgtcttcta	gatataataag	acctcgcatt	ttctgcctcg	aacacactat	tgaacttcag	1980
agactgctgc	aatcaagagg	tggattgaaa	ttccttggtt	tttgccataa	agactttcaa	2040
aaattcaagg	cacatgcggc	tatagtggca	gaggaggtca	aagtcccttt	cagctatgat	2100
gatgtcctgt	tagagagtgc	atctcaggaa	gagttgagtc	taattgatct	tgcaattgaa	2160
gatgaagaaa	aatacgaaca	cagtgtagac	tggacctcag	aacttggcat	caattttacgg	2220
tactgtgtga	aagtgaggaa	aaattccctt	actaagaaaa	ttcagcatgc	actgtcacta	2280
ggtggcttgt	tctccgatac	aagccagatg	ctagatttta	caactatcag	atggctgcag	2340
agaaaatcac	gctcaaaagc	taaaccagct	tctacctcaa	gtttcacacc	ttgtgaacat	2400
cttgaagtaa	aagcagatgg	aaaattaagg	gataatttgg	attctcagac	cggaaaaaag	2460
gaagaaaaga	tcattccagta	ctcgagaaag	aaaaagttga	atccaaagcc	ttcagcagaa	2520
caagttcagg	agctagctac	cctagctaaa	tcaaaagatt	ttgataagac	atgtaaaaat	2580
tttagcagta	ggtcacatct	ggatagtgca	attcgttctg	agatgaacag	tgagatttga	2640
gactctggaa	gggtcattgg	ggtatcattt	tccataaatc	cttgtagctc	atctttcact	2700
gtgggacatg	ggcaagaaca	tcccgagatc	actgtcaagt	ttggttcaga	tttagatggg	2760
aatgtcacaa	atagtttgag	tatggtgaat	ggagactctg	ctgacctaac	cttaacctcc	2820
atatccagag	agcagcacca	aggacactct	atgaccagca	ataataatgg	ctccaactca	2880
ggtagtcatg	ttgtggcaag	ccagaccata	cttgtttcta	cagggtataa	tcattgacgga	2940
ccaagaaaaat	tgtctggtga	ttatgtctgc	agtgtatgtg	ctgtacgtgg	tattcaggaa	3000
gcggttgaaa	tgagtgaacca	agagtttggg	gaacctaggg	ctactgtcac	taatattgag	3060
gatgaacagc	aatcacagat	tgtgaaacca	accacaagag	aagctgtatt	tgtgtatcac	3120
gaacaggtgg	agggagcaga	agctgtgtct	accagagaaa	acttgtgtct	tgaataaatt	3180
ctgcacactg	agcattcttc	agctcatgtg	ggtatggaaa	ttcctgacat	aaacacggcc	3240
agtgagaact	tagttgttga	catgacccat	gatggtgaac	ctttggaaag	tagcgaata	3300

ES 2 539 530 T3

```

ttaagttcga gcaatggtga tgaagcttct tcaaattggat tgcaagttct aaatgatgag 3360
cttagcatgg agagtgaagt ttcaagctca gaaaacaccg aagttattga ggctcccaat 3420
tctatgggag aagcaaagaa gaagcggaaa atagaatcag agtctgagac aaatgataat 3480
ccagagagta gcattgggtt cataaggagt ccttgtgaag ggttgaggtc aaggggcaag 3540
aggaaagcaa catgtgaaac ttcattaaag cacactgaaa cgagtgatga agagaagaaa 3600
ccatttgoga aaaggctgaa gaaaacacca aaggcttgct cagggagtcg tcagcaagaa 3660
gtccccacga caactcacco caaccgttgt tacctagagg gatgcaagat gacttttgag 3720
agtaaagcga aattacaaac tcacaagaga aaccgttgca ctcacgaagg gtgtggaaag 3780
aaattcaggg ctcacaaata tctggtgctt catcaacgtg tgcataagga tgaaagacct 3840
ttcgagtgtc cttggaaagg atgttcaatg actttcaaat ggcaatgggc gaggacagaa 3900
catttgcgtc tgcacacggg agagcgacca tacatatgca aggtcgatgg atgtggattg 3960
tcgtttaggt ttgtatctga ctatagtcgc cacagacgta aaaccatgca ctatgtcaca 4020
tag 4023

```

<210> 128

<211> 1340

<212> PRT

5

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 128

```

Met Gly Asn Val Glu Ile Pro Asn Trp Leu Lys Ala Leu Pro Leu Ala
1      5      10      15
Pro Val Phe Arg Pro Thr Asp Thr Glu Phe Ala Asp Pro Ile Ala Tyr
20      25      30
Ile Ser Lys Ile Glu Lys Glu Ala Ser Ala Phe Gly Ile Cys Lys Ile
35      40      45
Ile Pro Pro Leu Pro Lys Pro Ser Lys Lys Tyr Val Phe Tyr Asn Leu
50      55      60
Asn Lys Ser Leu Leu Lys Cys Pro Glu Leu Val Ser Asp Val Asp Ile
65      70      75      80
Ser Lys Val Cys Lys Glu Asp Arg Ala Val Phe Thr Thr Arg Gln Gln
85      90      95
Glu Leu Gly Gln Thr Val Lys Lys Asn Lys Gly Glu Lys Gly Lys Ser
100     105     110
Asn Ser Gln Arg Ser Gly Val Lys Gln Val Trp Gln Ser Gly Gly Val
115     120     125
Tyr Thr Leu Asp Gln Phe Glu Ala Lys Ser Lys Ala Phe Tyr Lys Thr
130     135     140
Gln Leu Gly Thr Val Lys Glu Leu Ala Pro Val Val Ile Glu Ala Leu
145     150     155     160
Phe Trp Lys Ala Ala Leu Glu Lys Pro Ile Tyr Ile Glu Tyr Ala Asn
165     170     175
Asp Val Pro Gly Ser Ala Phe Gly Glu Pro Glu Asp His Phe Arg His
180     185     190
Phe Arg Gln Arg Lys Arg Arg Gly Arg Gly Phe Tyr Gln Arg Lys Thr
195     200     205
Glu Asn Asn Asp Pro Ser Gly Lys Asn Gly Glu Lys Ser Ser Pro Glu
210     215     220
Val Glu Lys Ala Pro Leu Ala Ser Thr Ser Leu Ser Ser Gln Asp Ser
225     230     235     240
Ser Lys Gln Lys Asn Met Asp Ile Val Asp Glu Met Glu Gly Thr Ala
245     250     255
Gly Trp Lys Leu Ser Asn Ser Ser Trp Asn Leu Gln Met Ile Ala Arg
260     265     270
Ser Pro Gly Ser Val Thr Arg Phe Met Pro Asp Asp Ile Pro Gly Val
275     280     285
Thr Ser Pro Met Val Tyr Ile Gly Met Leu Phe Ser Trp Phe Ala Trp
290     295     300
His Val Glu Asp His Glu Leu His Ser Met Asn Tyr Leu His Thr Gly
305     310     315     320
Ser Pro Lys Thr Trp Tyr Ala Val Pro Cys Asp Tyr Ala Leu Asp Phe

```


Thr	Gly	Lys	Lys	Glu	Glu	Lys	Ile	Ile	Gln	Tyr	Ser	Arg	Lys	Lys	
			820					825					830		
Leu	Asn	Pro	Lys	Pro	Ser	Ala	Glu	Gln	Val	Gln	Glu	Leu	Ala	Thr	Leu
		835					840					845			
Ala	Lys	Ser	Lys	Asp	Phe	Asp	Lys	Thr	Cys	Lys	Asn	Phe	Ser	Ser	Arg
	850					855					860				
Ser	His	Leu	Asp	Ser	Ala	Ile	Arg	Ser	Glu	Met	Asn	Ser	Glu	Ile	Gly
865					870					875					880
Asp	Ser	Gly	Arg	Val	Ile	Gly	Val	Ser	Phe	Ser	Ile	Asn	Pro	Cys	Ser
				885					890					895	
Ser	Ser	Phe	Thr	Val	Gly	His	Gly	Gln	Glu	His	Pro	Glu	Ile	Thr	Val
		900						905					910		
Lys	Phe	Gly	Ser	Asp	Leu	Asp	Gly	Asn	Val	Thr	Asn	Ser	Leu	Ser	Met
	915						920					925			
Val	Asn	Gly	Asp	Ser	Ala	Asp	Leu	Thr	Leu	Thr	Ser	Ile	Ser	Arg	Glu
	930					935					940				
Gln	His	Gln	Gly	His	Ser	Met	Thr	Ser	Asn	Asn	Asn	Gly	Ser	Asn	Ser
945					950					955					960
Gly	Ser	His	Val	Val	Ala	Ser	Gln	Thr	Ile	Leu	Val	Ser	Thr	Gly	Asp
			965						970					975	
Asn	His	Asp	Gly	Pro	Arg	Lys	Leu	Ser	Gly	Asp	Tyr	Val	Cys	Ser	Asp
		980						985					990		
Val	Ser	Val	Arg	Gly	Ile	Gln	Glu	Ala	Val	Glu	Met	Ser	Asp	Gln	Glu
	995						1000					1005			
Phe	Gly	Glu	Pro	Arg	Ser	Thr	Val	Thr	Asn	Ile	Glu	Asp	Glu	Gln	
	1010					1015					1020				
Gln	Ser	Gln	Ile	Val	Lys	Pro	Thr	Gln	Arg	Glu	Ala	Val	Phe	Gly	
	1025					1030					1035				
Asp	His	Glu	Gln	Val	Glu	Gly	Ala	Glu	Ala	Val	Ser	Thr	Arg	Glu	
	1040					1045					1050				
Asn	Leu	Cys	Ser	Glu	Ile	Ile	Leu	His	Thr	Glu	His	Ser	Ser	Ala	
	1055					1060					1065				
His	Val	Gly	Met	Glu	Ile	Pro	Asp	Ile	Asn	Thr	Ala	Ser	Glu	Asn	
	1070					1075					1080				
Leu	Val	Val	Asp	Met	Thr	His	Asp	Gly	Glu	Pro	Leu	Glu	Ser	Ser	
	1085					1090					1095				
Asp	Ile	Leu	Ser	Ser	Ser	Asn	Gly	Asp	Glu	Ala	Ser	Ser	Asn	Gly	
	1100					1105					1110				
Leu	Gln	Val	Leu	Asn	Asp	Glu	Leu	Ser	Met	Glu	Ser	Glu	Val	Ser	
	1115					1120					1125				
Ser	Ser	Glu	Asn	Thr	Glu	Val	Ile	Glu	Ala	Pro	Asn	Ser	Met	Gly	
	1130					1135					1140				
Glu	Ala	Lys	Lys	Lys	Arg	Lys	Ile	Glu	Ser	Glu	Ser	Glu	Thr	Asn	
	1145				</										

ES 2 539 530 T3

1280	Trp Gln Trp Ala Arg Thr	1285	Glu His Leu Arg Leu	1290	His Thr Gly Glu
1295	Arg Pro Tyr Ile Cys Lys	1300	Val Asp Gly Cys Gly	1305	Leu Ser Phe Arg
1310	Phe Val Ser Asp Tyr Ser	1315	Arg His Arg Arg Lys	1320	Thr Met His Tyr
1325	Val Thr	1330		1335	
1340					

<210> 129

<211> 1509

<212> ADN

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 129

atgccaaaagt	gcaagaatct	gttgctaacc	tcgaagcgac	gtaaatccaa	atccaaaaga	60
ctaaagctcc	atcagcatga	acctgagtc	ctgtttccag	agaaggaggt	agaagaggaa	120
gatgaagatg	aaggaggctt	caagctgaaa	attgcagctc	cttctcaaga	gcatggagtt	180
caacctctgg	gaaacctata	tttcaatcct	gggtcggtca	atgtgcgaaa	cactggatta	240
ggtaatctcc	agatactctc	agatgagctc	gttttgata	ttctaggtct	tcttggcgcc	300
aatcatttgg	gtgttttggc	tactgtaaat	aagtcattct	atatatttgc	taatcatgag	360
cctctctgga	gaaatcttgt	gttagaggag	ttaaaaggag	atTTTTTgtt	taatgggtcg	420
tggagatcta	cctatgtagc	tgcttaccat	ccgaaattca	agtttgctgg	agatggtgaa	480
tcgaatttga	agattataga	tttctattct	gattatctgt	ttcagagctg	gttatgtgctg	540
aatcttgaaa	tgaaaccgaa	atggcttaga	agagataata	tcacacgggt	gagaggcatt	600
tctgttgaa	acttcattac	aaagtttgag	gagccgaata	agccagtttt	gttggaggga	660
tgtttggatg	gttggcctgc	tattgagaaa	tggtcaagag	attatctgac	taagggtggt	720
ggatgatgtc	aattcgcggt	aggtccagt	gaaatgaagc	tcgagaagta	ttttaggtat	780
tctgatggag	ctagggagaa	aaggcctttg	tacttggttg	atccaaagtt	tgagagagaa	840
gttccgggtt	tggaatcgga	gtatgatgtt	cctgtctatt	tcagagagga	cttgttttgt	900
gttttaggaa	acgagcgacc	tgattataga	tggtatcata	ttggtccagc	cggatcagga	960
tcgtctttcc	atattgatcc	taactcaaca	tcagcttgga	atgcggtgat	cacagggtcg	1020
aagaaatggg	ttttgttccc	acctgatgtg	gttcctccgg	gtgtgcatcc	aagtcctgat	1080
ggagcagaag	tggtctgtcc	tggtttccata	atagaatggg	tcatgaactt	ttatgatgat	1140
actaaggatt	gggagaagaa	acctattgag	tgtatatgca	aagccgggga	ggatgatgtt	1200
gtacctaatg	gatggtggca	tctgggtgatt	aacctggagg	aatcgattgc	tattactcag	1260
aattatgcta	gcaggagtaa	tttgttgaat	gtgttagaat	ttctgaagaa	accaaagtct	1320
aaagaacttg	tctccgggac	aactgacaga	gagaatttgc	atgacaaatt	caagaaagcc	1380
attgaagaag	cttaccggg	gactatccaa	gagttagaaa	agaaagcaga	agaagcaaaa	1440
agagccgaag	aacaaagagt	ttctttctgg	gactctgcca	aaactgatac	tttcaagttt	1500
tctttctaa						1509

<210> 130

<211> 502

10 <212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 130

ES 2 539 530 T3

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

Leu Leu Gly Ala Asn His Leu Gly Val Leu Ala Thr Val Thr Lys Ser
 100 105 110
 Phe Tyr Ile Phe Ala Asn His Glu Pro Leu Trp Arg Asn Leu Val Leu
 115 120 125
 Glu Glu Leu Lys Gly Asp Phe Leu Phe Asn Gly Ser Trp Arg Ser Thr
 130 135 140
 Tyr Val Ala Ala Tyr His Pro Lys Phe Lys Phe Ala Gly Asp Gly Glu
 145 150 155 160
 Ser Asn Leu Lys Ile Ile Asp Phe Tyr Ser Asp Tyr Leu Phe Gln Ser
 165 170 175
 Trp Leu Cys Ala Asn Leu Glu Met Lys Pro Lys Trp Leu Arg Arg Asp
 180 185 190
 Asn Ile Thr Arg Val Arg Gly Ile Ser Val Glu Asp Phe Ile Thr Lys
 195 200 205
 Phe Glu Glu Pro Asn Lys Pro Val Leu Leu Glu Gly Cys Leu Asp Gly
 210 215 220
 Trp Pro Ala Ile Glu Lys Trp Ser Arg Asp Tyr Leu Thr Lys Val Val
 225 230 235 240
 Gly Asp Val Glu Phe Ala Val Gly Pro Val Glu Met Lys Leu Glu Lys
 245 250 255
 Tyr Phe Arg Tyr Ser Asp Gly Ala Arg Glu Glu Arg Pro Leu Tyr Leu
 260 265 270

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

<210> 131

<211> 2124

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 131

atgaaggaaa aagtggagaa gcttgagaca gatgatctaa aatggaccga gaggcttcca 60

```

gaatgtcctg tctacagacc aacaaaggag gagtttgagg atcctctgac ttattttgcag 120
aagattttcc cagaagcttc aaaatatggt atttgcaaga ttgtatctcc ttgacagca 180
acagttcctg ctggcgctgt gttgatgaaa gagaaatcaa actttaagtt cactaccaga 240
gtacaacccc ttcgacttgc tgagtgggat tctgatgata aagttacatt cttcatgagt 300
gggaggacct atacatttgc cgactatgag aaaatggcga acaaggtatt tgcacgcaga 360
tattgcagtg gtggctcttt gcccgactca ttcttggaaga aagaattctg gaaggaaatt 420
gcgtgtggca agactgaaac agttgagtat gcgtgtgatg tagatggtag cgcattttca 480
tctgcaccag gtgaacctact aggaagcagc aaatggaact tgaataaagt ttcaaggctt 540
cctaagtcta ccttgccgct tcttgaaaca tccattccgg gagtcacaga acccatgctt 600
tacatcgga tgcttttcag tatgtttgcc tggcatgttg aggaccatta ttgtacagc 660
attaattacc aacattgttg agcatcaaaa acttggtatg ggattccagg ttccgcagct 720
ctaaaatttg aaaagggtgg taaagagtgt gtgtacaatg atgatattct atcaactaat 780
ggagaagatg gtgcctttga cgtgcttctg gggaagacaa ctatattccc cccaaagact 840
ctgtgtggatc ataattgtgc agtgataaaa gctgtgcaaa aacctggaga atttgttgtc 900
acattcccca gggcttatca tgcgtgttgc agccacggtt ttaattgtgg tgaggcagtg 960
aactttgcga tgggtgattg gtttccattt ggagctattg ccagttgccg gtatgctcat 1020
cttaaccgag taccgttgct tccatcatgaa gaattgattt gtaaagaggc aatgctcttg 1080
aactcaagtt ccaaattccga gaattctggat cttacacctc cagaattgtc aggacaacga 1140
agcatcaaga ctgcatttgt acacctgatt cgttttcttc atcttgctcg atggtctcta 1200
atgaaagcag gattatgcac aggccttggt tcgaatacat atggaacctc agtctgcagt 1260
ttgtgtaaac gggattgcta tttggcattt atcaactgcg agtgttactc acacccggtt 1320
tgtctacgtc atgatgttaa aaagcttgac cttccatgtg ggacaacgca tactctttac 1380
ttgagagaca acattgaaga catggaagct gctgcaatga agtttgagaa ggaagatgga 1440
gtttcagatt tgattacaac tgatgaagat ttatataagt atccatcatc gattacactt 1500
ccagctgcga aagaagacgg atatacaccc tattccacta tatactttga ttcttatact 1560
gaggtagaga tgacatctca tgaccagttg caatcgggaa atcccgctcat gagttatgag 1620
gcaaacgctt catgtatctc ctcagttgct gatgattatg aatgctctga ttaccaggta 1680
aatagacgag ctaactgtag cagcagtagt gattcaaagc tctcggaaga agtagcatgc 1740
agcagtagca aaaaaactcg gttcttccct gtggttcaag atgaacaact agttgcggat 1800
caggaaagtg atggatctga ttccgagtggt tttagagtca aacgcggttc ttcatgaag 1860
tttgagaacc gaacagttgt tctagacaca agagagtctg accatcatca ggaacttaag 1920
agactgaaga aatcgcatca tcacgaagga agatatagta gtagcagtag tgtagtagg 1980
caagaagaag aagaagatga gttagtaatt tcaaacagga aagaaactca gcaacaaagt 2040
gacgtgaaga tgcagaagaa gaggatcgag aatcattttg gtggctttaa acgtctgaaa 2100
gtgaaagggc taataaagcc gtaa 2124

```

<210> 132

<211> 707

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 132

```

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

```

ES 2 539 530 T3

145					150					155					160
Ser	Ala	Pro	Gly	Asp	Pro	Leu	Gly	Ser	Ser	Lys	Trp	Asn	Leu	Asn	Lys
				165					170					175	
Val	Ser	Arg	Leu	Pro	Lys	Ser	Thr	Leu	Arg	Leu	Leu	Glu	Thr	Ser	Ile
			180					185					190		
Pro	Gly	Val	Thr	Glu	Pro	Met	Leu	Tyr	Ile	Gly	Met	Leu	Phe	Ser	Met
		195					200					205			
Phe	Ala	Trp	His	Val	Glu	Asp	His	Tyr	Leu	Tyr	Ser	Ile	Asn	Tyr	Gln
	210					215					220				
His	Cys	Gly	Ala	Ser	Lys	Thr	Trp	Tyr	Gly	Ile	Pro	Gly	Ser	Ala	Ala
225					230					235					240
Leu	Lys	Phe	Glu	Lys	Val	Val	Lys	Glu	Cys	Val	Tyr	Asn	Asp	Asp	Ile
				245					250				255		
Leu	Ser	Thr	Asn	Gly	Glu	Asp	Gly	Ala	Phe	Asp	Val	Leu	Leu	Gly	Lys
			260					265					270		
Thr	Thr	Ile	Phe	Pro	Pro	Lys	Thr	Leu	Leu	Asp	His	Asn	Val	Pro	Val
		275						280					285		
Tyr	Lys	Ala	Val	Gln	Lys	Pro	Gly	Glu	Phe	Val	Val	Thr	Phe	Pro	Arg
	290					295					300				
Ala	Tyr	His	Ala	Gly	Phe	Ser	His	Gly	Phe	Asn	Cys	Gly	Glu	Ala	Val
305					310					315					320
Asn	Phe	Ala	Met	Gly	Asp	Trp	Phe	Pro	Phe	Gly	Ala	Ile	Ala	Ser	Cys
				325					330					335	
Arg	Tyr	Ala	His	Leu	Asn	Arg	Val	Pro	Leu	Leu	Pro	His	Glu	Glu	Leu
			340					345					350		
Ile	Cys	Lys	Glu	Ala	Met	Leu	Leu	Asn	Ser	Ser	Ser	Lys	Ser	Glu	Asn
		355					360					365			
Leu	Asp	Leu	Thr	Pro	Thr	Glu	Leu	Ser	Gly	Gln	Arg	Ser	Ile	Lys	Thr
	370					375					380				
Ala	Phe	Val	His	Leu	Ile	Arg	Phe	Leu	His	Leu	Ala	Arg	Trp	Ser	Leu
385					390					395					400
Met	Lys	Ser	Gly	Leu	Cys	Thr	Gly	Leu	Val	Ser	Asn	Thr	Tyr	Gly	Thr
				405					410					415	
Ile	Val	Cys	Ser	Leu	Cys	Lys	Arg	Asp	Cys	Tyr	Leu	Ala	Phe	Ile	Asn
			420					425					430		
Cys	Glu	Cys	Tyr	Ser	His	Pro	Val	Cys	Leu	Arg	His	Asp	Val	Lys	Lys
		435					440					445			
Leu	Asp	Leu	Pro	Cys	Gly	Thr	Thr	His	Thr	Leu	Tyr	Leu	Arg	Asp	Asn
	450					455					460				
Ile	Glu	Asp	Met	Glu	Ala	Ala	Ala	Met	Lys	Phe	Glu	Lys	Glu	Asp	Gly
465					470					475					480
Val	Ser	Asp	Leu	Ile	Thr	Thr	Asp	Glu	Asp	Leu	Tyr	Lys	Tyr	Pro	Ser
				485					490					495	
Ser	Ile	Thr	Leu	Pro	Ala	Ala	Lys	Glu	Asp	Gly	Tyr	Thr	Pro	Tyr	Ser
			500					505					510		
Thr	Ile	Tyr	Phe	Asp	Phe	Tyr	Thr	Glu	Val	Glu	Met	Thr	Ser	His	Asp
		515					520					525			
Gln	Leu	Gln	Ser	Gly	Asn	Pro	Val	Met	Ser	Tyr	Glu	Ala	Asn	Ala	Ser
	530					535					540				
Cys	Ile	Ser	Ser	Val	Ala	Asp	Asp	Tyr	Glu	Cys	Ser	Asp	Tyr	Gln	Val
545					550					555					560
Asn	Arg	Arg	Ala	Asn	Cys	Ser	Ser	Ser	Ser	Asp	Ser	Lys	Leu	Ser	Glu
				565					570					575	
Glu	Val	Ala	Cys	Ser	Ser	Ser	Lys	Lys	Thr	Arg	Phe	Phe	Pro	Val	Val
			580					585					590		
Gln	Asp	Glu	Gln	Leu	Val	Ala	Asp	Gln	Glu	Ser	Asp	Gly	Ser	Asp	Ser
	595						600					605			
Glu	Cys	Phe	Arg	Val	Lys	Arg	Arg	Ser	Ser	Leu	Lys	Phe	Glu	Asn	Arg
	610					615					620				
Thr	Val	Val	Leu	Asp	Thr	Arg	Glu	Ser	Asp	His	His	Gln	Glu	Leu	Lys
625					630					635					640

Arg Leu Lys Lys Ser His His His Glu Gly Arg Tyr Ser Ser Ser Ser
645 650 655
Ser Val Ser Arg Gln Glu Glu Glu Glu Asp Glu Leu Val Ile Ser Asn
660 665 670
Arg Lys Glu Thr Gln Gln Gln Ser Asp Val Lys Met Gln Lys Lys Arg
675 680 685
Ile Glu Asn His Phe Gly Gly Phe Lys Arg Leu Lys Val Lys Gly Leu
690 695 700
Ile Lys Pro
705

<210> 133

<211> 1389

<212> ADN

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 133

atgggaatac	agattatagg	tcaaattgag	agaatcaatg	gtaaagagct	gagttacggc	60
gattttgcag	agagatactt	agctaagaac	cagccagtgg	taatatccga	tctcactgaa	120
gattggcgag	ctcggaaga	ttgggtcagt	gagaatggaa	accctaattct	ccacgtatct	180
gccactcact	ttggaaaatc	cagagttcag	gttgacagatt	gtgatacgag	agaatttaca	240
gatcagaaaa	gattagaaat	gtctgttact	gaatttgttg	agcaatggac	taataaggat	300
tctattgagg	aattctgttt	gtatctgaaa	gattggcact	ttgtgaagga	gtatccagac	360
tatacagctt	accaaacacc	gcggttgttt	tctgatgatt	ggcttaacgt	gtatctagac	420
aattaccaaa	tgcatgagga	tagagatagt	ttccagaagt	atgatcaaat	aagctgctct	480
gattatcggt	ttgtttatat	gggtgggaaa	ggatcttggg	caactctaca	tgctgatgta	540
tttagatctt	atagttggtc	agctaattgtc	tgtggtaaaa	aaagatggct	tttccttctt	600
octctcaaaa	gtcatcttgt	ttatgacagg	tacatgaaaa	attgctgtta	tgacattttt	660
gaagaggtga	atgaaactaa	attccctggg	tttaagaaga	ccacctggct	tgagtgcatt	720
caagaaccog	gtgaaattat	ctttgttccc	agtggatggc	atcatcaagt	atataacttg	780
gaagacacaa	tatctattaa	ccacaatttg	ctcaacgcac	acaacctatc	ttgggtgttg	840
gatctactgt	ggaaggacta	caaggacact	gaagagtcaa	tagaagacat	aagagacata	900
tgtgatgatt	ttgaagctat	ctgccaacgt	aatcttgcct	ccaacacagg	aatgaattta	960
aatgatttct	tctctttcat	gtcacgggtc	tctttgggga	acatggttct	actgcaatct	1020
tactctgaca	aacacaaaaa	cctgaattcg	tgttcattag	caatggccca	aaacctgtta	1080
atgaatctct	caactatact	gaaagtcacg	atgaagatga	tatctgcagg	cggtgttaact	1140
gcagaggaag	tgtatctgga	cttgccgagaa	acactggagg	atccacaggt	tctcagattt	1200
gtcagagaca	tgggaagaac	ttatgcaagg	attcacatgg	aggaagagga	tcagtttctt	1260
tcttcgaaaag	aattattaca	aaagctcagt	ggtcttgacg	gtccaaatat	gcaaatatgt	1320
tctccaaaagg	atcttgttga	aatgataaac	catcacaata	ctttttctct	ccaaatctat	1380
tttatttag						1389

<210> 134

<211> 462

10 <212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 134

ES 2 539 530 T3

Met	Gly	Ile	Gln	Ile	Ile	Gly	Gln	Ile	Glu	Arg	Ile	Asn	Gly	Lys	Glu
1				5					10					15	
Leu	Ser	Tyr	Gly	Asp	Phe	Ala	Glu	Arg	Tyr	Leu	Ala	Lys	Asn	Gln	Pro
			20					25					30		
Val	Val	Ile	Ser	Asp	Leu	Thr	Glu	Asp	Trp	Arg	Ala	Arg	Glu	Asp	Trp
		35					40					45			
Val	Ser	Glu	Asn	Gly	Asn	Pro	Asn	Leu	His	Val	Phe	Ala	Thr	His	Phe
	50					55					60				
Gly	Lys	Ser	Arg	Val	Gln	Val	Ala	Asp	Cys	Asp	Thr	Arg	Glu	Phe	Thr
65					70					75					80
Asp	Gln	Lys	Arg	Leu	Glu	Met	Ser	Val	Thr	Glu	Phe	Val	Glu	Gln	Trp
				85					90					95	
Thr	Asn	Lys	Asp	Ser	Ile	Glu	Glu	Ser	Val	Leu	Tyr	Leu	Lys	Asp	Trp
				100					105					110	
His	Phe	Val	Lys	Glu	Tyr	Pro	Asp	Tyr	Thr	Ala	Tyr	Gln	Thr	Pro	Pro
		115					120					125			
Leu	Phe	Ser	Asp	Asp	Trp	Leu	Asn	Val	Tyr	Leu	Asp	Asn	Tyr	Gln	Met
	130					135					140				
His	Glu	Asp	Arg	Asp	Ser	Phe	Gln	Lys	Tyr	Asp	Gln	Ile	Ser	Cys	Ser
145					150					155					160
Asp	Tyr	Arg	Phe	Val	Tyr	Met	Gly	Gly	Lys	Gly	Ser	Trp	Thr	Pro	Leu
			165						170					175	
His	Ala	Asp	Val	Phe	Arg	Ser	Tyr	Ser	Trp	Ser	Ala	Asn	Val	Cys	Gly
		180						185					190		
Lys	Lys	Arg	Trp	Leu	Phe	Leu	Pro	Pro	Pro	Gln	Ser	His	Leu	Val	Tyr
		195					200					205			
Asp	Arg	Tyr	Met	Lys	Asn	Cys	Val	Tyr	Asp	Ile	Phe	Glu	Glu	Val	Asn
	210					215					220				
Glu	Thr	Lys	Phe	Pro	Gly	Phe	Lys	Lys	Thr	Thr	Trp	Leu	Glu	Cys	Ile
225					230					235					240
Gln	Glu	Pro	Gly	Glu	Ile	Ile	Phe	Val	Pro	Ser	Gly	Trp	His	His	Gln
			245						250					255	
Val	Tyr	Asn	Leu	Glu	Asp	Thr	Ile	Ser	Ile	Asn	His	Asn	Trp	Leu	Asn
		260						265					270		
Ala	Tyr	Asn	Leu	Ser	Trp	Val	Trp	Asp	Leu	Leu	Trp	Lys	Asp	Tyr	Lys
		275					280						285		
Asp	Thr	Glu	Glu	Ser	Ile	Glu	Asp	Ile	Arg	Asp	Ile	Cys	Asp	Asp	Phe
	290					295					300				
Glu	Ala	Ile	Cys	Gln	Arg	Asn	Leu	Ala	Ala	Asn	Thr	Gly	Met	Asn	Leu
305					310					315					320
Asn	Asp	Phe	Phe	Leu	Phe	Met	Ser	Arg	Phe	Ser	Leu	Gly	Asn	Met	Val
			325						330					335	
Leu	Leu	Gln	Ser	Tyr	Ser	Asp	Lys	His	Lys	Asn	Leu	Asn	Ser	Cys	Ser
			340				345						350		
Leu	Ala	Met	Ala	Gln	Asn	Leu	Leu	Met	Asn	Leu	Ser	Thr	Ile	Leu	Lys
		355					360					365			
Val	Met	Met	Lys	Met	Ile	Ser	Ala	Gly	Gly	Val	Thr	Ala	Glu	Glu	Val
	370					375					380				
Tyr	Leu	Asp	Leu	Arg	Glu	Thr	Leu	Glu	Asp	Pro	Gln	Phe	Leu	Arg	Phe
385					390					395					400
Val	Arg	Asp	Met	Gly	Arg	Thr	Tyr	Ala	Arg	Ile	His	Met	Glu	Glu	Glu
			405						410					415	
Asp	Gln	Phe	Leu	Ser	Ser	Lys	Glu	Leu	Gln	Lys	Leu	Ser	Gly	Leu	
			420				425					430			
Ala	Gly	Pro	Asn	Met	Gln	Ile	Cys	Ser	Pro	Lys	Asp	Leu	Val	Glu	Met
		435					440					445			
Ile	Asn	His	His	Asn	Thr	Phe	Ser	Ser	Gln	Ile	Tyr	Phe	Ile		
	450					455					460				

<210> 135

<211> 1188

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 135

atgtcgatgc	gggagtttgt	cgaccaactgg	gctgcgagtt	cgagcaatgg	ggattctgat	60
ggttccctgc	tgtacctgaa	agattggcat	tttgtgaagg	agtaccctgg	ttatgttgca	120
tacaccacac	caacattctt	tgcgatgat	tggctcaaca	tgtatcttga	tagtcatacct	180
atacatcgag	attctgacat	tgccaacccat	acaaatgaaa	taaactgtgc	tgactatcgg	240
tttgtttaca	tgggaccaaa	aggaacttgg	actcctcttc	atgctgatgt	ttttaggtca	300
tacagctggt	cggcaaatgt	atgcggcaga	aaactatggc	tctttctacc	accatcacaa	360
agtcattttg	tatttgatag	gaacctacga	tcttcggtct	ataacataaa	tgatgatgtt	420
tctgaaaagc	agtttcctga	attcaataat	actaaatggc	tagagtgcac	tcaggagcag	480
aatgaaatca	tttttgtgcc	tagtggtgg	tatcaaccaag	tccataacct	ggaggatact	540
atatcaataa	accataattg	gtttaatggc	tacaaccttc	attgggtgtg	gaacttgctt	600
catgaagatt	acaaggtagc	aaaagattat	attgaagaca	ttcgggacat	atgtgacgat	660
tttgagggac	tatgtcaacg	caacttagca	gcaaatacag	gcatgaactt	ctatgacttc	720
ttcgtcttca	taacacgttt	tgccttagcc	aatatagttg	agctttacca	tattcagaat	780
ccaaaagata	ctgacttcat	ttcagccgaa	actgctaacc	actttgtcta	taatctcatg	840
tcgatccgtg	atgttgcatc	aaaaatggta	tctacagaag	ctttcaatac	cgagaatatt	900
tgtaatatct	cagaacaaaa	ccggagtgc	ttctctgata	tcataaaaaat	attggaagaa	960
gagagtttca	gaaggttatt	ggtggcggtg	tcaaaggcat	ataattacat	agacagagga	1020
caaaaagatt	gtctcaaaat	gaaggattca	agtcagaagg	gttggttgct	agtaacctgc	1080
ttaaaacctg	actgtaatgt	tggtggtgac	attatttctt	tcatgcgtga	gattcatgga	1140
cctatggatt	tggtaacact	aattgatagt	gctctctctg	atagatag		1188

5

<210> 136

<211> 395

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 136

ES 2 539 530 T3

Met	Ser	Met	Arg	Glu	Phe	Val	Asp	His	Trp	Ala	Ala	Ser	Ser	Ser	Asn
1				5					10					15	
Gly	Asp	Ser	Asp	Gly	Ser	Leu	Leu	Tyr	Leu	Lys	Asp	Trp	His	Phe	Val
			20					25					30		
Lys	Glu	Tyr	Pro	Gly	Tyr	Val	Ala	Tyr	Thr	Thr	Pro	Thr	Phe	Phe	Ala
		35					40					45			
Asp	Asp	Trp	Leu	Asn	Met	Tyr	Leu	Asp	Ser	His	Pro	Ile	His	Arg	Asp
	50					55					60				
Ser	Asp	Ile	Ala	Asn	His	Thr	Asn	Glu	Ile	Asn	Cys	Ala	Asp	Tyr	Arg
65					70					75					80
Phe	Val	Tyr	Met	Gly	Pro	Lys	Gly	Thr	Trp	Thr	Pro	Leu	His	Ala	Asp
				85					90					95	
Val	Phe	Arg	Ser	Tyr	Ser	Trp	Ser	Ala	Asn	Val	Cys	Gly	Arg	Lys	Leu
			100					105					110		
Trp	Leu	Phe	Leu	Pro	Pro	Ser	Gln	Ser	His	Phe	Val	Phe	Asp	Arg	Asn
		115					120					125			
Leu	Arg	Ser	Ser	Val	Tyr	Asn	Ile	Asn	Asp	Asp	Val	Ser	Glu	Lys	Gln
	130					135					140				
Phe	Pro	Glu	Phe	Asn	Asn	Thr	Lys	Trp	Leu	Glu	Cys	Thr	Gln	Glu	Gln
145				150						155					160
Asn	Glu	Ile	Ile	Phe	Val	Pro	Ser	Gly	Trp	Tyr	His	Gln	Val	His	Asn
				165					170					175	
Leu	Glu	Asp	Thr	Ile	Ser	Ile	Asn	His	Asn	Trp	Phe	Asn	Gly	Tyr	Asn
			180					185					190		
Leu	His	Trp	Val	Trp	Asn	Leu	Leu	His	Glu	Asp	Tyr	Lys	Val	Ala	Lys
		195				200						205			
Asp	Tyr	Ile	Glu	Asp	Ile	Arg	Asp	Ile	Cys	Asp	Asp	Phe	Glu	Gly	Leu
	210				215						220				
Cys	Gln	Arg	Asn	Leu	Ala	Ala	Asn	Thr	Gly	Met	Asn	Phe	Tyr	Asp	Phe
225				230						235					240
Phe	Val	Phe	Ile	Thr	Arg	Phe	Ala	Leu	Ala	Asn	Ile	Val	Glu	Leu	Tyr
				245					250					255	
His	Ile	Gln	Asn	Pro	Lys	Asp	Thr	Asp	Phe	Ile	Ser	Ala	Glu	Thr	Ala
			260					265					270		
Asn	His	Phe	Val	Tyr	Asn	Leu	Met	Ser	Ile	Arg	Asp	Val	Ala	Ser	Lys
		275				280						285			
Met	Val	Ser	Thr	Glu	Ala	Phe	Asn	Thr	Glu	Asn	Ile	Cys	Asn	Ile	Ser
	290					295					300				
Glu	Gln	Asn	Arg	Ser	Ala	Phe	Ser	Asp	Ile	Ile	Lys	Ile	Leu	Glu	Glu
305				310						315					320
Glu	Ser	Phe	Arg	Arg	Leu	Leu	Val	Ala	Leu	Ser	Lys	Ala	Tyr	Asn	Tyr
				325					330					335	
Ile	Asp	Arg	Gly	Gln	Lys	Asp	Cys	Leu	Lys	Met	Lys	Asp	Ser	Ser	Gln
				340					345						
Lys	Gly	Cys	Leu	Ser	Val	Thr	Cys	Leu	Lys	Pro	Asp	Cys	Asn	Val	Val
		355					360					365			
Gly	Asp	Ile	Ile	Ser	Phe	Met	Arg	Glu	Ile	His	Gly	Pro	Met	Asp	Leu
	370					375					380				
Val	Thr	Leu	Ile	Asp	Ser	Ala	Leu	Ser	Asp	Arg					
385					390					395					

<210> 137

<211> 3861

5

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 137

atgaggccct	cgccgcctcc	cgccgccccg	gcggcggaac	cggtgcccc	gtggetgaga	60
tgcgtgcccg	tgcgcgccga	gttccgcccc	accgcgcgcg	agttcgccga	tcccgctctcc	120
tacatcctca	agatcgagcc	cgccgcggcg	cgtacggca	tctgcaaggt	cgtgcgcgcg	180
ttgccccgc	cgccgaagaa	ggccaccttc	tccaacctct	cccgtcctt	cgccgcgctc	240
cacccggacg	accgctcgcc	gtccttcccc	accgcgcacc	agcaggctcg	cctctgcccc	300
cgccgcacgc	gcccggggct	caagcccgctg	tggcggtcc	cccacgccta	cacgctcccc	360
cagttcgagt	ccaagggcgg	cgccaccgcg	aagtcgctcc	tgcgcggcct	caacttccct	420
gctccaggc	aactcaccct	gctcgaccac	gaggtgctct	tctggcgcg	atcgcccgac	480
cgcccatcg	tggctcgagta	tggcagcgac	atgtcgggct	cggtattctc	cccttgcgcc	540
gcgcagccgc	agccgcgcgc	gcagcagcaa	ccgacggcgc	ggcgggcggc	gcacctggg	600
gagacggcgt	ggaacatgcg	cggcgtggct	aggagccccg	gatcgctgct	gcgggttcag	660
cgggaggatg	tccccggggg	caccacgcgc	atgctctaag	tgggatgat	gttcagttgg	720
ttcgcggtgg	acgtcgagga	ccacgaacctg	cacagcctca	actacatgca	cctcggggcc	780
gccaaagcgt	ggtacggcgt	gcgcgcgcgc	gcgcgcgctg	cgttcgagga	cgtggtgcgc	840
gaacatggct	acggcgggga	ggtgaacccc	ctagaaacct	tgcctacatt	ggggcagaaa	900
acaacagtg	tgtccctga	agtgcctgtg	gagtcgggta	tccctgctg	cagattgggtg	960
cagaatgcag	gggaatttgt	ggtcactttt	ccaggatctt	atcactgcgg	tttcagtcac	1020
ggattcaact	gtggggaagc	atcaaataata	gctactcctg	aatggttgag	aatagcaaaa	1080
gaggcagcaa	tccgaagagc	ttcaatcaat	cgctctccca	tggtttcgca	ctatcaatta	1140
ctttacgata	tgcactgtc	tatgcgtttt	agggaacct	ccaatggtga	aatggagaca	1200
cggagctctc	gaataaagga	gaagaagaaa	tgcgaagggg	aacaactggt	caagaagatg	1260
ttcatccaaa	atgttattga	agataatgaa	ctgcttagtc	atcttctaaa	tgacggatca	1320
tcttgtatta	ttcttccagc	aaatgcccac	gatggctcctg	gtctttctac	tttgcgctca	1380
acagatcaat	caaataatgaa	ttccagaata	tcacataacc	tatgcagtag	ggaagaagct	1440
ccagaagcct	caggatgctt	atcgccgaac	aggaaatggtg	ataccagaaa	ttgtatttca	1500
tcagatacgc	ataacatgga	aggtgataag	ggagatataa	tgagcgctac	ctgattgtta	1560
gatcagggtc	tattatcatg	tgtcacttgt	ggaattttta	gtttttcatg	tgtggctgta	1620
ctcaaaccac	gagattctac	agcacgatac	ttgatgtctg	ctgattctaa	ttcaattaat	1680
aaccagcttt	ctatttcttg	agggagtatt	ctggcagatg	cgccaacaaa	tgaagggaat	1740
ggtgtcattt	ctcgtccata	ttctgaacac	tgttgcaacg	aaataatggc	cgatgatgca	1800
gaaatcgata	agaattctgc	tcttgatctc	ttggcatttg	ctcatggggg	tcaaccagat	1860
cctgaagaag	atccactgga	gaaaataactg	aagattgcac	atggcattaa	caaatcacaa	1920
cctaatagtt	caaataatgt	tggttgtgtt	ggaacaaaagc	tgtcctcaag	tagcacagag	1980
cgccaagaaa	gaccatcttc	ccagaacgct	cattgtaatg	gtagctcagt	tatttcaaat	2040
ggaccgaaag	gtgttcgcac	gagaaataag	tatcaactta	agatggtagt	ttctgaaggt	2100
tttcaggcaa	aggatatcta	ttctgcgaag	gaaaagaagg	ttcaatcaga	accatcaagc	2160
tcaaaagggg	atggttaagga	gacaattgat	gttagtgcca	cagagaacga	tgtcggatgt	2220
aaaagcacta	caatctctgt	cagtgaacac	aggggttcta	caaagaatat	gtattcagtg	2280
aaggaaaaga	aggttcaatc	gaaaccatca	agctttaaagg	ggactgttaa	agagacagtt	2340
gatgtcagtg	gcacagagaa	cgatgctaga	tgtaaaagca	ttacaatctc	tgtcagtgaa	2400
cacaggggtt	ctacacctat	gaccaatagt	ttagctgcat	caatcgtgaa	acctgacaag	2460
gattcatcaa	gaatgcatgt	attttgtctt	gagcatgcta	ttgaggttga	gaagcaactg	2520
catgctatag	gtggttctaa	tattatgctt	atatgtcgtc	cagaatatcc	caaatagaa	2580
gcggaagcaa	gattgttggg	tgaagaaatg	ggactggtat	atgactggaa	gggcattcat	2640
ttcaaggagc	ccaacatgga	ggacaggcag	aagatcacag	aagttctgcg	ggatgaggaa	2700
gcaataccta	caagcagtg	ttgggtgtga	aaattgggta	ttaaccttta	ttatagtcca	2760
aatctggcca	aatctccttt	atataacaaa	caaatgccat	acaacagagt	catttatagg	2820
gcatttggtc	gtgattctcc	taatgactcg	ccagtaatgt	tcaatacttg	cgaaaggaaa	2880
caaagccacc	agaagaaaat	agtgggtgtc	ggcgggtggt	gtgggaaagt	atggatgtca	2940
aaacaggtcc	atccatactt	ggctcacaga	gttgaaagcc	aggaagcgga	agaagcagat	3000
agaatctgtt	cttatcattt	tgatgagaag	cacaaagctg	agccagttgg	gaattctagt	3060
agagtggaa	cctccaaaag	aaagagtagc	agtttgacag	acgtaacaga	atcaagcaat	3120
agaagggggg	aaatacctgg	tgaggaaaca	aacaccaaga	ggcccaacaa	ttctcaagag	3180
aacaatctca	gagcttttga	aaccgctgct	gaagttgtgg	tgcctcacc	agctggaaca	3240
ggtctccgcg	ttagctccag	gattgccaac	agggcaacaa	agctaaaatc	aaagatggaa	3300
aaggaggatg	tcccttctag	ccgtccaaag	tctaacataa	aggagaaaag	cagtcagctc	3360
agcggtcaga	aatcaaatgt	tcaagaggcg	aatgctaatt	ctgctagcca	tttgagagca	3420
atgccaccaa	aacagaaggc	tgaagcagaa	gcaaagaagc	aaataagaac	tccaaaacct	3480
ccaaagcaag	cagtggagta	ctcgtgcgat	attgaggggt	gttctatgag	ttttcgtaca	3540
aagcgggact	tgtctctgca	caagagtgat	atctgcccag	tgaaggctg	cggaagaaag	3600
ttcttctcgc	acaagtatct	gctgcagcat	cgcaagggtc	acacagatga	ccgtccgcta	3660
acatgcccat	ggaagggtcg	caacatggca	ttcaagtggc	catgggcaag	gactgaacat	3720
ctcagggttc	atacaggcga	caggccctat	gtttgccatg	agccaggttg	gcacagaca	3780
ttcagggttg	tctcagattt	cagccgtcac	aagcgcaaga	caggtcattc	tgtcaagaag	3840
aagaagaaag	caaagagttg	a				3861

<210> 138

<211> 1286

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

5

<400> 138

```

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

```


Pro Ser Ser Leu Lys Gly Thr Val Lys Glu Thr Val Asp Val Ser Gly
 770 775 780
 Thr Glu Asn Asp Ala Arg Cys Lys Ser Ile Thr Ile Ser Val Ser Glu
 785 790 795 800
 His Arg Gly Ser Thr Pro Met Thr Asn Ser Leu Ala Ala Ser Ile Val
 805 810 815
 Lys Pro Asp Lys Asp Ser Ser Arg Met His Val Phe Cys Leu Glu His
 820 825 830
 Ala Ile Glu Val Glu Lys Gln Leu His Ala Ile Gly Gly Ser Asn Ile
 835 840 845
 Met Leu Ile Cys Arg Pro Glu Tyr Pro Lys Ile Glu Ala Glu Ala Arg
 850 855 860
 Leu Leu Gly Glu Glu Met Gly Leu Val Tyr Asp Trp Lys Gly Ile His
 865 870 875 880
 Phe Lys Glu Ala Asn Met Glu Asp Arg Gln Lys Ile Gln Glu Val Leu
 885 890 895
 Arg Asp Glu Glu Ala Ile Pro Thr Ser Ser Asp Trp Ala Val Lys Leu
 900 905 910
 Gly Ile Asn Leu Tyr Tyr Ser Ala Asn Leu Ala Lys Ser Pro Leu Tyr
 915 920 925
 Asn Lys Gln Met Pro Tyr Asn Arg Val Ile Tyr Arg Ala Phe Gly Cys
 930 935 940
 Asp Ser Pro Asn Asp Ser Pro Val Met Phe Asn Thr Cys Glu Arg Lys
 945 950 955 960
 Gln Ser His Gln Lys Lys Ile Val Val Ala Gly Arg Trp Cys Gly Lys
 965 970 975
 Val Trp Met Ser Lys Gln Val His Pro Tyr Leu Ala His Arg Val Glu
 980 985 990
 Ser Gln Glu Ala Glu Glu Ala Asp Arg Ile Cys Ser Tyr His Phe Asp
 995 1000 1005
 Glu Lys His Lys Ala Glu Pro Val Gly Asn Ser Ser Arg Val Glu
 1010 1015 1020
 Ala Ser Lys Arg Lys Ser Ser Ser Leu Thr Asp Val Thr Glu Ser
 1025 1030 1035
 Ser Asn Arg Arg Gly Glu Ile Pro Gly Glu Glu Thr Asn Thr Lys
 1040 1045 1050
 Arg Pro Lys His Ser Gln Glu Asn Asn Leu Arg Ala Leu Glu Thr
 1055 1060 1065
 Ala Ala Glu Val Val Val Pro Ser Pro Ala Gly Thr Gly Leu Arg
 1070 1075 1080
 Val Ser Ser Arg Ile Ala Asn Arg Ala Asn Lys Leu Lys Ser Lys
 1085 1090 1095
 Met Glu Lys Glu Asp Val Pro Ser Ser Arg Pro Lys Ser Asn Ile
 1100 1105 1110
 Lys Glu Lys Ser Ser His Ala Ser Gly Gln Lys Ser Asn Val Gln
 1115 1120 1125
 Glu Ala Asn Ala Asn Ser Ala Ser His Leu Arg Ala Met Pro Pro
 1130 1135 1140
 Lys Gln Lys Ala Glu Ala Glu Ala Lys Lys Gln Ile Arg Thr Pro
 1145 1150 1155
 Lys Pro Pro Lys Gln Ala Val Glu Tyr Ser Cys Asp Ile Glu Gly
 1160 1165 1170
 Cys Ser Met Ser Phe Arg Thr Lys Arg Asp Leu Ser Leu His Lys
 1175 1180 1185
 Ser Asp Ile Cys Pro Val Lys Gly Cys Gly Lys Lys Phe Phe Ser
 1190 1195 1200
 His Lys Tyr Leu Leu Gln His Arg Lys Val His Thr Asp Asp Arg
 1205 1210 1215
 Pro Leu Thr Cys Pro Trp Lys Gly Cys Asn Met Ala Phe Lys Trp
 1220 1225 1230

ES 2 539 530 T3

Pro	Trp	Ala	Arg	Thr	Glu	His	Leu	Arg	Val	His	Thr	Gly	Asp	Arg
1235						1240					1245			
Pro	Tyr	Val	Cys	His	Glu	Pro	Gly	Cys	Ala	Gln	Thr	Phe	Arg	Phe
1250						1255					1260			
Val	Ser	Asp	Phe	Ser	Arg	His	Lys	Arg	Lys	Thr	Gly	His	Ser	Val
1265						1270					1275			
Lys	Lys	Lys	Lys	Lys	Ala	Lys	Ser							
1280						1285								

<210> 139

<211> 2994

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 139

atgccgccca	agaggaagcg	cggtggcggg	aggccgcgca	aggcccccga	ggacgcggcc	60
gccaaaggaaa	acggtgagaa	gacaaacaag	gaggaggaaa	cgcaggcttc	tcctgaggag	120
aatggcgag	ggcagactca	ggcctcgaga	accgcaagaa	agcgcaggaa	gggtcctggt	180
gctgatccct	cttcgactga	acttccaccc	aggaagctca	gggacaggcg	gaacgttcca	240
gcggtagact	acaaggagaa	taagcacaca	aaaaagatgg	atggaacttc	aaccatgtgc	300
catcagtgcc	aaaggaagga	cagtgggaaga	gttgtgaggt	gccggaatgg	tgctgaaaaa	360
aacaggaggc	acagatattg	tgtcaagtgc	atcaaacgct	ggtacccgca	tctaacagag	420
gacgattttg	agaactgctg	tccagtttgt	cacaataact	gcaattgtaa	gacttgtctg	480
cggacaaatg	taataaataa	gggtgacaag	gagtttgccg	atggtaagaa	caaaattaaa	540
tactctctgc	gtattgcacg	ctttttgctc	ccttggttga	aacaacttca	ccaagagcag	600
atgctagaga	aaagtgttga	ggccacaatt	aaagggtatg	atgtaactga	cttgagggtt	660
cctcaagctc	agtttaataa	tgatgagcgg	atttactgtg	ataactgcag	aacatccatt	720
gttgacttcc	acagaagttg	taaaagtggg	caactatgat	tctgacctag	ctgctgccag	780
gagttgctgc	aaggtcttac	tactgggtact	gttgtcactt	gtgacacagc	tggtgatgta	840
cctgaaatag	aaggcaagga	aggtttgcaa	gaggggaagta	gtcatagcag	tgctgtaggt	900
caaggggctt	ctgatcaaca	gaatgacagg	ttgataggtg	gtgcagctcc	ttcagaggat	960
tgactctcta	gtttgatatg	gagggcaaaa	agcaacggaa	gcataccatg	cccacctaatt	1020
gcagtggtgt	gcggggattg	tcttctcgaa	cttaggtgtt	tggttaagga	gaactttatt	1080
tctgatttac	tgataaaagt	caattcagtg	gtcaataagg	aaacagagca	ggagttggga	1140
ggctctagat	gttctctgct	caactgaatcc	gggtgaagtga	acaatgaaac	atcacggaaa	1200
tcagcttgca	gagaggactc	caatgataac	tacatatatt	gtccaactgc	tagagaagtt	1260
caaagtggag	cttttagatca	ttttcagcag	cattgggttga	atgggtcagcc	agtcatttgt	1320
cgtgacgtgc	ttgagctaac	ttctggactg	agctgggagc	caatgggttat	gtggcgggcc	1380
ttacgggaaa	agagagacaa	gaaagagcat	gaacggctct	cagttatagc	tcttgattgt	1440
ctgacatggt	ttgagtttat	gtaccaccag	gatgtgttgg	tggtgocagt	ttcatatctg	1500
gggttcaaca	gcaccattga	aactacttta	tattttcaaac	tggttgatat	aaatattcac	1560
atgttttttg	aggggtattc	ccgtggagct	gttggttcgg	aggatttgcc	tggtgctact	1620
aagcttaaa	attggccaca	acatagttcc	tttgaggagc	gcctgccgcg	gcattggtgct	1680
gagttcatgt	ctgcaactacc	atttcgtgag	tatacagatc	caaaatctgg	tccctttaat	1740
ctggcagtg	agcttccaaa	acatgttaaa	aagccagatc	ttggtccaaa	gacatacatt	1800
gcttatggtg	tcgcccaga	gttggaata	gggtgattctg	ttacgaagat	ccattgocag	1860
atgtctgatg	cgtttaatat	tctcatgcat	actgtgaggg	tagaactcaa	agctgaaagg	1920
attacagcaa	tagagaaaaa	gaaagagagc	ttacgtaaa	atggcaagaa	tcttcatggt	1980
ctgcgaccag	accatgacga	tgatacatca	atagctctca	gtgaatcaac	tgaagtgcc	2040
agatctcgag	gacttgaaaa	tggtcaagc	attaagcagc	cagcaccaaa	tggtgctgta	2100
atggaccagg	gaggtgttca	tacagatatg	gtagctgatg	aagctgaggg	aaacttgagt	2160
ctgtctaatt	ggcaatcacc	caatcaaagt	gatgcacata	atatggatat	tactttctcc	2220
aagggggaaa	cagaccattc	tatctgcaca	attaattggg	gagaggagat	gggcaatggc	2280
tttgggagg	aagataaatg	taaatcttct	actggtgtag	gatcatctga	atcttctgat	2340
tgtcaaaagc	gcagtaggcg	acgtgatgct	tgctcttcca	gtgcaacagg	gaaataaaac	2400
gaaaccagca	tgagactaa	caaatttacc	atatctattg	agcccaaaga	tgatcaccca	2460
tttggtgagg	gaaatcagac	agaggggtgg	gcattgtggg	atatcttccg	acgtgaagat	2520
gtcagcaaat	tgcatgatta	tctgatgaag	catgcagaag	agtttagaca	ttataattat	2580
gaaacagtca	aacaggtttc	tcatcctatt	cacgatcaat	gcttttatct	aacaaatgag	2640
cacaagagaa	agctcaagga	agaacatgga	attgagcctt	ggacatttga	acagaaactt	2700
ggtgaggctg	tgtttatccc	agcaggatgt	ccccaccaag	tcagaaattt	gaagtcatgt	2760

ataaagggttg cacttgactt tgtttctccg gaaaatgtgc aagagtgcac caggctgaca 2820
gaagaatttc gcttgcttcc gaagggtcat aggggtgaatg aagataaact agagggttaag 2880
aagatagctc tatatgcact tgatcaagcc attgacgata tcacaggcaa aagttgcaat 2940
gaaaggacaa aggatgaagg ggaagaggag gcgtctgccc caagtgttag ttaa 2994

<210> 140

<211> 997

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 140

Met	Pro	Pro	Lys	Arg	Lys	Arg	Gly	Gly	Gly	Arg	Pro	Arg	Lys	Ala	Pro
1				5					10					15	
Glu	Asp	Ala	Ala	Ala	Lys	Glu	Asn	Gly	Glu	Lys	Thr	Asn	Lys	Glu	Glu
			20					25					30		
Glu	Thr	Gln	Ala	Ser	Pro	Glu	Glu	Asn	Gly	Ala	Gly	Gln	Thr	Gln	Ala
		35					40					45			
Ser	Arg	Thr	Ala	Arg	Lys	Arg	Arg	Lys	Gly	Pro	Val	Ala	Asp	Pro	Ser
	50					55					60				
Ser	Thr	Glu	Leu	Pro	Pro	Arg	Lys	Leu	Arg	Asp	Arg	Arg	Asn	Val	Pro
65					70					75					80
Ala	Val	Asp	Tyr	Lys	Glu	Asn	Lys	His	Thr	Lys	Lys	Met	Asp	Gly	Thr
			85						90					95	
Ser	Thr	Met	Cys	His	Gln	Cys	Gln	Arg	Lys	Asp	Ser	Gly	Arg	Val	Val
			100					105					110		
Arg	Cys	Arg	Asn	Gly	Ala	Glu	Lys	Asn	Arg	Arg	His	Arg	Tyr	Cys	Val
			115					120					125		
Lys	Cys	Ile	Lys	Arg	Trp	Tyr	Pro	His	Leu	Thr	Glu	Asp	Asp	Phe	Glu
	130					135					140				
Asn	Cys	Cys	Pro	Val	Cys	His	Asn	Asn	Cys	Asn	Cys	Lys	Thr	Cys	Leu
145					150					155					160
Arg	Thr	Asn	Val	Ile	Asn	Lys	Gly	Asp	Lys	Glu	Phe	Ala	Asp	Gly	Lys
			165						170					175	
Asn	Lys	Ile	Lys	Tyr	Ser	Leu	Arg	Ile	Ala	Arg	Phe	Leu	Leu	Pro	Trp
			180					185					190		
Leu	Lys	Gln	Leu	His	Gln	Glu	Gln	Met	Leu	Glu	Lys	Ser	Val	Glu	Ala
		195					200					205			
Thr	Ile	Lys	Gly	Ile	Asp	Val	Thr	Asp	Leu	Glu	Val	Pro	Gln	Ala	Gln
	210					215					220				
Phe	Asn	Asn	Asp	Glu	Arg	Ile	Tyr	Cys	Asp	Asn	Cys	Arg	Thr	Ser	Ile
225					230					235					240
Val	Asp	Phe	His	Arg	Ser	Cys	Lys	Ser	Gly	His	Tyr	Asp	Leu	Cys	Leu
			245						250					255	
Ser	Cys	Cys	Gln	Glu	Leu	Arg	Gln	Gly	Leu	Thr	Thr	Gly	Thr	Val	Val
			260					265					270		
Thr	Cys	Asp	Thr	Ala	Val	Asp	Val	Pro	Glu	Ile	Glu	Gly	Lys	Glu	Gly
		275					280					285			
Leu	Gln	Glu	Gly	Ser	Ser	His	Ser	Ser	Ala	Val	Gly	Gln	Gly	Ala	Ser
	290					295					300				
Asp	Gln	Gln	Asn	Asp	Arg	Leu	Ile	Gly	Ser	Ala	Ala	Pro	Ser	Glu	Asp
305					310					315					320
Cys	Thr	Pro	Ser	Leu	Ile	Trp	Arg	Ala	Lys	Ser	Asn	Gly	Ser	Ile	Pro
			325						330					335	
Cys	Pro	Pro	Asn	Ala	Gly	Gly	Cys	Gly	Asp	Cys	Leu	Leu	Glu	Leu	Arg
			340					345					350		
Cys	Leu	Phe	Lys	Glu	Asn	Phe	Ile	Ser	Asp	Leu	Leu	Asp	Lys	Val	Asn
		355					360					365			
Ser	Val	Val	Asn	Lys	Glu	Thr	Glu	Gln	Glu	Leu	Gly	Gly	Ser	Arg	Cys
	370					375					380				
Ser	Cys	Phe	Thr	Glu	Ser	Gly	Glu	Val	Asn	Asn	Glu	Thr	Ser	Arg	Lys

385					390					395				400	
Ser	Ala	Cys	Arg	Glu	Asp	Ser	Asn	Asp	Asn	Tyr	Ile	Tyr	Cys	Pro	Thr
				405					410					415	
Ala	Arg	Glu	Val	Gln	Ser	Gly	Ala	Leu	Asp	His	Phe	Gln	Gln	His	Trp
			420					425					430		
Leu	Asn	Gly	Gln	Pro	Val	Ile	Val	Arg	Asp	Val	Leu	Glu	Leu	Thr	Ser
		435					440					445			
Gly	Leu	Ser	Trp	Glu	Pro	Met	Val	Met	Trp	Arg	Ala	Leu	Arg	Glu	Lys
	450					455					460				
Arg	Asp	Lys	Lys	Glu	His	Glu	Arg	Leu	Ser	Val	Ile	Ala	Leu	Asp	Cys
465					470					475					480
Leu	Thr	Trp	Phe	Glu	Phe	Met	Tyr	His	Gln	Asp	Val	Leu	Val	Val	Pro
			485						490					495	
Val	Ser	Tyr	Leu	Gly	Phe	Asn	Ser	Thr	Ile	Glu	Thr	Thr	Leu	Tyr	Phe
			500					505					510		
Lys	Leu	Val	Asp	Ile	Asn	Ile	His	Met	Phe	Phe	Glu	Gly	Tyr	Ser	Arg
		515					520					525			
Gly	Ala	Val	Gly	Ser	Glu	Asp	Leu	Pro	Val	Leu	Leu	Lys	Leu	Lys	Asp
	530					535					540				
Trp	Pro	Gln	His	Ser	Ser	Phe	Glu	Glu	Arg	Leu	Pro	Arg	His	Gly	Ala
545					550					555					560
Glu	Phe	Met	Ser	Ala	Leu	Pro	Phe	Arg	Glu	Tyr	Thr	Asp	Pro	Lys	Ser
			565						570					575	
Gly	Pro	Leu	Asn	Leu	Ala	Val	Lys	Leu	Pro	Lys	His	Val	Lys	Lys	Pro
			580					585					590		
Asp	Leu	Gly	Pro	Lys	Thr	Tyr	Ile	Ala	Tyr	Gly	Val	Ala	Gln	Glu	Leu
		595					600					605			
Gly	Ile	Gly	Asp	Ser	Val	Thr	Lys	Ile	His	Cys	Asp	Met	Ser	Asp	Ala
	610					615					620				
Val	Asn	Ile	Leu	Met	His	Thr	Asp	Glu	Val	Glu	Leu	Lys	Ala	Glu	Arg
625					630					635					640
Ile	Thr	Ala	Ile	Glu	Lys	Lys	Lys	Glu	Ser	Leu	Arg	Lys	Asp	Gly	Lys
			645						650					655	
Asn	Leu	His	Val	Leu	Arg	Pro	Asp	His	Asp	Asp	Asp	Thr	Ser	Ile	Ala
			660					665					670		
Leu	Ser	Glu	Ser	Thr	Glu	Val	Pro	Arg	Ser	Arg	Gly	Leu	Glu	Asn	Gly
		675					680					685			
Ser	Ser	Ile	Lys	Gln	Pro	Ala	Pro	Asn	Val	Ala	Val	Met	Asp	Gln	Gly
	690					695				700					
Gly	Val	His	Thr	Asp	Met	Val	Ala	Asp	Glu	Ala	Glu	Gly	Asn	Leu	Ser
705					710					715					720
Leu	Ser	Asn	Gly	Gln	Ser	Pro	Asn	Gln	Ser	Asp	Ala	His	Asn	Met	Asp
			725						730					735	
Ile	Thr	Phe	Ser	Lys	Gly	Glu	Thr	Asp	His	Ser	Ile	Cys	Thr	Ile	Asn
			740					745					750		
Gly	Gly	Glu	Glu	Met	Gly	Asn	Gly	Phe	Gly	Arg	Glu	Asp	Lys	Cys	Lys
		755				760						765			
Ser	Ser	His	Gly	Val	Gly	Ser	Ser	Glu	Ser	Ser	Asp	Cys	Gln	Arg	Arg
	770					775					780				
Ser	Arg	Arg	Arg	Asp	Ala	Cys	Ser	Ser	Ser	Ala	Thr	Gly	Glu	Ile	Asn
785					790					795					800
Glu	Thr	Ser	Met	Glu	Thr	Asn	Lys	Phe	Thr	Ile	Ser	Ile	Glu	Pro	Lys
			805						810					815	
Asp	Asp	His	Pro	Phe	Val	Glu	Gly	Asn	Gln	Thr	Glu	Gly	Gly	Ala	Leu
			820					825					830		
Trp	Asp	Ile	Phe	Arg	Arg	Glu	Asp	Val	Ser	Lys	Leu	His	Asp	Tyr	Leu
		835				840						845			
Met	Lys	His	Ala	Glu	Glu	Phe	Arg	His	Tyr	Asn	Tyr	Glu	Thr	Val	Lys
	850					855					860				
Gln	Val	Ser	His	Pro	Ile	His	Asp	Gln	Cys	Phe	Tyr	Leu	Thr	Asn	Glu
865					870					875					880

His Lys Arg Lys Leu Lys Glu Glu His Gly Ile Glu Pro Trp Thr Phe
885 890 895
Glu Gln Lys Leu Gly Glu Ala Val Phe Ile Pro Ala Gly Cys Pro His
900 905 910
Gln Val Arg Asn Leu Lys Ser Cys Ile Lys Val Ala Leu Asp Phe Val
915 920 925
Ser Pro Glu Asn Val Gln Glu Cys Ile Arg Leu Thr Glu Glu Phe Arg
930 935 940
Leu Leu Pro Lys Gly His Arg Val Asn Glu Asp Lys Leu Glu Val Lys
945 950 955 960
Lys Ile Ala Leu Tyr Ala Leu Asp Gln Ala Ile Asp Asp Ile Thr Gly
965 970 975
Lys Ser Cys Asn Glu Arg Thr Lys Asp Glu Gly Glu Glu Glu Ala Ser
980 985 990
Ala Pro Ser Val Ser
995

<210> 141

<211> 2988

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 141

atggcggcgg aggaggtgga ggccggcggcg atcgacggat ccggcgagga ggccaagcgg 60
aagagtggta agcagagggg atcgggcccgc aaggggaggg gccggaacgg cgaccgggct 120
ttccgcccgc cggcgatgag gccggaggaa gaagggcgcg gtgttgcgac gaggcccggg 180
gcgctcaggg aaaggaagcc gccgcccac gccttcaacg cgccagacga tgatgaggat 240
gtcgagaaaa ctgatcaact tctcgagcct ctcaacaagc ccaaaagacg tgatgcaggg 300
aagaagagag gacccagaaa aaagaaagtg gatcaagaga acatcaaaac ccacaggcat 360
aacgcaaagt cagtaaaagg caagatgtta gtcaatgata aggtttcgaa gactgaaaag 420
aagcgttaaga gaggagacac aggagcggca gaaaataatg ggaaagggaa gaaaatgttg 480
acaggtgaaa acgccttaat gtgtcaccaa tgccagagaa atgacaaaag gagagtggtc 540
tgggtcaaga cttgcaacaa taagcgcttt tgtgtgocat gcattaatca atggtatcct 600
gatttgcctg aaaatgaatt tgctgcaaaa tgcccttatt gtcgcaagaa ttgtatattg 660
aaggcatgcc tgcgaatgag aggtgtcgaa gagcctccaa gaaaggaaat ttctaaagaa 720
aatcagattc gttatgcctg tcatgtgtta cgcttgttgc gtccttggct gatagaactg 780
cgacaggagc agatggcaga gaaggaatta gaggctaaga tacaagggtg ttcagttgat 840
caaataaagg tggacaagc tgtgtgtgat ctgatgagc gtgtctattg caatagatgc 900
agcacttcta tagttgattt tcatagaagc tgcaagcact gtttctatga cttgtgcttg 960
acctgctgcc aggagcttcg caaagggtgag atccctggag gagaagaggt ggaaattttg 1020
gatcctgaag aaagagacaa ggattatgct ttttgtaaga ttctgtcaga tggtgagaac 1080
caaagggact ctttgaagtg tgcagcgac acccaaaaca gtgagtcaaa caaaggcatg 1140
gcttctgacg aaaacaaaaa gaaggctctg ttacttttga aagcaaacag taatggtagc 1200
ataccttgcc cagcaaaagg aaaggaagac tgcagttttt catctctaga tctgaaatgc 1260
ttgtttccag agaagttgct ccctgaatta gaagatagat ctgagaaggt cttctggagt 1320
gaaacatttg caaaagaact aggtagaaca agtgagctgt gcccttgttt tgatcactca 1380
ggcaagataa gaagtgcag caagaaatta cgtcaggctg caaataggga ggactcgagt 1440
gataactact tatactgtcc ggtggccact gatatccagg acgctgacct gttgcacttt 1500
cagatgcatt gggcaaagg cgaaccagtt gttgtttcag acactcttaa gctaacttct 1560
ggtcttagct gggagccgat ggttatgttg cgggcagtac gagaacgaac caaagggaag 1620
gcagaagatg agcagtttgc tgtgagggca gtatagttcc tgcactggtg tgaggtggaa 1680
attaacatac acatgttttt tatgggat acaaggggca gaactcatcc caggacctac 1740
tggcctgaga tgccttaagc aaaggactgg ccccttcta gctcatttga tcagcgattg 1800
cctcgccatg gtgctgaatt tatcagtgca ttgccatttc cggagtatac tgatccacga 1860
tatggteccg taaatcttgc agtgaagctt cctgggtgtg tctgaagcc agatcttggg 1920
ccaaaaactt acattgccta tggattttct gaagagttgg gcagggtgta ctctgtaacc 1980
aaacttcact gtgacatgtc tgatgcagta aacatcttaa cacacacagc ggaagtgcc 2040
tgtgagactt atgatgtgt tcagattaaa aacacgcaga aaaagatgaa aatgcaagat 2100
gacatggaaa tatatggg gatagaatca ggacgtgaac tcaagccatc agcatgcccc 2160
gttgaattgg ggaacaaaagc tgttgggtgaa gcaccaagg cctcatgcag caaagaaaat 2220
gttcatacct tgaaagacaa gtctaattgt ttggatataa acgcttcacc acctgatgat 2280

gctggagggtg atgccaggga tgaagcattg tcctatgaat ctgtggtaca tagtgatgta 2340
gctcagtgtc caaaccataa ccatgagacc aataattctg atgatgcacg tattggagct 2400
cagagatgtc aaaagaaagc taaaggctgt cctccgaaga cagggttcagg ggtatcagag 2460
caccaggaaa gtggtggtgc tttgtgggat attttccgaa gagaggactc tgagaaatta 2520
caagacttcc ttaggaagca tgcgccagaa tttcggcaca tccactgcaa tccagtgaag 2580
caggttattc atccaattca tgatcaagct ttctatttaa ctgaggagca taaaagaaag 2640
ctgaaggaag aatatggtgt tgaaccttgg acctttgaac aaaagcttgg cgaagcagtt 2700
ttgattcctg ccgatgtcc tcaccaagtc aggaatttga agtcctgcat caagggttga 2760
ctggactttg tttcccccca gaatgttggg gagtgtgtta ggctgaccaa ggaatttaga 2820
cgacttccat cttccacag ggctaaagaa gataagctag agatcaagaa gatggctttc 2880
catgctctga atgaagttct aaactttctg gatcctcctt cctcagaagg gtogaaagaa 2940
gcggcggaga agcctcgaag ggggcgtggt cgcccaagaa aacactag 2988

<210> 142

<211> 995

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 142

Met Ala Ala Glu Glu Val Glu Ala Ala Ala Ile Asp Gly Ser Gly Glu
1 5 10 15
Glu Ala Lys Arg Lys Ser Gly Lys Gln Arg Gly Ser Gly Ala Lys Gly
20 25 30
Arg Arg Arg Asn Gly Asp Arg Ala Phe Arg Pro Pro Ala Met Arg Pro
35 40 45
Glu Glu Glu Gly Arg Gly Val Ala Thr Arg Pro Gly Ala Leu Arg Glu
50 55 60
Arg Lys Pro Pro Pro Asn Ala Phe Asn Ala Pro Asp Asp Asp Glu Asp
65 70 75 80
Val Glu Lys Thr Asp Gln Leu Leu Glu Pro Leu Asn Lys Pro Lys Arg
85 90 95
Arg Asp Ala Gly Lys Lys Arg Gly Pro Arg Lys Lys Lys Val Asp Gln
100 105 110
Glu Asn Ile Lys Thr His Arg His Asn Ala Asn Ala Val Lys Gly Lys
115 120 125
Met Leu Val Asn Asp Lys Val Ser Lys Thr Glu Lys Lys Arg Lys Arg
130 135 140
Gly Asp Thr Gly Ala Ala Glu Asn Asn Gly Lys Gly Lys Lys Met Leu
145 150 155 160
Thr Gly Glu Asn Ala Leu Met Cys His Gln Cys Gln Arg Asn Asp Lys
165 170 175
Gly Arg Val Val Trp Cys Lys Thr Cys Asn Asn Lys Arg Phe Cys Val
180 185 190
Pro Cys Ile Asn Gln Trp Tyr Pro Asp Leu Pro Glu Asn Glu Phe Ala
195 200 205
Ala Lys Cys Pro Tyr Cys Arg Lys Asn Cys Asn Cys Lys Ala Cys Leu
210 215 220
Arg Met Arg Gly Val Glu Glu Pro Pro Arg Lys Glu Ile Ser Lys Glu
225 230 235 240
Asn Gln Ile Arg Tyr Ala Cys His Val Leu Arg Leu Leu Arg Pro Trp
245 250 255
Leu Ile Glu Leu Arg Gln Glu Gln Met Ala Glu Lys Glu Leu Glu Ala
260 265 270
Lys Ile Gln Gly Val Ser Val Asp Gln Ile Lys Val Glu Gln Ala Val
275 280 285
Cys Asp Leu Asp Glu Arg Val Tyr Cys Asn Arg Cys Ser Thr Ser Ile
290 295 300
Val Asp Phe His Arg Ser Cys Lys His Cys Phe Tyr Asp Leu Cys Leu
305 310 315 320
Thr Cys Cys Gln Glu Leu Arg Lys Gly Glu Ile Pro Gly Gly Glu Glu
325 330 335

ES 2 539 530 T3

Val	Glu	Ile	Leu	Asp	Pro	Glu	Glu	Arg	Asp	Lys	Asp	Tyr	Ala	Phe	Gly	
			340					345					350			
Lys	Ile	Leu	Ser	Asp	Gly	Glu	Asn	Gln	Arg	Asp	Ser	Leu	Lys	Cys	Arg	
		355					360					365				
Ser	Asp	Thr	Gln	Asn	Ser	Glu	Ser	Asn	Lys	Gly	Met	Ala	Ser	Asp	Glu	
	370					375					380					
Asn	Gln	Lys	Lys	Ala	Leu	Leu	Leu	Trp	Lys	Ala	Asn	Ser	Asn	Gly	Ser	
385					390					395					400	
Ile	Pro	Cys	Pro	Arg	Lys	Glu	Lys	Glu	Asp	Cys	Ser	Phe	Ser	Ser	Leu	
				405					410						415	
Asp	Leu	Lys	Cys	Leu	Phe	Pro	Glu	Lys	Leu	Leu	Pro	Glu	Leu	Glu	Asp	
			420					425					430			
Arg	Ser	Glu	Lys	Val	Phe	Trp	Ser	Glu	Thr	Phe	Ala	Lys	Glu	Leu	Gly	
	435						440					445				
Arg	Thr	Ser	Glu	Leu	Cys	Pro	Cys	Phe	Asp	His	Ser	Gly	Lys	Ile	Arg	
	450					455					460					
Ser	Asp	Ser	Lys	Lys	Leu	Arg	Gln	Ala	Ala	Asn	Arg	Glu	Asp	Ser	Ser	
465					470					475					480	
Asp	Asn	Tyr	Leu	Tyr	Cys	Pro	Val	Ala	Thr	Asp	Ile	Gln	Asp	Ala	Asp	
			485						490					495		
Leu	Leu	His	Phe	Gln	Met	His	Trp	Ala	Lys	Gly	Glu	Pro	Val	Val	Val	
		500						505					510			
Ser	Asp	Thr	Leu	Lys	Leu	Thr	Ser	Gly	Leu	Ser	Trp	Glu	Pro	Met	Val	
	515						520					525				
Met	Trp	Arg	Ala	Val	Arg	Glu	Arg	Thr	Lys	Gly	Lys	Ala	Glu	Asp	Glu	
	530					535					540					
Gln	Phe	Ala	Val	Arg	Ala	Val	Asp	Cys	Leu	Asp	Trp	Cys	Glu	Val	Glu	
545					550					555					560	
Ile	Asn	Ile	His	Met	Phe	Phe	Met	Gly	Tyr	Thr	Arg	Gly	Arg	Thr	His	
			565					570						575		
Pro	Arg	Thr	Tyr	Trp	Pro	Glu	Met	Leu	Lys	Leu	Lys	Asp	Trp	Pro	Pro	
			580					585					590			
Ser	Ser	Ser	Phe	Asp	Gln	Arg	Leu	Pro	Arg	His	Gly	Ala	Glu	Phe	Ile	
	595						600					605				
Ser	Ala	Leu	Pro	Phe	Pro	Glu	Tyr	Thr	Asp	Pro	Arg	Tyr	Gly	Pro	Leu	
	610					615					620					
Asn	Leu	Ala	Val	Lys	Leu	Pro	Gly	Gly	Val	Leu	Lys	Pro	Asp	Leu	Gly	
625					630					635					640	
Pro	Lys	Thr	Tyr	Ile	Ala	Tyr	Gly	Phe	Ser	Glu	Glu	Leu	Gly	Arg	Gly	
			645					650						655		
Asp	Ser	Val	Thr	Lys	Leu	His	Cys	Asp	Met	Ser	Asp	Ala	Val	Asn	Ile	
		660						665					670			
Leu	Thr	His	Thr	Ala	Glu	Val	Pro	Cys	Glu	Thr	Tyr	Asp	Ala	Val	Gln	
	675						680					685				
Ile	Lys	Asn	Thr	Gln	Lys	Lys	Met	Lys	Met	Gln	Asp	Met	Glu	Ile		
	690					695					700					
Tyr	Gly	Met	Ile	Glu	Ser	Gly	Ser	Glu	Leu	Lys	Pro	Ser	Ala	Cys	Pro	
705					710					715					720	
Val	Glu	Leu	Gly	Asn	Lys	Ala	Val	Gly	Glu	Ala	Pro	Lys	Ala	Ser	Cys	
			725						730					735		
Ser	Lys	Glu	Asn	Val	His	Thr	Leu	Lys	Asp	Lys	Ser	Asn	Gly	Leu	Asp	
			740					745					750			
Ile	Asn	Ala	Ser	Pro	Pro	Asp	Asp	Ala	Gly	Gly	Asp	Ala	Arg	Asp	Glu	
	755					760						765				
Ala	Leu	Ser	Tyr	Glu	Ser	Val	Val	His	Ser	Asp	Val	Ala	Gln	Cys	Pro	
	770					775					780					
Asn	His	Asn	His	Glu	Thr	Asn	Asn	Ser	Asp	Asp	Ala	Arg	Ile	Gly	Ala	
785					790					795					800	
Gln	Arg	Cys	Gln	Lys	Lys	Ala	Lys	Gly	Arg	Pro	Pro	Lys	Thr	Gly	Ser	
			805						810					815		
Gly	Val	Ser	Glu	His	Gln	Glu	Ser	Gly	Gly	Ala	Leu	Trp	Asp	Ile	Phe	

				820						825				830					
Arg	Arg	Glu	Asp	Ser	Glu	Lys	Leu	Gln	Asp	Phe	Leu	Arg	Lys	His	Ala				
		835					840					845							
Pro	Glu	Phe	Arg	His	Ile	His	Cys	Asn	Pro	Val	Lys	Gln	Val	Ile	His				
	850					855					860								
Pro	Ile	His	Asp	Gln	Ala	Phe	Tyr	Leu	Thr	Ala	Glu	His	Lys	Arg	Lys				
	865				870					875					880				
Leu	Lys	Glu	Glu	Tyr	Gly	Val	Glu	Pro	Trp	Thr	Phe	Glu	Gln	Lys	Leu				
				885					890					895					
Gly	Glu	Ala	Val	Leu	Ile	Pro	Ala	Gly	Cys	Pro	His	Gln	Val	Arg	Asn				
		900					905					910							
Leu	Lys	Ser	Cys	Ile	Lys	Val	Ala	Leu	Asp	Phe	Val	Ser	Pro	Glu	Asn				
		915					920					925							
Val	Gly	Glu	Cys	Val	Arg	Leu	Thr	Lys	Glu	Phe	Arg	Arg	Leu	Pro	Ser				
	930					935					940								
Ser	His	Arg	Ala	Lys	Glu	Asp	Lys	Leu	Glu	Ile	Lys	Lys	Met	Ala	Phe				
	945				950					955					960				
His	Ala	Leu	Asn	Glu	Val	Leu	Asn	Phe	Leu	Asp	Pro	Pro	Ser	Ser	Glu				
			965					970						975					
Gly	Ser	Lys	Glu	Ala	Ala	Glu	Lys	Pro	Arg	Arg	Gly	Arg	Gly	Arg	Pro				
			980					985					990						
Arg	Lys	His																	
		995																	

<210> 143

<211> 2607

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 143

atggttagtca	atgataaggt	ttcgaagact	gaaaagaagc	gtaagagagg	agacacagga	60
gcggcagaaa	ataatgggaa	agggaagaaa	atggtgacag	gtgaaaacgc	cttaatgtgt	120
caccaatgcc	agagaaatga	caaagggaga	gtggtctggt	gcaagacttg	caacaataag	180
cgcttttgtg	tgccatgcat	taatcaatgg	tatcctgatt	tgccctgaaa	tgaatttgct	240
gcaaaatgcc	cttattgtcg	caagaattgt	aattgcaagg	catgcctgcg	aatgagaggt	300
gtcgaagagc	agcctccaag	aaaggaaaatt	tctaaagaaa	atcagattcg	ttatgcctgt	360
catgtgttac	gcttgttgcg	tccttggctg	atagaactgc	gacaggagca	gatggcagag	420
aaggaattag	aggctaagat	acaaggtggt	tcagttgatc	aaataaaggt	ggaacaagct	480
gtgtgtgatc	tagatgagcg	tgtctattgc	aatagatgca	gcacttctat	agttgatatt	540
catagaagct	gcaagcactg	tttctatgac	ttgtgcttga	cctgctgcca	ggagcttcgc	600
aaaggtgaga	tccttgagag	agaagaggtg	gaaatttttg	atcctgaaga	aagagacaag	660
gattatgctt	ttggttaagat	tctgtcagat	ggtgagaacc	aaagggaact	tttgaagtgt	720
cgcagcgaca	cccaaaacag	tgagtcaaac	aaaggcatgg	cttctgacga	aaaccaaaaag	780
aaggctctgt	tacttttgaa	agcaaacagt	aatggtagca	taccttgccc	acgaaaggaa	840
aaggaagact	gcagtttttc	atctctagat	ctgaaatgct	tgtttccaga	gaagttgctc	900
cctgaattag	aagatagatc	tgagaagggtc	ttctggagtg	aaacatttgc	aaaagaacta	960
ggtagaacaa	gtgagctgtg	cccttgtttt	gatcactcag	gcaagataag	aagtgcagc	1020
aagaaattac	gtcaggctgc	aaataggag	gactcagtg	ataactactt	atactgtccg	1080
gtggccactg	atatccagga	cgctgacctg	ttgcactttc	agatgcattg	ggcaaagggc	1140
gaaccagttg	ttgtttcaga	cactcttaag	ctaacttctg	gtcttagctg	ggagccgatg	1200
gttatgtggc	gggcagtaag	agaacgaacc	aaagggaagg	cagaagatga	gcagtttgct	1260
gtgagggcag	tagattgcct	cgactgggtg	gaggtggaaa	ttaacataca	catgtttttt	1320
atgggatata	caaggggcag	aactcatccc	aggacctact	ggcctgagat	gcttaagcta	1380
aaggactggc	ccccttctag	ctcatttgat	cagocattgc	ctcgccatgg	tgctgaattt	1440
atcagtgcat	tgccatttcc	ggagtatact	gatccacgat	atggtccgct	aaatcttgca	1500
gtgaagcttc	ctggtggtgt	cctgaagcca	gatcttgggc	caaaaactta	cattgcctat	1560
ggattttctg	aagagttggg	caggggtgac	tctgtaacca	aacttccactg	tgacatgtct	1620
gatgcagtaa	acatcttaac	acacacagcg	gaagtgcctt	gtgagactta	tgatgctgtt	1680
cagattaaaa	acacgcagaa	aaagatgaaa	atgcaagatg	acatggaaat	atatgggatg	1740
atagaatcag	gcagtgaact	caagccatca	gcatgcccag	ttgaattggg	gaacaaagct	1800
gttggtgaag	caccaaaggc	ctcatgcagc	aaagaaaatg	ttcatacctt	gaaagacaag	1860

```

tctaattggtt tggatataaa cgcttcacca cctgatgatg ctggaggtga tgccagggat 1920
gaagcattgt cctatgaatc tgtggtacat agtgatgtag ctcaagtgtcc aaaccataac 1980
catgagacca ataattctga tgatgcacgt attggagctc agagatgtca aaagaaagct 2040
aaaggtcgtc ctccgaagac aggttcaggg gtatcagagc accaggaaag tgggtggtgct 2100
ttgtgggata ttttccgaag agaggactct gagaaattac aagacttcct taggaagcat 2160
gcgccagaat ttccgcacat ccactgcaat ccagtgaac aggttattca tccaattcat 2220
gatcaagctt tctatttaac tgcggagcat aaaagaaagc tgaaggaaga atatggtgtt 2280
gaaccttgga cctttgaaca aaagcctggc gaagcagttt tgattcctgc cggatgtcct 2340
caccaagtca ggaatttgaa gtccctgcac aaggttgac tggactttgt ttccccgag 2400
aatgttggtg agtggtgtag gctgaccaag gaatttagac gacttccatc ttccacagg 2460
gctaaagaag ataagctaga gatcaagaag atggctttcc atgctctgaa tgaagttcta 2520
aactttctgg atcctccttc ctccagaagg tcgaaagaag cggcggagaa gcctcgaagg 2580
ggcgctggtc gcccaagaaa acactag 2607

```

<210> 144

<211> 868

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 144

```

Met Leu Val Asn Asp Lys Val Ser Lys Thr Glu Lys Lys Arg Lys Arg
1      5      10
Gly Asp Thr Gly Ala Ala Glu Asn Asn Gly Lys Gly Lys Lys Met Leu
20     25     30
Thr Gly Glu Asn Ala Leu Met Cys His Gln Cys Gln Arg Asn Asp Lys
35     40     45
Gly Arg Val Val Trp Cys Lys Thr Cys Asn Asn Lys Arg Phe Cys Val
50     55     60
Pro Cys Ile Asn Gln Trp Tyr Pro Asp Leu Pro Glu Asn Glu Phe Ala
65     70     75     80
Ala Lys Cys Pro Tyr Cys Arg Lys Asn Cys Asn Cys Lys Ala Cys Leu
85     90     95
Arg Met Arg Gly Val Glu Glu Gln Pro Pro Arg Lys Glu Ile Ser Lys
100    105    110
Glu Asn Gln Ile Arg Tyr Ala Cys His Val Leu Arg Leu Leu Arg Pro
115    120    125
Trp Leu Ile Glu Leu Arg Gln Glu Gln Met Ala Glu Lys Glu Leu Glu
130    135    140
Ala Lys Ile Gln Gly Val Ser Val Asp Gln Ile Lys Val Glu Gln Ala
145    150    155    160
Val Cys Asp Leu Asp Glu Arg Val Tyr Cys Asn Arg Cys Ser Thr Ser
165    170    175
Ile Val Asp Phe His Arg Ser Cys Lys His Cys Phe Tyr Asp Leu Cys
180    185    190
Leu Thr Cys Cys Gln Glu Leu Arg Lys Gly Glu Ile Pro Gly Gly Glu
195    200    205
Glu Val Glu Ile Leu Asp Pro Glu Glu Arg Asp Lys Asp Tyr Ala Phe
210    215    220
Gly Lys Ile Leu Ser Asp Gly Glu Asn Gln Arg Asp Ser Leu Lys Cys
225    230    235    240
Arg Ser Asp Thr Gln Asn Ser Glu Ser Asn Lys Gly Met Ala Ser Asp
245    250    255
Glu Asn Gln Lys Lys Ala Leu Leu Leu Trp Lys Ala Asn Ser Asn Gly
260    265    270
Ser Ile Pro Cys Pro Arg Lys Glu Lys Glu Asp Cys Ser Phe Ser Ser
275    280    285
Leu Asp Leu Lys Cys Leu Phe Pro Glu Lys Leu Leu Pro Glu Leu Glu
290    295    300
Asp Arg Ser Glu Lys Val Phe Trp Ser Glu Thr Phe Ala Lys Glu Leu
305    310    315    320
Gly Arg Thr Ser Glu Leu Cys Pro Cys Phe Asp His Ser Gly Lys Ile

```

ES 2 539 530 T3

				325					330					335		
Arg	Ser	Asp	Ser	Lys	Lys	Leu	Arg	Gln	Ala	Ala	Asn	Arg	Glu	Asp	Ser	
			340					345					350			
Ser	Asp	Asn	Tyr	Leu	Tyr	Cys	Pro	Val	Ala	Thr	Asp	Ile	Gln	Asp	Ala	
		355					360					365				
Asp	Leu	Leu	His	Phe	Gln	Met	His	Trp	Ala	Lys	Gly	Glu	Pro	Val	Val	
	370					375					380					
Val	Ser	Asp	Thr	Leu	Lys	Leu	Thr	Ser	Gly	Leu	Ser	Trp	Glu	Pro	Met	
385					390					395					400	
Val	Met	Trp	Arg	Ala	Val	Arg	Glu	Arg	Thr	Lys	Gly	Lys	Ala	Glu	Asp	
			405						410					415		
Glu	Gln	Phe	Ala	Val	Arg	Ala	Val	Asp	Cys	Leu	Asp	Trp	Cys	Glu	Val	
			420					425					430			
Glu	Ile	Asn	Ile	His	Met	Phe	Phe	Met	Gly	Tyr	Thr	Arg	Gly	Arg	Thr	
		435					440					445				
His	Pro	Arg	Thr	Tyr	Trp	Pro	Glu	Met	Leu	Lys	Leu	Lys	Asp	Trp	Pro	
	450					455					460					
Pro	Ser	Ser	Ser	Phe	Asp	Gln	Arg	Leu	Pro	Arg	His	Gly	Ala	Glu	Phe	
465					470					475					480	
Ile	Ser	Ala	Leu	Pro	Phe	Pro	Glu	Tyr	Thr	Asp	Pro	Arg	Tyr	Gly	Pro	
			485						490					495		
Leu	Asn	Leu	Ala	Val	Lys	Leu	Pro	Gly	Gly	Val	Leu	Lys	Pro	Asp	Leu	
			500					505					510			
Gly	Pro	Lys	Thr	Tyr	Ile	Ala	Tyr	Gly	Phe	Ser	Glu	Glu	Leu	Gly	Arg	
		515					520					525				
Gly	Asp	Ser	Val	Thr	Lys	Leu	His	Cys	Asp	Met	Ser	Asp	Ala	Val	Asn	
	530					535					540					
Ile	Leu	Thr	His	Thr	Ala	Glu	Val	Pro	Cys	Glu	Thr	Tyr	Asp	Ala	Val	
545					550					555					560	
Gln	Ile	Lys	Asn	Thr	Gln	Lys	Lys	Met	Lys	Met	Gln	Asp	Asp	Met	Glu	
			565						570					575		
Ile	Tyr	Gly	Met	Ile	Glu	Ser	Gly	Ser	Glu	Leu	Lys	Pro	Ser	Ala	Cys	
			580				585						590			
Pro	Val	Glu	Leu	Gly	Asn	Lys	Ala	Val	Gly	Glu	Ala	Pro	Lys	Ala	Ser	
		595					600					605				
Cys	Ser	Lys	Glu	Asn	Val	His	Thr	Leu	Lys	Asp	Lys	Ser	Asn	Gly	Leu	
	610					615					620					
Asp	Ile	Asn	Ala	Ser	Pro	Pro	Asp	Asp	Ala	Gly	Gly	Asp	Ala	Arg	Asp	
625					630				635						640	
Glu	Ala	Leu	Ser	Tyr	Glu	Ser	Val	Val	His	Ser	Asp	Val	Ala	Gln	Cys	
			645					650						655		
Pro	Asn	His	Asn	His	Glu	Thr	Asn	Asn	Ser	Asp	Asp	Ala	Arg	Ile	Gly	
			660													

ES 2 539 530 T3

Ser Ser His Arg Ala Lys Glu Asp Lys Leu Glu Ile Lys Lys Met Ala
 820 825 830
 Phe His Ala Leu Asn Glu Val Leu Asn Phe Leu Asp Pro Pro Ser Ser
 835 840 845
 Glu Gly Ser Lys Glu Ala Ala Glu Lys Pro Arg Arg Gly Arg Gly Arg
 850 855 860
 Pro Arg Lys His
 865

<210> 145

<211> 1062

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<400> 145

atgccgcccc	agcctccgcc	ggcggcgctcg	gcgtcggcca	gtgccccgga	tcccgcgcgc	60
ccggcttggc	tcagggggct	cccccgcgcg	cccgagtacc	gcccgaacga	gtccgagttc	120
gcccgaaccca	tcgccttcc	ctcccgcgctg	gagcgcgagg	ccgcgcgcta	cgccatctgc	180
aaggatcatc	cgccccaccc	gcgcctctcc	cgccgcttcg	tcttcgcccc	cctcaaccgc	240
tccctcgtct	cctcctgcga	cgcccccgcg	ccctctcccg	ccgcgcgctc	cgactcgtcc	300
attcctccat	cctcctctc	gcccgcgcgcg	gtctccgcgcg	cggtgttcac	gacacggcac	360
caggagctcg	gcaaccccg	gcgtggacgc	ccgaacgcgc	aggtgcttaa	gcagggtgtg	420
cagagtgggg	agcggtacac	gctcgaccag	tttgagtcca	agtcccgcgc	cttctcaaag	480
acgcacctcg	ctggactcca	cgaacccgact	gcgctcgcg	tggaatcact	cttctggaag	540
gcgtcggcgg	accgtcctat	ctatattgag	tacgccaatg	atgtccctgg	ctctgggttt	600
gctgcacccg	tgcagttgca	acgcaagaag	aagcagaaaa	gagagactgc	ccgatggac	660
gaatgggaga	agagttcagg	ctggaggctg	tcaaatagcc	catggaacct	gcaagcaatt	720
gcgcgggctc	ctggttcgct	cacacgggtt	atgcctgacg	atgttccctg	ggtgacttct	780
ccaatgggtt	acattggcat	gctgttcagc	tggtttgcgt	ggcatgtgga	ggatcatgat	840
ctgcatagtc	tcaacttcct	ccacactggc	gcacctaaga	cgtgggatgc	ggttcctggt	900
gatagggctg	ttgagcttga	ggaagttatc	cgtgtacatg	gctatggagg	caacactgat	960
cggatcgcgt	cactagcagt	gcttgggtgag	aaaacaacac	taatgtcccc	agaggtcctt	1020
atagacaatg	attgggtgcaa	tatcctgggtg	agtttgtggt	ga		1062

<210> 146

<211> 353

10 <212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 146

ES 2 539 530 T3

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

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

Trp

<210> 147

<211> 2784

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 147

atggaggcgg	cgccggcgcc	ggccggcgctg	ccggaggagc	tgccgtgcaa	gcgcctccgac	60
ggcaagcagt	ggcgatgcag	cgccgcctcc	atgcccgaca	agaccgtctg	cgagaagcac	120
tacgtccagg	ccaagaagcg	cgccgcctcc	tccgcgctcc	gggcctccct	ccgcaggtcc	180
tccgcctccg	cctccgcgcg	gcggggcaag	accccgccctg	cgccgatggc	ggtccgcgagg	240
cccattctacg	gcagggtcgc	gggggagccg	gtgtacgtgg	cgagcccgcc	gctgcgcgcg	300
ccgcgcgcgc	cgccacggag	gaggcagccg	gtccacgggc	tgcccatggg	caatgctgcc	360
ggcgcgcgca	ccgcggcgga	gctggtcggg	aggggctcgg	cggggctggg	tgccctgcagc	420
tcggcgcgcg	ggcgggcagc	ggccgcaacc	tgccatcagt	gccggagggt	cgctaatacc	480
atttgttgta	caagctgcga	cagaaggggg	tactgcacca	actgcattctc	gagatggtac	540
tctgatattcc	caattgatga	tggtcgaaag	gtttgtccag	catgtcgtgg	catttgtaac	600
tgccagagttt	gcttactagg	agataatgta	ataaaggcaa	gggttcaggga	gataatctgct	660
gtagataagt	tggaatatct	tcatagcatt	ctggcatctg	tccttccagt	attaagcag	720
atttattctg	atcaatgttt	cgaaattggg	gttgatacaa	aagcttatgg	acttaggaca	780
gatataatca	ggcggaagg	caatcctgat	gagcaaatgt	gctgtgactt	ctgcaaagtg	840
ccagtatttg	attatcaccc	acactgccca	aggtgtttgt	atgacttatg	tcttgactgt	900
tgctgagaca	taaggcgatc	taggaccagt	gttgcaagag	gagaatatgc	tgaaggctcg	960
gtggtagata	gaagtaaaga	tacttcgaat	aaaagagcaa	gaatggaacc	atctgcagaa	1020
agtgcgaatg	ataagtcagt	cccacaacga	agggacataa	aaaatattga	cattagatct	1080
ttattcccta	catggagagt	caataatgat	ggaagcatta	cttgtggggc	tcattgaggct	1140
ggtggttggt	gctcctcgaa	gttagtggtta	aggcgaatat	tcaaaataaa	ctggattagt	1200
aagcttgtaa	aaaattctga	ggaaatgggc	aatggttgta	aagtacatgt	tcttgagaat	1260
ggatgctcat	cctgcaatga	tggcagaaca	ttagagttaa	ctggctcatg	taactttggt	1320
gtctcaacat	gttcaaataa	tggtggtatt	gatcggttct	gtgtgttctc	tcttgattta	1380
gaggacttga	aatctgaagg	tattattcat	tttctgtaaa	actggataaa	aggagaacct	1440
gtagtattca	ggaatgcgtt	tgagccttct	ctgtcatcaa	gctgggaccc	actaaatatt	1500
tgccgaggaa	tccaggaaat	catggatgaa	gaagtggatg	acgatgtcat	tgtcaaagct	1560
gtggattgct	caaaccaagc	agaggtggat	attgagctga	aacagtttat	caaaggttat	1620
tcagatggtc	acaaggggga	agatggggaa	ttgatgatgc	tgaaattgaa	agagtggccc	1680
ccaccagtg	tattggagga	gtttctgcta	tgccaaagac	cagaatttat	tgtcaatttt	1740
ccattagttg	atcttatata	ttccagggtg	gggctcctaa	atctttctgc	taaattgccc	1800
ccagacaccc	tacaacctga	agttggcttg	aagctgttaa	ttgcataatg	aagacatcaa	1860
gaagctggta	aagggtgattc	agtgacaaat	ctaattgatta	acatggctga	tgtggtgcat	1920
atgctaattgc	atacagccaa	agggcatgac	gtatgtccaa	agaggctaca	acctgagcga	1980
tctgaaaaga	ttgccaatgg	aatgacaatg	catgtaaatg	ctcatgcacc	tgttcaaaat	2040
ttgaatgtgg	atatggggga	acaatcacct	gaccatgtaa	gctcaaagtt	tgatgaaaga	2100
gcgcattgcgt	ctgccttgcg	attacaagag	aagtccttcag	atgccaaaact	taattgtggt	2160
ttcgaaggct	cttcaactga	gttatcttgc	togtcacatt	cagagggaacc	aaaagttaat	2220
ggttcagaaa	gaagtcaggc	tggttctggt	tgggatgtgt	tccgcaggca	ggatatttca	2280
aagctgaatg	aatattttaac	tgctaaactg	gaagaactgg	cagctagtag	tcagggttaag	2340
aatcctatttt	atgaacaatc	tatatatctc	aacaagtatc	ataaaaggat	actgaaggat	2400
caatatggaa	ttgaaccctg	gacattccaa	caacatatcg	gtgaggctgt	atttgttctt	2460
gctggctgcc	cattccaagt	gaaaaatctc	cagtctacgg	ttcaattggc	tcttgatttc	2520
ctgtcaccgg	aaagtttggt	ggagtcggcc	cgaatggccc	aggagattcg	ctgcctacca	2580
aatgatcatg	atgcaaaaact	gaagatgctc	gagattggaa	aaatctcttt	atatgcagct	2640
agttctgctg	tcagagaaat	tcagagaata	accctcgatc	ccaagtttaa	tctagacctt	2700
aaattcgagg	atcagaatct	aactcaggcg	gtttctgaga	acttggttag	agtcacccaaa	2760
caacggaatg	taccatgcag	ctga				2784

<210> 148

<211> 927

5

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 148

ES 2 539 530 T3

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

ES 2 539 530 T3

		275					280					285			
Cys	Pro	Arg	Cys	Leu	Tyr	Asp	Leu	Cys	Leu	Asp	Cys	Cys	Arg	Asp	Ile
	290					295					300				
Arg	Arg	Ser	Arg	Thr	Ser	Val	Ala	Arg	Gly	Glu	Tyr	Ala	Glu	Gly	Arg
305					310					315					320
Val	Val	Asp	Arg	Ser	Lys	Asp	Thr	Ser	Asn	Lys	Arg	Ala	Arg	Met	Glu
				325					330					335	
Pro	Ser	Ala	Glu	Ser	Ala	Asn	Asp	Lys	Ser	Val	Pro	Gln	Arg	Arg	Asp
			340					345					350		
Ile	Lys	Asn	Ile	Asp	Ile	Arg	Ser	Leu	Phe	Pro	Thr	Trp	Arg	Val	Asn
		355				360						365			
Asn	Asp	Gly	Ser	Ile	Thr	Cys	Gly	Pro	His	Glu	Ala	Gly	Gly	Cys	Gly
	370					375					380				
Ser	Ser	Lys	Leu	Val	Leu	Arg	Arg	Ile	Phe	Lys	Ile	Asn	Trp	Ile	Ser
385					390					395					400
Lys	Leu	Val	Lys	Asn	Ser	Glu	Glu	Met	Val	Asn	Gly	Cys	Lys	Val	His
				405					410					415	
Val	Leu	Glu	Asn	Gly	Cys	Ser	Ser	Cys	Asn	Asp	Gly	Arg	Thr	Leu	Glu
			420					425					430		
Leu	Thr	Gly	His	Arg	Asn	Phe	Gly	Val	Ser	Thr	Cys	Ser	Asn	Asn	Gly
		435					440					445			
Gly	Ile	Asp	Arg	Phe	Cys	Val	Phe	Ser	Pro	Val	Leu	Glu	Asp	Leu	Lys
	450					455					460				
Ser	Glu	Gly	Ile	Ile	His	Phe	Arg	Lys	His	Trp	Ile	Lys	Gly	Glu	Pro
465					470					475					480
Val	Val	Ile	Arg	Asn	Ala	Phe	Glu	Pro	Ser	Leu	Ser	Ser	Ser	Trp	Asp
				485				490						495	
Pro	Leu	Asn	Ile	Trp	Arg	Gly	Ile	Gln	Glu	Ile	Met	Asp	Glu	Glu	Val
			500					505					510		
Asp	Asp	Asp	Val	Ile	Val	Lys	Ala	Val	Asp	Cys	Ser	Asn	Gln	Ala	Glu
		515					520					525			
Val	Asp	Ile	Glu	Leu	Lys	Gln	Phe	Ile	Lys	Gly	Tyr	Ser	Asp	Gly	His
	530					535					540				
Lys	Gly	Glu	Asp	Gly	Glu	Leu	Met	Met	Leu	Lys	Leu	Lys	Glu	Trp	Pro
545					550					555					560
Pro	Pro	Ser	Val	Leu	Glu	Glu	Phe	Leu	Leu	Cys	Gln	Arg	Pro	Glu	Phe
				565					570					575	
Ile	Val	Asn	Phe	Pro	Leu	Val	Asp	Phe	Ile	His	Ser	Arg	Trp	Gly	Leu
			580					585					590		
Leu	Asn	Leu	Ser	Ala	Lys	Leu	Pro	Pro	Asp	Thr	Leu	Gln	Pro	Glu	Val
		595					600					605			
Gly	Leu	Lys	Leu	Leu	Ile	Ala	Tyr	Gly	Arg	His	Gln	Glu	Ala	Gly	Lys
	610					615					620				
Gly	Asp	Ser	Val	Thr	Asn	Leu	Met	Ile	Asn	Met	Ala	Asp	Val	Val	His
625															

Asn	Trp	Glu	Glu	Leu	Ala	Ala	Ser	Ser	Gln	Val	Lys	Asn	Pro	Ile	Tyr	
	770					775					780					
Glu	Gln	Ser	Ile	Tyr	Leu	Asn	Lys	Tyr	His	Lys	Arg	Ile	Leu	Lys	Asp	
785					790					795					800	
Gln	Tyr	Gly	Ile		Pro	Trp	Thr	Phe	Gln	Gln	His	Ile	Gly	Glu	Ala	
				805					810					815		
Val	Phe	Val	Pro	Ala	Gly	Cys	Pro	Phe	Gln	Val	Lys	Asn	Leu	Gln	Ser	
				820				825					830			
Thr	Val	Gln	Leu	Ala	Leu	Asp	Phe	Leu	Ser	Pro	Glu	Ser	Leu	Gly	Glu	
		835				840						845				
Ser	Ala	Arg	Met	Ala	Gln	Glu	Ile	Arg	Cys	Leu	Pro	Asn	Asp	His	Asp	
	850				855						860					
Ala	Lys	Leu	Lys	Met	Leu	Glu	Ile	Gly	Lys	Ile	Ser	Leu	Tyr	Ala	Ala	
865					870					875					880	
Ser	Ser	Ala	Val	Arg	Glu	Ile	Gln	Arg	Ile	Thr	Leu	Asp	Pro	Lys	Phe	
				885					890					895		
Asn	Leu	Asp	Leu	Lys	Phe	Glu	Asp	Gln	Asn	Leu	Thr	Gln	Ala	Val	Ser	
			900					905					910			
Glu	Asn	Leu	Ala	Arg	Val	Thr	Lys	Gln	Arg	Asn	Val	Pro	Cys	Ser		
		915					920					925				

<210> 149

<211> 2862

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 149

atggcgggcgg	ggaacggccg	gatggaggcg	gcgctgggct	gcctcgcggc	gtccccgcac	60
gaggtgctct	gcgcgcgtcg	cgacctctc	ccgcccaccg	acgtcgggccg	cctcgccctgc	120
gtcagcagtg	tcatgtacat	actttgcaat	gaggagccctc	tctggatgag	caagtgtctt	180
tcagttgggg	gtcttcttgt	gtatagaggt	tcttggaaga	aaacagcatt	gtctagacct	240
aatctttgtt	cagaaaaatga	tgagagttac	cagaagccctc	gccattttga	tgggttcaat	300
tccatgcata	tatacaggag	atggtacaga	tgttttacta	atttgagtag	cttttccttt	360
gataatgggc	acgttgaaag	gaaagatgac	ctttctctag	accaatttcg	cgctcagtat	420
gatggaaaat	gtccagtttt	gcttactaaa	ctggtgaaa	cctggccagc	aaggactaaa	480
tggaacgcg	agcaactgac	acatgattat	ggtgaagttc	cctttaggat	atctcagaga	540
agccctcaaa	agataaaaaat	gaaactaaaa	gattatgttt	tttacctgga	actccagcat	600
gacgaagatc	cactttacat	atttgatgat	aagtttgag	aatcagcacc	tacactattg	660
gaagattaca	gtgtccctca	tctatttcaa	gaagatttct	ttgaaatcat	ggattacgac	720
caacgaccag	ctttcagatg	gcttattatt	ggaccagaga	gacaggtgc	tctctggcat	780
gttgatccag	ggttgaccag	tgccctggaat	actcttcttt	gtggccgaaa	aaggtgggca	840
atgtaccctc	ctggaagagt	accaggtggt	gtcacagtac	atgtcagtga	tgaagatggt	900
gatgttgaca	ttgaaactcc	tacatctttg	cagtggtggc	tagatatcta	cccaaatctt	960
gctgagcatg	agaaaccact	ggaatgcaca	caattaccag	gagagaccat	atttgttctt	1020
agtgggtggt	ggcatttgtg	tttgaacctt	gacatgacaa	ttgctgtcac	gcaaaaatttt	1080
gtcaaccaat	caatttttaa	gcattgtatg	ttggacatgg	cacctgggta	ctgtcacaaa	1140
ggagtttgcc	gtgctggctt	acttgctgct	ccagacaaat	ctattagaga	tattgaaaaat	1200
cttcttagta	taacgagtag	attgaaccac	tctgacatgg	cctgtaagga	aaaaagactg	1260
aaaagttcag	agcctataag	aacttcaaat	aatgcaaate	agtgttctgc	atttgagttc	1320
tcagatgttc	atgaaaactt	gggggaccaa	gttttttctg	atgatataga	ttctttatcc	1380
caattctctg	agaaaagaaa	ggatcactat	tcttctgtct	ggagccctac	taattcaatt	1440
ggccagagag	aagcaagaga	atggctacgt	aggctattgg	ttcttaaacc	tgaattgaga	1500
gaactaatat	ggaagggtgc	atgtctagca	attaatgtag	acaagtggta	ttcatgtcta	1560
gaggaaataa	gtgcattgca	tagtttacca	ccaccttctg	aagatgagaa	gcttctgttt	1620
ggcacaggta	gcaacccagt	cttcattgtt	tctggcaatg	tgatcaaaat	ttatgctgaa	1680
ggaggggttg	gttattctat	acatggtttg	ggcacagagc	ttgagttcta	tgatcttctg	1740
caaaaacttg	gctcgccatt	gatcaaccat	gtccctgaga	tcattgcaag	tggctttctt	1800
gtgtacctgg	atggtgtcta	caagacagtt	ccatgggagc	gaaacggaat	accagatggt	1860
ctagctaaat	actactcttt	ggaggtgtct	tatgcaaacg	gctcttttcc	tcttggaata	1920
tggagcaagc	aactgttttg	attgaqtaat	tcaactatgc	ctccadacag	accaatttgt	1980

```

ccttacatgg ttaccagaaa atgcaaaggg gatatttttg ctgcatacgc tgataaattg 2040
accaagactg atgttttgaa tcttgcatca tccttgggag ttcaaagcgc aaatattcat 2100
caattacccc ttccacatgt ggaacacata tccaaatctg ggaacgaaga tatcaaagca 2160
aaggaaaatt caatttctga tgtcactcat gttccgcctg aatggaaaaca agtagtttct 2220
actctagaca ggagaaagaa aagtataaag aagcatctaa gtaactgggg tggttcaatt 2280
ccacagggtc taattgagaa ggctgaagaa tatctccctg acgacatccg ctttcttctc 2340
aagtttggtt aggcgatga tgggtgattca gtctatgtgg taccttcttg gatacattca 2400
gatataatgg atgataacat tctcattgag gggaccacag aaccaggaac ttccactgat 2460

tgcattgccg ttgaagatct gaacaaaatg gatgcaattc atatcattga tttcagtgat 2520
ctgtccattg gggatcctct atgtgactta attccactgc acttggatgt attccgtggg 2580
gatattgatc ttctcaggca gtttttacga agctatcagc ttccctttct gagagcagaa 2640
tcaaataaag atatatataa gtcaatacaa aattctaaat tcagcagggc atcgatcgt 2700
gcgatgtgct actgcatact tcacgaggac aacgtcctgg gagccatatt tagcctgtgg 2760
aaggatctgg gcaccgcgac gtcacgggaa gatgttgaac acttgggttg gggagagctg 2820
aatcaatacc agcagtcatg cagcgtgggc gaaattaact ga 2862

```

<210> 150

<211> 953

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 150

```

Met Ala Ala Gly Asn Gly Arg Met Glu Ala Ala Leu Gly Cys Leu Ala
1      5      10      15
Ala Leu Pro Asp Glu Val Leu Cys Ala Val Val Asp Leu Leu Pro Pro
20     25     30
Thr Asp Val Gly Arg Leu Ala Cys Val Ser Ser Val Met Tyr Ile Leu
35     40     45
Cys Asn Glu Glu Pro Leu Trp Met Ser Lys Cys Leu Ser Val Gly Gly
50     55     60
Leu Leu Val Tyr Arg Gly Ser Trp Lys Lys Thr Ala Leu Ser Arg Leu
65     70     75     80
Asn Leu Cys Ser Glu Asn Asp Glu Ile Tyr Gln Lys Pro Arg His Phe
85     90     95
Asp Gly Phe Asn Ser Met His Leu Tyr Arg Arg Trp Tyr Arg Cys Phe
100    105    110
Thr Asn Leu Ser Ser Phe Ser Phe Asp Asn Gly His Val Glu Arg Lys
115    120    125
Asp Asp Leu Ser Leu Asp Gln Phe Arg Ala Gln Tyr Asp Gly Lys Cys
130    135    140
Pro Val Leu Leu Thr Lys Leu Ala Glu Thr Trp Pro Ala Arg Thr Lys
145    150    155    160
Trp Thr Ala Gln Gln Leu Thr His Asp Tyr Gly Glu Val Pro Phe Arg
165    170    175
Ile Ser Gln Arg Ser Pro Gln Lys Ile Lys Met Lys Leu Lys Asp Tyr
180    185    190
Val Phe Tyr Met Glu Leu Gln His Asp Glu Asp Pro Leu Tyr Ile Phe
195    200    205
Asp Asp Lys Phe Gly Glu Ser Ala Pro Thr Leu Leu Glu Asp Tyr Ser
210    215    220
Val Pro His Leu Phe Gln Glu Asp Phe Phe Glu Ile Met Asp Tyr Asp
225    230    235    240
Gln Arg Pro Ala Phe Arg Trp Leu Ile Ile Gly Pro Glu Arg Ser Gly
245    250    255
Ala Ser Trp His Val Asp Pro Gly Leu Thr Ser Ala Trp Asn Thr Leu
260    265    270
Leu Cys Gly Arg Lys Arg Trp Ala Met Tyr Pro Pro Gly Arg Val Pro
275    280    285
Gly Gly Val Thr Val His Val Ser Asp Glu Asp Gly Asp Val Asp Ile
290    295    300

```

Glu	Thr	Pro	Thr	Ser	Leu	Gln	Trp	Trp	Leu	Asp	Ile	Tyr	Pro	Asn	Leu
305					310					315					320
Ala	Glu	His	Glu	Lys	Pro	Leu	Glu	Cys	Thr	Gln	Leu	Pro	Gly	Glu	Thr
				325					330					335	
Ile	Phe	Val	Pro	Ser	Gly	Trp	Trp	His	Cys	Val	Leu	Asn	Leu	Asp	Met
			340					345					350		
Thr	Ile	Ala	Val	Thr	Gln	Asn	Phe	Val	Asn	Gln	Ser	Asn	Phe	Lys	His
		355					360					365			
Val	Cys	Leu	Asp	Met	Ala	Pro	Gly	Tyr	Cys	His	Lys	Gly	Val	Cys	Arg
	370					375					380				
Ala	Gly	Leu	Leu	Ala	Ala	Pro	Asp	Lys	Ser	Ile	Arg	Asp	Ile	Glu	Asn
385					390					395					400
Leu	Pro	Ser	Ile	Thr	Ser	Arg	Leu	Asn	His	Ser	Asp	Met	Ala	Cys	Lys
				405					410					415	
Glu	Lys	Arg	Leu	Lys	Ser	Ser	Glu	Pro	Ile	Arg	Thr	Ser	Asn	Asn	Ala
			420					425					430		
Asn	Gln	Cys	Ser	Ala	Phe	Glu	Phe	Ser	Asp	Val	His	Glu	Asn	Leu	Gly
		435					440					445			
Asp	Gln	Val	Phe	Ser	Tyr	Asp	Ile	Asp	Phe	Leu	Ser	Gln	Phe	Leu	Glu
	450					455					460				
Lys	Glu	Lys	Asp	His	Tyr	Ser	Ser	Val	Trp	Ser	Pro	Thr	Asn	Ser	Ile
465					470					475					480
Gly	Gln	Arg	Glu	Ala	Arg	Glu	Trp	Leu	Arg	Arg	Leu	Trp	Val	Leu	Lys
				485					490					495	
Pro	Glu	Leu	Arg	Glu	Leu	Ile	Trp	Lys	Gly	Ala	Cys	Leu	Ala	Ile	Asn
			500					505					510		
Val	Asp	Lys	Trp	Tyr	Ser	Cys	Leu	Glu	Glu	Ile	Ser	Ala	Cys	His	Ser
		515					520					525			
Leu	Pro	Pro	Pro	Ser	Glu	Asp	Glu	Lys	Leu	Pro	Val	Gly	Thr	Gly	Ser
	530					535					540				
Asn	Pro	Val	Phe	Ile	Val	Ser	Gly	Asn	Val	Ile	Lys	Ile	Tyr	Ala	Glu
545					550					555					560
Gly	Gly	Leu	Gly	Tyr	Ser	Ile	His	Gly	Leu	Gly	Thr	Glu	Leu	Glu	Phe
				565					570					575	
Tyr	Asp	Leu	Leu	Gln	Lys	Leu	Gly	Ser	Pro	Leu	Ile	Asn	His	Val	Pro
			580					585					590		
Glu	Ile	Ile	Ala	Ser	Gly	Phe	Leu	Val	Tyr	Leu	Asp	Gly	Val	Tyr	Lys
		595					600					605			
Thr	Val	Pro	Trp	Asp	Gly	Asn	Gly	Ile	Pro	Asp	Val	Leu	Ala	Lys	Tyr
	610					615					620				
Tyr	Ser	Leu	Glu	Val	Ser	Tyr	Ala	Asn	Gly	Ser	Phe	Pro	Leu	Gly	Leu
625					630					635					640
Trp	Ser	Lys	Gln	Leu	Phe	Gly	Leu	Ser	Asn	Ser	Thr	Asp	Ala	Pro	Asp
				645					650					655	
Arg	Pro	Ile	Cys	Pro	Tyr	Met	Val	Thr	Arg	Lys	Cys	Lys	Gly	Asp	Ile
			660					665					670		
Phe	Ala	Arg	Ile	Arg	Asp	Lys	Leu	Thr	Lys	Thr	Asp	Val	Leu	Asn	Leu
		675					680					685			
Ala	Ser	Ser	Leu	Gly	Val	Gln	Met	Arg	Asn	Ile	His	Gln	Leu	Pro	Leu
	690					695					700				
Pro	His	Val	Glu	His	Ile	Ser	Lys	Ser	Gly	Asn	Glu	Asp	Ile	Lys	Ala
705					710					715					720
Lys	Glu	Asn	Ser	Ile	Ser	Asp	Val	Thr	His	Val	Pro	Pro	Glu	Trp	Lys
				725					730					735	
Gln	Val	Val	Ser	Thr	Leu	Asp	Arg	Arg	Lys	Lys	Ser	Ile	Lys	Lys	His
				740				745					750		
Leu	Ser	Asn	Trp	Gly	Gly	Ser	Ile	Pro	Gln	Val	Leu	Ile	Glu	Lys	Ala
		755					760					765			
Glu	Glu	Tyr	Leu	Pro	Asp	Asp	Ile	Arg	Phe	Leu	Ile	Lys	Phe	Val	Lys
	770					775					780				
Asp	Asp	Asp	Gly	Asp	Ser	Val	Tyr	Val	Val	Pro	Ser	Trp	Ile	His	Ser

785					790					795					800
Asp	Ile	Met	Asp	Asp	Asn	Ile	Leu	Ile	Glu	Gly	Thr	Thr	Glu	Pro	Gly
				805					810					815	
Thr	Ser	Thr	Asp	Cys	Ile	Ala	Val	Glu	Asp	Leu	Asn	Lys	Met	Asp	Ala
			820					825					830		
Ile	His	Ile	Ile	Asp	Phe	Ser	Asp	Leu	Ser	Ile	Gly	Asp	Pro	Leu	Cys
		835					840					845			
Asp	Leu	Ile	Pro	Leu	His	Leu	Asp	Val	Phe	Arg	Gly	Asp	Ile	Asp	Leu
	850					855					860				
Leu	Arg	Gln	Phe	Leu	Arg	Ser	Tyr	Gln	Leu	Pro	Phe	Leu	Arg	Ala	Glu
865					870					875					880
Ser	Asn	Lys	Asp	Ile	Tyr	Lys	Ser	Ile	Gln	Asn	Ser	Lys	Phe	Ser	Arg
			885					890						895	
Ala	Ser	Tyr	Arg	Ala	Met	Cys	Tyr	Cys	Ile	Leu	His	Glu	Asp	Asn	Val
			900					905					910		
Leu	Gly	Ala	Ile	Phe	Ser	Leu	Trp	Lys	Asp	Leu	Gly	Thr	Ala	Thr	Ser
		915					920					925			
Trp	Glu	Asp	Val	Glu	His	Leu	Val	Trp	Gly	Glu	Leu	Asn	Gln	Tyr	Gln
	930					935					940				
Gln	Ser	Cys	Ser	Val	Gly	Glu	Ile	Asn							
945					950										

<210> 151

<211> 3171

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 151

atggagatgg	aggaggcggt	agacggcaag	cacccgaagc	gtgggagggg	caggccgagg	60
ggacgacggg	gcaggggcag	gggcaggggg	aggggaggcc	gctccctcgc	gtcgccggcg	120
gcggggcccg	gagaccaagg	gccgcggcgg	cggcgcgggg	tcgtcccggc	ggcgccggcg	180
gcggcggggg	gaagggcgct	gagggagagg	aggccggcgc	ctggtgccta	ccgcgagagc	240
ggagctgata	atgacgatga	tggcggcggc	gacgatgagc	acgacgagca	gaatgatgat	300
ggtgctgaaa	aatcggataa	tcaagttgtg	gattctctta	atgaacccaa	cagaagtaat	360
acaggggaaga	agcgggggaag	accaaagaaa	gtgaaagcag	agcaggagga	cagtaaccaa	420
ctctccaaag	ggaaacaact	tggcgaaaac	aatgggaatg	atgaagcgat	aatgatgaag	480
ccttcaaaag	aatcgaagaa	aagaggtgca	ggaaagaaac	aagaggaaga	agagaataat	540
accatatcca	ttgaggatga	aatgtgtgat	gcgaacaata	agaaggggaa	gaagatgctc	600
actggggaaa	atgctttgat	gtgccaccag	tgtcaaagaa	atgacaaagg	gagggtgatt	660
tgggtgtaaat	catgcaacaa	taagcgcttc	tgtgagccat	gcataaaacg	atggtaccca	720
ggtttgtcag	aagttgattt	tgtgcaaaa	tgcccatatt	gtagaaagaa	ctgtaattgc	780
aaggcatgcc	taagaatgat	aggagttgaa	aagccccctg	aaaagaagat	ttctgaggaa	840
aatcaacgac	gttatgcttt	tcgtattgta	gacttgttgc	ttccttggtt	gaaagaactt	900
caacaggagc	agatgaagga	gaaggaatta	gagggtagat	tacaaggtgt	ttctatggat	960
gaagtaaagt	tggaaacaagc	tgatttgtgat	atggatgagc	gtgtttattg	tgataggtgc	1020
aaaacttcga	tagttgattt	tcatagaagc	tgcaaggctt	gttcgtatga	cttgtgcctt	1080
gcatgctgct	gggagcttcg	caaaggtgag	attccaggag	gagaagaggc	aaagagtgtg	1140
cagtgggaag	agagaggtea	gaagtatgtt	tttggttaata	tttccaagga	tgagaagaaa	1200
agggtatctt	cgaagaggca	catggagacc	cccagtactg	aaacttgcaa	tgacatggct	1260
gttgctgggg	acccaaataa	ccctttgtta	ctgtggaaag	ctaatagtga	tggcagtata	1320
ccttgctccac	caaaggaaat	aggggctgac	ggtgcttcat	ccttggtact	cagatgctta	1380
ttaccagaaa	ttatgctttc	tgagttagaa	cacagggcta	acaaagttat	taagagagaa	1440
gcatttgata	aagcaataaa	cgaaacaagt	gatcagtgcc	cttgctttta	tcacacaagc	1500
aagataagaa	caaattgctac	tcgagaggca	gcaaacagaa	agggctcaag	tgataaactac	1560
ttgtactgtc	cagatgccaa	taatatccag	gaggatgacc	tgtcgcaact	tcagatgcat	1620
tggtaaaaag	gtgaaccggg	tattgtttot	gatgctcttc	ggttaacatc	tgggtctgagc	1680
tgggagccat	ttggttatgtg	gcgggcattg	cgagagaaga	aaaccaatgg	tgatgttgaa	1740
tgtagagcact	ttgctgttaa	ggcagtggtat	tgcttgatt	ggaatgagg	ggaaattaac	1800
atacacatgt	tctttatggg	gtatatgaga	ggtagaagac	atccgatgac	gttttgacct	1860
gagatgctta	agctaaaaga	ttggccacca	tctagtatgt	ttgaccagag	gttacctcgc	1920
catggtgctg	agtttataac	tgcatgtcca	tttcccagat	atactgatcc	acgatatggc	1980

```

ccgctaaatc ttgctgtcag gcttcctgct ggtgtactga agcctgatct tgggccaaaa 2040
acttatattg cttatggatg ttatgaagag ttaggcaggg gtgactctgt gaccaagctt 2100
cattgcgaca tgtctgatgc ggtaaataatc ttgatgcaca cagctgaagt gtcctatgac 2160
actgaacagc ttgacaagat agcaaaaatt aaaatgaaaa tgagagaaca agatcttcat 2220
gaactgtttg gggtttcaga atcaggcgcc aagggtaaag ctgatgatga agcatcgaaa 2280
atctcatgta acatggaaaa caaacacacc tctaaccaaa gtactaaggg tttggacatt 2340
aatgctttac caccgatga ttctggaagt gatattgggg ataaaccatc attttgtcaa 2400
tctgaggtag aaagtgaatt aacacaatgt tcaaaacaca atcacgaggt taatagttct 2460
gtcaagatgc atgctggagc tcattgtact tcagacaacc aaggatacat tgacaggagt 2520
ggattcaaac gcaaagattc agactgttca gaccaacaga aaactgggtg cgctttgtgg 2580
gatattttcc gaagagaaga ttctgagaag ttacaagatt atcttcggaa gcatgcctca 2640
gaatttcggc acatacactg caatccagtg aaaaatgttt ctaccccaat tcatgaccag 2700
actttctatt taactgtgga gcataagaga aagctcaagg aagaacacgg tgttgaaacca 2760
tggacattcg accagaagct aggcgatgca gttttcattc ctgctggatg tccacaccaa 2820
gtgagaaatt taaagtcttg catcaagggt gctctagact ttgtttcccc tgaaaatggt 2880
ggtgagtggt ttaagctgac cggagagttt agacgtcttc catctgatca cagggtctaaa 2940
gaagataaac tagagattaa gaagattgct ctcaatgctc ttaaagaagt cgtaaatttc 3000
ttagatcctt taccaaaagg gtcaaagaac agggatgaag tggtagaagt gaccaaacca 3060
aaaaggaaat acggtaacgc aagaggtgac ctgaagagtg gggaagacca acccattgat 3120
gaatccatag aagaaaggaa gcctaaaaag cgaggagat ctaaaccggtg a 3171

```

<210> 152

<211> 1056

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 152

```

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

```

Pro	Glu	Lys	Lys	Ile	Ser	Glu	Glu	Asn	Gln	Arg	Arg	Tyr	Ala	Phe	Arg		
		275					280					285					
Ile	Val	Asp	Leu	Leu	Leu	Pro	Trp	Leu	Lys	Glu	Leu	Gln	Gln	Glu	Gln		
	290					295					300						
Met	Lys	Glu	Lys	Glu	Leu	Glu	Gly	Arg	Leu	Gln	Gly	Val	Ser	Met	Asp		
305					310					315					320		
Glu	Val	Lys	Leu	Glu	Gln	Ala	Asp	Cys	Asp	Met	Asp	Glu	Arg	Val	Tyr		
				325					330					335			
Cys	Asp	Arg	Cys	Lys	Thr	Ser	Ile	Val	Asp	Phe	His	Arg	Ser	Cys	Lys		
			340					345					350				
Ala	Cys	Ser	Tyr	Asp	Leu	Cys	Leu	Ala	Cys	Cys	Trp	Glu	Leu	Arg	Lys		
		355					360					365					
Gly	Glu	Ile	Pro	Gly	Gly	Glu	Glu	Ala	Lys	Ser	Val	Gln	Trp	Glu	Glu		
	370					375					380						
Arg	Gly	Gln	Lys	Tyr	Val	Phe	Gly	Asn	Ile	Ser	Lys	Asp	Glu	Lys	Lys		
385					390					395					400		
Arg	Val	Ser	Ser	Lys	Arg	His	Met	Glu	Thr	Pro	Ser	Thr	Glu	Thr	Cys		
				405					410					415			
Asn	Asp	Met	Ala	Val	Ala	Gly	Asp	Pro	Asn	Asn	Pro	Leu	Leu	Leu	Trp		
			420					425					430				
Lys	Ala	Asn	Ser	Asp	Gly	Ser	Ile	Pro	Cys	Pro	Pro	Lys	Glu	Ile	Gly		
		435					440					445					
Gly	Cys	Gly	Ala	Ser	Ser	Leu	Val	Leu	Arg	Cys	Leu	Leu	Pro	Glu	Ile		
	450					455					460						
Met	Leu	Ser	Glu	Leu	Glu	His	Arg	Ala	Asn	Lys	Val	Ile	Lys	Arg	Glu		
465					470					475					480		
Ala	Phe	Asp	Lys	Ala	Ile	Asn	Glu	Thr	Ser	Asp	Gln	Cys	Pro	Cys	Phe		
				485					490					495			
Tyr	His	Thr	Ser	Lys	Ile	Arg	Thr	Asn	Ala	Thr	Arg	Glu	Ala	Ala	Asn		
			500					505					510				
Arg	Lys	Gly	Ser	Ser	Asp	Asn	Tyr	Leu	Tyr	Cys	Pro	Asp	Ala	Asn	Asn		
		515					520					525					
Ile	Gln	Glu	Asp	Asp	Leu	Ser	His	Phe	Gln	Met	His	Trp	Ser	Lys	Gly		
	530					535					540						
Glu	Pro	Val	Ile	Val	Ser	Asp	Ala	Leu	Arg	Leu	Thr	Ser	Gly	Leu	Ser		
545					550					555					560		
Trp	Glu	Pro	Leu	Val	Met	Trp	Arg	Ala	Leu	Arg	Glu	Lys	Lys	Thr	Asn		
				565					570					575			
Gly	Asp	Val	Glu	Asp	Glu	His	Phe	Ala	Val	Lys	Ala	Val	Asp	Cys	Leu		
			580				585						590				
Asp	Trp	Asn	Glu	Val	Glu	Ile	Asn	Ile	His	Met	Phe	Phe	Met	Gly	Tyr		
		595					600				605						
Met	Arg	Gly	Arg	Arg	His	Pro	Met	Thr	Phe	Trp	Pro	Glu	Met	Leu	Lys		
	610					615					620						
Leu	Lys	Asp	Trp	Pro	Pro	Ser	Ser	Met	Phe	Asp	Gln	Arg	Leu	Pro	Arg		
625					630					635					640		
His	Gly	Ala	Glu	Phe	Ile	Thr	Ala	Leu	Pro	Phe	Pro	Glu	Tyr	Thr	Asp		
				645					650					655			
Pro	Arg	Tyr	Gly	Pro	Leu	Asn	Leu	Ala	Val	Arg	Leu	Pro	Ala	Gly	Val		
			660					665					670				
Leu	Lys	Pro	Asp	Leu	Gly	Pro	Lys	Thr	Tyr	Ile	Ala	Tyr	Gly	Cys	Tyr		
		675					680					685					
Glu	Glu	Leu	Gly	Arg	Gly	Asp	Ser	Val	Thr	Lys	Leu	His	Cys	Asp	Met		
	690					695					700						
Ser	Asp	Ala	Val	Asn	Ile	Leu	Met	His	Thr	Ala	Glu	Val	Ser	Tyr	Asp		
705					710					715					720		
Thr	Glu	Gln	Leu	Asp	Lys	Ile	Ala	Lys	Ile	Lys	Met	Lys	Met	Arg	Glu		
				725					730					735			
Gln	Asp	Leu	His	Glu	Leu	Phe	Gly	Val	Ser	Glu	Ser	Gly	Ala	Lys	Gly		
			740					745					750				
Lys	Ala	Asp	Asp	Glu	Ala	Ser	Lys	Ile	Ser	Cys	Asn	Met	Glu	Asn	Lys		

755					760					765					
His	Thr	Ser	Asn	Gln	Ser	Thr	Lys	Gly	Leu	Asp	Ile	Asn	Ala	Leu	Pro
770					775					780					
Pro	Asp	Asp	Ser	Gly	Ser	Asp	Ile	Gly	Asp	Lys	Pro	Ser	Phe	Cys	Gln
785					790					795					800
Ser	Glu	Val	Glu	Ser	Glu	Leu	Thr	Gln	Cys	Ser	Lys	His	Asn	His	Glu
				805					810						815
Val	Asn	Ser	Ser	Val	Lys	Met	His	Ala	Gly	Ala	His	Cys	Thr	Ser	Asp
				820					825						830
Asn	Gln	Gly	Tyr	Ile	Asp	Arg	Ser	Gly	Phe	Lys	Arg	Lys	Asp	Ser	Asp
				835					840						845
Cys	Ser	Asp	Gln	Gln	Lys	Thr	Gly	Gly	Ala	Leu	Trp	Asp	Ile	Phe	Arg
				850					855						860
Arg	Glu	Asp	Ser	Glu	Lys	Leu	Gln	Asp	Tyr	Leu	Arg	Lys	His	Ala	Ser
865					870					875					880
Glu	Phe	Arg	His	Ile	His	Cys	Asn	Pro	Val	Lys	Asn	Val	Ser	His	Pro
				885					890						895
Ile	His	Asp	Gln	Thr	Phe	Tyr	Leu	Thr	Val	Glu	His	Lys	Arg	Lys	Leu
				900					905						910
Lys	Glu	Glu	His	Gly	Val	Glu	Pro	Trp	Thr	Phe	Glu	Gln	Lys	Leu	Gly
				915					920						925
Asp	Ala	Val	Phe	Ile	Pro	Ala	Gly	Cys	Pro	His	Gln	Val	Arg	Asn	Leu
				930					935						940
Lys	Ser	Cys	Ile	Lys	Val	Ala	Leu	Asp	Phe	Val	Ser	Pro	Glu	Asn	Val
945					950					955					960
Gly	Glu	Cys	Val	Lys	Leu	Thr	Gly	Glu	Phe	Arg	Arg	Leu	Pro	Ser	Asp
				965					970						975
His	Arg	Ala	Lys	Glu	Asp	Lys	Leu	Glu	Ile	Lys	Lys	Ile	Ala	Leu	Asn
				980					985						990
Ala	Leu	Lys	Glu	Val	Val	Asn	Phe	Leu	Asp	Pro	Leu	Pro	Lys	Gly	Ser
				995					1000						1005
Lys	Asn	Arg	Asp	Glu	Val	Val	Glu	Val	Thr	Lys	Pro	Lys	Arg	Lys	
				1010					1015						1020
Tyr	Gly	Asn	Arg	Arg	Gly	Asp	Leu	Lys	Ser	Gly	Glu	Asp	Gln	Pro	
				1025					1030						1035
Ile	Asp	Glu	Ser	Ile	Glu	Glu	Arg	Lys	Pro	Lys	Lys	Arg	Gly	Arg	
				1040					1045						1050
Ser	Lys	Arg													
				1055											

<210> 153

<211> 3159

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 153

atggagatgg	aggaggcgg	agacggcaag	caccggaagc	gtgggagggg	caggccgagg	60
ggacgacggg	gcaggggag	gggcagggg	aggggcggcc	gctccctcgc	gtcgccggcg	120
gcggggcccg	gagaccaagg	gccgcggcgg	cggcgcgggg	tcgtcccggc	ggcgcgcgcg	180
gcggcggggg	gaagggcgct	gaggggagagg	aggccggcgc	ctgggtgccta	ccgcgagagc	240
ggaagctgata	atgacgatga	tggcggcggc	gacgatgagc	acgacgagca	gaatgatgat	300
ggtgctgaaa	aatcggataa	tcaagttgtg	gattctctta	atgaacccaa	cagaagtaat	360
acagggaaga	agcggggaag	accaaagaaa	gtgaaagcag	agcaggagga	cagtaaccaa	420
ctctccaacg	ggaaacacct	tggcgaaaaa	aatgggaatg	atgaagcgat	aatgatgaag	480
ccttcaaaag	aatcgaagaa	aagaggtgca	ggaaagaaac	aagaggaaga	agagaataat	540
accatatoca	ttgaggatga	aatgtgtgat	gcgaacaata	agaaggggaa	gaagatgctc	600
actggggaaa	atgctttgat	gtgccaccag	tgtcaaagaa	atgacaaagg	gagggtgatt	660
tgggtgtaaat	catgcaacaa	taagcgcttc	tgtgagccat	gcataaaacg	atggtaccca	720
ggtttgctag	aagttgattt	tgctgcaaaa	tgcccatatt	gtagaaaagaa	ctgtaatatgc	780
aaggcatgcc	taagaatgat	aggagttgaa	aagccccctg	aaaagaagat	ttctgaggaa	840
aatcaacgac	gttatgcttt	tcgtattgta	gacttggtgc	ttccttggtt	gaagaaactt	900


```

caacaggagc agatgaagga gaaggaatta gagggtagat tacaagggtgt ttctatggat 960
gaagtaaagt tggacaagc tgatttgtat atggatgagc gtgtttattg tgataggtgc 1020
aaaacttcga tagttgattt tcatagaagc tgcaaggcct gttcgtatga cttgtgcctt 1080
gcatgctgct gggagcttcg caaagggtgag attccaggag gagaagaggc aaagagtgtg 1140
cagtgggaag agagaggtca gaagtatgtt tttggttaata tttccaagga tgagaagaaa 1200
agggatctct cgaagaggca catggagacc cccagtactg aaacttgcaa tgacatggct 1260
gttgctgggg acccaataa cctttgttta ctgtggaaga aaaccaatga tggcagtata 1320
ccttgtccac caaaggaaat agggggctgc ggtgcttcat ctttggtact cagatgctta 1380
ttaccagaaa ttatgctttc tgagttagaa cacagggcta acaaagttat taagagagaa 1440
gcatttgata aagcaataaa cgaaacaagt gatcagtgcc cttgctttta tcacacaagc 1500
aagataagaa caaatgctac tcgagaggca gcaaacagaa agggctcaag tgataactac 1560
ttgtactgtc cagatgccaa taatatccag gaggatgacc tgtcgcaact tcagatgcat 1620
tggtaaaaag gtgaaccggg tattgtttct gatgctcttc ggtaaacatc tggctctgagc 1680
tgggagccat tggttatgtg gcgggcatgg cgagagaaga aaaccaatgg ggtctgtgaa 1740
gatgagcaat ttgctgttaa ggcagtggat tgccttgatt ggaatgaggt ggaatttaac 1800
atacacatgt tctttatggg gtatatgaga ggtagaagac atccgatgac cttttggcct 1860
gagatgctta agctaaaaga ttggccacca tctagtatgt ttgaccagag gttacctgcg 1920
catggtgctg agttttataac tgcattgccca tttcccagat atactgatcc acgatatggc 1980
ccgctaaatc ttgctgtcag gcttcctgct ggtgtactga agcctgatct tgggcaaaaa 2040
acttatattg cttatggatg ttatgaagag ttaggcaggg gtgactctgt gaccaagctt 2100
catttgcgaca tgtctgatgc ggtaaatatc ttgatgcaca cagctgaagt gtcctatgac 2160
actgaacagc ttgacaagat agcaaaaatt aaaatgaaaa tgagagaaca agatcttcat 2220
gaactgtttg gggtttcaga atcaggcgcc aagggtaaag ctgatgatga agcatcgaaa 2280
atctcatgta acatggaaaa caaacacacc tctaaccaaa gtactaaggg tttggacatt 2340
aatgctttac cacctgatga ttctggaagt gatattgggg ataaaccatc attttgtcaa 2400
tctgaggtag aaagtgaatt aacacaatgt tcaaaacaca atcacgaggt taatagttct 2460
gtcaagatgc atgctggagc tcattgtact tcagacaacc aaggatacat tgacaggagt 2520
ggattcaaac gcaagattc agactgttca gaccaacaga aaactgggtg cgctttgtgg 2580
gatattttcc gaagagaaga ttctgagaag ttacaagatt atcttcggaa gcatgcctca 2640
gaatttcggc acatacactg caatccagtg aaaaatgttt ctacccaat tcatgaccag 2700
actttctatt taactgtgga gcataagaga aagctcaagg aagaacacgg tgttgacca 2760
tggaatttcg agcagaagct aggcgatgca gttttcattc ctgctggatg tccacacca 2820
gtgagaaaat taaagtcttg catcaaggtt gctctagact ttgtttcccc tgaaaatgtt 2880
ggtgagtgtg ttaagctgac cggagagttt agacgtcttc catctgatca cagggtctaa 2940
gaagataaac tagagattaa gaagattgct ctcaatgctc ttaaagaagt cgtaaatttc 3000
ttagatcctt taccaaaagg ggatgaagtg gtagaagtga ccaaaccaaa aaggaaatac 3060
ggtaaccgaa gaggtgacct gaagagtggg gaagaccaac ccattgatga atccatagaa 3120
gaaaggaagc ctaaaaagcg agggagatct aaacggtga 3159

```

<210> 154

<211> 1052

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 154

```

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

```

Lys	Lys	Val	Lys	Ala	Glu	Gln	Glu	Asp	Ser	Asn	Gln	Leu	Ser	Asn	Gly
	130					135					140				
Lys	His	Leu	Gly	Glu	Asn	Asn	Gly	Asn	Asp	Glu	Ala	Ile	Met	Met	Lys
145					150					155					160
Pro	Ser	Lys	Glu	Ser	Lys	Lys	Arg	Gly	Ala	Gly	Lys	Lys	Gln	Glu	Glu
				165					170					175	
Glu	Glu	Asn	Asn	Thr	Ile	Ser	Ile	Glu	Asp	Glu	Met	Cys	Asp	Ala	Asn
				180					185				190		
Asn	Lys	Lys	Gly	Lys	Lys	Met	Leu	Thr	Gly	Glu	Asn	Ala	Leu	Met	Cys
		195					200					205			
His	Gln	Cys	Gln	Arg	Asn	Asp	Lys	Gly	Arg	Val	Ile	Trp	Cys	Lys	Ser
	210					215					220				
Cys	Asn	Asn	Lys	Arg	Phe	Cys	Glu	Pro	Cys	Met	Lys	Arg	Trp	Tyr	Pro
225					230					235					240
Gly	Leu	Ser	Glu	Val	Asp	Phe	Ala	Ala	Lys	Cys	Pro	Tyr	Cys	Arg	Lys
				245					250					255	
Asn	Cys	Asn	Cys	Lys	Ala	Cys	Leu	Arg	Met	Ile	Gly	Val	Glu	Lys	Pro
				260					265				270		
Pro	Glu	Lys	Lys	Ile	Ser	Glu	Glu	Asn	Gln	Arg	Arg	Tyr	Ala	Phe	Arg
		275					280						285		
Ile	Val	Asp	Leu	Leu	Leu	Pro	Trp	Leu	Lys	Glu	Leu	Gln	Gln	Glu	Gln
	290					295					300				
Met	Lys	Glu	Lys	Glu	Leu	Glu	Gly	Arg	Leu	Gln	Gly	Val	Ser	Met	Asp
305					310					315					320
Glu	Val	Lys	Leu	Glu	Gln	Ala	Asp	Cys	Asp	Met	Asp	Glu	Arg	Val	Tyr
				325					330					335	
Cys	Asp	Arg	Cys	Lys	Thr	Ser	Ile	Val	Asp	Phe	His	Arg	Ser	Cys	Lys
			340					345					350		
Ala	Cys	Ser	Tyr	Asp	Leu	Cys	Leu	Ala	Cys	Cys	Trp	Glu	Leu	Arg	Lys
		355					360					365			
Gly	Glu	Ile	Pro	Gly	Gly	Glu	Glu	Ala	Lys	Ser	Val	Gln	Trp	Glu	Glu
	370					375					380				
Arg	Gly	Gln	Lys	Tyr	Val	Phe	Gly	Asn	Ile	Ser	Lys	Asp	Glu	Lys	Lys
385					390					395					400
Arg	Val	Ser	Ser	Lys	Arg	His	Met	Glu	Thr	Pro	Ser	Thr	Glu	Thr	Cys
				405					410					415	
Asn	Asp	Met	Ala	Val	Ala	Gly	Asp	Pro	Asn	Asn	Pro	Leu	Leu	Leu	Trp
			420					425					430		
Lys	Ala	Asn	Ser	Asp	Gly	Ser	Ile	Pro	Cys	Pro	Pro	Lys	Glu	Ile	Gly
		435					440					445			
Gly	Cys	Gly	Ala	Ser	Ser	Leu	Val	Leu	Arg	Cys	Leu	Leu	Pro	Glu	Ile
	450					455					460				
Met	Leu	Ser	Glu	Leu	Glu	His	Arg	Ala	Asn	Lys	Val	Ile	Lys	Arg	Glu
465					470					475					480
Ala	Phe	Asp	Lys	Ala	Ile	Asn	Glu	Thr	Ser	Asp	Gln	Cys	Pro	Cys	Phe
				485					490					495	
Tyr	His	Thr	Ser	Lys	Ile	Arg	Thr	Asn	Ala	Thr	Arg	Glu	Ala	Ala	Asn
			500					505					510		
Arg	Lys	Gly	Ser	Ser	Asp	Asn	Tyr	Leu	Tyr	Cys	Pro	Asp	Ala	Asn	Asn
		515					520					525			
Ile	Gln	Glu	Asp	Asp	Leu	Ser	His	Phe	Gln	Met	His	Trp	Ser	Lys	Gly
	530					535					540				
Glu	Pro	Val	Ile	Val	Ser	Asp	Ala	Leu	Arg	Leu	Thr	Ser	Gly	Leu	Ser
545					550					555					560
Trp	Glu	Pro	Leu	Val	Met	Trp	Arg	Ala	Leu	Arg	Glu	Lys	Lys	Thr	Asn
				565					570					575	
Gly	Asp	Val	Glu	Asp	Glu	His	Phe	Ala	Val	Lys	Ala	Val	Asp	Cys	Leu
			580					585					590		
Asp	Trp	Asn	Glu	Val	Glu	Ile	Asn	Ile	His	Met	Phe	Phe	Met	Gly	Tyr
		595					600					605			
Met	Arg	Gly	Arg	Arg	His	Pro	Met	Thr	Phe	Trp	Pro	Glu	Met	Leu	Lys

ES 2 539 530 T3

610	615	620
Leu Lys Asp Trp Pro Pro Ser Ser Met Phe Asp Gln Arg Leu Pro Arg		
625	630	635
His Gly Ala Glu Phe Ile Thr Ala Leu Pro Phe Pro Glu Tyr Thr Asp		640
	645	650
Pro Arg Tyr Gly Pro Leu Asn Leu Ala Val Arg Leu Pro Ala Gly Val		655
	660	665
Leu Lys Pro Asp Leu Gly Pro Lys Thr Tyr Ile Ala Tyr Gly Cys Tyr		670
	675	680
Glu Glu Leu Gly Arg Gly Asp Ser Val Thr Lys Leu His Cys Asp Met		685
	690	695
Ser Asp Ala Val Asn Ile Leu Met His Thr Ala Glu Val Ser Tyr Asp		700
705	710	715
Thr Glu Gln Leu Asp Lys Ile Ala Lys Ile Lys Met Lys Met Arg Glu		720
	725	730
Gln Asp Leu His Glu Leu Phe Gly Val Ser Glu Ser Gly Ala Lys Gly		735
	740	745
Lys Ala Asp Asp Glu Ala Ser Lys Ile Ser Cys Asn Met Glu Asn Lys		750
	755	760
His Thr Ser Asn Gln Ser Thr Lys Gly Leu Asp Ile Asn Ala Leu Pro		765
	770	775
Pro Asp Asp Ser Gly Ser Asp Ile Gly Asp Lys Pro Ser Phe Cys Gln		780
785	790	795
Ser Glu Val Glu Ser Glu Leu Thr Gln Cys Ser Lys His Asn His Glu		800
	805	810
Val Asn Ser Ser Val Lys Met His Ala Gly Ala His Cys Thr Ser Asp		815
	820	825
Asn Gln Gly Tyr Ile Asp Arg Ser Gly Phe Lys Arg Lys Asp Ser Asp		830
	835	840
Cys Ser Asp Gln Gln Lys Thr Gly Gly Ala Leu Trp Asp Ile Phe Arg		845
	850	855
Arg Glu Asp Ser Glu Lys Leu Gln Asp Tyr Leu Arg Lys His Ala Ser		860
865	870	875
Glu Phe Arg His Ile His Cys Asn Pro Val Lys Asn Val Ser His Pro		880
	885	890
Ile His Asp Gln Thr Phe Tyr Leu Thr Val Glu His Lys Arg Lys Leu		895
	900	905
Lys Glu Glu His Gly Val Glu Pro Trp Thr Phe Glu Gln Lys Leu Gly		910
	915	920
Asp Ala Val Phe Ile Pro Ala Gly Cys Pro His Gln Val Arg Asn Leu		925
	930	935
Lys Ser Cys Ile Lys Val Ala Leu Asp Phe Val Ser Pro Glu Asn Val		940
945	950	955
Gly Glu Cys Val Lys Leu Thr Gly Glu Phe Arg Arg Leu Pro Ser Asp		960
	965	970
His Arg Ala Lys Glu Asp Lys Leu Glu Ile Lys Lys Ile Ala Leu Asn		975
	980	985
Ala Leu Lys Glu Val Val Asn Phe Leu Asp Pro Leu Pro Lys Gly Asp		990
	995	1000
Glu Val Val Glu Val Thr Lys Pro Lys Arg Lys Tyr Gly Asn Arg		1005
	1010	1015
Arg Gly Asp Leu Lys Ser Gly Glu Asp Gln Pro Ile Asp Glu Ser		1020
	1025	1030
Ile Glu Glu Arg Lys Pro Lys Lys Arg Gly Arg Ser Lys Arg		1035
	1040	1045
		1050

<210> 155

<211> 3717

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 155

atgatggggg	ttaccaccac	gctcaacgag	gacactgaac	cctctattcc	acctggattt	60
ggaccttttg	ctacccttcc	gttatgggga	atccacaatg	atgccaaacc	tgctgttact	120
cattctactc	ctgttcaagc	attgcaaagc	attagaaaag	acagcgaaga	atgccaaacc	180
agtgcggctg	tgtctcggag	tgatacacct	tgcagcactt	ccggaaccca	gacatgcaga	240
aaatcactgc	gtaacagacc	cccaatagac	tatagccgct	ttgaacatat	atcggtatgaa	300
gattctgatg	tcgaaatagt	ggaaaaggat	gtaagttcaa	cgagacgcag	acaacagcta	360
ccgaaaggag	tacttcgagg	atgtgcagaa	tgcagtgact	gtcaaaaagg	tatcgcaaaa	420
tggaatccag	ctggtgcacg	caggcctggt	cttgatgagg	ctcctgtttt	ctatccaaca	480
gaggaggaa	ttgaagacac	tctaaaatac	attgagagta	tacggccaat	ggcgggaacca	540
tatgggtatt	gccgtattgt	cccaccatct	tcttgggaag	ctccatgcct	tcttaaagat	600
aaaagcatat	gggaaggatc	aaaattctct	actcgggtac	aaaagggtga	caagctccaa	660
aaccgtaaat	catcaaaaaa	gggcagaaga	ggtggaatga	tgaagaggag	aaagcttgca	720
gagtcagagg	agaacagtgc	cactgctcac	actcagacag	ggatgcagca	aagtccagag	780
agatttgatg	ttgaacctgg	gccagagttc	acgttacaga	catttcagaa	atatgcagat	840
gatttcagta	agcagtactt	taggaaagat	acatcgatgg	attcagtacc	atcagtggaa	900
gatattgaag	gtgagtactg	gcgcacgtgt	gaggttccca	cagaagagat	agaggtgata	960
tatgggtgctg	atctggagac	tggaaacttt	ggcagtggtt	ttccaaaatt	atctcctgag	1020
acaaaatctg	atgctgagga	taaatatgca	caatctggtt	ggaatctaaa	taacttgctt	1080
agactacaag	gttcagttct	ttctttcgag	ggcggtgaca	tttctggtgt	tctagtgcct	1140
tgggtgatag	ttggcatgtg	tttttcatca	ttctgctggc	atgttgaaga	ccatcattta	1200
tactcactaa	actacatgca	ttgggggtgc	ccaaagtgtg	ggtatggagt	tccaggaaaag	1260
gatgctgtga	atttggaaat	tgcaatgagg	aaacatctac	ctgaattatt	tgaggagcaa	1320
cctgatttgc	tacacaacct	tgttaccacg	ttttccaccat	cgctgctgaa	atctgaagga	1380
gtacatgtat	accgttgtgt	tcagcatgag	ggcaggtttg	tcttgacatt	cccaagggcg	1440
taccatgctg	gtttcaattg	tggcttcaat	tgtgccgaag	ctgttaattg	ggctcctatt	1500
gattgggttac	cgattggaca	taatgctgta	gagctttatc	gtgagcaagc	taggaaaata	1560
accatttctc	atgataagtt	gttggtgggg	gctgcaagag	aagcaataag	agctcagtgg	1620
gatattcctat	tcttcaagag	gaatactgct	gataatatga	ggtggaagag	tatatcgga	1680
gctgatagca	ctatatccaa	ggctcttaag	gcacgaattg	agacagagtt	ggtgcaaaag	1740
aaaactctag	gtgttccagc	tcaatcaagg	aaaatggatg	ctgaattcga	ttccattgat	1800
agggaaatgtg	ccttggtgcta	ctatgattta	catctttctg	cttctggctg	tccatgctgc	1860
ccagagaaat	atgcttgctt	tgtacatgca	aagcaacttt	gctcatgtga	ctgggacaaa	1920
agggtttttc	tattccgcta	tgatgtcaat	gagctaaata	tcttagctga	tgctttaggg	1980
gggaaatttaa	tgcccatcca	tagatggggc	gtctctgata	ttggattaa	tttaggttca	2040
tgtgtcaaac	gagaaaagg	ccaagattcc	aagactgttc	gcagattaac	tgatggtcca	2100
agaaggtctt	acatgtcaca	ggcatcagca	gtatccttgg	tttcttcttc	tacttccaat	2160
gaacagaaaag	atgaaggaaa	taagatcatg	aagatagcta	gcccacagac	aaataatgtg	2220
tgcccttctg	tcgagcaaa	gaaatcagag	aatatttcac	cattgaagga	gccatgtgta	2280
aggaatgagt	tgtcatgtac	aacaaattct	gatagtaacg	gattgcaata	taatggagga	2340
cttggaggcc	ataaaggatc	tgcaccagcc	ttgccagttt	cttctagccc	atcattttct	2400
tccaacgttg	caacaaggcc	catttagtact	tcaagtgtat	ccatgaaaat	tgtgcaaggc	2460
ttggtggcat	ctaaaagttg	tatacaagct	tcctctcgaa	ctggagacag	tagatcattg	2520
cttgggtgagc	atcataacag	atcaccggca	atgattcatg	atggaaccaa	catgaagtcc	2580
agtttggaaa	gctcaaacaa	ttcttgcagg	ttgattgcat	ctgactataa	tgcaactccg	2640
tgtcattcat	ccaaggatca	ggtattagta	acaccaggga	ctaattgctc	agtagtgact	2700
ctgaaagata	gcagccagg	ccatagtgcg	tcaagtcagc	agtttgtcag	aactggccca	2760
tggacacaaa	gtgcttctca	tgaagcatca	tcacctagta	cctctgcttt	gaagccttct	2820
ttagatcccc	ctgccatgaa	aaatctgtat	gggggtttta	ctcaaggcag	tgccccatct	2880
ggacctccaa	gttttcagtaa	tcagcaacca	aatgatgggc	gtcttcaaag	aacatctgaa	2940
tctctaccag	gtgtggaagc	tagagctagg	ggacatccaa	ctgtcacggc	acagcctgca	3000
ctagaaattc	acagcaggaa	tggagggtga	cagaagggtc	ctcgcatagc	caatgttgtg	3060
catcgtttca	agtgctctgt	tgaacctctc	gaaattgggt	ttgtgctatc	agggaggctg	3120
tggcttctca	gccaagcaat	cttcccgaaa	gggttttagaa	gcagagtga	atacttcagc	3180
attgtggatc	caatccaaat	ggcatactac	atatcgga	tactggatgc	tgggatgcag	3240
gggctctctg	ttatggtaaa	attagagaac	tgtccagggt	aagttttcat	taacttatct	3300
ccaaaccaagt	gttggaaacat	ggctcgtgaa	aggctgaaca	tggaaataag	gaggcaactt	3360
aatatgggaa	aatcaaatct	tccatcattg	cagcctccag	gatcagttga	tgttcttgaa	3420
atgtttgggt	tattatcacc	accaatagtt	caggcaattt	gggcgcggga	cagagatcac	3480
atctgtacag	agtactggag	atcaaggccc	cattgttctca	ttgaggatcc	aaacaatcgg	3540
catatgttat	ctcagggtcc	acctctcctt	gccctgaggg	gtctcatcca	aagggttaac	3600
cgggatgaat	tgcaagtcct	goggagtttg	atgacgaaca	gcaacaattt	ggatgatagc	3660
tccaggcaac	aggccgcgca	cattatcgaa	gaggagattg	cgaagcaatt	gtgctga	3717

<210> 156

<211> 1238

ES 2 539 530 T3

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 156

Met	Met	Gly	Val	Thr	Thr	Thr	Leu	Asn	Glu	Asp	Thr	Glu	Pro	Ser	Ile	1	5	10	15
Pro	Pro	Gly	Phe	Gly	Pro	Phe	Ala	Thr	Leu	Pro	Leu	Trp	Gly	Ile	His	20	25	30	
Asn	Asp	Ala	Lys	Pro	Ala	Val	Thr	His	Ser	Thr	Pro	Val	Gln	Ala	Leu	35	40	45	
Gln	Ser	Ile	Arg	Lys	Asp	Ser	Glu	Glu	Cys	Gln	Pro	Ser	Ala	Ala	Val	50	55	60	
Ser	Arg	Ser	Asp	Thr	Pro	Cys	Ser	Thr	Ser	Gly	Thr	Gln	Thr	Cys	Arg	65	70	75	80
Lys	Ser	Leu	Arg	Asn	Arg	Pro	Pro	Ile	Asp	Tyr	Ser	Arg	Phe	Glu	His	85	90	95	
Ile	Ser	Asp	Glu	Asp	Ser	Asp	Val	Glu	Ile	Val	Glu	Lys	Asp	Val	Ser	100	105	110	
Ser	Thr	Arg	Arg	Arg	Gln	Gln	Leu	Pro	Lys	Gly	Val	Leu	Arg	Gly	Cys	115	120	125	
Ala	Glu	Cys	Ser	Asp	Cys	Gln	Lys	Val	Ile	Ala	Lys	Trp	Asn	Pro	Ala	130	135	140	
Gly	Ala	Arg	Arg	Pro	Val	Leu	Asp	Glu	Ala	Pro	Val	Phe	Tyr	Pro	Thr	145	150	155	160
Glu	Glu	Glu	Phe	Glu	Asp	Thr	Leu	Lys	Tyr	Ile	Glu	Ser	Ile	Arg	Pro	165	170	175	
Met	Ala	Glu	Pro	Tyr	Gly	Ile	Cys	Arg	Ile	Val	Pro	Pro	Ser	Ser	Trp	180	185	190	
Lys	Pro	Pro	Cys	Leu	Leu	Lys	Asp	Lys	Ser	Ile	Trp	Glu	Gly	Ser	Lys	195	200	205	
Phe	Ser	Thr	Arg	Val	Gln	Lys	Val	Asp	Lys	Leu	Gln	Asn	Arg	Lys	Ser	210	215	220	
Ser	Lys	Lys	Gly	Arg	Arg	Gly	Gly	Met	Met	Lys	Arg	Arg	Lys	Leu	Ala	225	230	235	240
Glu	Ser	Glu	Glu	Asn	Ser	Ala	Thr	Ala	His	Thr	Gln	Thr	Gly	Met	Gln	245	250	255	
Gln	Ser	Pro	Glu	Arg	Phe	Gly	Phe	Glu	Pro	Gly	Pro	Glu	Phe	Thr	Leu	260	265	270	
Gln	Thr	Phe	Gln	Lys	Tyr	Ala	Asp	Asp	Phe	Ser	Lys	Gln	Tyr	Phe	Arg	275	280	285	
Lys	Asp	Thr	Ser	Met	Asp	Ser	Val	Pro	Ser	Val	Glu	Asp	Ile	Glu	Gly	290	295	300	
Glu	Tyr	Trp	Arg	Ile	Val	Glu	Val	Pro	Thr	Glu	Glu	Ile	Glu	Val	Ile	305	310	315	320
Tyr	Gly	Ala	Asp	Leu	Glu	Thr	Gly	Thr	Phe	Gly	Ser	Gly	Phe	Pro	Lys	325	330	335	
Leu	Ser	Pro	Glu	Thr	Lys	Ser	Asp	Ala	Glu	Asp	Lys	Tyr	Ala	Gln	Ser	340	345	350	
Gly	Trp	Asn	Leu	Asn	Asn	Leu	Pro	Arg	Leu	Gln	Gly	Ser	Val	Leu	Ser	355	360	365	
Phe	Glu	Gly	Gly	Asp	Ile	Ser	Gly	Val	Leu	Val	Pro	Trp	Val	Tyr	Val	370	375	380	
Gly	Met	Cys	Phe	Ser	Ser	Phe	Cys	Trp	His	Val	Glu	Asp	His	His	Leu	385	390	395	400
Tyr	Ser	Leu	Asn	Tyr	Met	His	Trp	Gly	Ala	Pro	Lys	Leu	Trp	Tyr	Gly	405	410	415	

Val	Pro	Gly	Lys	Asp	Ala	Val	Asn	Leu	Glu	Ser	Ala	Met	Arg	Lys	His		
			420					425					430				
Leu	Pro	Glu	Leu	Phe	Glu	Glu	Gln	Pro	Asp	Leu	Leu	His	Asn	Leu	Val		
		435					440					445					
Thr	Gln	Phe	Ser	Pro	Ser	Leu	Leu	Lys	Ser	Glu	Gly	Val	His	Val	Tyr		
	450					455					460						
Arg	Cys	Val	Gln	His	Glu	Gly	Glu	Phe	Val	Leu	Thr	Phe	Pro	Arg	Ala		
465					470					475					480		
Tyr	His	Ala	Gly	Phe	Asn	Cys	Gly	Phe	Asn	Cys	Ala	Glu	Ala	Val	Asn		
			485						490					495			
Val	Ala	Pro	Ile	Asp	Trp	Leu	Pro	Ile	Gly	His	Asn	Ala	Val	Glu	Leu		
			500					505					510				
Tyr	Arg	Glu	Gln	Ala	Arg	Lys	Ile	Thr	Ile	Ser	His	Asp	Lys	Leu	Leu		
	515						520					525					
Leu	Gly	Ala	Ala	Arg	Glu	Ala	Ile	Arg	Ala	Gln	Trp	Asp	Ile	Leu	Phe		
	530					535					540						
Leu	Lys	Arg	Asn	Thr	Ala	Asp	Asn	Met	Arg	Trp	Lys	Ser	Ile	Cys	Gly		
545					550					555					560		
Ala	Asp	Ser	Thr	Ile	Phe	Lys	Ala	Leu	Lys	Ala	Arg	Ile	Glu	Thr	Glu		
			565						570					575			
Leu	Val	Gln	Arg	Lys	Thr	Leu	Gly	Val	Pro	Ala	Gln	Ser	Arg	Lys	Met		
			580					585						590			
Asp	Ala	Glu	Phe	Asp	Ser	Ile	Asp	Arg	Glu	Cys	Ala	Leu	Cys	Tyr	Tyr		
	595						600					605					
Asp	Leu	His	Leu	Ser	Ala	Ser	Gly	Cys	Pro	Cys	Cys	Pro	Glu	Lys	Tyr		
	610					615					620						
Ala	Cys	Leu	Val	His	Ala	Lys	Gln	Leu	Cys	Ser	Cys	Asp	Trp	Asp	Lys		
625					630					635					640		
Arg	Phe	Phe	Leu	Phe	Arg	Tyr	Asp	Val	Asn	Glu	Leu	Asn	Ile	Leu	Ala		
			645						650					655			
Asp	Ala	Leu	Gly	Gly	Lys	Leu	Ser	Ala	Ile	His	Arg	Trp	Gly	Val	Ser		
		660						665					670				
Asp	Leu	Gly	Leu	Ser	Leu	Ser	Ser	Cys	Val	Lys	Arg	Glu	Lys	Val	Gln		
	675					680						685					
Asp	Ser	Lys	Thr	Val	Arg	Arg	Leu	Thr	Asp	Gly	Pro	Arg	Arg	Ser	Tyr		
	690					695					700						
Met	Ser	Gln	Ala	Ser	Ala	Val	Ser	Leu	Val	Ser	Ser	Ser	Thr	Ser	Asn		
705					710					715					720		
Glu	Gln	Lys	Asp	Glu	Gly	Asn	Lys	Ile	Met	Lys	Ile	Ala	Ser	Pro	Gln		
			725						730					735			
Thr	Asn	Asn	Val	Cys	Pro	Ser	Val	Glu	Gln	Arg	Lys	Ser	Glu	Asn	Ile		
			740					745						750			
Ser	Pro	Leu	Lys	Glu	Pro	Cys	Val	Arg	Asn	Glu	Leu	Ser	Cys	Thr	Thr		
		755					760					765					
Asn	Ser	Asp	Ser	Asn	Gly	Leu	Gln	Tyr	Asn	Gly	Gly	Leu	Gly	Gly	His		
	770				775						780						
Lys	Gly	Ser	Ala	Pro	Gly	Leu	Pro	Val	Ser	Ser	Ser	Pro	Ser	Phe	Ser		
785					790					795					800		
Ser	Asn	Val	Ala	Thr	Arg	Pro	Ile	Ser	Thr	Ser	Ser	Val	Ser	Met	Lys		
			805						810					815			
Ile	Val	Gln	Gly	Leu	Val	Ala	Ser	Lys	Ser	Cys	Ile	Gln	Ala	Ser	Ser		
			820					825						830			
Arg	Thr	Gly	Asp	Ser	Arg	Ser	Leu	Leu	Gly	Glu	His	His	Asn	Arg	Ser		
	835						840					845					
Pro	Ala	Met	Ile	His	Asp	Gly	Thr	Asn	Met	Lys	Ser	Ser	Leu	Glu	Ser		
	850					855					860						
Ser	Asn	Asn	Ser	Cys	Arg	Leu	Ile	Ala	Ser	Asp	Tyr	Asn	Ala	Thr	Pro		
865					870					875					880		
Cys	His	Ser	Ser	Lys	Asp	Gln	Val	Leu	Val	Thr	Pro	Gly	Thr	Asn	Ala		
				885					890					895			
Ser	Val	Val	Thr	Leu	Lys	Asp	Ser	Ser	Gln	Val	His	Ser	Ala	Ser	Ser		

900										905				910			
Gln	Gln	Phe	Val	Arg	Thr	Gly	Pro	Trp	Thr	Gln	Ser	Ala	Ser	His	Glu		
		915					920					925					
Ala	Ser	Ser	Pro	Ser	Thr	Ser	Ala	Leu	Lys	Pro	Ser	Leu	Asp	Pro	Pro		
930						935					940						
Ala	Met	Lys	Asn	Leu	Tyr	Gly	Gly	Phe	Thr	Gln	Gly	Ser	Ala	His	Pro		
945					950					955					960		
Gly	Pro	Pro	Ser	Phe	Ser	Asn	Gln	Gln	Pro	Asn	Asp	Gly	Arg	Leu	Gln		
				965					970					975			
Arg	Thr	Ser	Glu	Ser	Leu	Pro	Gly	Val	Glu	Ala	Arg	Ala	Arg	Gly	His		
				980					985					990			
Pro	Thr	Val	Thr	Ala	Gln	Pro	Ala	Leu	Glu	Ile	His	Ser	Arg	Asn	Gly		
				995			1000					1005					
Gly	Ala	Gln	Lys	Gly	Pro	Arg	Ile	Ala	Asn	Val	Val	His	Arg	Phe			
1010						1015					1020						
Lys	Cys	Ser	Val	Glu	Pro	Leu	Glu	Ile	Gly	Val	Val	Leu	Ser	Gly			
1025						1030					1035						
Arg	Leu	Trp	Ser	Ser	Ser	Gln	Ala	Ile	Phe	Pro	Lys	Gly	Phe	Arg			
1040						1045					1050						
Ser	Arg	Val	Lys	Tyr	Phe	Ser	Ile	Val	Asp	Pro	Ile	Gln	Met	Ala			
1055						1060					1065						
Tyr	Tyr	Ile	Ser	Glu	Ile	Leu	Asp	Ala	Gly	Met	Gln	Gly	Pro	Leu			
1070						1075					1080						
Phe	Met	Val	Lys	Leu	Glu	Asn	Cys	Pro	Gly	Glu	Val	Phe	Ile	Asn			
1085						1090					1095						
Leu	Ser	Pro	Thr	Lys	Cys	Trp	Asn	Met	Val	Arg	Glu	Arg	Leu	Asn			
1100						1105					1110						
Met	Glu	Ile	Arg	Arg	Gln	Leu	Asn	Met	Gly	Lys	Ser	Asn	Leu	Pro			
1115						1120					1125						
Thr	Leu	Gln	Pro	Pro	Gly	Ser	Val	Asp	Gly	Leu	Glu	Met	Phe	Gly			
1130						1135					1140						
Leu	Leu	Ser	Pro	Pro	Ile	Val	Gln	Ala	Ile	Trp	Ala	Arg	Asp	Arg			
1145						1150					1155						
Asp	His	Ile	Cys	Thr	Glu	Tyr	Trp	Arg	Ser	Arg	Pro	His	Val	Leu			
1160						1165					1170						
Ile	Glu	Asp	Pro	Asn	Asn	Arg	His	Met	Leu	Ser	Gln	Gly	Pro	Pro			
1175						1180					1185						
Leu	Leu	Ala	Leu	Arg	Gly	Leu	Ile	Gln	Arg	Ala	Asn	Arg	Asp	Glu			
1190						1195					1200						
Leu	Gln	Val	Leu	Arg	Ser	Leu	Met	Thr	Asn	Ser	Asn	Asn	Leu	Asp			
1205						1210					1215						
Asp	Ser	Ser	Arg	Gln	Gln	Ala	Ala	His	Ile	Ile	Glu	Glu	Glu	Ile			
1220						1225					1230						
Ala	Lys	Gln	Leu	Cys													
1235																	

<210> 157

<211> 2916

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 157

atggttttct	ccgcgcaccc	cggcgaggag	gccagcgcgc	cgcgccccc	gccccgcgc	60
cgcggcgaga	agcggcgaat	gcgcggccgc	accccgtcgc	cggagccggc	ctccgcgcgc	120
caggatctct	gcccatacgg	agcttgccgg	gacaatgttg	ctggagctac	aactacaaat	180
ggaaagtggc	atccacatga	atcgtacaga	cctgaaattg	atgatgcccc	tgtttttact	240
ccaacggaag	aggagtttaa	agatccaatt	agatatatta	cgagcattcg	tccccaagca	300
gaaaagtatg	gaatttgtcg	tattgtttca	ccatcttctt	ggcgaccgcc	ttgttctctg	360
aaggagaata	actttctggg	atgtacagag	ttcaataccc	gtgttcaaca	agttgacaag	420
cttcaaaaac	gggaacccac	aaagaaaaaa	tcacaacctc	gagttcgaaa	gaagagggaag	480
aggagaaaqa	gactgaqatt	tqqgatqact	cacagqcgtc	ctaagtcaaa	taacatcaaa	540

gactgcgag atgcagacga gaagtttggc tttcaatctg gctcagattt cacactagat 600
gagtttcaga aatatgcaga tgagtttaag cagcagtatt ttggaataaa ggggaagtgc 660
gaaatccctc tttctgaaat taaaaagaag aaaaaaatt ggcaaccatc ggtcgatgaa 720
atagagggag aatattggcg gatagttgta tgccccactg acgaagttga ggtggattat 780
ggtgctgatt tggacacttc aatgttcagt agtggattct ctaaattatc ttcagattca 840
aatagacgag atccatatgg tttatcttgt tggaaattga acaatcttcc acgtattcct 900
gggtctgtac tgtcatttga aactgaggat atatctggcg tcgtagtccc ttggctttat 960
gtagggatgt gcttctcatc attctgttgg cacgtggaag atcatttctt ttattctatg 1020
aattacatgc attttgggtga accaaaagta tgggtatggg ttcttgggtgc tgatgcagtgc 1080
aagctggaag aagctatgag aaagaactta ccaagattgt ttgaagaaca gctgatctc 1140
ctacatgagc tggttacgca attatctcct tctgttctta aatcagaagg agttcctgtt 1200
tatcgtgttg ttcagaatcc aggcgagttt gttctaacgc taccgcgagc ttaccattct 1260
gggttcaact gtggttcaa ctgtgctgag gcagtaaatg tcgcacctgt ggattggctg 1320
cctcacggac aatgtgctgt tgagctctac agggagcagc ggcgcaagac atccatatca 1380
catgacaaat tattactaaa aactgcaaat gaagctgtca gacagctttg gatgaacctt 1440
agcgactgca aaagtgaaca aggagtatac agatggcagg atacttgctg aaaggacgga 1500
atgctgacaa gtgcaattaa gacaaggggt aaaatggaga aggcagcacg gggagggaat 1560
atggcactgc gatataagaa aatggatggg gattatgatt cagctgacct ggaatgcttt 1620
tcatgttttt atgatctcca tttgtcagct gtcagctgccc aatgctcccc aaactgcttt 1680
gcttgcttaa accatgcaaa cattctatgt tcatgtgaaa tggacagaaa aacgcgtttg 1740
ttgcggtata ccatagagga gctccatact cttgttgtag ctctagaggg tgatccaact 1800
gcggtctacc agtggggaca gaatgattta ggttttagtct gcccatctgg ttctactcag 1860
tacaagaaga tggacttggg tgaaaacacg gaatttccgg attcagcaac caacgtcaat 1920
catggctgca gcttaggaag tcaagatcaa tatcactatg accccgcaaa gccagcagga 1980
taccagcaag agaaggggaat ccagattgct tcagaaaaac atgataagaa caagatgggt 2040
gtcaatcttg agtctccagc aacagctagt aatccaagca ggtcaaagtc tgactgcagt 2100
ggctcactgt ccttgaatca ttcactctgag ttaccatctt caagaattca aacaggaaat 2160
tctacgctag cttccattac cacagagaaa ctggttgggtg ttgacattaa atccaattta 2220
gcacagtctt ctgatggcca agttagtcaa ttggccaagc cttctctgag ccaaactgat 2280
gaagtctcta agccagcaat agctaagtat acggttgagc tgctagacag tggacaatg 2340
atgattggta aaaagtgggt caatcagcaa gctatatctc ccaaaggatt taagagtcca 2400
gttacatttc atagtgtact agatccaaca aggacatgct gctacatctc cgaagttctt 2460
gatgtgggc ttcttggacc attgtttagg gtgactgtcg aaggtcttcc agaagtttcg 2520
tttactcaca catcaccaat gcaatgttgg gcacagttaa gagacagagt aaatgaagaa 2580
atagcaaaac aaataagttt tggaaaatct ggccttctct attttctatc ctgcaattct 2640
ttgaatggac ttgaaatgtt tgggttctta tctctcccta taattaagga aatcgaggct 2700
ctagatccct gtcaccaatg cttggactat tgggttgcaa ggggttcttc tgttggaaact 2760
gaactccctt cggaatctgt gatggcagca atgggttaatg actccactaa ccccccaata 2820
aagttgctcg ggattgagat taaccggagg gaatcagaac aatcaagtag cttcaataat 2880
tctgtgtgta ggaggtcaca cttggcaggt tgctga 2916

<210> 158

<211> 971

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 158

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

ES 2 539 530 T3

Ser	Trp	Arg	Pro	Pro	Cys	Ser	Leu	Lys	Glu	Lys	Asn	Phe	Trp	Glu	Cys
		115					120					125			
Thr	Glu	Phe	Asn	Thr	Arg	Val	Gln	Gln	Val	Asp	Lys	Leu	Gln	Asn	Arg
		130					135					140			
Glu	Pro	Thr	Lys	Lys	Lys	Ser	Gln	Pro	Arg	Val	Gln	Lys	Lys	Arg	Lys
145					150					155					160
Arg	Arg	Lys	Arg	Leu	Arg	Phe	Gly	Met	Thr	His	Arg	Arg	Pro	Ser	Ala
				165					170					175	
Asn	Thr	Ser	Glu	Asp	Cys	Ala	Asp	Ala	Asp	Glu	Lys	Phe	Gly	Phe	Gln
			180					185					190		
Ser	Gly	Ser	Asp	Phe	Thr	Leu	Asp	Glu	Phe	Gln	Lys	Tyr	Ala	Asp	Glu
		195					200					205			
Phe	Lys	Gln	Gln	Tyr	Phe	Gly	Ile	Lys	Gly	Ser	Asp	Glu	Ile	Pro	Leu
		210				215					220				
Ser	Glu	Ile	Lys	Lys	Lys	Lys	Lys	Asn	Trp	Gln	Pro	Ser	Val	Asp	Glu
225					230					235					240
Ile	Glu	Gly	Glu	Tyr	Trp	Arg	Ile	Val	Val	Cys	Pro	Thr	Asp	Glu	Val
				245					250					255	
Glu	Val	Asp	Tyr	Gly	Ala	Asp	Leu	Asp	Thr	Ser	Met	Phe	Ser	Ser	Gly
				260					265				270		
Phe	Ser	Lys	Leu	Ser	Ser	Asp	Ser	Asn	Arg	Arg	Asp	Pro	Tyr	Gly	Leu
		275					280					285			
Ser	Cys	Trp	Asn	Leu	Asn	Asn	Leu	Pro	Arg	Ile	Pro	Gly	Ser	Val	Leu
		290				295					300				
Ser	Phe	Glu	Thr	Glu	Asp	Ile	Ser	Gly	Val	Val	Val	Pro	Trp	Leu	Tyr
305					310					315					320
Val	Gly	Met	Cys	Phe	Ser	Ser	Phe	Cys	Trp	His	Val	Glu	Asp	His	Phe
				325					330					335	
Leu	Tyr	Ser	Met	Asn	Tyr	Met	His	Phe	Gly	Glu	Pro	Lys	Val	Trp	Tyr
			340					345					350		
Gly	Val	Pro	Gly	Ala	Asp	Ala	Val	Lys	Leu	Glu	Glu	Ala	Met	Arg	Lys
		355					360					365			
Asn	Leu	Pro	Arg	Leu	Phe	Glu	Glu	Gln	Pro	Asp	Leu	Leu	His	Glu	Leu
		370				375					380				
Val	Thr	Gln	Leu	Ser	Pro	Ser	Val	Leu	Lys	Ser	Glu	Gly	Val	Pro	Val
385					390					395					400
Tyr	Arg	Val	Val	Gln	Asn	Pro	Gly	Glu	Phe	Val	Leu	Thr	Leu	Pro	Arg
				405					410					415	
Ala	Tyr	His	Ser	Gly	Phe	Asn	Cys	Gly	Phe	Asn	Cys	Ala	Glu	Ala	Val
			420					425					430		
Asn	Val	Ala	Pro	Val	Asp	Trp	Leu	Pro	His	Gly	Gln	Cys	Ala	Val	Glu
		435					440					445			
Leu	Tyr	Arg	Glu	Gln	Arg	Arg	Lys	Thr	Ser	Ile	Ser	His	Asp	Lys	Leu
		450				455					460				
Leu	Leu	Lys	Thr	Ala	Asn	Glu	Ala	Val	Arg	Gln	Leu	Trp	Met	Asn	Leu
465					470					475					480
Ser	Asp	Cys	Lys	Ser	Glu	Gln	Gly	Val	Tyr	Arg	Trp	Gln	Asp	Thr	Cys
			485						490					495	
Gly	Lys	Asp	Gly	Met	Leu	Thr	Ser	Ala	Ile	Lys	Thr	Arg	Val	Lys	Met
			500					505					510		
Glu	Lys	Ala	Ala	Arg	Gly	Gly	Asn	Met	Ala	Leu	Arg	Tyr	Lys	Lys	Met
		515					520					525			
Asp	Gly	Asp	Tyr	Asp	Ser	Ala	Asp	Arg	Glu	Cys	Phe	Ser	Cys	Phe	Tyr
		530				535					540				
Asp	Leu	His	Leu	Ser	Ala	Val	Ser	Cys	Gln	Cys	Ser	Pro	Asn	Arg	Phe
545					550					555					560
Ala	Cys	Leu	Asn	His	Ala	Asn	Ile	Leu	Cys	Ser	Cys	Glu	Met	Asp	Arg
			565						570					575	
Lys	Thr	Ala	Leu	Leu	Arg	Tyr	Thr	Ile	Glu	Glu	Leu	His	Thr	Leu	Val
			580					585					590		

Ala	Ala	Leu	Glu	Gly	Asp	Pro	Thr	Ala	Val	Tyr	Gln	Trp	Gly	Gln	Asn
		595					600					605			
Asp	Leu	Gly	Leu	Val	Cys	Pro	Ser	Gly	Ser	Thr	Gln	Tyr	Lys	Lys	Met
	610					615					620				
Asp	Leu	Gly	Glu	Asn	Thr	Glu	Phe	Pro	Asp	Ser	Ala	Thr	Asn	Val	Asn
625					630					635					640
His	Gly	Cys	Ser	Leu	Gly	Ser	Gln	Asp	Gln	Tyr	His	Tyr	Asp	Pro	Ala
				645					650					655	
Lys	Pro	Ala	Gly	Tyr	Gln	Gln	Glu	Lys	Gly	Ile	Gln	Ile	Ala	Ser	Glu
			660					665					670		
Lys	His	Asp	Lys	Asn	Lys	Met	Val	Val	Asn	Leu	Glu	Ser	Pro	Ala	Thr
		675					680						685		
Ala	Ser	Asn	Pro	Ser	Arg	Ser	Lys	Ser	Asp	Cys	Ser	Gly	Ser	Leu	Ser
	690					695					700				
Leu	Asn	His	Ser	Ser	Glu	Leu	Pro	Ser	Ser	Arg	Ile	Gln	Thr	Gly	Asn
705					710					715					720
Ser	Thr	Leu	Ala	Ser	Ile	Thr	Thr	Glu	Lys	Leu	Phe	Gly	Val	Asp	Ile
				725					730					735	
Lys	Ser	Asn	Leu	Ala	Gln	Ser	Ser	Asp	Gly	Gln	Val	Ser	Gln	Leu	Ala
			740					745					750		
Lys	Pro	Ser	Ser	Ser	Gln	Thr	Asp	Glu	Val	Ser	Lys	Pro	Ala	Ile	Ala
		755					760						765		
Lys	Tyr	Thr	Val	Glu	Leu	Leu	Asp	Ser	Gly	Thr	Met	Met	Ile	Gly	Lys
	770					775					780				
Lys	Trp	Cys	Asn	Gln	Gln	Ala	Ile	Phe	Pro	Lys	Gly	Phe	Lys	Ser	Arg
785					790					795					800
Val	Thr	Phe	His	Ser	Val	Leu	Asp	Pro	Thr	Arg	Thr	Cys	Cys	Tyr	Ile
				805					810					815	
Ser	Glu	Val	Leu	Asp	Ala	Gly	Leu	Leu	Gly	Pro	Leu	Phe	Arg	Val	Thr
			820					825					830		
Val	Glu	Gly	Leu	Pro	Glu	Val	Ser	Phe	Thr	His	Thr	Ser	Pro	Met	Gln
		835					840						845		
Cys	Trp	Asp	Ser	Val	Arg	Asp	Arg	Val	Asn	Glu	Glu	Ile	Ala	Lys	Gln
	850					855					860				
Ile	Ser	Phe	Gly	Lys	Ser	Gly	Leu	Pro	Asp	Phe	Leu	Ser	Cys	Asn	Ser
865					870					875					880
Leu	Asn	Gly	Leu	Glu	Met	Phe	Gly	Phe	Leu	Ser	Ser	Pro	Ile	Ile	Lys
				885					890					895	
Glu	Ile	Glu	Ala	Leu	Asp	Pro	Cys	His	Gln	Cys	Leu	Asp	Tyr	Trp	Leu
			900					905					910		
Ser	Arg	Val	Ser	Ser	Val	Gly	Thr	Glu	Leu	Pro	Ser	Glu	Ser	Val	Met
		915					920						925		
Ala	Ala	Met	Val	Asn	Asp	Ser	Thr	Asn	Pro	Pro	Ile	Lys	Leu	Leu	Gly
	930					935					940				
Ile	Glu	Ile	Asn	Arg	Arg	Glu	Ser	Glu	Gln	Ser	Ser	Ser	Phe	Asn	Asn
945					950					955					960
Ser	Cys	Val	Arg	Arg	Ser	His	Leu	Ala	Gly	Cys					
				965					970						

<210> 159

<211> 1140

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 159

atgtcatgtt	tgagttggga	gccaccagat	atgtggtcta	aagtacatgg	caccggcact	60
agtcttgaga	tgaaaaacgt	gaaggctatt	gattgtttat	cttgctgtga	ggctgagata	120
tgcactcaag	acttcttcaa	tgggtattat	gaaggctcga	tgtatcaaaa	tctatggcct	180
gaaatgctta	aattgaagga	ctggcctaca	tcaaatacatt	ttgaagagct	tttgccttcc	240
catggagtta	aatacatgaa	ttctttacct	tttcaaccat	acacaaactt	gaagtctggg	300
ttgctgaatg	tctcaacctt	gcttcttgat	gacatcttaa	agcttgacat	gggcccaaaa	360

ES 2 539 530 T3

```

tcatatatag cttatggcta tgcacaggaa cttggtagag gagattctgt tacaaagctt 420
cactgcgatt tgtctgatgc agttaacgtt ttgatgcata ctgctgaagt tgacccttcc 480
gaggaacaaa tagatgcaat aaaaagtttg aaaagaagac atacagcgca aaatgaaaag 540
gagtgttctg ggaatgcaga cggaaattat acatctccta aaatctgtgg ggatgcaaat 600
gagttgtcct gtccataaaa cagtgcagacc aacaagggag gtgctttatg ggatattttt 660
aggaggggaag atgttccaaa actgaaattg tatctcgaca agcattctaa ggaatttcgc 720
catatatact gttctgcagt tcaaaaaggta tgtaaccctg tacatgatga aacattttat 780
ctaacagaag aacacaagag aaaactcaag gaggagcatg gaattgagcc ttggacattt 840
gtacaaaaac ttggggagggc agtattcatt cctgctgggt gtccctcatca agtacggaat 900
cttaagtccct gcaccaagat tgccttggat tttgtatcac ccgagaatgt taaggagtgt 960
ctcagcttaa ccgaggactt ccgaagactt cctaagaacc acagggccaa agaagacaaa 1020
ttagagctag gtgtggttca aaatggaccc aagcccacat accctcgaga aactattcta 1080
aactctcaat gggacatctt gttgtttgca tatcatccaa atagttatga caaagtttaa 1140

```

<210> 160

<211> 379

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 160

```

Met Ser Cys Leu Ser Trp Glu Pro Pro Asp Met Trp Ser Lys Val His
1      5      10
Gly Thr Gly Thr Ser Pro Glu Met Lys Asn Val Lys Ala Ile Asp Cys
20     25     30
Leu Ser Cys Cys Glu Val Glu Ile Cys Thr Gln Asp Phe Phe Asn Gly
35     40     45
Tyr Tyr Glu Gly Arg Met Tyr Gln Asn Leu Trp Pro Glu Met Leu Lys
50     55     60
Leu Lys Asp Trp Pro Thr Ser Asn His Phe Glu Glu Leu Leu Pro Ser
65     70     75     80
His Gly Val Lys Tyr Met Asn Ser Leu Pro Phe Gln Pro Tyr Thr Asn
85     90     95
Leu Lys Ser Gly Leu Leu Asn Val Ser Thr Leu Leu Pro Asp Asp Ile
100    105    110
Leu Lys Leu Asp Met Gly Pro Lys Ser Tyr Ile Ala Tyr Gly Tyr Ala
115    120    125
Gln Glu Leu Gly Arg Gly Asp Ser Val Thr Lys Leu His Cys Asp Leu
130    135    140
Ser Asp Ala Val Asn Val Leu Met His Thr Ala Glu Val Asp Pro Ser
145    150    155    160
Glu Glu Gln Ile Asp Ala Ile Lys Ser Leu Lys Arg Arg His Thr Ala
165    170    175
Gln Asn Glu Lys Glu Cys Ser Gly Asn Ala Asp Gly Asn Tyr Thr Ser
180    185    190
Pro Lys Ile Cys Gly Asp Ala Asn Glu Leu Ser Cys Pro Ile Asn Ser
195    200    205
Glu Thr Asn Lys Gly Gly Ala Leu Trp Asp Ile Phe Arg Arg Glu Asp
210    215    220
Val Pro Lys Leu Lys Leu Tyr Leu Asp Lys His Ser Lys Glu Phe Arg
225    230    235    240
His Ile Tyr Cys Ser Ala Val Gln Lys Val Cys Asn Pro Val His Asp
245    250    255
Glu Thr Phe Tyr Leu Thr Glu Glu His Lys Arg Lys Leu Lys Glu Glu
260    265    270
His Gly Ile Glu Pro Trp Thr Phe Val Gln Lys Leu Gly Glu Ala Val
275    280    285
Phe Ile Pro Ala Gly Cys Pro His Gln Val Arg Asn Leu Lys Ser Cys
290    295    300
Thr Lys Ile Ala Leu Asp Phe Val Ser Pro Glu Asn Val Lys Glu Cys
305    310    315    320
Leu Ser Leu Thr Glu Asp Phe Arg Arg Leu Pro Lys Asn His Arg Ala

```

325 330 335
 Lys Glu Asp Lys Leu Glu Leu Gly Val Val Gln Asn Gly Pro Lys Pro
 340 345 350
 Thr Tyr Pro Arg Glu Thr Ile Leu Asn Ser Gln Trp Asp Ile Leu Leu
 355 360 365
 Phe Ala Tyr His Pro Asn Ser Tyr Asp Lys Val
 370 375

<210> 161

<211> 2577

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<400> 161

atgcaacagg	tggaggggcag	gaactgtctt	cctgcggagg	tcaggattgg	cctcgagacg	60
ctcaagaggc	gccggcttga	gaggatgcgt	ttgactgctc	agaacaatgc	cggcgacggt	120
cctcgggtgc	ccgcaaggag	cgggtgggat	gcgctaagga	ctcccgcaaa	ctgcgggggtc	180
aggttgcatg	ctaacaatgg	cacagctcta	cctagcagaa	ccacccagaa	caaggaccct	240
tttgcaaagc	gcagggtgga	caagtttgat	atgtctagcc	tagaatggat	tgacaagatc	300
gaagaatgcc	ctgtgtacta	tctaccaag	gaggagtctg	aggatcccat	tggttatata	360
cagaagattg	cacctgtggc	ttcgaaatac	ggaatttgca	aaatcgtatc	tccagtaagc	420
gcttctgttc	ctgctgggtg	cgtgttgatg	aaggaacagc	ctggtttcaa	gttcatgacc	480
agggttcagc	cgtttcgctt	cgccaaatgg	gctgaagatg	acacggtcac	tttcttcatg	540
agcgaaagaa	agtacacttt	cggggattat	gagaaaatgg	ccaacaagg	gttcgcccaag	600
aaatactcaa	gtgctagtgg	tctccagct	aagtacgtgg	aggaggaatt	ctggcgcgaa	660
attgcttttg	gtaaaatgga	ttttgttgaa	tatgctgtg	atgttgatgg	tagtgctttc	720
tctctctctc	ctcatgatca	acttgggaaa	agcaactgga	acttgaagaa	tttttcacgg	780
ctttccaatt	ctgtgcttag	acttctgcag	acaccaattc	caggagtaac	agatccaatg	840
ctttatatcg	ggatgctctt	cagcatgttt	gcttggcatg	tggaagatca	ttatttgtac	900
agcatcaatt	accatcattg	tggggcattt	aagacatggt	atggcatacc	gggtgatgct	960
gctcctgggt	ttgaaaagg	ggctagccag	tttgatatca	acaaggatat	tttggttggt	1020
gaaggagagg	atgcagcatt	tgatgttctc	ttggggaaga	caacaatggt	cccccaaat	1080
gtcttggttag	accacaacgt	tctgttttat	aaagctgtgc	aaaaacctgg	ggagtgtgtc	1140
attactttcc	ctcgttctta	ccacgggggt	ttcagccaag	gcttcaattg	tgggcagggt	1200
gtcaactttg	ctatcagtg	ctgggttctc	ctgggttctg	tgggcagcag	acgctacgcg	1260
cttctgaaca	gaacaccttt	gcttgcaac	gaggagtta	tttgccgttc	tgcatgtgct	1320
ctgtcccaca	aactgtttaa	cagcgaccca	aaatccctca	ataaatctga	gcataccat	1380
tcacacggtt	gtttgaagtc	ttgctttgtg	cagttgatgc	gattccagag	aaacacacgt	1440
ggcctacttg	ctaaaatggg	ctctcagata	cattataagc	caaaaacata	ccogaatctc	1500
tcatgtagca	tgtgtcggcg	tgattgctac	attacacatg	tggtgtgtgg	atgcaacttt	1560
gacccagttc	gtcttcatca	cgaacaagaa	ctcggagct	gcccttgtaa	atctaaccag	1620
gttgctctac	ttagggagga	catacaggag	ctagaagctc	tatcaagaaa	atttgagaag	1680
gatatttget	tggataagga	aataagtgg	tttgactcat	acaagcaggc	cgaaaagaa	1740
gagccatttt	ttgagataac	tgggaacctc	aggaacactg	aagtaaattt	gatagaggat	1800
gccttctcag	gagcaactgc	tgctgatgct	gcaaaagatt	ctcctgcaac	gtcaacactg	1860
acatcttttg	cacaacatga	tgtgcctgtt	ccttgctgaag	caattgtctg	tgctaataca	1920
gccgaccaat	tatactccac	caccgagcaa	accatcagct	cacctttagt	caaagggaact	1980
gatgctgtgg	gtgcaaattc	atccagcatg	gctgatgcta	ataacggaac	tggttcttgt	2040
aatgcttcag	ctgtggaata	cagtggaaat	tcagattctg	aatctgaaat	atttcgagtc	2100
aagcgcagg	ctggcgtatc	agtaaaagct	gcattctgat	ccaagacatc	aaacttgtct	2160
gatcaacagg	ttctcaggcg	gttgaagaag	gtgcgcctcg	aaatacaaca	gcacaataag	2220
cgaccagaag	actatggtca	ctgttcagtt	ccctcaggtc	gtatgagtat	gaagaatttg	2280
aattcactct	cctcatgtgg	tgaagaacac	tggaggatga	agcggcgcca	gttggagact	2340
cagcaggatg	agagcagtta	ttctgcaaag	cagaagtctg	actcgtatcc	atccaccagc	2400
tattctttcc	gaggagagtt	tgtggaatg	agtagagatg	ctgctgcaga	agtcggacca	2460
aagcgactga	aaatccggct	accttcttct	agcacgaaca	gagtgggttg	gcaggggcag	2520
tcaggggcaaa	gatttacaag	ggatgacaag	tcgcttggtt	gttggcctgc	aatttag	2577

<210> 162

<211> 858

<212> PRT

ES 2 539 530 T3

<213> *Oryza sativa*

<400> 162

Met	Gln	Gln	Val	Glu	Gly	Arg	Asn	Cys	Leu	Pro	Ala	Glu	Val	Arg	Ile
1				5					10					15	
Gly	Leu	Glu	Thr	Leu	Lys	Arg	Arg	Arg	Leu	Glu	Arg	Met	Arg	Leu	Thr
			20					25					30		
Ala	Gln	Asn	Asn	Ala	Gly	Asp	Gly	Pro	Pro	Val	Pro	Ala	Arg	Ser	Gly
		35					40					45			
Gly	Asp	Ala	Leu	Arg	Thr	Pro	Ala	Asn	Cys	Gly	Val	Arg	Leu	His	Ala
	50					55					60				
Asn	Asn	Gly	Thr	Ala	Leu	Pro	Ser	Arg	Thr	Thr	Gln	Asn	Lys	Asp	Pro
65					70					75					80
Phe	Ala	Lys	Arg	Arg	Val	Asp	Lys	Phe	Asp	Met	Ser	Ser	Leu	Glu	Trp
				85					90					95	
Ile	Asp	Lys	Ile	Glu	Glu	Cys	Pro	Val	Tyr	Tyr	Pro	Thr	Lys	Glu	Glu
			100					105					110		
Phe	Glu	Asp	Pro	Ile	Gly	Tyr	Ile	Gln	Lys	Ile	Ala	Pro	Val	Ala	Ser
		115					120					125			
Lys	Tyr	Gly	Ile	Cys	Lys	Ile	Val	Ser	Pro	Val	Ser	Ala	Ser	Val	Pro
	130					135					140				
Ala	Gly	Val	Val	Leu	Met	Lys	Glu	Gln	Pro	Gly	Phe	Lys	Phe	Met	Thr
145					150					155					160
Arg	Val	Gln	Pro	Leu	Arg	Leu	Ala	Lys	Trp	Ala	Glu	Asp	Asp	Thr	Val
				165					170					175	
Thr	Phe	Phe	Met	Ser	Glu	Arg	Lys	Tyr	Thr	Phe	Arg	Asp	Tyr	Glu	Lys
			180					185					190		
Met	Ala	Asn	Lys	Val	Phe	Ala	Lys	Lys	Tyr	Ser	Ser	Ala	Ser	Cys	Leu
		195					200					205			
Pro	Ala	Lys	Tyr	Val	Glu	Glu	Glu	Phe	Trp	Arg	Glu	Ile	Ala	Phe	Gly
	210					215					220				
Lys	Met	Asp	Phe	Val	Glu	Tyr	Ala	Cys	Asp	Val	Asp	Gly	Ser	Ala	Phe
225					230					235					240
Ser	Ser	Ser	Pro	His	Asp	Gln	Leu	Gly	Lys	Ser	Asn	Trp	Asn	Leu	Lys
				245					250					255	
Asn	Phe	Ser	Arg	Leu	Ser	Asn	Ser	Val	Leu	Arg	Leu	Leu	Gln	Thr	Pro
			260					265					270		
Ile	Pro	Gly	Val	Thr	Asp	Pro	Met	Leu	Tyr	Ile	Gly	Met	Leu	Phe	Ser
		275					280					285			
Met	Phe	Ala	Trp	His	Val	Glu	Asp	His	Tyr	Leu	Tyr	Ser	Ile	Asn	Tyr
	290					295					300				
His	His	Cys	Gly	Ala	Phe	Lys	Thr	Trp	Tyr	Gly	Ile	Pro	Gly	Asp	Ala
305					310					315					320
Ala	Pro	Gly	Phe	Glu	Lys	Val	Ala	Ser	Gln	Phe	Val	Tyr	Asn	Lys	Asp
				325					330					335	
Ile	Leu	Val	Gly	Glu	Gly	Glu	Asp	Ala	Ala	Phe	Asp	Val	Leu	Leu	Gly
			340					345					350		
Lys	Thr	Thr	Met	Phe	Pro	Pro	Asn	Val	Leu	Leu	Asp	His	Asn	Val	Pro
		355					360					365			
Val	Tyr	Lys	Ala	Val	Gln	Lys	Pro	Gly	Glu	Phe	Val	Ile	Thr	Phe	Pro
	370					375					380				
Arg	Ser	Tyr	His	Ala	Gly	Phe	Ser	His	Gly	Phe	Asn	Cys	Gly	Glu	Ala
385					390					395					400
Val	Asn	Phe	Ala	Ile	Ser	Asp	Trp	Phe	Pro	Leu	Gly	Ser	Val	Ala	Ser
				405					410					415	
Arg	Arg	Tyr	Ala	Leu	Leu	Asn	Arg	Thr	Pro	Leu	Leu	Ala	His	Glu	Glu
			420					425					430		
Leu	Leu	Cys	Arg	Ser	Ala	Val	Leu	Leu	Ser	His	Lys	Leu	Leu	Asn	Ser
		435					440					445			
Asp	Pro	Lys	Ser	Leu	Asn	Lys	Ser	Glu	His	Pro	His	Ser	Gln	Arg	Cys

ES 2 539 530 T3

450		455		460
Leu Lys Ser Cys Phe Val	Gln Leu Met Arg Phe	Gln Arg Asn Thr Arg		
465	470	475	480	
Gly Leu Leu Ala Lys Met	Gly Ser Gln Ile His	Tyr Lys Pro Lys Thr		
485	490	495		
Tyr Pro Asn Leu Ser Cys	Ser Met Cys Arg Arg	Asp Cys Tyr Ile Thr		
500	505	510		
His Val Leu Cys Gly Cys	Asn Phe Asp Pro Val	Cys Leu His His Glu		
515	520	525		
Gln Glu Leu Arg Ser Cys	Pro Cys Lys Ser Asn	Gln Val Val Tyr Val		
530	535	540		
Arg Glu Asp Ile Gln Glu	Leu Glu Ala Leu Ser	Arg Lys Phe Glu Lys		
545	550	555	560	
Asp Ile Cys Leu Asp Lys	Glu Ile Ser Gly Phe	Asp Ser Tyr Lys Gln		
565	570	575		
Ala Glu Lys Asn Glu Pro	Phe Phe Glu Ile Thr	Arg Asn Leu Arg Asn		
580	585	590		
Thr Glu Val Asn Leu Ile	Glu Asp Ala Phe Ser	Gly Ala Thr Ala Ala		
595	600	605		
Asp Ala Ala Lys Ser Ser	Pro Ala Thr Ser Thr	Leu Thr Ser Phe Ala		
610	615	620		
Gln His Asp Val Pro Val	Leu Ala Glu Ala Ile	Val Cys Ala Asn Gln		
625	630	635	640	
Ala Asp Gln Leu Tyr Ser	Thr Thr Glu Gln Thr	Ile Ser Ser Pro Leu		
645	650	655		
Val Lys Gly Thr Asp Ala	Val Gly Ala Asn Ser	Ser Ser Met Ala Asp		
660	665	670		
Ala Asn Asn Gly Thr Gly	Ser Cys Asn Ala Ser	Ala Val Glu Tyr Ser		
675	680	685		
Gly Asn Ser Asp Ser Glu	Ser Glu Ile Phe Arg	Val Lys Arg Arg Ser		
690	695	700		
Gly Val Ser Val Lys Pro	Ala Ser Asp Ala Lys	Thr Ser Asn Leu Ser		
705	710	715	720	
Asp Gln Gln Val Leu Arg	Arg Arg Leu Lys Lys	Val Arg Pro Glu Ile Gln		
725	730	735		
Gln His Asn Lys Arg Pro	Glu Asp Tyr Gly His	Cys Ser Val Pro Ser		
740	745	750		
Gly Arg Met Ser Met Lys	Asn Leu Asn Ser Ser	Ser Ser Cys Gly Glu		
755	760	765		
Glu His Trp Arg Met Lys	Arg Arg Gln Leu Glu	Thr Gln Gln Asp Glu		
770	775	780		
Ser Ser Tyr Ser Ala Lys	Gln Lys Ser Tyr Ser	Tyr Pro Ser Thr Ser		
785	790	795	800	
Tyr Ser Phe Arg Gly Glu	Phe Val Glu Met Ser	Arg Asp Ala Ala Ala		
805	810	815		
Glu Val Arg Pro Lys Arg	Leu Lys Ile Arg Leu	Pro Ser Ser Ser Thr		
820	825	830		
Asn Arg Val Val Glu Gln	Gly Ser Ser Gly Gln	Arg Phe Thr Arg Asp		
835	840	845		
Asp Lys Ser Leu Gly Cys	Trp Pro Ala Ile			
850	855			

<210> 163

<211> 1566

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 163

atgccgagcg	ccttccactc	cctcctcctc	cccgccattc	gcaaccccaa	acctagccgt	60
cgccgcggcc	gcggccgcgg	cggcagcaaa	cgccccaaga	agaccaccaa	atccaagaac	120
cgcccgccgc	acgcgcgcgc	cggagacgcc	accgccttcc	acctgaagac	ctccgcgcgc	180

ES 2 539 530 T3

```

gccgggtccgg ggggtgccgg gagcgggcgg cgaggcgatg ggggatgcct cgtgcagccg 240
ctcggcaacc tcctcctcct cggcgggcgg ggcaacctcc gcgacgcggg gctcggcgcg 300
ctccgcccgc tcccgcacga cgtcctcctc gacgtgctcg gcctgctcgc ggcgcgcgac 360
ctcgtctaggc tctccgcggc gtcgagggcg ctctacgtcg tcgctccca cgaccgcgtc 420
tggcgggcgc tcgtcctcga cgagctcggc ggggacttcg ccttctcggg ctcggtggcg 480
gccacctaca tcgcccgcgc gtcggggcgg cgcgccacc tcccccgcg gggcctagag 540
atcaggggggt tctactccga ctacctcttc cagagctggc tctgcgcaa catggagatg 600
cggccggagt ggctccaccg ggacaccatc gatcgccgcc gcggcatgtc cgtcgagcaa 660
ttcgtctccg aattcgagga gcccaatagg ccggtgcttc tggaggctg cctcgagagc 720
tggccagcat tgcagaagtg gaccagggag cacttgctga aggtctcggc cgggaaggag 780
ttcgccgtcg ggccggtgag catgacgctg gataggtacc tccagtatgc cgacaatgtg 840
caggaggaga gccattgta cctgttcgat gccaaattca ccgagaaggt gccggagatg 900
gggagggact atgaggtgcc ggcgtaacttc cgagaggacc tattcggggg gcttgggggag 960
gaaaggccgg accaccgatg gggttatcatt gggccggcag gttcagggtc gtcgtttcat 1020
gttgatccaa actcgacatc ggcggtggaat gctgtgatca agggagccaa gaagtgggtg 1080
atgttccac cgagagtggt gccgccagga gttcatccaa gtgcggatgg agcagaagtc 1140
actagccctg tatctatcat ggaatgggtc atgaattttt atggggcatg taagacctgg 1200
gaaaagaggc ctgttgagtg tatatgccgg gctggagagg tggtttttgt gcctaattgga 1260
tgggtggcatt tggttatcaa tctggaggaa tctattgcga ttactcagaa ttatgtgagc 1320
aggaggaatc tgttgaaatg tcttgacttt ctcaaggagg ccaatgcaag tgaacttgta 1380
tcagggacta cagacagggt aaacctgcac gacaagttcc gcaatgccat cgatatgact 1440
tatcctggga tgattaaaca gottgaactt gaagctcagc agaaggctgc tgctcgcaag 1500
aagaaagtct cgttctggga atctgcggta gatgccaaata ctggaggatt caagttctca 1560
ttctga

```

<210> 164

<211> 521

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 164

```

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

```

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

<210> 165

<211> 432

<212> ADN

5

<213> *Oryza sativa*

<400> 165

atggtggcag acagcgcggt cggcgtgcac ggcagtgccg ccgacagtggt gtcgggtgccg 60
tcggcgccga cggcgccaga gagggaacgc gaggcgagg ctacgcggga cacaaggca 120
gcggcggtgg agccgccaga gtggtctgac accctgccg tggcgccga gtaccaccg 180
acgctggtgg agttcgccga cccatcgcc tacatcctca ggatcaagcc cgaggcgcc 240
cgcaacggca ttgcaagat ccaggtcggc ctctccacca agaaccgccg tgcgcgcagc 300
cgccgagtggt gggagagcgg ggagcgctac accctggagg cgttctgcgc caaggtgcc 360
gagttcgagc cctcgaggca cgccgactg cccaagaacc ccaccacct ccagctcaag 420
gccctcttct ag 432

<210> 166

<211> 143

10

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 166

ES 2 539 530 T3

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

<210> 167

<211> 4101

5

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 167

atgtcgtctgc	agccgcgcggc	ggtggagccg	ccggagtggc	tgoggacgct	gcccgtggcg	60
ccggagtacc	acccgacgct	ggcggagttc	gccgacccca	tcgcctacat	cctcaggatc	120
gagccggagg	cgtcccgccta	cggcatctgc	aagatcgtgc	ccccgctccc	gcccgcctccc	180
gaggacgaca	ccttccgcgcg	cctccaggcc	gccttcgcgcg	ccgcggcctc	ctccaatggc	240
gacccctccc	cgaccttccc	cacgcggctc	cagcaggctc	gcctctccgc	caggaaccgc	300
cgcgcgcgca	gcccgcgggt	gtgggagagc	ggggagcgct	acacccctgga	ggcgttccgc	360
gccaaggcgg	ccgagttcga	gcccccgagg	cacgcgcgcg	cgcgccaggaa	ccccacccac	420
ctccagctcg	aggccctctt	ctgggcgcgc	tcgcgcctcca	ggcccttcag	cgtcgagtac	480
ggcaacgaca	tgcccggtc	cggcttcgcc	tccccgcagc	agctccccga	cgcgcgcaat	540
gccaccgacg	tcggggagac	ggagtggaa	atgcgggtgg	cgcgccgcgc	ccgggggtcg	600
ctgctccgcg	ccatggcccg	cgaagtggcg	ggcgtcacca	ccccgatgct	gtacgtggcc	660
atgctctaca	gctggttcgc	ctggcacgtg	gaggaccacg	agctccacag	cctcaacttc	720
ctccacttcg	gcaaggccaa	gacctggtac	ggcgcccccc	gcgacgccat	ggcgcccttc	780
gaggagacgg	tcgcgcgtcca	cggctacgcc	gacgacctca	acgccatcat	ggcctttcaa	840
acgttaaagt	agaagacaa	tgtcttatct	cctgaggtgc	ttctttctgc	tggtgttccc	900
tgctgcagat	tgggtcaaaa	agcgggagaa	tttggttatca	cattccctgg	agcttatcat	960
tcaggcttta	gccatggatt	taattgtggg	gaagcatcaa	atattgcaac	tccccattgg	1020
ttacaagtgg	ctaaagaagc	tgcaatccgg	agggcttcaa	ctaattgtgg	tcgatgggtg	1080
tctcattatc	agctgcttta	tgagctagca	ctctcattgc	gtccaaggga	gcctaagaat	1140
ttctattctg	ttccaagaag	ctcacgttta	agggacaaga	ataagaatga	aggtgatata	1200
atggtcaaa	aaaattttgt	tggagtgtga	accgaaaaca	acaatttgc	tagcgccctt	1260
ctggataaga	attcttgtat	aattgttcca	aacgctgatt	tcttcggttc	atcctttcct	1320
gttgactctg	aatctgaagt	tactgttaaa	caaagggtta	cagctgggtc	ctgcagtatt	1380
agccagcaag	gagcagaaaa	tatggctgct	gatcatgtgg	ctgtagacaa	ggttacagag	1440
attcaggaca	tgagtggatc	cttatatcct	tgtgaaacca	gtcttgtggg	ctgtagcaat	1500
agaaaacttt	atgaaacaaa	atatggccaa	cgggatgctg	ctgctttgtg	cttatctact	1560
tcagagattc	agagcagagg	aattgatata	gcaagatcac	atccagcagg	cgggatctta	1620
gatcaaggac	ggttgccatg	tgtacagtgc	ggaatactaa	gctttgcatg	tgtagccatc	1680
attcaacctc	gagaagcagc	agtacagttt	atcatgtcta	aagagtgcac	ctcatcgagt	1740
gcaaaacaag	gaggaattgg	tgcatctgat	gatacctcaa	actggattga	ccagagtcac	1800
gagattagtc	ctccaccagg	tccagcatct	ggaacagatg	ataatgtaaa	gcacgcccga	1860
agtttggccc	atgtctctga	tcgggtgtga	gaactatatg	ccagcaatac	agatggatgc	1920
acctctgctc	ttgggcttct	agcttctgca	tatgactcat	cagactctga	tgatgaaaca	1980
actgaggatg	tttcaaaaaca	tagcaagaaa	aatgattcag	taaaccaaa	cacggatcct	2040
caaactcttg	aaacatcagc	tagctgttcc	agtacagttc	agtgtcaaaa	gacaaattca	2100
cacttgcatg	aagaggaatg	tgaggcaaga	gccacatcat	tgatgaaacc	tgtaagccat	2160
aatagtaggc	ccattagtca	gtctaacagg	gatacagata	tcgaccattt	tatagaactg	2220
ggaaagtcat	gaacacagtg	ttcagggttat	cttgatttgg	ttgatgatct	aactacatca	2280
gttttaaaat	cctcttcaga	tacttgtgta	agtgcagcta	aagcctcaat	ggatccagat	2340

```

gttttgacca tgctcaggta caataaagac ttttgcagaa tgcattgtgt ttgtcttgaa 2400
catgcttttg aaacatggac acagcttcaa caaatcggtg gtgctaatat tatgcttttg 2460
tgccatccag aataccctag agcagagtca gcagcaaaag tcatagcaga agaacttggt 2520
atcaagcatg attggaaga tatcactttc aaagaagcaa ctgaagagga cgttaaaaaag 2580
attcagtttg ctttacagga tgaagatgct gaacccactg gcagtgactg ggcagtcaaa 2640
atgggtatca acatatatta cagtgccaaa cagagcaaat caccacttta cagcaagcag 2700
ataccataca attccatcat ttataaggca tttggccaag aaaaccaga cagtttgaca 2760
gattatggat gtcaaaagtc aggtcaaca aagaaaaagg tggctgggtg gtggtgtggg 2820
aaagtttgga tgtcaaatca agttcatcca cttctagctc gtgagcgtga agaacagaac 2880
agtagcgtag tgtacggcaa agcaatgttc actactatct cccatggcaa agtacaagat 2940
gaagcgtcaa caagatgcaa tacaagcaac cgaaccccat caagaagaac atcaagaaga 3000
aaaaaggggg tatctgctga gaaatctaaa ccaaaaaaca agagatccac tgcttctgat 3060
gaagctagta tgctttgcag tggccttgga atgaactctg gagttatcca tgaccaaact 3120
gaaaactctg atgattatga caaacatggc aatggagatg aaattgagga aggaacaaat 3180
cctcagaaat atcaacaacg taaattgcaa aacgtgacca ggaaatcaag ttctaagaag 3240
cggaaggatg agaaaagaac agatagtttt catgaactat atgacgagga taatggtgtg 3300
gattattggc ttaacatggg tagtggagat gatgccacac taggtaactc tcgacaacaa 3360
agtcctgata cagtgaagt gaaatctgga ggcaaattgc aaggtaaagag aaaatctagc 3420
aagtacaagt ccaatgatga tttgttgaat gaagaaaata agttacaaa gatgaacaaa 3480
aaatcaagct ctaagaagca aaagaatgat aagataaata gacaacttca agaagatcaa 3540
accgaagatg accatatgga ccacttagtt gacgtagcgg ttgcagatga agtcacacta 3600
gacaatgagg ataaaattac agaagacaaa attgatgacg tgaaagtga atctagagga 3660
aaatcgcaaa atggtgaagag aaaaggcagc aaacatcagg ctaccgatgg ttgctgctg 3720
ggaaataaag tggccaaatt tccgtgtgat atagaaggat gtgacatgag cttcagtacc 3780
cagcaggact tggtattgca taagcgtgac atttgtcctg tcaaaggatg caagaagaag 3840
ttcttctgcc acaagtactt gcttcagcac cggaagggtg atatatagta aaggccactt 3900
aagtgtacat ggaaggggtg taagaaggca ttcaagtggc catgggcgag gacggagcac 3960
atgagagtc atacgggggt aagaccttac gagtgcagg aacctggctg tggtcagaca 4020
ttccgattcg tttcagattt cagccgccac aagagaaaga ctggccattc ctctgataag 4080
agaagaaaga acagtacata a 4101

```

<210> 168

<211> 1366

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 168

```

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

```

Val	Ala	Pro	Arg	Ala	Arg	Gly	Ser	Leu	Leu	Arg	Ala	Met	Ala	Arg	Asp
		195					200					205			
Val	Ala	Gly	Val	Thr	Thr	Pro	Met	Leu	Tyr	Val	Ala	Met	Leu	Tyr	Ser
		210				215					220				
Trp	Phe	Ala	Trp	His	Val	Glu	Asp	His	Glu	Leu	His	Ser	Leu	Asn	Phe
225					230					235					240
Leu	His	Phe	Gly	Lys	Ala	Lys	Thr	Trp	Tyr	Gly	Val	Pro	Arg	Asp	Ala
				245					250					255	
Met	Leu	Ala	Phe	Glu	Glu	Thr	Val	Arg	Val	His	Gly	Tyr	Ala	Asp	Asp
			260					265						270	
Leu	Asn	Ala	Ile	Met	Ala	Phe	Gln	Thr	Leu	Asn	Glu	Lys	Thr	Thr	Val
		275					280					285			
Leu	Ser	Pro	Glu	Val	Leu	Leu	Ser	Ala	Gly	Val	Pro	Cys	Cys	Arg	Leu
		290					295				300				
Val	Gln	Lys	Ala	Gly	Glu	Phe	Val	Ile	Thr	Phe	Pro	Gly	Ala	Tyr	His
305					310					315					320
Ser	Gly	Phe	Ser	His	Gly	Phe	Asn	Cys	Gly	Glu	Ala	Ser	Asn	Ile	Ala
				325					330					335	
Thr	Pro	His	Trp	Leu	Gln	Val	Ala	Lys	Glu	Ala	Ala	Ile	Arg	Arg	Ala
			340					345						350	
Ser	Thr	Asn	Cys	Gly	Pro	Met	Val	Ser	His	Tyr	Gln	Leu	Leu	Tyr	Glu
			355				360							365	
Leu	Ala	Leu	Ser	Leu	Arg	Pro	Arg	Glu	Pro	Lys	Asn	Phe	Tyr	Ser	Val
						375					380				
Pro	Arg	Ser	Ser	Arg	Leu	Arg	Asp	Lys	Asn	Lys	Asn	Glu	Gly	Asp	Ile
385					390					395					400
Met	Val	Lys	Glu	Asn	Phe	Val	Gly	Ser	Val	Thr	Glu	Asn	Asn	Asn	Leu
				405					410					415	
Leu	Ser	Ala	Leu	Leu	Asp	Lys	Asn	Ser	Cys	Ile	Ile	Val	Pro	Asn	Ala
			420					425						430	
Asp	Phe	Phe	Val	Pro	Ser	Phe	Pro	Val	Ala	Leu	Glu	Ser	Glu	Val	Thr
			435				440					445			
Val	Lys	Gln	Arg	Phe	Thr	Ala	Gly	Pro	Cys	Ser	Ile	Ser	Gln	Gln	Gly
						455					460				
Ala	Glu	Asn	Met	Ala	Ala	Asp	His	Val	Ala	Val	Asp	Lys	Val	Thr	Glu
465					470					475					480
Ile	Gln	Asp	Met	Ser	Gly	Ser	Leu	Tyr	Pro	Cys	Glu	Thr	Ser	Leu	Val
				485					490					495	
Gly	Cys	Ser	Asn	Arg	Lys	Leu	Tyr	Glu	Thr	Lys	Tyr	Gly	Gln	Arg	Asp
			500					505						510	
Ala	Ala	Ala	Leu	Cys	Leu	Ser	Thr	Ser	Glu	Ile	Gln	Ser	Arg	Gly	Ile
			515				520					525			
Asp	Thr	Ala	Arg	Ser	His	Pro	Ala	Gly	Gly	Ile	Leu	Asp	Gln	Gly	Arg
						535					540				
Leu	Pro	Cys	Val	Gln	Cys	Gly	Ile	Leu	Ser	Phe	Ala	Cys	Val	Ala	Ile
545					550					555					560
Ile	Gln	Pro	Arg	Glu	Ala	Ala	Val	Gln	Phe	Ile	Met	Ser	Lys	Glu	Cys
				565					570					575	
Ile	Ser	Ser	Ser	Ala	Lys	Gln	Gly	Gly	Ile	Gly	Ala	Ser	Asp	Asp	Thr
				580				585						590	
Ser	Asn	Trp	Ile	Asp	Gln	Ser	His	Glu	Ile	Ser	Pro	Pro	Pro	Gly	Pro
		595					600					605			
Ala	Ser	Gly	Thr	Asp	Asp	Asn	Val	Lys	His	Ala	Val	Ser	Leu	Ala	His
						615					620				
Val	Ser	Asp	Arg	Cys	Arg	Glu	Leu	Tyr	Ala	Ser	Asn	Thr	Asp	Gly	Cys
625					630					635					640
Thr	Ser	Ala	Leu	Gly	Leu	Leu	Ala	Ser	Ala	Tyr	Asp	Ser	Ser	Asp	Ser
				645					650					655	
Asp	Asp	Glu	Thr	Thr	Glu	Asp	Val	Ser	Lys	His	Ser	Lys	Lys	Asn	Asp
				660				665						670	
Ser	Val	Asn	Gln	Ser	Thr	Asp	Pro	Gln	Ile	Leu	Glu	Thr	Ser	Ala	Ser

675						680						685					
Cys	Ser	Ser	Thr	Val	Gln	Cys	Gln	Lys	Thr	Asn	Ser	His	Leu	His	Glu		
690						695					700						
Glu	Glu	Cys	Glu	Ala	Arg	Ala	Thr	Ser	Leu	Met	Lys	Pro	Val	Ser	His		
705					710					715					720		
Asn	Ser	Arg	Pro	Ile	Ser	Gln	Ser	Asn	Arg	Asp	Thr	Asp	Ile	Asp	His		
				725						730					735		
Phe	Ile	Glu	Leu	Gly	Lys	Ser	Gly	Thr	Gln	Cys	Ser	Gly	Tyr	Leu	Asp		
			740					745					750				
Leu	Val	Asp	Asp	Leu	Thr	Thr	Ser	Val	Leu	Lys	Ser	Ser	Ser	Asp	Thr		
		755				760						765					
Cys	Val	Ser	Ala	Ala	Lys	Ala	Ser	Met	Asp	Pro	Asp	Val	Leu	Thr	Met		
770						775					780						
Leu	Arg	Tyr	Asn	Lys	Asp	Ser	Cys	Arg	Met	His	Val	Phe	Cys	Leu	Glu		
785					790					795					800		
His	Ala	Leu	Glu	Thr	Trp	Thr	Gln	Leu	Gln	Gln	Ile	Gly	Gly	Ala	Asn		
				805					810						815		
Ile	Met	Leu	Leu	Cys	His	Pro	Glu	Tyr	Pro	Arg	Ala	Glu	Ser	Ala	Ala		
			820					825					830				
Lys	Val	Ile	Ala	Glu	Glu	Leu	Gly	Ile	Lys	His	Asp	Trp	Lys	Asp	Ile		
		835					840					845					
Thr	Phe	Lys	Glu	Ala	Thr	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Lys	Ile	Gln	Leu	Ala		
	850					855					860						
Leu	Gln	Asp	Glu	Asp	Ala	Glu	Pro	Thr	Gly	Ser	Asp	Trp	Ala	Val	Lys		
865					870					875					880		
Met	Gly	Ile	Asn	Ile	Tyr	Tyr	Ser	Ala	Lys	Gln	Ser	Lys	Ser	Pro	Leu		
			885						890					895			
Tyr	Ser	Lys	Gln	Ile	Pro	Tyr	Asn	Ser	Ile	Ile	Tyr	Lys	Ala	Phe	Gly		
			900				905						910				
Gln	Glu	Asn	Pro	Asp	Ser	Leu	Thr	Asp	Tyr	Gly	Cys	Gln	Lys	Ser	Gly		
		915					920					925					
Ser	Thr	Lys	Lys	Lys	Val	Ala	Gly	Trp	Trp	Cys	Gly	Lys	Val	Trp	Met		
	930					935					940						
Ser	Asn	Gln	Val	His	Pro	Leu	Leu	Ala	Arg	Glu	Arg	Glu	Glu	Gln	Asn		
945					950					955					960		
Ser	Ser	Val	Val	Tyr	Gly	Lys	Ala	Met	Phe	Thr	Thr	Ile	Ser	His	Gly		
				965					970					975			
Lys	Val	Gln	Asp	Glu	Ala	Ser	Thr	Arg	Cys	Asn	Thr	Ser	Asn	Arg	Thr		
			980					985					990				
Pro	Ser	Arg	Arg	Thr	Ser	Arg	Arg	Lys	Lys	Gly	Val	Ser	Ala	Glu	Lys		
		995				1000					1005						
Ser	Lys	Pro	Lys	Asn	Lys	Arg	Ser	Thr	Ala	Ser	Asp	Glu	Ala	Ser			

Asn	Lys	Lys	Ser	Ser	Ser	Lys	Lys	Gln	Lys	Asn	Asp	Lys	Ile	Asn
1160						1165					1170			
Arg	Gln	Leu	Gln	Glu	Asp	Gln	Thr	Glu	Asp	Asp	His	Met	Asp	His
1175						1180					1185			
Leu	Val	Asp	Val	Ala	Val	Ala	Asp	Glu	Val	Thr	Leu	Asp	Asn	Glu
1190						1195					1200			
Asp	Lys	Ile	Thr	Glu	Asp	Lys	Ile	Asp	Asp	Val	Lys	Val	Lys	Ser
1205						1210					1215			
Arg	Gly	Lys	Ser	Gln	Asn	Gly	Lys	Arg	Lys	Gly	Ser	Lys	His	Gln
1220						1225					1230			
Ala	Thr	Asp	Gly	Leu	Arg	Ala	Gly	Asn	Lys	Val	Ala	Lys	Phe	Pro
1235						1240					1245			
Cys	Asp	Ile	Glu	Gly	Cys	Asp	Met	Ser	Phe	Ser	Thr	Gln	Gln	Asp
1250						1255					1260			
Leu	Leu	Leu	His	Lys	Arg	Asp	Ile	Cys	Pro	Val	Lys	Gly	Cys	Lys
1265						1270					1275			
Lys	Lys	Phe	Phe	Cys	His	Lys	Tyr	Leu	Leu	Gln	His	Arg	Lys	Val
1280						1285					1290			
His	Ile	Asp	Glu	Arg	Pro	Leu	Lys	Cys	Thr	Trp	Lys	Gly	Cys	Lys
1295						1300					1305			
Lys	Ala	Phe	Lys	Trp	Pro	Trp	Ala	Arg	Thr	Glu	His	Met	Arg	Val
1310						1315					1320			
His	Thr	Gly	Val	Arg	Pro	Tyr	Glu	Cys	Gln	Glu	Pro	Gly	Cys	Gly
1325						1330					1335			
Gln	Thr	Phe	Arg	Phe	Val	Ser	Asp	Phe	Ser	Arg	His	Lys	Arg	Lys
1340						1345					1350			
Thr	Gly	His	Ser	Ser	Asp	Lys	Arg	Arg	Lys	Asn	Ser	Thr		
1355						1360					1365			

<210> 169

<211> 1242

<212> ADN

5

<213> Max glicina

<400> 169

atgttgacga	caactgtatc	cggcggcgac	cctccttctc	gcgggttttga	tacgcgcgac	60
ctggaccggg	aagcggcggc	gctgctccac	gcgatctccg	agcatggcgg	gtacgcgtac	120
gtgagcatgg	cggtgctggc	ttccggcggc	gacattcgcg	cggcggaggc	ggcgtgggag	180
atggcgtggg	agcagctgca	ctcgggtccg	tggcaactcg	tgtgcccggg	gtggcgcgac	240
gcttactcca	tggcgtgcct	ccacgtggcg	cgccaccact	acggcaacgg	tgagttcttg	300
gacgcactta	gggtttttga	tttgggaatc	atcatgggag	gcacgctcct	ccgcaaggat	360
ttggactccg	ccatcgagaa	aatgtcggaa	caaacgagga	agaccggttag	ggtttctgat	420
ttggggaaact	ccgagcaccg	actcgtcgat	egcgaaattg	atatggcaga	ggtgctccaa	480
cttttacctg	tgaagtctct	ttcaacgaaa	cttgtggtga	agaaatcggc	gctgtccttg	540
gagaaaattcc	tgaaggatca	ttacctgtct	ggctgcccgg	ttattatcag	tgattgtatg	600
tctcactggc	cagccaagat	gaaatggaat	gacgaagatt	acttgctgag	agttgccgga	660
gaccgtacag	ttccagttga	ggttgggaaa	aactatattt	gtactgagtg	gaagcaagag	720
ctaattactt	tttcagagtt	tcttcagcgg	ataaagctct	atagctgttc	tcctgggtgg	780
cctacatata	ttgctcagca	tccattatatt	gatcagataa	atgagcttcg	gaaagatatc	840
tttatttcctg	actattgttt	tactggttga	ggggagctac	gatctctcaa	tgcttggttt	900
ggtccagcag	gaacagtaac	accgttacac	catgatccac	atcataacat	actagctcag	960
gttggttgaa	agaaatacat	taggctatac	tcttcgtctt	tatctgagga	actttccccc	1020
cactctggta	ccatgctcca	caactccagc	cagggttgatt	tagatgatat	ggatgaaaag	1080
aagtttccga	aggtgcaaga	cttgggaattt	gtagactgta	ttttagagga	aggcgaaatg	1140
ttatatatcc	cgccaaaatg	gtggcactat	gtgcggtctt	tgactaccag	tttttcgggt	1200
agcttttggg	ggagtgaggg	tgaaagttcg	gatgcaccc	aa		1242

<210> 170

<211> 413

10

<212> PRT

ES 2 539 530 T3

<213> Max glicina

<400> 170

Met	Leu	Thr	Thr	Thr	Val	Ser	Gly	Gly	Asp	Pro	Pro	Ser	Arg	Gly	Phe
1				5					10					15	
Asp	Thr	Pro	Thr	Leu	Asp	Arg	Glu	Ala	Ala	Ala	Leu	Leu	His	Ala	Ile
			20					25					30		
Ser	Glu	His	Gly	Gly	Tyr	Ala	Tyr	Val	Ser	Met	Ala	Val	Leu	Ala	Ser
		35					40					45			
Gly	Gly	Asp	Ile	Arg	Ala	Ala	Glu	Ala	Ala	Trp	Glu	Met	Ala	Trp	Glu
	50				55					60					
Gln	Leu	His	Ser	Gly	Pro	Trp	His	Ser	Val	Leu	Pro	Val	Trp	Arg	Asp
65					70					75					80
Ala	Tyr	Ser	Met	Ala	Cys	Leu	His	Val	Ala	Arg	His	His	Tyr	Gly	Asn
				85					90					95	
Gly	Glu	Phe	Leu	Asp	Ala	Leu	Arg	Val	Leu	Asp	Leu	Gly	Ile	Ile	Met
			100					105					110		
Gly	Gly	Thr	Leu	Leu	Arg	Lys	Asp	Leu	Asp	Ser	Ala	Ile	Glu	Lys	Met
		115					120					125			
Ser	Glu	Gln	Thr	Arg	Lys	Thr	Val	Arg	Val	Ser	Asp	Leu	Gly	Asn	Ser
	130				135						140				
Glu	His	Arg	Leu	Val	Asp	Arg	Glu	Phe	Asp	Met	Ala	Glu	Val	Leu	Gln
145					150					155					160
Leu	Leu	Pro	Val	Lys	Ser	Leu	Ser	Thr	Lys	Leu	Val	Val	Lys	Lys	Ser
				165					170					175	
Ala	Leu	Ser	Leu	Glu	Lys	Phe	Leu	Lys	Asp	His	Tyr	Leu	Ser	Gly	Cys
			180					185					190		
Pro	Val	Ile	Ile	Ser	Asp	Cys	Met	Ser	His	Trp	Pro	Ala	Lys	Met	Lys
		195					200					205			
Trp	Asn	Asp	Glu	Asp	Tyr	Leu	Leu	Arg	Val	Ala	Gly	Asp	Arg	Thr	Val
	210					215					220				
Pro	Val	Glu	Val	Gly	Lys	Asn	Tyr	Leu	Cys	Thr	Glu	Trp	Lys	Gln	Glu
225					230					235					240
Leu	Ile	Thr	Phe	Ser	Glu	Phe	Leu	Gln	Arg	Ile	Lys	Ser	Asp	Ser	Cys
				245					250					255	
Ser	Pro	Gly	Gly	Pro	Thr	Tyr	Leu	Ala	Gln	His	Pro	Leu	Phe	Asp	Gln
			260					265					270		
Ile	Asn	Glu	Leu	Arg	Lys	Asp	Ile	Phe	Ile	Pro	Asp	Tyr	Cys	Phe	Thr
	275						280					285			
Gly	Gly	Gly	Glu	Leu	Arg	Ser	Leu	Asn	Ala	Trp	Phe	Gly	Pro	Ala	Gly
	290					295					300				
Thr	Val	Thr	Pro	Leu	His	His	Asp	Pro	His	His	Asn	Ile	Leu	Ala	Gln
305					310					315					320
Val	Val	Gly	Lys	Lys	Tyr	Ile	Arg	Leu	Tyr	Ser	Ser	Ser	Leu	Ser	Glu
				325					330					335	
Glu	Leu	Ser	Pro	His	Ser	Gly	Thr	Met	Leu	His	Asn	Ser	Ser	Gln	Val
			340					345					350		
Asp	Leu	Asp	Asp	Met	Asp	Glu	Lys	Lys	Phe	Pro	Lys	Val	Gln	Asp	Leu
		355					360					365			
Glu	Phe	Val	Asp	Cys	Ile	Leu	Glu	Glu	Gly	Glu	Met	Leu	Tyr	Ile	Pro
	370					375					380				
Pro	Lys	Trp	Trp	His	Tyr	Val	Arg	Ser	Leu	Thr	Thr	Ser	Phe	Ser	Val
385					390					395					400
Ser	Phe	Trp	Trp	Ser	Glu	Gly	Glu	Ser	Ser	Asp	Ala	Ser			
				405					410						

<210> 171

<211> 1464

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 171

cttagtcaat	agcatcttct	ccgatcatcg	acgtccggag	atttcttcgg	ccctctcata	60
cttgagttgt	tgtaggattt	gttgctctgg	ctctggtggg	aggtctatga	aatcaaccca	120
tatcgtgaat	ggactgcaac	atggtatctt	cgtoocagtg	ggattgggag	catttgatca	180
tgtccaatcc	gtcaaggact	gaagatgaca	gcaaacagct	acctactgag	tgggaaattg	240
aaaaaggtga	aggaattgaa	tctatagttc	cacatttctc	aggccttgag	agagtcagta	300
gtggctctgc	caccagcttc	tggcacactg	ctgtatcgaa	aagctcacag	tcgacctcta	360
tcaactcatc	atctcccgaa	gccaaacgat	gcaagcttgc	atcagaaagt	tcccctggag	420
attcttgacg	caacatagac	tttgctccagg	tgaaggctcc	cacagctctc	gaggtatccg	480
ttgcctcagc	tgaatcagat	ctttgtttaa	aactaggaaa	gcggacatac	tctgaagaat	540
actggggtag	aaacaataat	gaaatttcag	cggtttctat	gaagttgtta	actccatctg	600
ttgtcgctgg	gaaatccaaa	ttgtgtggtc	agagcatgcc	agtcccgctg	tgccaaattg	660
atggctgtga	actggatctc	tcactctgcta	agggttatca	tcgtaagcac	aaagtctgcg	720
aaaagcattc	aaagtgccca	aaagttagcg	tgagtggcct	ggaacgtcgg	ttctgccaac	780
agtgtagcag	gttccatgct	gtctctgaat	ttgatgagaa	gaaacgaagc	tgccgaaaac	840
gtctttctca	tcataatgcg	aggcgtcgta	agccacaagg	agtattttca	atgaatcccg	900
agagggtgtg	tgatcgaaga	cagcatacaa	atatgtttgtg	gaatggggtg	tcctttaacg	960
cgagatctga	agaaatgtat	gaatggggta	ataacactta	tgatacaaaag	cctagacaaa	1020
cggaaaaaag	ctttactctg	agcttccaga	gaggtaatgg	ctctgaggac	cagctgggtg	1080
ctagtagcag	ccgtatgttc	tctacatctc	aaacctcagg	tgggttccca	gcaggaaagt	1140
ccaagtttca	acttcatggc	gaagatgtgg	gagaatactc	aggagtccctc	catgaatctc	1200
aagatatcca	ccgtgctctc	tctcttctgt	caacctcttc	ggatccccctg	gcccaaccac	1260
atgtgcagcc	attttctcta	ctctgttcat	atgatgttgt	accaaaatag	atgagtaagt	1320
aatgtgtaat	ttgtaaacct	gttactcagt	tggtggatac	ttttccaaac	ctatgataaa	1380
aacctcgtcc	tagatcccg	taaatgccaa	actttcggct	actataacta	tgttatcggt	1440
atcattatca	ttgtttaaca	ccct				1464

<210> 172

<211> 393

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 172

ES 2 539 530 T3

Met	Asp	Cys	Asn	Met	Val	Ser	Ser	Ser	Gln	Trp	Asp	Trp	Glu	His	Leu
1				5					10					15	
Ile	Met	Ser	Asn	Pro	Ser	Arg	Thr	Glu	Asp	Asp	Ser	Lys	Gln	Leu	Pro
			20					25					30		
Thr	Glu	Trp	Glu	Ile	Glu	Lys	Gly	Glu	Gly	Ile	Glu	Ser	Ile	Val	Pro
		35					40					45			
His	Phe	Ser	Gly	Leu	Glu	Arg	Val	Ser	Ser	Gly	Ser	Ala	Thr	Ser	Phe
	50					55					60				
Trp	His	Thr	Ala	Val	Ser	Lys	Ser	Ser	Gln	Ser	Thr	Ser	Ile	Asn	Ser
65					70					75				80	
Ser	Ser	Pro	Glu	Ala	Lys	Arg	Cys	Lys	Leu	Ala	Ser	Glu	Ser	Ser	Pro
				85					90					95	
Gly	Asp	Ser	Cys	Ser	Asn	Ile	Asp	Phe	Val	Gln	Val	Lys	Ala	Pro	Thr
			100					105					110		
Ala	Leu	Glu	Val	Ser	Val	Ala	Ser	Ala	Glu	Ser	Asp	Leu	Cys	Leu	Lys
		115					120					125			
Leu	Gly	Lys	Arg	Thr	Tyr	Ser	Glu	Glu	Tyr	Trp	Gly	Arg	Asn	Asn	Asn
	130					135					140				
Glu	Ile	Ser	Ala	Val	Ser	Met	Lys	Leu	Leu	Thr	Pro	Ser	Val	Val	Ala
145					150					155					160
Gly	Lys	Ser	Lys	Leu	Cys	Gly	Gln	Ser	Met	Pro	Val	Pro	Arg	Cys	Gln
				165					170					175	
Ile	Asp	Gly	Cys	Glu	Leu	Asp	Leu	Ser	Ser	Ala	Lys	Gly	Tyr	His	Arg
			180					185					190		
Lys	His	Lys	Val	Cys	Glu	Lys	His	Ser	Lys	Cys	Pro	Lys	Val	Ser	Val
		195					200					205			
Ser	Gly	Leu	Glu	Arg	Arg	Phe	Cys	Gln	Gln	Cys	Ser	Arg	Phe	His	Ala
	210					215					220				
Val	Ser	Glu	Phe	Asp	Glu	Lys	Lys	Arg	Ser	Cys	Arg	Lys	Arg	Leu	Ser
225					230					235					240
His	His	Asn	Ala	Arg	Arg	Arg	Lys	Pro	Gln	Gly	Val	Phe	Ser	Met	Asn
				245					250					255	
Pro	Glu	Arg	Val	Tyr	Asp	Arg	Arg	Gln	His	Thr	Asn	Met	Leu	Trp	Asn
			260					265					270		
Gly	Val	Ser	Leu	Asn	Ala	Arg	Ser	Glu	Glu	Met	Tyr	Glu	Trp	Gly	Asn
		275					280					285			
Asn	Thr	Tyr	Asp	Thr	Lys	Pro	Arg	Gln	Thr	Glu	Lys	Ser	Phe	Thr	Leu
	290				295						300				
Ser	Phe	Gln	Arg	Gly	Asn	Gly	Ser	Glu	Asp	Gln	Leu	Val	Ala	Ser	Ser
305					310					315					320
Ser	Arg	Met	Phe	Ser	Thr	Ser	Gln	Thr	Ser	Gly	Gly	Phe	Pro	Ala	Gly
				325					330					335	
Lys	Ser	Lys	Phe	Gln	Leu	His	Gly	Glu	Asp	Val	Gly	Glu	Tyr	Ser	Gly
			340					345					350		
Val	Leu	His	Glu	Ser	Gln	Asp	Ile	His	Arg	Ala	Leu	Ser	Leu	Leu	Ser
		355					360					365			
Thr	Ser	Ser	Asp	Pro	Leu	Ala	Gln	Pro	His	Val	Gln	Pro	Phe	Ser	Leu
	370					375					380				
Leu	Cys	Ser	Tyr	Asp	Val	Val	Pro	Lys							
385					390										

<210> 173

<211> 2124

5

<212> ADN

<213> *Nicotiana tabacum*

<400> 173

ES 2 539 530 T3

gtacaaaaaa	gcaggctggt	accgggtccgg	aattcccggg	atatcggtga	cccacgcgtc	60
cgccgtgatg	taatcttggg	gatgctaact	attccctttt	cccttcttga	gccccaaactc	120
aagaagggtca	aaaacaaaaa	aattacaaaa	agctggaatc	ttgcagtttt	tttattttaat	180
ttatttatcc	tatgttgaat	taatttttgg	gggtcaatatt	tcccaatttg	tagtctccaa	240
tggagcctcg	tgttggtaat	aagttccggc	ttggccggaa	aatcggtagc	ggttcttttg	300
gagagatcta	tctcggcgct	aatgttcaaa	ctaacgaaga	ggttgcaatt	aagctggaaa	360
atgtgaaaaac	aaagcatcct	caactattat	acgaagcaaa	gttgtataaa	atactacaag	420
gaggaactgg	aatccccaat	ttaaaatggg	ttggagttga	aggagattat	aatgcccttg	480
tgatggattt	gctggggcct	agtcttgaag	atctcttcaa	cttctgcagt	aggaagctgt	540
ctttaaaagac	cgttctcatg	ctcgcagatc	agatgattaa	tcgggttgaa	tttgttcatg	600
ccaaatcttt	tcttcatcga	gatataaaac	ctgacaactt	tcttatggga	ttaggaagac	660
gtgcaaatca	ggtctatatg	attgattttg	ggctggccaa	gaagtataga	gactcatcaa	720
ctcatcagca	tattccgtat	agagaaaaaca	aaaatttgac	aggaactgct	agatacgcaa	780
gcatgaatac	tcatcttggc	attgaacaaa	gtcgaaggga	tgattttggaa	tcgctgggtt	840
atgttttaat	gtacttctta	agaggaagtc	tcccttggca	ggggctgaaa	gcaggcacta	900
agaaacagaa	gtatgagaag	atcagtgaga	agaaagtatc	aacatcaata	gagaccttgt	960
gtaggggata	tectgcagag	tttgcacat	attttctatta	ctgtcgatca	ctaagatttg	1020
atgataaaacc	agattatgct	tatctgaaga	gaattttccg	tgatcttttc	attcgtgaag	1080
ggtttcaatt	tgattatata	tttgactgga	ccattttgaa	atatcagcaa	tcacagcttg	1140
ccaatcctcc	atctcgtgct	cttggtggtg	ctgctggggc	aagctcaggg	atgcctcatg	1200
ctcttggttaa	tgttgagagg	caatcagggtg	gagatgaagg	tcgaccaact	ggttgggtctt	1260
catcaaatct	tacacgtaat	aagagcacgg	ggctgcattt	caattctgga	agcttattga	1320
agcaaaaagg	cacagttgct	aatgatttat	ccatgggttaa	agagttatcc	agttctaat	1380
ttttccggtc	aagtggacca	ttgaggcgct	cagttgtctc	tagcatccga	gaccagtg	1440
ttgcaggggg	tgaacctgac	ccctccggca	ctctgacaaa	agatgcaagc	ccgggaccat	1500
tgcgtaaagt	atccagtgtc	gcacggagga	gttcaccagt	tgtgtcctca	gatcacaagc	1560
gcagctcctc	tatcaaaaat	gccaacataa	agaattttaga	gtccaccgtc	aagggaatag	1620
agggtttaag	ttttcgatga	tgagggactg	cattagtagc	tgtgctttgt	ctcagttctc	1680
cgttcactgt	aaattttggc	acaccaactt	ggggagtaag	agttctgata	ttagttgctg	1740
tcaggaagta	ccataaagct	gaattatata	attaaaattt	gggatccaat	cgcaaaagca	1800
cattaaggat	atgatggggg	tgcagatcca	aactcacaga	ttccagttta	tgctcgtcca	1860
tacagttata	ggcactttcc	atattctttt	ctttaatctc	tgtctcttgc	ttgttattgt	1920
tatgtcgtgg	tattcttgtt	gaggtcatgt	ttgtgaattg	cgaagatggg	catgtataat	1980
tgccgagaaa	tcatgtacta	gtttgtttta	aacatgagca	aactgttatt	ttgttcaagc	2040
tactttaata	tcaaaaaaaa	aaaaaaaaag	gcggccgctc	tagagtatcc	ctcgaggggc	2100
ccaagcttac	gcgtaccag	cttt				2124

<210> 174

<211> 466

5

<212> PRT

<213> *Nicotiana tabacum*

<400> 174

ES 2 539 530 T3

Met	Glu	Pro	Arg	Val	Gly	Asn	Lys	Phe	Arg	Leu	Gly	Arg	Lys	Ile	Gly
1				5				10						15	
Ser	Gly	Ser	Phe	Gly	Glu	Ile	Tyr	Leu	Gly	Ala	Asn	Val	Gln	Thr	Asn
			20					25					30		
Glu	Glu	Val	Ala	Ile	Lys	Leu	Glu	Asn	Val	Lys	Thr	Lys	His	Pro	Gln
		35					40					45			
Leu	Leu	Tyr	Glu	Ala	Lys	Leu	Tyr	Lys	Ile	Leu	Gln	Gly	Gly	Thr	Gly
	50					55					60				
Ile	Pro	Asn	Leu	Lys	Trp	Phe	Gly	Val	Glu	Gly	Asp	Tyr	Asn	Ala	Leu
65					70					75					80
Val	Met	Asp	Leu	Leu	Gly	Pro	Ser	Leu	Glu	Asp	Leu	Phe	Asn	Phe	Cys
			85						90					95	
Ser	Arg	Lys	Leu	Ser	Leu	Lys	Thr	Val	Leu	Met	Leu	Ala	Asp	Gln	Met
			100					105					110		
Ile	Asn	Arg	Val	Glu	Phe	Val	His	Ala	Lys	Ser	Phe	Leu	His	Arg	Asp
		115					120					125			
Ile	Lys	Pro	Asp	Asn	Phe	Leu	Met	Gly	Leu	Gly	Arg	Arg	Ala	Asn	Gln
	130					135					140				
Val	Tyr	Met	Ile	Asp	Phe	Gly	Leu	Ala	Lys	Lys	Tyr	Arg	Asp	Ser	Ser
145					150					155					160
Thr	His	Gln	His	Ile	Pro	Tyr	Arg	Glu	Asn	Lys	Asn	Leu	Thr	Gly	Thr
				165					170					175	
Ala	Arg	Tyr	Ala	Ser	Met	Asn	Thr	His	Leu	Gly	Ile	Glu	Gln	Ser	Arg
			180					185					190		
Arg	Asp	Asp	Leu	Glu	Ser	Leu	Gly	Tyr	Val	Leu	Met	Tyr	Phe	Leu	Arg
		195					200					205			
Gly	Ser	Leu	Pro	Trp	Gln	Gly	Leu	Lys	Ala	Gly	Thr	Lys	Lys	Gln	Lys
	210					215					220				
Tyr	Glu	Lys	Ile	Ser	Glu	Lys	Lys	Val	Ser	Thr	Ser	Ile	Glu	Thr	Leu
225					230					235					240
Cys	Arg	Gly	Tyr	Pro	Ala	Glu	Phe	Ala	Ser	Tyr	Phe	His	Tyr	Cys	Arg
				245				250						255	
Ser	Leu	Arg	Phe	Asp	Asp	Lys	Pro	Asp	Tyr	Ala	Tyr	Leu	Lys	Arg	Ile
			260					265					270		
Phe	Arg	Asp	Leu	Phe	Ile	Arg	Glu	Gly	Phe	Gln	Phe	Asp	Tyr	Ile	Phe
		275					280					285			
Asp	Trp	Thr	Ile	Leu	Lys	Tyr	Gln	Gln	Ser	Gln	Leu	Ala	Asn	Pro	Pro
	290					295					300				
Ser	Arg	Ala	Leu	Gly	Gly	Thr	Ala	Gly	Pro	Ser	Ser	Gly	Met	Pro	His
305					310					315					320
Ala	Leu	Val	Asn	Val	Glu	Arg	Gln	Ser	Gly	Gly	Asp	Glu	Gly	Arg	Pro
				325					330					335	
Thr	Gly	Trp	Ser	Ser	Ser	Asn	Leu	Thr	Arg	Asn	Lys	Ser	Thr	Gly	Leu
			340					345					350		
His	Phe	Asn	Ser	Gly	Ser	Leu	Leu	Lys	Gln	Lys	Gly	Thr	Val	Ala	Asn
		355					360					365			
Asp	Leu	Ser	Met	Gly	Lys	Glu	Leu	Ser	Ser	Ser	Asn	Phe	Phe	Arg	Ser
	370					375					380				
Ser	Gly	Pro	Leu	Arg	Arg	Pro	Val	Val	Ser	Ser	Ile	Arg	Asp	Pro	Val
385					390					395					400
Ile	Ala	Gly	Gly	Glu	Pro	Asp	Pro	Ser	Gly	Thr	Leu	Thr	Lys	Asp	Ala
				405					410					415	
Ser	Pro	Gly	Pro	Leu	Arg	Lys	Val	Ser	Ser	Ala	Ala	Arg	Arg	Ser	Ser
			420					425					430		
Pro	Val	Val	Ser	Ser	Asp	His	Lys	Arg	Ser	Ser	Ser	Ile	Lys	Asn	Ala
		435					440					445			
Asn	Ile	Lys	Asn	Leu	Glu	Ser	Thr	Val	Lys	Gly	Ile	Glu	Gly	Leu	Ser
	450					455					460				
Phe	Arg														
465															

<210> 175

<211> 1828

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 175

gcttgagtgca	tagggagaaa	acaaatcgat	catatttgac	tcttttccct	ccatctctct	60
taccggcaaaa	aaaagtagta	ctggtttata	tgtaaagtaa	gattctttta	ttatgtgaga	120
tccggcttaa	tgtttttctt	ttgtcacata	tactgcattg	caacaattgc	catatattca	180
cttctgccat	cccattatat	agcaactcaa	gaatggattg	atataatccc	tattactaat	240
ctagacatgt	taaggctgag	ttgggcagtc	catcttccca	acccaccacc	ttcgtttttc	300
gcgcacatac	ttttcaaact	actaaatggt	gtgtttttta	aaaatatatt	caatacaaaa	360
gttgctttta	aaaattatat	tgatccattt	ttttaaaaaa	aatagcta	acttaattaa	420
tcacgtggtt	aaagaccgct	cgtttttgct	tgacggagg	ataggttcac	atcctgcatt	480
accgaacaca	gocataaat	tggtgtctag	attcgtagta	ctggatata	taaatcatgt	540
tctaagttac	tatatactga	gatgaataga	ataagtaaaa	ttagaccac	cttaagtctt	600
gatgaagtta	ctactagctg	cgtttgggag	gacttcccaa	aaaaaaaagt	attagccatt	660
agcacgtgat	taattaagta	ctagttttaa	aaacttaaaa	aataaattaa	tatgattctc	720
ttaagtaact	ctcctataga	aaacttttac	aaaattacac	cgtttaatat	tttggaata	780
atgtcagtaa	aaaataagag	agtagaagtt	atgaaagtta	gaaaaaga	tgtttttagta	840
gtatacagtt	ataaactatt	ccctctgttc	taaaacataa	gggattatgg	atggattoga	900
catgtaccag	taccatgaat	cgaatccaga	caagtttttt	atgcataatt	attctactat	960

aatatatcac	atctgctcta	aatatcttat	atttcgaggt	ggagactgtc	gctatgtttt	1020
tctgcccggt	gctaagcaca	cgcacccccc	gatgcgggga	cgcctctggc	cttcttgcca	1080
cgataattga	atggaacttc	cacattcaga	ttcgataggt	gaccgtcgac	tccaagtgtc	1140
ttgcacaaaa	caactccggc	ctcccggcca	ccagtcacac	gactcacggc	actaccaccc	1200
ctgactccct	gaggcggacc	tgccactggt	ctgcatgoga	agctatctaa	aattctgaag	1260
caaagaaagc	acagcacatg	ctccgggaca	cgcgccaccc	ggcggaaaag	ggctcgggtg	1320
ggcgatctca	cagccgcata	tgcattttca	caagccggcc	atctccaccg	gcttcacgag	1380
gctcatcgcg	gcacgaccgc	gcacggaaac	cacgcggccg	acccgcgcgc	ctcgatgcgc	1440
gagcccatcc	gcgcgctcct	ccctttgcct	ttgcgcgtat	cctctcgggc	gtatcccggt	1500
tctctgtctt	ttgtctcccg	gcgcgcgcga	gttcggagta	ccagcgaaac	ccggacacct	1560
ggtacacctc	cgcgcggcac	aacgcgtgtc	ccccctacgt	ggcgcgcgag	cacatgcccc	1620
tgcgcgacac	gtgcacctcc	tcattccaaac	tctcaagtct	caacggctct	ataaatgcac	1680
ggatagcctc	aagctgctcg	tcacaaggca	agaggcaaga	ggcaagagca	tccgtattaa	1740
ccagcctttt	gagacttgag	agtgtgtgtg	actcgatcca	gcgtagtttc	agttcgtgtg	1800
ttggtgagtg	attccagcca	agtttgcg				1828

5

<210> 176

<211> 2194

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 176

aatccgaaaa	gtttctgcac	cgtttttcac	ccctaactaa	caatataggg	aacgtgtgct	60
aaatataaaa	tgagacctta	tatatgtagc	gctgataact	agaactatgc	aagaaaaact	120
catccacctt	cttttagtgg	aatcgggcta	aataaaaaag	agtcgctaca	ctagtttcgt	180
tttccttagt	aattaagtgg	gaaaatgaaa	tcattattgc	ttagaatata	cgttcacatc	240

10

tctgtcatga	agttaaatta	ttcgaggtag	ccataattgt	catcaaactc	ttcttgaata	300
aaaaaatctt	tctagctgaa	ctcaatgggt	aaagagagag	atTTTTTTTt	aaaaaataga	360
atgaagatat	tctgaacgta	ttggcaaaga	tttaaacata	taattatata	atTTTTatagt	420
ttgtgcattc	gtcatatcgc	acatcattaa	ggacatgtct	tactccatcc	caatTTTTt	480
ttagtaatta	aagacaattg	acttattttt	attattttatc	TTTTttcgat	tagatgcaag	540
gtacttacgc	acacactttg	tgctcatgtg	catgtgtgag	tgacacctct	caatacacgt	600
tcaactagca	acacatctct	aatatcactc	gcctatttta	tacatttagg	tagcaatata	660
tgaattcaag	cactccacca	tcaccagacc	acttttaata	atatctaaaa	tacaaaaaat	720
aatTTTtacag	aatagcatga	aaagtatgaa	acgaactatt	taggtTTTTt	acatacaaaa	780
aaaaaaagaa	TTTTgtctgt	gcgcgagcgc	caatctccca	tattggggcac	acaggcaaca	840
acagagtggc	tgccacacaga	acaacccaca	aaaaacgatg	atctaacgga	ggacagcaag	900
tccgcaacaa	cctTTTtaaca	gcaggctttg	cggccaggag	agaggaggag	aggcaaaaga	960
aaccaagcat	cctccttctc	ccatctataa	attcctcccc	cctTTTcccc	tctctatata	1020
ggaggcatcc	aagccaagaa	gaggagagag	accaaggaca	cgcgactagc	agaagccgag	1080
cgcgcgcctt	ctcgatccat	atcttccggt	cgaattcttg	gtcgatctct	tccctcctcc	1140
acctcctcct	cacaggggat	gtgcctccct	tgggttggtt	ttggatttat	tgttctaggt	1200
tgtgtagtag	gggctgtgat	gttaggaaag	gggatctgta	tctgtgatga	ttcctgttct	1260
tggatttggg	atagaggggt	tcttgatgtt	gcatgttate	ggttcgggtt	gattagtagt	1320
atggTTTTca	atcgtctgga	gagctctatg	gaaatgaaat	ggTTtaggga	tccgaatctt	1380
gcgattttgt	gagtaacctt	tgTTtgaggt	aaaatcagag	caccgggtgat	tttgcttggt	1440
gtaataaagt	acggttgttt	ggctctcgat	tctggtagtg	atgcttctcg	atttgacgaa	1500
gctatccttt	gtttattccc	tattgaacaa	aaataatcca	actttgaaga	cgggtcccgtt	1560
gatgagattg	aatgattgat	tcttaagcct	gtccaaaatt	tgcagctggg	cttgTTtaga	1620
tacagtagtc	cccatcacga	aattcatgga	aacagttata	atcctcagga	acaggggatt	1680
ccctgttctt	cggatttgct	ttagtccag	aattTTTTtt	cccaaataat	ttaaaaagtc	1740
actttcttgg	tcagttcaat	gaattgattg	ctacaaataa	tgctTTtata	gcgttatcct	1800
agctgtagtt	cagTTaatag	gtaatacccc	tatagTTtag	tcaggagaag	aacttatccg	1860
atttctgata	tccattTTTa	attatatgaa	atgaactgta	gcataagcag	tattcatttg	1920
gattattttt	tttattagct	ctcaccctt	cattattctg	agctgaaagt	ctggcatgaa	1980
ctgtcctcaa	TTTTgtTTTt	aaattcacat	cgattatcta	tgcattatcc	tcttgtatct	2040
acctgtagaa	gtttctTTTT	ggttattcct	tgaactgctt	attacagaaa	gaaatttatg	2100
aagctgtaat	cgggatagtt	atactgcttg	ttcttatgat	tcatttccct	tgtgcagttc	2160
ttggtgtagc	ttgccacttt	caccagcaaa	gttc			2194

<210> 177

<211> 56

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> cebador: prm8667

<400> 177

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt aaacaatgga ctgcaacatg gtatct 56

10 <210> 178

<211> 54

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> cebador: prm8668

<400> 178

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc acattactta ctcatctatt ttgg 54

<210> 179

<211> 2046

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 179

atgaataccc	cagaaaagaa	accactgtgc	tatacttcta	gaagagcact	gcaacagagg	60
acagaatcct	cttcggaatt	gatctctgta	tcaaaaagag	caaccgcgca	gaatactcca	120
cgcaagccgg	attctcctcc	caaacgaaca	acaagaagta	gcgctaacct	ggcgaaatgt	180
atagagaaca	aacaccatag	cagtcctctg	aagcggcggc	gggggttcaga	tgcgggtacc	240
ggaaagtctg	caacagggcc	aacaaggagg	aagcgtatga	agaaaaggaa	aaatgatgag	300
agtgatgagg	tcagtcgcat	ggaaaaaaga	gcaagatatt	tacttatcaa	aataaaacag	360
gagcagaatt	tgctagatgc	atactctgga	gatgggttga	atgggcacag	tcgagagaaa	420
ataaagccag	agaaggagct	acagcgtgct	aagaaacaga	tcatgaaata	caaaatcgct	480
atccgtgacg	tcattcacca	acttgatttg	tgtagttcca	gtgggagcaa	ggatgactct	540
gtgattccac	cagatgggtg	tcacgagtct	gtcaatcctg	aacatacaat	atgttcaagg	600
tgcaaatccc	acgagtcatt	tcctgacaat	aacattatat	tctgtgaggg	gggtgcgaaa	660
ctggcgtgtc	atcagaaatg	tttgaggcct	ccttttgata	aaattcttcc	aactaccgct	720
catgggcggc	tttgcaaaac	ctgttcttcc	aagatgaaaa	ttttagacgc	cattaatgcc	780
catctgggga	caagttttac	agtgaagtgt	ccctccagtg	atattttcaa	ggaagcagct	840
gaacatttca	actctgatga	tggactgggc	caagattggc	tatctgagta	ttcaggtgat	900
gaggactatg	accctgaaga	aaatgaggcc	agcagcagtg	gtgaagagaa	taaatctgcc	960
gattccaatt	gttcaggagg	tccactttat	tctccaaatg	atgatattcc	agacttcata	1020
tcagcagatt	tcaatgatgc	tgaaggattc	tgtcgtgaaa	gttcaaattc	aggaatcgat	1080
tttggtgaag	atggttttgg	tgagattcct	acccacccaa	ggccaagaag	agatgttgac	1140
tatacacaac	ttaatgagca	aatgttttga	gagcctattg	gcaatgacga	acagagtga	1200
gatgaagatt	gggtctttaa	caagagaaag	aaaagaagaa	ctgggttcaac	tggtgttggg	1260
actaattccg	tagagggctg	atcagatgtc	aaatccaata	agaaagccca	acctcgagga	1320
aaacttttca	ggattcctcc	tgcggcagtt	gaggtgtctc	gtaaagcttt	tgctgaaaat	1380
gagcttcctg	cccggagtg	caaagaaaat	ctctcaacag	agctgggtat	ttcttttgaa	1440
aagattgata	agtgggtcaa	aaatacacgg	tgtgctgctc	tcagggatag	gaagggtgaa	1500
agtcgttatt	ctggtcccag	caaaagggtc	agaacaagca	tagaaaaggc	tgaaaacttca	1560
gctaaagtgg	atcaaatgga	caactcatgc	ttttcttccct	tatctgaaat	aatcaacgtg	1620
cccacacgtc	tgcaaaaagg	tcttgataag	aagccaaaat	caattaacag	ccctccaaga	1680
cctcaggaca	atgaaaactg	cttgctcgcc	actgataaaa	ccaaggaggg	tacaccgctc	1740
acgatcaagc	cttccatcac	agattctagt	caactgatga	ataacgacat	cggcactgag	1800
gagactgctg	tttcttgggt	ggacacttgg	gcctctgacg	ctctgcattt	cttgacgtg	1860
agcgatgatg	aacatttctt	cgatgtgatc	gagaagggtg	gcggtctcga	gaatcggtg	1920
cagcggttga	aggagaacat	gctatcatcg	tcacgtgcaa	ctgacaacaa	tgtggctgct	1980
gagagtggct	tgcaaaaacg	agttgtgctt	gtaccagctg	ctgagctcaa	ggataaagca	2040
tcttaa						2046

5

<210> 180

<211> 681

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 180

ES 2 539 530 T3

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

130		135		140
Lys Glu Leu Gln Arg Ala	Lys Lys Gln Ile Met	Lys Tyr Lys Ile Ala		
145	150	155	160	
Ile Arg Asp Val Ile His	Gln Leu Asp Leu Cys	Ser Ser Ser Gly Ser		
165	170	175		
Lys Asp Asp Ser Val Ile	Pro Pro Asp Gly Cys	His Glu Ser Val Asn		
180	185	190		
Pro Glu His Thr Ile Cys	Ser Arg Cys Lys Ser	His Glu Ser Phe Pro		
195	200	205		
Asp Asn Asn Ile Ile Phe	Cys Glu Gly Gly Cys	Lys Leu Ala Cys His		
210	215	220		
Gln Lys Cys Leu Glu Pro	Pro Phe Asp Lys Ile	Leu Pro Thr Thr Arg		
225	230	235	240	
His Gly Arg Leu Cys Lys	His Cys Ser Ser Lys	Met Lys Ile Leu Asp		
245	250	255		
Ala Ile Asn Ala His Leu	Gly Thr Ser Phe Thr	Val Lys Cys Pro Ser		
260	265	270		
Ser Asp Ile Phe Lys Glu	Ala Ala Glu His Phe	Asn Ser Asp Asp Gly		
275	280	285		
Leu Gly Gln Asp Trp Leu	Ser Glu Tyr Ser Gly	Asp Glu Asp Tyr Asp		
290	295	300		
Pro Glu Glu Asn Glu Ala	Ser Ser Ser Gly Glu	Asn Lys Ser Ala		
305	310	315	320	
Asp Ser Asn Cys Ser Gly	Ser Pro Leu Tyr Ser	Pro Asn Asp Asp Ile		
325	330	335		
Pro Asp Phe Ile Ser Ala	Asp Phe Asn Asp Ala	Glu Gly Phe Cys Arg		
340	345	350		
Glu Ser Ser Asn Leu Gly	Ile Asp Phe Gly Glu	Asp Gly Leu Ala Glu		
355	360	365		
Ile Leu Thr His Gln Arg	Pro Arg Arg Asp Val	Asp Tyr Thr Gln Leu		
370	375	380		
Asn Glu Gln Met Phe Gly	Glu Pro Ile Gly Asn	Asp Glu Gln Ser Glu		
385	390	395	400	
Asp Glu Asp Trp Gly Leu	Asn Lys Arg Lys Lys	Arg Arg Thr Gly Ser		
405	410	415		
Thr Gly Val Gly Thr Asn	Ser Val Glu Gly Arg	Ser Asp Val Lys Ser		
420	425	430		
Asn Lys Lys Ala Gln Pro	Arg Arg Lys Leu Phe	Arg Ile Pro Pro Ala		
435	440	445		
Ala Val Glu Val Leu Arg	Lys Ala Phe Ala Glu	Asn Glu Leu Pro Ala		
450	455	460		
Arg Ser Val Lys Glu Asn	Leu Ser Thr Glu Leu	Gly Ile Ser Phe Glu		
465	470	475	480	
Lys Ile Asp Lys Trp Phe	Lys Asn Thr Arg Cys	Ala Ala Leu Arg Asp		
485	490	495		
Arg Lys Gly Glu Ser Arg	Tyr Ser Gly Pro Ser	Lys Arg Ser Arg Thr		
500	505	510		
Ser Ile Glu Lys Ala Glu	Thr Ser Ala Lys Val	Asp Gln Met Asp Asn		
515	520	525		
Ser Cys Phe Leu Pro Leu	Ser Glu Ile Ile Asn	Val Pro Thr Arg Leu		
530	535	540		
Gln Lys Gly Leu Asp Lys	Lys Pro Lys Ser Ile	Asn Ser Pro Pro Arg		
545	550	555	560	
Pro Gln Asp Asn Glu Thr	Cys Leu Ser Pro Thr	Asp Lys Thr Lys Glu		
565	570	575		
Gly Thr Pro Pro Thr Ile	Lys Pro Ser Ile Thr	Asp Ser Ser Gln Leu		
580	585	590		
Met Asn Asn Asp Ile Gly	Thr Glu Glu Thr Ala	Val Ser Trp Val Asp		
595	600	605		
Thr Trp Ala Ser Asp Ala	Leu His Phe Leu Asp	Val Ser Asp Asp Glu		
610	615	620		

ES 2 539 530 T3

His	Phe	Phe	Asp	Val	Ile	Glu	Lys	Val	Cys	Gly	Leu	Glu	Asn	Arg	Leu
625					630					635					640
Gln	Arg	Leu	Lys	Glu	Asn	Met	Leu	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Thr	Asp	Asn
				645					650					655	
Asn	Val	Ala	Ala	Glu	Ser	Gly	Leu	Gln	Asn	Glu	Val	Val	Leu	Val	Pro
		660					665						670		
Ala	Ala	Glu	Leu	Lys	Asp	Lys	Ala	Ser							
		675					680								

<210> 181

<211> 2391

<212> ADN

5

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 181

atggaggaga	gtgaaacaaa	ggggagaatc	agtcaagaaa	ctgataaggc	ttgtgtttca	60
gttgagagaa	ttgggtctac	tttactctca	tcatttgtga	agaaaggtaa	agaagtatca	120
aataagagaa	attctaagca	gaataagcga	aaagcgggaag	aagaactctg	ttcgaaatca	180
agaaccaaga	agtactctcg	gggatgggtc	cgttgtgagg	aaatggagga	ggagaagggt	240
aagaaaacaa	gaaagaggaa	aagtaagaga	cagcaaaagg	ataataaggt	tgaggttgat	300
gattctttta	ggttgcaaag	gaggacaagg	tatttgctca	ttaagatgaa	gatgcagcag	360
aatcttatcg	atgcatacgc	aactgaagggt	tggaaagggtc	agagccggga	aaagataaga	420
ccagacaagg	agcttgagag	agcccggaaa	gagatcttaa	actgcaagct	tggactacgc	480
gacgccattc	gccaaactgga	tctgcttagt	tctgtgggaa	gcattggaaga	gaaagtata	540
gcttcagatg	gatctattca	tcatgatcat	atattttgtg	cagaatgcaa	ttctcgagaa	600
gcttttccag	acaatgatata	aatactttgt	gatggaacgt	gtaatcgagc	atttcaccag	660
aaatgccttg	accctccttt	ggaaacagaa	agcatacctc	ccggagatca	gggctgggtt	720
tgcaaatttt	gtgattgcaa	aattgaaatt	atcgacacaa	tgaatgcaca	aattggaact	780
catttccttg	tggacagcaa	ctggcaggat	atcttcaatg	agaagctag	tcttcctatt	840
ggatctgaag	ctacagttaa	caatgaagca	gattggcctt	cgatgactc	caaggatgat	900
gattatgacc	ctgaaatgag	ggaaaacggg	ggaggaacaa	gcagcaacgt	tagtgggtgat	960
ggtggtggtg	ataacgatga	agaaagcatt	tcaactagct	tgagcttata	atctgatggt	1020
gttgcccttt	caacgggatc	atgggaaggc	catagactca	gcaatatggt	ggagcagtg	1080
gaaacaagta	atgaagaaac	tgtatgtggg	ccaagacagc	gaaggactgt	tgactataca	1140
cagttgtact	atgaaatgtt	tggaaaggat	gcagttttgc	aagagcaagg	tagtgaagat	1200
gaagactggg	gtccgaatga	cagaaggaag	agaaaaaggg	aatctgatgc	aggaagcaca	1260
cttgtaacta	tgtgtgaaaag	cagtaagaaa	gatcaagatg	ttgtagaac	gctagaacag	1320
agttagagag	attctgtctc	tgtggaaaat	aaaggagggtc	gaaggcggat	gttcagactc	1380
ccaagaaatg	cagttgagaa	gctacgtcaa	gtattttgcag	agactgagct	tccctcaaaa	1440
gctgtgaggg	atcgtcttgc	aaaagagctg	agtcttgatc	cagagaagggt	caataaatgg	1500
tttaaaaaata	ctcgggtatat	ggcactgcgg	aataggaaga	ctgagagcgt	gaaacaacct	1560
ggggattcta	agacagttct	tggaggagat	tctggaccag	aagcagtcac	ggagaacaac	1620
actgaaacaa	atgaagttca	agatactttg	gatgacactg	ttccaccggg	atttgacgct	1680
acaaatcaaa	acatactctc	cccatgtaat	aacaaccagg	aggaatttca	acaggaaaat	1740
gtctcttttc	cttcacccac	agatgaaagt	caacagtatc	tggaaacaaa	cgattcttct	1800
ttcgttctag	tgccacatga	aaagcaaagc	agcgaaatta	gcttaaagac	ggctgtagag	1860
gagaatgaga	cagaaagcaa	gatgatgaaa	gagccacatg	aagagctaag	cagtgaatg	1920
agcctaagaa	cggctgctga	ggagaaggag	acagagagca	agatgataga	agagccacat	1980
gaagagctaa	gcagagaaat	gagcttaaag	acggctgtag	aggagaagga	gacagagagc	2040
aagatgatgg	aagagccaca	tgatgagcta	aacagcgaaa	tgagcttaag	tacagcggtg	2100
gaggagaagg	agacagggag	caagatgacg	gaagagtcac	atgaagagct	aagcaacgaa	2160
atgagcttag	aagagaagga	gacggggaga	aagatgacgg	aagaggaaga	atttgaagca	2220
gtaatggaga	tgctttgtag	aacagaaaac	aagttactgg	acgtgacgca	gaggcttgat	2280
agatttaaaa	caccaaagg	ccgaaaaaag	ttaggcaatt	cttcttctcc	tttacttgaa	2340
gaagactcag	tagtgtatgt	tccaatagca	gagatcaagg	agaaaaggta	a	2391

<210> 182

<211> 796

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 182

10

ES 2 539 530 T3

Met	Glu	Glu	Ser	Glu	Thr	Lys	Gly	Arg	Ile	Ser	Gln	Glu	Thr	Asp	Lys
1				5					10					15	
Ala	Cys	Val	Ser	Val	Glu	Arg	Ile	Gly	Ser	Thr	Leu	Leu	Ser	Ser	Phe
			20					25					30		
Val	Lys	Lys	Gly	Lys	Glu	Val	Ser	Asn	Lys	Arg	Asn	Ser	Lys	Gln	Asn
		35					40					45			
Lys	Arg	Lys	Ala	Glu	Glu	Glu	Leu	Cys	Ser	Lys	Ser	Arg	Thr	Lys	Lys
	50					55					60				
Tyr	Ser	Arg	Gly	Trp	Val	Arg	Cys	Glu	Glu	Met	Glu	Glu	Glu	Lys	Val
65					70					75					80
Lys	Lys	Thr	Arg	Lys	Arg	Lys	Ser	Lys	Arg	Gln	Gln	Lys	Asp	Asn	Lys
			85						90					95	
Val	Glu	Val	Asp	Asp	Ser	Leu	Arg	Leu	Gln	Arg	Arg	Thr	Arg	Tyr	Leu
			100					105					110		
Leu	Ile	Lys	Met	Lys	Met	Gln	Gln	Asn	Leu	Ile	Asp	Ala	Tyr	Ala	Thr
		115					120					125			
Glu	Gly	Trp	Lys	Gly	Gln	Ser	Arg	Glu	Lys	Ile	Arg	Pro	Asp	Lys	Glu
		130					135					140			
Leu	Glu	Arg	Ala	Arg	Lys	Glu	Ile	Leu	Asn	Cys	Lys	Leu	Gly	Leu	Arg
145					150					155					160
Asp	Ala	Ile	Arg	Gln	Leu	Asp	Leu	Leu	Ser	Ser	Val	Gly	Ser	Met	Glu
				165					170					175	
Glu	Lys	Val	Ile	Ala	Ser	Asp	Gly	Ser	Ile	His	His	Asp	His	Ile	Phe
			180					185					190		
Cys	Ala	Glu	Cys	Asn	Ser	Arg	Glu	Ala	Phe	Pro	Asp	Asn	Asp	Ile	Ile
		195					200					205			
Leu	Cys	Asp	Gly	Thr	Cys	Asn	Arg	Ala	Phe	His	Gln	Lys	Cys	Leu	Asp
	210					215					220				
Pro	Pro	Leu	Glu	Thr	Glu	Ser	Ile	Pro	Pro	Gly	Asp	Gln	Gly	Trp	Phe
225					230					235					240
Cys	Lys	Phe	Cys	Asp	Cys	Lys	Ile	Glu	Ile	Ile	Asp	Thr	Met	Asn	Ala
				245					250					255	
Gln	Ile	Gly	Thr	His	Phe	Pro	Val	Asp	Ser	Asn	Trp	Gln	Asp	Ile	Phe
			260					265					270		
Asn	Glu	Glu	Ala	Ser	Leu	Pro	Ile	Gly	Ser	Glu	Ala	Thr	Val	Asn	Asn
		275					280					285			
Glu	Ala	Asp	Trp	Pro	Ser	Asp	Asp	Ser	Lys	Asp	Asp	Asp	Tyr	Asp	Pro
	290					295					300				
Glu	Met	Arg	Glu	Asn	Gly	Gly	Gly	Asn	Ser	Ser	Asn	Val	Ser	Gly	Asp
305					310					315					320
Gly	Gly	Gly	Asp	Asn	Asp	Glu	Glu	Ser	Ile	Ser	Thr	Ser	Leu	Ser	Leu
				325					330					335	
Ser	Ser	Asp	Gly	Val	Ala	Leu	Ser	Thr	Gly	Ser	Trp	Glu	Gly	His	Arg
			340					345					350		
Leu	Ser	Asn	Met	Val	Glu	Gln	Cys	Glu	Thr	Ser	Asn	Glu	Glu	Thr	Val
		355					360					365			
Cys	Gly	Pro	Arg	Gln	Arg	Arg	Thr	Val	Asp	Tyr	Thr	Gln	Leu	Tyr	Tyr
	370					375					380				
Glu	Met	Phe	Gly	Lys	Asp	Ala	Val	Leu	Gln	Glu	Gln	Gly	Ser	Glu	Asp
385					390					395					400
Glu	Asp	Trp	Gly	Pro	Asn	Asp	Arg	Arg	Lys	Arg	Lys	Arg	Glu	Ser	Asp
				405					410					415	
Ala	Gly	Ser	Thr	Leu	Val	Thr	Met	Cys	Glu	Ser	Ser	Lys	Lys	Asp	Gln
			420					425					430		
Asp	Val	Val	Glu	Thr	Leu	Glu	Gln	Ser	Glu	Arg	Asp	Ser	Val	Ser	Val
		435					440					445			
Glu	Asn	Lys	Gly	Gly	Arg	Arg	Arg	Met	Phe	Arg	Leu	Pro	Arg	Asn	Ala
	450					455					460				
Val	Glu	Lys	Leu	Arg	Gln	Val	Phe	Ala	Glu	Thr	Glu	Leu	Pro	Ser	Lys

465					470					475				480
Ala	Val	Arg	Asp	Arg	Leu	Ala	Lys	Glu	Leu	Ser	Leu	Asp	Pro	Glu
				485					490					495
Val	Asn	Lys	Trp	Phe	Lys	Asn	Thr	Arg	Tyr	Met	Ala	Leu	Arg	Asn
			500					505					510	
Lys	Thr	Glu	Ser	Val	Lys	Gln	Pro	Gly	Asp	Ser	Lys	Thr	Val	Ser
		515					520					525		
Gly	Asp	Ser	Gly	Pro	Glu	Ala	Val	Met	Glu	Asn	Asn	Thr	Glu	Thr
	530					535				540				
Glu	Val	Gln	Asp	Thr	Leu	Asp	Asp	Thr	Val	Pro	Pro	Gly	Phe	Asp
545					550					555				560
Thr	Asn	Gln	Asn	Ile	Leu	Ser	Pro	Cys	Asn	Asn	Asn	Gln	Glu	Glu
				565					570					575
Gln	Gln	Glu	Asn	Val	Ser	Phe	Pro	Ser	Pro	Thr	Asp	Glu	Ser	Gln
			580					585					590	
Tyr	Leu	Glu	Gln	Asn	Asp	Ser	Ser	Phe	Val	Leu	Val	Pro	His	Glu
		595					600					605		Lys
Gln	Ser	Ser	Glu	Ile	Ser	Leu	Lys	Thr	Ala	Val	Glu	Glu	Asn	Glu
	610					615					620			Thr
Glu	Ser	Lys	Met	Met	Lys	Glu	Pro	His	Glu	Glu	Leu	Ser	Ser	Glu
625					630					635				640
Ser	Leu	Lys	Thr	Ala	Ala	Glu	Glu	Lys	Glu	Thr	Glu	Ser	Lys	Met
				645					650					655
Glu	Glu	Pro	His	Glu	Glu	Leu	Ser	Arg	Glu	Met	Ser	Leu	Lys	Thr
			660					665					670	Ala
Val	Glu	Glu	Lys	Glu	Thr	Glu	Ser	Lys	Met	Met	Glu	Glu	Pro	His
		675					680					685		Asp
Glu	Leu	Asn	Ser	Glu	Met	Ser	Leu	Ser	Thr	Ala	Val	Glu	Glu	Lys
	690					695					700			Glu
Thr	Gly	Ser	Lys	Met	Thr	Glu	Glu	Ser	His	Glu	Glu	Leu	Ser	Asn
705					710					715				720
Met	Ser	Leu	Glu	Glu	Lys	Glu	Thr	Gly	Arg	Lys	Met	Thr	Glu	Glu
			725						730					735
Glu	Leu	Glu	Ala	Val	Met	Glu	Met	Leu	Cys	Arg	Thr	Glu	Asn	Lys
			740					745					750	Leu
Leu	Asp	Val	Thr	Gln	Arg	Leu	Asp	Arg	Phe	Lys	Thr	Pro	Lys	Gly
		755					760					765		Arg
Lys	Lys	Leu	Gly	Asn	Ser	Ser	Ser	Pro	Leu	Leu	Glu	Glu	Asp	Ser
	770					775					780			Val
Val	Tyr	Val	Pro	Ile	Ala	Glu	Ile	Lys	Glu	Lys	Arg			
785					790					795				

<210> 183

<211> 2151

<212> ADN

<213> *Eucalyptus grandis*

<400> 183

atgcattcca	gaaagaatct	tgcccaaaaa	gaagactttt	tgaaggcaga	atctggatcg	60
gaggttcttg	cctcgctgat	attgagaaat	aggagaagga	aaaagcacaa	acagaaacta	120
caatcttctg	taaaagcaag	aggctcaacc	cttgccaaga	agagggccaa	taactccatc	180
agaaagagac	tggtgcgtag	gaacagctct	gataaagaca	aactcataaa	tttaaaagct	240
tttcataata	agaaaattga	aatagttcoc	gagaagcttt	catccctcc	atcttcagaa	300
agagagctgc	ctattgcttc	tgacgaaaat	gtgcaaaaaca	ccgatgagga	tgtcaaaagt	360
aacaagctga	gaaggaagag	gaagaagaaa	atgagaaagc	atttttcgaa	gttagatgag	420
gcttcacgat	tgacagaggag	aacaagatac	cttcttatta	aaatgaagct	ggaacagaac	480
cttattgatg	cttactctgg	tgaaggctgg	aaaggccaga	gtcgggaaaa	gatcaagcca	540
acaaaggaat	tacaaagggc	caggaagcag	atactgaatt	gcaaactcgg	aatacgtgat	600
gctattcgac	agctagactc	cattagttca	gtgggcagca	ttgaagactc	tgtgattgct	660
cctgatgggt	ctgttcacca	tgaacatata	ttctgtgcaa	aatgcaagac	aaatgaaact	720
tcctcagata	atgatatcat	actctgcgat	gggacatgca	attgtgcttt	tcataaaaa	780

```

tgtcttgatc ctccactgga aactgaaagc attccccccag gagatcaggg ctgggttttgc 840
agactctgcg agtgtaagat ggaaattata gaggcaacaa atgcacatct ggggacccac 900
ttttctcttg acagcaactg gcaggatata ttcgaggaag aagctgcatt gcctgatggg 960
ggaattcagg tgcttgacct agacgaaaag tggccttcag atgactctga agatgatgac 1020
tatgacccag aaaagatgac gaacacccgc atcaactgtg ccggcaatga tgattctcaa 1080
tcatacgaca caagtagctc taccagcctg agttgggtcat tagatgggtga aattttgtca 1140
ggaccaacaa tatcaggcaa ggaagggttg aactatcctg agagcattgc agggctctgat 1200
gtattaatgg acacggatac tgatactgta tgtggccac gacagcgaaa tgctgttgat 1260
tataagcagc ttataaatga aatgttcggg aaggatactc ctgcctgtga acaagccagt 1320
gaagatgaag actgggggtcc taataaaaga agaagaagag aaagggaaac agatgcagcc 1380
agcaccctca tgactctctg tgaaagttag aaaaacaatc cattcattga ccaagcctca 1440
gaaggtgata agaaactctc tgcagaagca agaattgagaa ggccgatttt cagaattcct 1500
ccaactgcag ttgagaagct tcgccaaagta ttgagagaga atgaacttcc ctcaagatct 1560
gtcaaagaaa atcttgctaa agagtgttggg ctggaacctg agaagggttag caaatgggtc 1620
aagaatgcac gatacatggc actcaaaaca agaaaggctg ggggggctga tcaacctcca 1680
aaatccccgc aaaagcataa agaattctgaa ctagcaaaaa tgatgaaagg ggctgcgcct 1740
attttatcta aggatgcctc aacagacatt gaattccatt cctctctaaa tactgagaaa 1800
gtcatccagc aaaagagtac gaagccaata cccgggaagg gttcaacctat ggtacctgaa 1860
catagctata tggagaatgt tgagttcgat gacaatatgt ccttgaaaca aataaagcta 1920
ttgaaaggaa aaccaaaagga caggaagagg gttgacttcg cagccagtga gggattacga 1980
gaaagagaag ctcaatttgc ggagctatgt aaaattagaa gtaggctaga tagtctgagg 2040
aagagaaccc ttacatttca gtcagtgtaa tccaaggctt cagacgaatt caacacttgt 2100
agatcacgtg tagtatatgt tccagtagca gaaataaagg agagagcttg a 2151

```

<210> 184

<211> 716

<212> PRT

<213> *Eucalyptus grandis*

<400> 184

```

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

```

Ser	Ser	Asp	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu	Cys	Asp	Gly	Thr	Cys	Asn	Cys	Ala	
				245					250					255		
Phe	His	Gln	Lys	Cys	Leu	Asp	Pro	Pro	Leu	Glu	Thr	Glu	Ser	Ile	Pro	
			260					265					270			
Pro	Gly	Asp	Gln	Gly	Trp	Phe	Cys	Arg	Leu	Cys	Glu	Cys	Lys	Met	Glu	
		275					280					285				
Ile	Ile	Glu	Ser	Thr	Asn	Ala	His	Leu	Gly	Thr	His	Phe	Ser	Leu	Asp	
	290				295						300					
Ser	Asn	Trp	Gln	Asp	Ile	Phe	Glu	Glu	Glu	Ala	Ala	Leu	Pro	Asp	Gly	
305					310					315					320	
Gly	Ile	Gln	Val	Leu	Asp	Leu	Asp	Glu	Lys	Trp	Pro	Ser	Asp	Asp	Ser	
			325						330					335		
Glu	Asp	Asp	Asp	Tyr	Asp	Pro	Glu	Lys	Met	Thr	Asn	Thr	Gly	Ile	Asn	
			340					345					350			
Cys	Ala	Gly	Asn	Asp	Asp	Ser	Gln	Ser	Tyr	Asp	Thr	Ser	Ser	Ser	Thr	
		355					360					365				
Ser	Leu	Ser	Trp	Ser	Leu	Asp	Gly	Glu	Ile	Leu	Ser	Gly	Pro	Thr	Ile	
	370					375					380					
Ser	Gly	Lys	Glu	Gly	Leu	Asn	Tyr	Pro	Glu	Ser	Ile	Ala	Gly	Ser	Asp	
385					390					395					400	
Val	Leu	Met	Asp	Thr	Asp	Thr	Asp	Thr	Val	Cys	Gly	Pro	Arg	Gln	Arg	
			405						410					415		
Asn	Ala	Val	Asp	Tyr	Lys	Gln	Leu	Tyr	Asn	Glu	Met	Phe	Gly	Lys	Asp	
			420					425					430			
Thr	Pro	Ala	Cys	Glu	Gln	Ala	Ser	Glu	Asp	Glu	Asp	Trp	Gly	Pro	Asn	
		435					440					445				
Lys	Arg	Arg	Arg	Arg	Glu	Arg	Glu	Thr	Asp	Ala	Ala	Ser	Thr	Leu	Met	
	450					455					460					
Thr	Leu	Cys	Glu	Ser	Glu	Lys	Asn	Asn	Pro	Phe	Ile	Asp	Gln	Ala	Ser	
465					470					475					480	
Glu	Gly	Asp	Lys	Lys	Leu	Ser	Ala	Glu	Ala	Arg	Met	Arg	Arg	Arg	Ile	
			485					490						495		
Phe	Arg	Ile	Pro	Pro	Thr	Ala	Val	Glu	Lys	Leu	Arg	Gln	Val	Phe	Ala	
			500					505					510			
Glu	Asn	Glu	Leu	Pro	Ser	Arg	Ser	Val	Lys	Glu	Asn	Leu	Ala	Lys	Glu	
		515					520					525				
Phe	Gly	Leu	Glu	Pro	Glu	Lys	Val	Ser	Lys	Trp	Phe	Lys	Asn	Ala	Arg	
	530					535					540					
Tyr	Met	Ala	Leu	Lys	Thr	Arg	Lys	Ala	Gly	Gly	Ala	Asp	Gln	Pro	Pro	
545					550				555						560	
Lys	Ser	Pro	Gln	Lys	His	Lys	Glu	Ser	Glu	Leu	Ala	Lys	Met	Met	Lys	
			565						570					575		
Gly	Ala	Ala	Pro	Ile	Leu	Ser	Lys	Asp	Ala	Ser	Thr	Asp	Ile	Glu	Phe	
			580					585					590			
His	Ser	Ser	Leu	Asn	Thr	Glu	Lys	Val	Ile	Gln	Gln	Lys	Ser	Thr	Lys	
		595					600					605				
Pro	Ile	His	Gly	Lys	Gly	Ser	Pro	Met	Val	Pro	Glu	His	Ser	Tyr	Met	
	610					615					620					
Glu	Asn	Phe	Glu	Phe	Asp	Asp	Asn	Met	Ser	Leu	Lys	Gln	Ile	Lys	Leu	
625					630					635					640	
Leu	Lys	Gly	Lys	Pro	Lys	Asp	Arg	Lys	Arg	Val	Asp	Phe	Ala	Ala	Ser	
			645						650					655		
Glu	Gly	Leu	Arg	Glu	Arg	Glu	Ala	Gln	Leu	Arg	Glu	Leu	Cys	Lys	Ile	
			660					665					670			
Arg	Ser	Arg	Leu	Asp	Ser	Leu	Arg	Lys	Arg	Thr	Leu	Thr	Phe	Gln	Ser	
		675					680					685				
Ser	Glu	Ser	Lys	Ala	Ser	Asp	Glu	Phe	Asn	Thr	Cys	Arg	Ser	Arg	Val	
	690					695					700					
Val	Tyr	Val	Pro	Val	Ala	Glu	Ile	Lys	Glu	Arg	Ala					
705					710						715					

<210> 185

<211> 2124

<212> ADN

<213> *Medicago truncatula*

<400> 185

```

atgcgggata ctgagaggtt aaataaccaa ggatctacaa aaccgagtaa cacaaaggaa      60
catatcaagt tgaaggtaga ttccccacag ttcaaaaaca gtagcacaaa acaccaaagg      120
aagaaacaca gactgaaatc aaaatctcat aaactcggag gttgcacaaa tgcgtcagtg      180
aggacagcta ctgattcttc caacaaggcg tcaaccaagg attcttcaaa taaaacggat      240
aggaattcaa cacaggttca gccttcaaaa aagatacaag gaggaaaaaa ttctcttaat      300
aatgatagga aagggtgagaa agatgttggt gatcaagagg gaaatattca aaaacgtaag      360
agaaggagaa agaagaaaag acaaagacat aatgtagatc ttgatgatac tgtacgcctc      420
cagagaagaa caaggaatat cttaatcaga atgaagcaag aacagaatct tatcgatgct      480
tacgctggag aagggttgaa aggtcagagt cgagagaaga ttaggccaga aatggagcta      540
caaagagcaa aaaagcagat tttaaaatgc aagcttagta tccgtgatgc caticaccaa      600
ctggattctc ttagttcagt tggtagtatt gaaggttctg tcattgctac agatggatct      660
gtttctcatg aacatatatt ctgtgcaaat tgcaagataa acgaagtttc tccagataat      720
gatattatac tctgtgatgg cacatgcaat cgtgcgtttc accagagatg tcttgatcct      780
cctttggaga ctgaagacat tcttctgaa gaccaaggct gggtttgcaa gtattgtgac      840
tgtaagatag aatatattgga ggcaacaaac ggcacatctg ggactcgttt ccccttagac      900
agtacttggc aggatgtatt caaggaagaa gctgctattc ctgacggcga tgcgtcatta      960
ctaaatcaag aagaagaatg gccgtcagat gatcctgaag acgatgacta taatccagag      1020
aggaaagaag aaagccacgg tggcttcaac acagaaggaa atgataaaaa cgcatctgat      1080
gattcaagca gttcttccag catgtggtct ctaaatggag aatgctctct gttagatgaa      1140
ggcatcaacc ttgaatatta ttctaacgac cacatagatt ctgatgaatc cggggaaata      1200
gcatgcggtc gtaggcagcg tagagctggt gactacaaga aactttatga tgaatgttt      1260
ggaaaggatg ctccaccttg tgaacaagtg agtgaagatg aagattgggg tctcgaaaaa      1320
agacggcgaa gagaaaagga gtctgaggct gtttaatactc ttatgactct acatgagagt      1380
gaaaataaat atccgaataa taagaacaat gatagaataa gagggaaattc ttcaggcata      1440
aaaagacctt gtttttaggtt ttccatgag gcagttgaga agcttcgcca agtttttgca      1500
gagaacgagc ttcttccaaa atccgtgaag gatgcccttt caaaagaatt gggacttgat      1560
gctgcaaagg ttaacaaatg gttcaaaaat gcacgttaca tggcacttaa aataagaaag      1620
cttcaagaag gaggacaaca gcttcagagt atcacttcta agacctcaaa ggattctaca      1680
tcacaacatg tgcaggaaga tgagggtttt aaccogaagt ccgcgaaaat tactgtgatt      1740
agttccctga agaagtgtga aaatgttact ggcaaagaaa aaacaaaagc atctagcaat      1800
cctttgaaga aaaagcgacc agaaatacct ccattgcttg gagaaaatgg caacaaggat      1860
tccatggagg tcagtgatga tgtttagctta atgaaactat tacaagacag gaaaaagaag      1920
gtaagttttg catttgaagg agactctgag gcagcagagt tggaaatttga aagactcagc      1980
aaagtgaaga cgaataataga tagattgaag caaagattaa ctggagttca aaattgcaga      2040
tcaaagggtt cagatgaagt tcatttgaat gagccatcta ttatgtatgt tcctatagct      2100
gagttaaagg aaaaggtgaa atag                                     2124

```

5 <210> 186

<211> 707

<212> PRT

<213> *Medicago truncatula*

<400> 186

```

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

```

10

Thr	Ser	Leu	Asn	Asn	Asp	Arg	Lys	Gly	Glu	Lys	Asp	Val	Val	Asp	Gln
			100					105					110		
Glu	Gly	Asn	Ile	Gln	Lys	Arg	Lys	Arg	Arg	Arg	Lys	Lys	Lys	Arg	Gln
		115					120					125			
Arg	His	Asn	Val	Asp	Leu	Asp	Asp	Thr	Val	Arg	Leu	Gln	Arg	Arg	Thr
	130					135					140				
Arg	Asn	Ile	Leu	Ile	Arg	Met	Lys	Gln	Glu	Gln	Asn	Leu	Ile	Asp	Ala
	145					150				155					160
Tyr	Ala	Gly	Glu	Gly	Trp	Lys	Gly	Gln	Ser	Arg	Glu	Lys	Ile	Arg	Pro
				165					170					175	
Glu	Met	Glu	Leu	Gln	Arg	Ala	Lys	Lys	Gln	Ile	Leu	Lys	Cys	Lys	Leu
			180					185					190		
Ser	Ile	Arg	Asp	Ala	Ile	His	Gln	Leu	Asp	Ser	Leu	Ser	Ser	Val	Gly
		195					200					205			
Ser	Ile	Glu	Gly	Ser	Val	Ile	Ala	Thr	Asp	Gly	Ser	Val	Ser	His	Glu
	210					215					220				
His	Ile	Phe	Cys	Ala	Asn	Cys	Lys	Ile	Asn	Glu	Val	Ser	Pro	Asp	Asn
	225					230				235					240
Asp	Ile	Ile	Leu	Cys	Asp	Gly	Thr	Cys	Asn	Arg	Ala	Phe	His	Gln	Arg
				245					250					255	
Cys	Leu	Asp	Pro	Pro	Leu	Glu	Thr	Glu	Asp	Ile	Pro	Pro	Glu	Asp	Gln
			260					265					270		
Gly	Trp	Phe	Cys	Lys	Tyr	Cys	Asp	Cys	Lys	Ile	Glu	Ile	Leu	Glu	Ala
		275					280					285			
Thr	Asn	Ala	His	Leu	Gly	Thr	Arg	Phe	Pro	Leu	Asp	Ser	Thr	Trp	Gln
	290					295					300				
Asp	Val	Phe	Lys	Glu	Glu	Ala	Ala	Ile	Pro	Asp	Gly	Asp	Ala	Ala	Leu
	305				310					315					320
Leu	Asn	Gln	Glu	Glu	Glu	Trp	Pro	Ser	Asp	Asp	Pro	Glu	Asp	Asp	Asp
				325					330					335	
Tyr	Asn	Pro	Glu	Arg	Lys	Glu	Glu	Ser	His	Gly	Gly	Phe	Asn	Thr	Glu
			340				345						350		
Gly	Asn	Asp	Lys	Asn	Ala	Ser	Asp	Asp	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Met
		355					360					365			
Trp	Ser	Leu	Asn	Gly	Glu	Cys	Ser	Leu	Leu	Asp	Glu	Gly	Ile	Asn	Leu
	370					375					380				
Glu	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Asp	His	Ile	Asp	Ser	Asp	Glu	Ser	Gly	Glu	Ile
	385				390					395					400
Ala	Cys	Gly	Arg	Arg	Gln	Arg	Arg	Ala	Val	Asp	Tyr	Lys	Lys	Leu	Tyr
				405					410					415	
Asp	Glu	Met	Phe	Gly	Lys	Asp	Ala	Pro	Pro	Cys	Glu	Gln	Val	Ser	Glu
			420					425					430		
Asp	Glu	Asp	Trp	Gly	Pro	Arg	Lys	Arg	Arg	Arg	Arg	Glu	Lys	Glu	Ser
		435					440					445			
Glu	Ala	Val	Asn	Thr	Leu	Met	Thr	Leu	His	Glu	Ser	Glu	Asn	Lys	Tyr
	450					455					460				
Pro	Asn	Asn	Lys	Asn	Asn	Asp	Arg	Ile	Arg	Gly	Asn	Ser	Ser	Gly	Ile
	465				470					475					480
Lys	Arg	Pro	Cys	Phe	Arg	Phe	Ser	His	Glu	Ala	Val	Glu	Lys	Leu	Arg
				485					490					495	
Gln	Val	Phe	Ala	Glu	Asn	Glu	Leu	Pro	Pro	Lys	Ser	Val	Lys	Asp	Ala
			500					505					510		
Leu	Ser	Lys	Glu	Leu	Gly	Leu	Asp	Ala	Ala	Lys	Val	Asn	Lys	Trp	Phe
		515					520					525			
Lys	Asn	Ala	Arg	Tyr	Met	Ala	Leu	Lys	Ile	Arg	Lys	Leu	Gln	Glu	Gly
	530					535					540				
Gly	Gln	Gln	Leu	Gln	Ser	Ile	Thr	Ser	Lys	Thr	Ser	Lys	Asp	Ser	Thr
	545				550					555					560
Ser	Gln	His	Val	Gln	Glu	Asp	Glu	Val	Leu	Asn	Pro	Lys	Ser	Ala	Lys
				565					570					575	
Ile	Thr	Val	Ile	Ser	Ser	Leu	Lys	Lys	Cys	Glu	Asn	Val	Thr	Gly	Lys

			580					585				590			
Glu	Lys	Thr	Lys	Ala	Ser	Ser	Asn	Pro	Leu	Lys	Lys	Lys	Arg	Pro	Glu
		595					600					605			
Ile	Pro	Pro	Cys	Leu	Gly	Glu	Asn	Gly	Asn	Lys	Asp	Ser	Met	Glu	Val
	610					615					620				
Ser	Asp	Asp	Val	Ser	Leu	Met	Lys	Leu	Leu	Gln	Asp	Arg	Lys	Lys	Lys
	625					630				635					640
Val	Ser	Phe	Ala	Phe	Glu	Gly	Asp	Ser	Glu	Ala	Ala	Glu	Leu	Glu	Phe
				645					650					655	
Glu	Arg	Leu	Ser	Lys	Val	Lys	Thr	Lys	Ile	Asp	Arg	Leu	Lys	Gln	Arg
			660					665					670		
Leu	Thr	Gly	Val	Gln	Asn	Cys	Arg	Ser	Lys	Gly	Ser	Asp	Glu	Val	His
		675					680					685			
Leu	Asn	Glu	Pro	Ser	Ile	Met	Tyr	Val	Pro	Ile	Ala	Glu	Leu	Arg	Glu
	690					695					700				
Lys	Val	Lys													
	705														

<210> 187

<211> 2556

<212> ADN

<213> *Pinus radiata*

<400> 187

atgccgaaaag	caggaaaaagg	ctcttccgggt	tcaactccgaa	agaagcaagc	gttgtcaaatt	60
acagcatcag	agctaaggcc	taaagctgca	attcagaaga	ctaacaatgc	cgggagtatt	120
tctggcagga	tgagggaag	gaaaccacgg	ttacatgtac	agatgattgc	ctcaattctc	180
acgaaaaaaa	ggacaggtga	agcatctgaa	tcgagaaatg	attctgagct	agaagacaaa	240
caatatctga	gcaatagtgc	aaaaacaaat	gccaattttg	tagcggggaa	gttagttaaa	300
aagactttga	aaaaagcccc	aagattaaac	ttgattaaga	atgacagtca	gaaaaaaccc	360
agtaagagtt	ctgcttcgag	gtcttatgct	gcacagaaac	ctgaacggcc	acaacagaga	420
aaaattagga	ggacaaagt	gaagggtgat	tctaaaaata	taacaaaggt	gaaaaactgt	480
agaactagta	atatagatgg	cttgaagagg	aagcagcaaa	ggagaaagaa	gaaaaagaag	540
gcgcagaatg	ttccacagga	tgaagtatca	cgtgcaaaga	gaaggatcaa	atatcttttg	600
ctcaaaatga	aacttgagca	gaatcttatt	gatgcataat	caggggaggg	ctggaaaggc	660
cagagtcggg	agaaaataaa	gccagagaag	gagttacaga	gagctgaaaa	gcagattctg	720
caatgcaaac	ttggaattcg	tgaagcagtg	catcagcttg	atcttctaag	ttcggaagga	780
tctatagcag	atgccgttat	tgatccagaa	gggcgtgtat	ttcatgagca	tatatattgt	840
gcaaaatgca	aatgacaga	tgctcttccg	gataatgaca	taatattgtg	tgatggagct	900
tgcaactcgt	gcttccatca	gaaatgtctg	gctccacctt	tggtactga	aaacattcct	960
cctggagatc	aggggttgct	ctgtaaagt	tgcgaaagta	agctagagag	tttggaagca	1020
ataaatgctc	atttgggcac	ccagtttaca	gttgataata	gctgggaggg	aatttttgc	1080
gatgcagcta	gaattgcgaa	tggtgaaagt	acagctactg	ggaatgggga	agaatggcca	1140
tcagatgatt	cagaagatga	tgactatgat	ccagagaaac	aagagattag	agatgaaacg	1200
ggctatgaga	ataatatgag	tgattctgga	aagtcagtg	gatggtcaga	atcatataat	1260
gaaactgaca	atgaatcaga	tgcttccctt	acagataatc	taaatgaata	catctctaag	1320
ggaaagaaga	ggagcagaga	cactgatgaa	aaaaacggac	aagaagctat	aatagattta	1380
gatactgatg	agaatgatgg	ctcagacatg	ccagtttcag	ggagaaggca	gcgaagagat	1440
gttgattata	aaaagttgca	tgatgaaatg	tttgaaaaag	atggaccttg	tgaagatgaa	1500
gtcagtgaag	atgaagactg	gggacccaat	aggaggcgta	gaagagcgaa	acagccggat	1560
acaaatacca	ctaaggattc	ttcaaataga	gagaaagagc	atgttagaaa	ggaagcagat	1620
gagaaagtag	cagagcattc	acaaagtagc	ataaaggata	agaaacatat	tgtcagactg	1680
ccagctaatt	cagttgagaa	gctgogcaaa	gtctttgctg	aaaatgagct	accgtcaagg	1740
tcttacaagg	aaaatctgtc	acagcaactg	ggcctttacat	ttcgaaaggt	ccatatgtgg	1800
ttcaaaaatg	ccogttatat	gtctctgaag	agccgaaagg	aaatgcctag	aaatgagaac	1860
tgcaatgaaa	ctaattctcat	gggagaagg	gatattgggg	caaagaaaaa	aataccaaaa	1920
gagaagaaag	cagaatcaac	atgtctttta	tcttctgtta	gagcagaata	taaattctaga	1980
aatacaaaaa	ggaagcatag	gagaaaaaac	atcaaagcac	ccttatctat	ctcttccaga	2040
agtgagagaa	aaagaactat	gtgcagactg	cctgccaatg	cagttgagag	gtttcgccaa	2100
gtctttgctg	agaatgagtt	gccttcaatg	tcctgtaaaa	tggcattatc	aaagcagttg	2160
gatctacctt	atcggcaggt	gcataatgtgg	ttcaaaaatg	ctcgttatat	gtctttggaag	2220

ES 2 539 530 T3

```

aagaaaaaga tgaaccgttt aaaagaatca gctcccggtta tttcctcaca taccagaaga 2280
cttgaagtag aaagtagcaa acccaatcca caaatcaaag agccagatga tgctggcaat 2340
tcataacttaa cagagatgga aaaattgggt aatattgagt tgaaacttga aaatatgaga 2400
aagatttttag aaacagtctg tcctaaaaga ggtactgatt tttccaatga taagaatcaa 2460
gaagggaatcg ccaaccttct tagtgaggag cttcttgtgt atgtaccagt ggtggagttg 2520
agggagaaga gcttacaggt tgctcctgtc aggtga 2556

```

<210> 188

<211> 851

<212> PRT

5 <213> *Pinus radiata*

<400> 188

ES 2 539 530 T3

Met	Pro	Lys	Ala	Gly	Lys	Gly	Ser	Ser	Gly	Ser	Leu	Arg	Lys	Lys	Gln
1			5						10					15	
Ala	Leu	Ser	Asn	Thr	Ala	Ser	Glu	Leu	Arg	Pro	Lys	Ala	Ala	Ile	Gln
			20					25					30		
Lys	Thr	Asn	Asn	Ala	Gly	Ser	Ile	Ser	Gly	Arg	Met	Arg	Glu	Arg	Lys
		35					40					45			
Pro	Arg	Leu	His	Val	Gln	Met	Ile	Ala	Ser	Ile	Leu	Thr	Lys	Lys	Arg
	50					55					60				
Thr	Gly	Glu	Ala	Ser	Glu	Ser	Arg	Asn	Asp	Ser	Glu	Leu	Glu	Asp	Lys
65					70					75					80
Gln	Tyr	Leu	Ser	Asn	Ser	Ser	Lys	Thr	Asn	Ala	Asn	Phe	Val	Ala	Gly
				85					90					95	
Lys	Leu	Val	Lys	Lys	Thr	Leu	Lys	Lys	Ala	Pro	Arg	Leu	Asn	Leu	Ile
			100					105					110		
Lys	Asn	Asp	Ser	Gln	Lys	Lys	Pro	Ser	Lys	Ser	Ser	Ala	Ser	Arg	Ser
		115					120					125			
Tyr	Ala	Ala	Gln	Lys	Pro	Glu	Arg	Pro	Gln	Gln	Arg	Lys	Ile	Arg	Arg
	130					135						140			
Thr	Lys	Trp	Lys	Gly	Asp	Ser	Lys	Asn	Ile	Thr	Lys	Val	Lys	Thr	Val
145					150					155					160
Arg	Thr	Ser	Asn	Ile	Asp	Gly	Leu	Lys	Arg	Lys	Gln	Gln	Arg	Arg	Lys
				165					170					175	
Lys	Lys	Lys	Lys	Ala	Gln	Asn	Val	Pro	Gln	Asp	Glu	Val	Ser	Arg	Ala
			180					185					190		
Lys	Arg	Arg	Ile	Lys	Tyr	Leu	Leu	Leu	Lys	Met	Lys	Leu	Glu	Gln	Asn
		195				200						205			
Leu	Ile	Asp	Ala	Tyr	Ser	Gly	Glu	Gly	Trp	Lys	Gly	Gln	Ser	Arg	Glu
	210					215					220				
Lys	Ile	Lys	Pro	Glu	Lys	Glu	Leu	Gln	Arg	Ala	Glu	Lys	Gln	Ile	Leu
225					230					235					240
Gln	Cys	Lys	Leu	Gly	Ile	Arg	Glu	Ala	Val	His	Gln	Leu	Asp	Leu	Leu
				245					250					255	
Ser	Ser	Glu	Gly	Ser	Ile	Ala	Asp	Ala	Val	Ile	Asp	Pro	Glu	Gly	Arg
			260					265					270		
Val	Phe	His	Glu	His	Ile	Phe	Cys	Ala	Lys	Cys	Lys	Met	Thr	Asp	Ala
		275					280					285			
Leu	Pro	Asp	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu	Cys	Asp	Gly	Ala	Cys	Asn	Arg	Gly
	290					295					300				
Phe	His	Gln	Lys	Cys	Leu	Asp	Pro	Pro	Leu	Ala	Thr	Glu	Asn	Ile	Pro
305					310					315					320
Pro	Gly	Asp	Gln	Gly	Trp	Leu	Cys	Lys	Val	Cys	Glu	Cys	Lys	Leu	Glu
				325					330					335	
Ser	Leu	Glu	Ala	Ile	Asn	Ala	His	Leu	Gly	Thr	Gln	Phe	Thr	Val	Asp
			340					345					350		
Asn	Ser	Trp	Glu	Gly	Ile	Phe	Ala	Asp	Ala	Ala	Arg	Ile	Ala	Asn	Gly
		355					360					365			
Glu	Ser	Thr	Ala	Thr	Gly	Asn	Gly	Glu	Glu	Trp	Pro	Ser	Asp	Asp	Ser
	370					375					380				

Glu Asp Asp Asp Tyr Asp Pro Glu Lys Gln Glu Ile Arg Asp Glu Thr
 385 390 395 400
 Gly Tyr Glu Asn Asn Met Ser Asp Ser Gly Lys Ser Ser Gly Trp Ser
 405 410 415
 Glu Ser Tyr Asn Glu Thr Asp Asn Glu Ser Asp Ala Ser Leu Thr Asp
 420 425 430
 Asn Leu Asn Glu Tyr Ile Ser Lys Gly Lys Lys Arg Ser Arg Asp Thr
 435 440 445
 Asp Glu Lys Asn Gly Gln Glu Ala Ile Ile Asp Leu Asp Thr Asp Glu
 450 455 460
 Asn Asp Gly Ser Asp Met Pro Val Ser Gly Arg Arg Gln Arg Arg Asp
 465 470 475 480
 Val Asp Tyr Lys Lys Leu His Asp Glu Met Phe Gly Lys Asp Gly Pro
 485 490 495
 Cys Glu Asp Glu Val Ser Glu Asp Glu Asp Trp Gly Pro Asn Arg Arg
 500 505 510
 Arg Arg Arg Ala Lys Gln Pro Asp Thr Asn Thr Thr Lys Asp Ser Ser
 515 520 525
 Asn Glu Glu Lys Glu His Val Arg Lys Glu Ala Asp Glu Lys Val Ala
 530 535 540
 Glu His Ser Gln Ser Ser Ile Lys Asp Lys Lys His Ile Val Arg Leu
 545 550 555 560
 Pro Ala Asn Ala Val Glu Lys Leu Arg Lys Val Phe Ala Glu Asn Glu
 565 570 575
 Leu Pro Ser Arg Ser Tyr Lys Glu Asn Leu Ser Gln Gln Leu Gly Leu
 580 585 590
 Thr Phe Arg Lys Val His Met Trp Phe Lys Asn Ala Arg Tyr Met Ser
 595 600 605
 Leu Lys Ser Arg Lys Glu Met Pro Arg Asn Glu Asn Cys Asn Glu Thr
 610 615 620
 Asn Leu Met Gly Glu Gly Asp Met Gly Pro Lys Lys Lys Ile Pro Lys
 625 630 635 640
 Glu Lys Lys Ala Glu Ser Thr Cys Leu Leu Ser Ser Val Arg Ala Glu
 645 650 655
 Tyr Lys Ser Arg Asn Thr Lys Arg Lys His Arg Arg Lys Asn Ile Lys
 660 665 670
 Ala Pro Leu Ser Ile Ser Ser Arg Ser Glu Arg Lys Arg Thr Met Cys
 675 680 685
 Arg Leu Pro Ala Asn Ala Val Glu Arg Phe Arg Gln Val Phe Ala Glu
 690 695 700
 Asn Glu Leu Pro Ser Met Ser Cys Lys Met Ala Leu Ser Lys Gln Leu
 705 710 715 720
 Asp Leu Pro Tyr Arg Gln Val His Met Trp Phe Lys Asn Ala Arg Tyr
 725 730 735
 Met Ser Leu Lys Lys Lys Met Asn Arg Leu Lys Glu Ser Ala Pro
 740 745 750
 Val Ile Ser Ser His Thr Arg Arg Leu Glu Val Glu Ser Ser Lys Pro
 755 760 765
 Asn Pro Gln Ile Lys Glu Pro Asp Asp Ala Gly Asn Ser Tyr Leu Thr
 770 775 780
 Glu Met Glu Lys Leu Gly Asn Ile Glu Leu Lys Leu Glu Asn Met Arg
 785 790 795 800
 Lys Ile Leu Glu Thr Val Cys Pro Lys Arg Gly Thr Asp Phe Ser Asn
 805 810 815
 Asp Lys Asn Gln Glu Gly Ile Ala Asn Leu Leu Ser Glu Glu Leu Leu
 820 825 830
 Val Tyr Val Pro Val Val Glu Leu Arg Glu Lys Ser Leu Gln Val Ala
 835 840 845
 Pro Val Arg
 850

<210> 189

<211> 2178

<212> ADN

<213> *Populus tremuloides*

<400> 189

```

atgggtgatt ctggaagac gtcaaagctg caagactcgc acaaatgttc accttctgac 60
acagtgactg ggctggttgc gattaaatca ttgaagataa agaaggacag caaaatatct 120
cctagaaaag gccaaaaaac gaaaacaaaa tcaaaaccaa aaccaatacc tcatctaaaa 180
actatcatca gttcagctgt atcaaaaaga aaagtctctc ctaagggcat tgggaatggc 240
tctaccagta gaaaactgat tcataggaaa attctgcata aagcacttga taagaaggcc 300
tcaaggaagg gggcttctctc agggctacaa ttgtcaacta ttgattctaa gggaaatgga 360
aaaaatggtg atgaaggtgc aattaaaaaa ctcaagaaga ggaagcctaa gaaaaggcaa 420

agggacaagg taaagctaga tgaaccatca cgattgcaga ggagagcaag gtacctgatg 480
attaaaaatga agctggacca gaaccttata gatgcttact ctggagaagg ctggaaaggt 540
caaagtcgag agaagatcag gccagaaaag gaactactgc gagcaaggaa gcagattttg 600
aagtgtaaac ttggtttacg tgatataatt cggcaggtgg attctcttag tacagtagga 660
tgtattgaag agacagttat ggctccagat ggatctgttt cacatgaaca tatattctgt 720
gcgaagtgca aattgaatga agtttcccca gataatgata ttgtactctg tgatggtaga 780
tgcaactgtg ctttccacca aaaatgcctt gaacctccct tggatactga aagtataacct 840
ccaggagatc agggatgggt ttgcaagttc tgtgaatgca ggatggatat tatagaagct 900
atgaatgctc atttgggaac ccatttctca gaggacagca gttggcagga tattttcaca 960
gaagaagcag caattcctga tgctggaaat gtgctattaa accccgaaga agaattggcct 1020
tcagatgatt ctgaagatga taattacgat ccagagagga gagacaacat catgagtga 1080
gcgggtactg atgatgatgc atctgatgac atcagcagtt caaccagctt gggtttgtct 1140
tcagatgggt aggttttttt gggatccagg aggtgggaga tgcattggctt ggacttcaga 1200
aacaattcta tttatagcag tttagattct gatgaaacca gtgatgggga aattgtttgt 1260
ggccgtaggg agagaagagc aattgactat aagaagttat atgatgaggt gtttggaaag 1320
gatgctcctg cacacgagca agccagtga gacgaagatt ggggtcctgg caaaagaaag 1380
cgacgggaga aggagtcaaa tgcagccagc acccttatga cactgtgtga aagtaaaaaa 1440
aaaagtaaaa gtgatgagac cattgaaggt atgatgaacc ttccccctca aactcgaagg 1500
ccaattttca gactcccccc tgatgcagtt gagaaaactt gccaaagtatt ttagaaaaat 1560
gaacttccat ctagaactgt caaggagaat ctgtcaaaag aattgggcct tgaacctggg 1620
aaggttagca aatggttcaa gaattcccg tatttagctc tgaagtcccg gaaggtagag 1680
aaaggagaac aacttcataa ctctagttcc aaagtctctg ctgaaccac attaaatgtc 1740
atggagggca aaactgctga tctttcacag gattcttggg aagaaactga ggtatgtatc 1800
ccaaagaatt tgaaggatg ccttcagagg aagaagctga agtcaataag cagaagtta 1860
aggaaaaatg aacagaaaag aggttctctc gaattcaccta ctaaaagcaa tgagatgaat 1920
gctgagtga gtgatgatgt gagcttgaag aagttgttaa aagcaaaacc aaaggagta 1980
aagaaaaagg ttaattctat ttcagtagcg gctgaatatg atatggagag actctgtaga 2040
gcgaaggcta tattagagaa gatgaagcag aaagtgggtg agctacaaaa tggcaaagct 2100
aggaagtcat ccaaaaccgg tccacttgaa gaatttatcg ttacattcc cattgctgag 2160
ttgaggggaa aaaattga 2178

```

5 <210> 190

<211> 725

<212> PRT

<213> *Populus tremuloides*

<400> 190

```

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

```

10

ES 2 539 530 T3

Ser	Thr	Ser	Arg	Lys	Leu	Ile	His	Arg	Lys	Ile	Leu	His	Lys	Ala	Leu	
				85					90					95		
Asp	Lys	Lys	Ala	Ser	Arg	Lys	Gly	Ala	Ser	Ser	Gly	Leu	Gln	Leu	Ser	
			100					105					110			
Thr	Ile	Asp	Ser	Lys	Gly	Asn	Gly	Lys	Asn	Gly	Asp	Glu	Gly	Ala	Ile	
		115					120					125				
Lys	Lys	Leu	Lys	Lys	Arg	Lys	Pro	Lys	Lys	Arg	Gln	Arg	Asp	Lys	Val	
		130				135					140					
Lys	Leu	Asp	Glu	Pro	Ser	Arg	Leu	Gln	Arg	Arg	Ala	Arg	Tyr	Leu	Met	
145					150					155					160	
Ile	Lys	Met	Lys	Leu	Asp	Gln	Asn	Leu	Ile	Asp	Ala	Tyr	Ser	Gly	Glu	
				165					170					175		
Gly	Trp	Lys	Gly	Gln	Ser	Arg	Glu	Lys	Ile	Arg	Pro	Glu	Lys	Glu	Leu	
			180					185					190			
Leu	Arg	Ala	Arg	Lys	Gln	Ile	Leu	Lys	Cys	Lys	Leu	Gly	Leu	Arg	Asp	
		195					200					205				
Ile	Ile	Arg	Gln	Val	Asp	Ser	Leu	Ser	Thr	Val	Gly	Cys	Ile	Glu	Glu	
	210					215					220					
Thr	Val	Met	Ala	Pro	Asp	Gly	Ser	Val	Ser	His	Glu	His	Ile	Phe	Cys	
225					230					235					240	
Ala	Lys	Cys	Lys	Leu	Asn	Glu	Val	Ser	Pro	Asp	Asn	Asp	Ile	Val	Leu	
				245					250					255		
Cys	Asp	Gly	Thr	Cys	Asn	Cys	Ala	Phe	His	Gln	Lys	Cys	Leu	Glu	Pro	
			260					265					270			
Pro	Leu	Asp	Thr	Glu	Ser	Ile	Pro	Pro	Gly	Asp	Gln	Gly	Trp	Phe	Cys	
		275					280					285				
Lys	Phe	Cys	Glu	Cys	Arg	Met	Asp	Ile	Ile	Glu	Ala	Met	Asn	Ala	His	
	290					295					300					
Leu	Gly	Thr	His	Phe	Ser	Glu	Asp	Ser	Ser	Trp	Gln	Asp	Ile	Phe	Thr	
305					310					315					320	
Glu	Glu	Ala	Ala	Ile	Pro	Asp	Ala	Gly	Asn	Val	Leu	Leu	Asn	Pro	Glu	
				325					330					335		
Glu	Glu	Trp	Pro	Ser	Asp	Asp	Ser	Glu	Asp	Asp	Asn	Tyr	Asp	Pro	Glu	
			340					345					350			
Arg	Arg	Asp	Asn	Ile	Met	Ser	Glu	Ala	Gly	Thr	Asp	Asp	Asp	Ala	Ser	
		355					360					365				
Asp	Asp	Ile	Ser	Ser	Ser	Thr	Ser	Leu	Gly	Trp	Ser	Ser	Asp	Gly	Glu	
		370				375					380					
Val	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Arg	Trp	Glu	Met	His	Gly	Leu	Asp	Phe	Arg	
385					390					395					400	
Asn	Asn	Ser	Ile	Tyr	Ser	Ser	Leu	Asp	Ser	Asp	Glu	Thr	Ser	Asp	Gly	
				405						410				415		
Glu	Ile	Val	Cys	Gly	Arg	Arg	Gln	Arg	Arg	Ala	Ile	Asp	Tyr	Lys	Lys	
			420					425					430			
Leu	Tyr	Asp	Glu	Val	Phe	Gly	Lys	Asp	Ala	Pro	Ala	His	Glu	Gln	Ala	
		435					440					445				
Ser	Glu	Asp	Glu	Asp	Trp	Gly	Pro	Gly	Lys	Arg	Lys	Arg	Arg	Glu	Lys	
		450				455					460					
Glu	Ser	Asn	Ala	Ala	Ser	Thr	Leu	Met	Thr	Leu	Cys	Glu	Ser	Lys	Lys	
465					470					475					480	
Lys	Ser	Lys	Ser	Asp	Glu	Thr	Ile	Glu	Gly	Met	Met	Asn	Leu	Pro	Pro	
				485					490					495		
Gln	Thr	Arg	Arg	Pro	Ile	Phe	Arg	Leu	Pro	Pro	Asp	Ala	Val	Glu	Lys	
			500					505					510			
Leu	Arg	Gln	Val	Phe	Val	Glu	Asn	Glu	Leu	Pro	Ser	Arg	Thr	Val	Lys	
		515					520					525				
Glu	Asn	Leu	Ser	Lys	Glu	Leu	Gly	Leu	Glu	Pro	Gly	Lys	Val	Ser	Lys	
	530					535					540					
Trp	Phe	Lys	Asn	Ser	Arg	Tyr	Leu	Ala	Leu	Lys	Ser	Arg	Lys	Val	Glu	
545					550					555					560	

Lys Gly Glu Gln Leu His Asn Ser Ser Ser Lys Val Ser Ala Glu Pro
565 570 575
Thr Leu Asn Val Met Glu Gly Lys Thr Ala Asp Leu Ser Gln Asp Ser
580 585 590
Trp Glu Glu Thr Glu Val Cys Ile Pro Lys Asn Leu Lys Arg Ile Leu
595 600 605
Gln Arg Lys Lys Leu Lys Ser Ile Ser Arg Ser Leu Arg Lys Asn Glu
610 615 620
Gln Lys Arg Gly Ser Tyr Glu Ser Pro Thr Lys Ser Asn Glu Met Asn
625 630 635 640
Ala Glu Cys Ser Asp Asp Val Ser Leu Lys Lys Leu Leu Lys Ala Lys
645 650 655
Pro Lys Gly Val Lys Lys Lys Val Asn Pro Ile Ser Val Ala Ala Glu
660 665 670
Tyr Asp Met Glu Arg Leu Cys Arg Ala Lys Ala Ile Leu Glu Lys Met
675 680 685
Lys Gln Lys Val Val Lys Leu Gln Asn Gly Lys Ala Arg Lys Ser Ser
690 695 700
Lys Thr Arg Pro Leu Glu Glu Phe Ile Val Tyr Ile Pro Ile Ala Glu
705 710 715 720
Leu Arg Gly Lys Asn
725

<210> 191

<211> 2256

<212> ADN

5 <213> *Saccharum officinarum*

<400> 191

atgcattctt	cggaaaataa	actggtatgc	tccaactcgg	gaagatcatc	aaaagggaat	60
gagacctcta	tggagttggt	tctgtacca	aaaagaccaa	ctagacatga	tgcttccgcg	120
caatgcaaat	ctgattctcc	tttgaagcga	tcaccaagga	aagctagaaa	tgctactctg	180
gcaaaaagca	taaagaataa	atatcattgt	agtcocctca	aacagcggag	ggcttcagat	240
tctgtttctg	gaaaagttgc	gacaggacta	actgtgagga	ggaggaagaa	aagaaaaatg	300
caaaatactg	atgaggcaac	tcgcttgga	cgaagagcga	gatattttct	aatcaagata	360
aaattggagc	agaatttgct	agatgcttac	tctggagatg	gatggaatgg	gcaaagccgg	420
gaaaaataa	agccagataa	ggatctgcgg	cgtgccagga	aacaaatcat	aaaatgcaaa	480
attgctatac	gtgatatacat	tcgccaaact	ggtttgtata	cttctactgg	gagtcctaat	540
gaccagcaaa	tgccctccaga	tcagtctacc	aatccggaac	ataccatgtg	ctcaacatgc	600
aagtctcatg	aatcattttcc	cagcaataaa	tttatcttct	gtgaagggcc	ctgcaaaagg	660
gcatatcatg	agaaatgttt	ggaacctccc	ttaaacaaaa	gcgtacttcc	aacaagtagc	720
catggatggc	tttgcaaat	ctgtttgtgc	aaagtgaaaa	ttttagaaac	tattaatgca	780
catctaggaa	caagttttac	agtgaagtgc	cccttcgaag	atatattcaa	ggaagcaacg	840
gaacaaatag	actccgagga	tgacttagat	gaagattggc	tttctgagta	ttcaggtgat	900
gaggactatg	atcctgatga	aaatgaggac	agcggcaact	gtatggacag	cggggaggaa	960
attatgtctg	atgattccga	tggttcagga	agcccccttt	attctccaaa	tgacgatatt	1020
cctgacttca	tatcagcaga	cttaaatgac	gtggaagggt	tttgtcacac	caatttagac	1080
ttaggcattg	atgccgttga	agatgatttg	gcacagatcc	ttacctacca	aaggccaaga	1140
agagatgttg	attatagaag	gcttaatgag	gaaatgtttg	gaaaaataat	aggaaatgaa	1200
ggacagagtg	aggatgaaga	ttggggccat	gaaaggagaa	agaaaaggac	ttgttcaggt	1260
ggtgctgggg	ataattctgt	gggtttctca	aatgttatat	ctgaggaaaa	gagccaaaaag	1320
aaggggagaa	aacttttcag	gattcctcct	gcagctgtcg	aggtacttcg	caaagctttt	1380
gctgaaaatg	agcttccacc	ccgggatgtc	aaagaaaatc	tctcaagaga	attgggaatt	1440
tcttttgaaa	agattgataa	atggttcaaa	aatacacggg	gtgctgctct	cagagatcgc	1500
aaggctgaag	ggaacagtca	taatacggct	cccagcaaaa	gctcaagaaa	taaaggaaaa	1560
gctggaatct	caagccaggc	tgaaaggaat	ggtcatgtta	ctggctccctg	caataactcg	1620
agaacaaatg	aagaaaaatc	gttgacacta	gctcctaatt	cccaggggaga	gaagaatggg	1680
attgcagcag	attatgtctt	acaaaaatct	ggtatatcgg	ggaagggtga	ttcagtagac	1740
aactcttgct	tggttccctt	gtctgaaagc	atcaatgtgc	atacacgatt	gcaacagaat	1800
cttgagatga	ggaagatgga	atcaactagc	agtcctgtgt	ggctgcacaa	taaaggaggt	1860
tgcttggttc	caacaggcca	agccaaggag	agtacattac	ctacaggcaa	gccttggttg	1920

cagtcagaaa taaccatttc aacaattaat gaagttagca ctttagtgca agctacttct 1980
 tggatggatg ctgggtcgtg cgctgaggtg caagaagcca ctccctgggt ggacatcggg 2040
 gcctcagatt accagccttt cctggacgtg atcgatgaga tgtgaggact tgagtgcagg 2100
 ctgcagagac tgaaggagaa catgctctca tctggcatag acggcaaaac cacaggtgag 2160
 agtgacatgg gaaaccaggc tgtggtgctc gtgccgaccg ccgagctcaa ggaaaaagcg 2220
 ccgcatggca gtttttttgg gcattattgc ccataag 2256

<210> 192

<211> 751

<212> PRT

5 <213> *Saccharum officinarum*

<400> 192

Met	His	Ser	Ser	Glu	Asn	Lys	Leu	Val	Cys	Ser	Asn	Ser	Gly	Arg	Ser	1	5	10	15
Ser	Lys	Gly	Asn	Glu	Thr	Ser	Met	Glu	Leu	Val	Pro	Val	Pro	Lys	Arg	20	25	30	
Pro	Thr	Arg	His	Asp	Ala	Ser	Arg	Gln	Cys	Lys	Ser	Asp	Ser	Pro	Leu	35	40	45	
Lys	Arg	Ser	Pro	Arg	Lys	Ala	Arg	Asn	Ala	Thr	Leu	Ala	Lys	Ser	Ile	50	55	60	
Lys	Asn	Lys	Tyr	His	Cys	Ser	Pro	Leu	Lys	Gln	Arg	Arg	Ala	Ser	Asp	65	70	75	80
Ser	Val	Ser	Gly	Lys	Val	Ala	Thr	Gly	Leu	Thr	Val	Arg	Arg	Arg	Lys	85	90	95	
Lys	Arg	Lys	Met	Gln	Asn	Thr	Asp	Glu	Ala	Thr	Arg	Leu	Glu	Arg	Arg	100	105	110	
Ala	Arg	Tyr	Phe	Leu	Ile	Lys	Ile	Lys	Leu	Glu	Gln	Asn	Leu	Leu	Asp	115	120	125	
Ala	Tyr	Ser	Gly	Asp	Gly	Trp	Asn	Gly	Gln	Ser	Arg	Glu	Lys	Ile	Lys	130	135	140	
Pro	Asp	Lys	Asp	Leu	Arg	Arg	Ala	Arg	Lys	Gln	Ile	Ile	Lys	Cys	Lys	145	150	155	160
Ile	Ala	Ile	Arg	Asp	Ile	Ile	Arg	Gln	Leu	Gly	Leu	Tyr	Thr	Ser	Thr	165	170	175	
Gly	Ser	Leu	Asn	Asp	Pro	Ala	Met	Pro	Pro	Asp	Gln	Ser	Thr	Asn	Pro	180	185	190	
Glu	His	Thr	Met	Cys	Ser	Thr	Cys	Lys	Ser	His	Glu	Ser	Phe	Pro	Ser	195	200	205	
Asn	Lys	Phe	Ile	Phe	Cys	Glu	Gly	Pro	Cys	Lys	Arg	Ala	Tyr	His	Glu	210	215	220	
Lys	Cys	Leu	Glu	Pro	Pro	Leu	Asn	Lys	Ser	Val	Leu	Pro	Thr	Ser	Ser	225	230	235	240
His	Gly	Trp	Leu	Cys	Lys	Phe	Cys	Leu	Cys	Lys	Val	Lys	Ile	Leu	Glu	245	250	255	
Thr	Ile	Asn	Ala	His	Leu	Gly	Thr	Ser	Phe	Thr	Val	Lys	Cys	Pro	Phe	260	265	270	
Glu	Asp	Ile	Phe	Lys	Glu	Ala	Thr	Glu	Gln	Ile	Asp	Ser	Glu	Asp	Ala	275	280	285	
Leu	Asp	Glu	Asp	Trp	Leu	Ser	Glu	Tyr	Ser	Gly	Asp	Glu	Asp	Tyr	Asp	290	295	300	
Pro	Asp	Glu	Asn	Glu	Asp	Ser	Gly	Asn	Cys	Met	Asp	Ser	Gly	Glu	Glu	305	310	315	320
Ile	Met	Ser	Asp	Asp	Ser	Asp	Gly	Ser	Gly	Ser	Pro	Leu	Tyr	Ser	Pro	325	330	335	
Asn	Asp	Asp	Ile	Pro	Asp	Phe	Ile	Ser	Ala	Asp	Leu	Asn	Asp	Val	Glu	340	345	350	
Gly	Phe	Cys	His	Thr	Asn	Leu	Asp	Leu	Gly	Ile	Asp	Ala	Val	Glu	Asp	355	360	365	
Asp	Leu	Ala	Gln	Ile	Leu	Thr	Tyr	Gln	Arg	Pro	Arg	Arg	Asp	Val	Asp	370	375	380	

Tyr Arg Arg Leu Asn Glu Glu Met Phe Gly Lys Ile Ile Gly Asn Glu
 385 390 395 400
 Gly Gln Ser Glu Asp Glu Asp Trp Gly His Glu Arg Arg Lys Lys Arg
 405 410 415
 Thr Cys Ser Gly Gly Ala Gly Asp Asn Ser Val Gly Phe Ser Asn Val
 420 425 430
 Ile Ser Glu Glu Lys Ser Gln Lys Lys Gly Arg Lys Leu Phe Arg Ile
 435 440 445
 Pro Pro Ala Ala Val Glu Val Leu Arg Lys Ala Phe Ala Glu Asn Glu
 450 455 460
 Leu Pro Pro Arg Asp Val Lys Glu Asn Leu Ser Arg Glu Leu Gly Ile
 465 470 475 480
 Ser Phe Glu Lys Ile Asp Lys Trp Phe Lys Asn Thr Arg Cys Ala Ala
 485 490 495
 Leu Arg Asp Arg Lys Ala Glu Gly Asn Ser His Asn Thr Ala Pro Ser
 500 505 510
 Lys Ser Ser Arg Asn Lys Gly Lys Ala Gly Ile Ser Ser Gln Ala Glu
 515 520 525
 Arg Asn Gly His Val Thr Gly Pro Cys Asn Asn Ser Arg Thr Asn Glu
 530 535 540
 Glu Lys Ser Leu Thr Leu Ala Pro Asn Ala Gln Gly Glu Lys Asn Gly
 545 550 555 560
 Ile Ala Ala Asp Tyr Val Leu Gln Lys Ser Gly Ile Ser Gly Lys Val
 565 570 575
 Asp Ser Val Asp Asn Ser Cys Leu Val Pro Leu Ser Glu Ser Ile Asn
 580 585 590
 Val His Thr Arg Leu Gln Gln Asn Leu Glu Met Arg Lys Met Glu Ser
 595 600 605
 Thr Ser Ser Pro Val Trp Leu His Asn Lys Gly Gly Cys Leu Phe Pro
 610 615 620
 Thr Gly Gln Ala Lys Glu Ser Thr Leu Pro Thr Gly Lys Pro Cys Leu
 625 630 635 640
 Gln Ser Glu Ile Thr His Ser Thr Ile Asn Glu Val Ser Thr Leu Val
 645 650 655
 Gln Ala Thr Ser Trp Met Asp Ala Gly Ser Cys Ala Glu Val Gln Glu
 660 665 670
 Ala Thr Pro Trp Val Asp Ile Gly Ala Ser Asp Tyr Gln Pro Phe Leu
 675 680 685
 Asp Val Ile Asp Glu Met Cys Gly Leu Glu Cys Arg Leu Gln Arg Leu
 690 695 700
 Lys Glu Asn Met Leu Ser Ser Gly Ile Asp Gly Lys Thr Thr Gly Glu
 705 710 715 720
 Ser Asp Met Gly Asn Gln Ala Val Val Leu Val Pro Thr Ala Glu Leu
 725 730 735
 Lys Glu Lys Ala Pro His Gly Ser Phe Phe Gly His Tyr Cys Pro
 740 745 750

<210> 193

<211> 2181

<212> ADN

<213> *Vitis vinifera*

<400> 193

atgcgtggaa ctggaaagaa agcaggacat caggaatctg gaaagtcttg ctttctctaaa 60
 agaaatatcg ggcctaagct gaatgcagca ttgcagatta aaaatggtag taaaatatct 120
 cagaccagga aatgcaagcc aaaatcaaaa tctcatgcaa agacaattgg tgcaatcctg 180
 tctaagagaa caactactga ctctccaagc aagggaagca ggagtggatc cacaaccaga 240
 aaactgattc acaagaaaac cctgcataaa gccattgata ctgagtcttc caagaaggag 300
 tcttcatcaa agcttaaagg tgagaagccc ccacaaatta gcacaaacaa aaatggggaa 360
 actgtggaca agaattgttaa acctcaaaaa ttaaagaaaa gaggaagcgc gaagcggcga 420
 aaggataatt cagagctaga tgaagcttct cgcttgcaaa gaagaaccag gtacctcttg 480


```

atcaaaatga aactggagca gaattttatt gatgcttact ctggggaagg ttgaaaaggt 540
catagtcgag aaaagatcag gccagagaag gaactacaaa gagctacgaa gcaaataattg 600
aaatgtaaac ttgggatccg tgatgcaatt cgccagctgg agtcaactgag ctccatagga 660
tgtattgaag atactgcaat tgcttcagat ggatctgttt atcatgaaca cataatctgt 720
gcaaagtgcg agttgcggga ggctttccca gataatgata ttatactctg tgatgggacg 780
tgcaattgtg ctttccacca gaaatgtctt gatcctccat tggaaactga aaatattcct 840
ccgggagacc aaggttgggt ttgcaagttc tggcagtgta agatggaaat actagaagca 900
atgaatgcac atcttgggaa cgccttctct tgggacagta ctgggcagga tattttcaaa 960
gaagaagctg ctttgccctga tgggtgggag gcaactgcct atccagagga agattggcct 1020
tctgatgatt cacaagatca tgattatgat cctgaaagaa atgaaaatag ctgcagcatc 1080
agcactgctg gcaactgaag aaatgcttca gatgatacaa atagttcttt aagcttgagt 1140
tggtcgtttg aagacgaaat cctttctgga tccaaaagat cagggattat cagtgcagat 1200
tctgatgaaa catctgattg tgaaatcata agtggtcgta ggcaacgaag agctgttgat 1260
tatagaaggt tatatgatga aatgtttgga aaggatgctc atgcaaatga acaagttagt 1320
gaagatgaag actgggggtc tgctaacaaa aggcggagag aaaaggagtc tgatgcagcc 1380
agcacctcca taactctata tgaaggtgag aaaaagttac ctaatgtgga aaccatggaa 1440
gccaaacaaa aaattttctt agatccacaa actaaaaggc cattttccag aattccactt 1500
gatgcgggtg agaagcttcg ccaagcattt ggggagaaat aacttccttc tagagatgtg 1560
agggagaatc ttgcaaagca gttgggtctt gattatgaga aggtgaacaa atgggtcaaa 1620
aatgcacgat atatagcgtt aaaaacaaga aaggcagaaa gagcaaaaca acttcagact 1680
tctcccagaa tctccaagga atccagatca gaaatcgtga aggacaaaac tgttgatcta 1740
gtgcatcaaa gggataactc atcagcatca ctggtcogtg cactaaagaa tttgaaaag 1800
gtgcgaggga gaaaaaatcc aaagccaata atgaccagcc ctgtaaagaa aaagcatcat 1860
agaagggctt tacttgagtc acctacaaat gacaagggtt ctatggagtt tgacgatgat 1920
gtgagcttga agaaacaact gaagcttttg aaagaaaaaa gtaagagggg caagcaaagg 1980
gtcgacttca aggaggggaa tgggtgtacaa gatgcagaga aggagatgga gagactctgc 2040
caaattaagg ataagataga gaagttgaag caggtaatac tgagacttca atgtgacaaa 2100
actaatcaat ggcaagacca gtcagtgatc tatgttctct tggcagagct aaggggagaaa 2160
ggtcgatttt gcatcacatc t 2181

```

<210> 194

<211> 727

<212> PRT

<213> *Vitis vinifera*

<400> 194

```

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

```

ES 2 539 530 T3

		195						200						205				
Ala	Ile	Arg	Gln	Leu	Glu	Ser	Leu	Ser	Ser	Ile	Gly	Cys	Ile	Glu	Asp			
	210					215					220							
Thr	Ala	Ile	Ala	Ser	Asp	Gly	Ser	Val	Tyr	His	Glu	His	Ile	Ile	Cys			
225					230					235					240			
Ala	Lys	Cys	Lys	Leu	Arg	Glu	Ala	Phe	Pro	Asp	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu			
				245					250						255			
Cys	Asp	Gly	Thr	Cys	Asn	Cys	Ala	Phe	His	Gln	Lys	Cys	Leu	Asp	Pro			
			260					265					270					
Pro	Leu	Glu	Thr	Glu	Asn	Ile	Pro	Pro	Gly	Asp	Gln	Gly	Trp	Phe	Cys			
		275					280					285						
Lys	Phe	Cys	Glu	Cys	Lys	Met	Glu	Ile	Leu	Glu	Ala	Met	Asn	Ala	His			
	290					295					300							
Leu	Gly	Thr	Arg	Phe	Ser	Val	Asp	Ser	Thr	Trp	Gln	Asp	Ile	Phe	Lys			
305					310					315					320			
Glu	Glu	Ala	Ala	Leu	Pro	Asp	Gly	Gly	Ser	Ala	Leu	Pro	Tyr	Pro	Glu			
				325					330						335			
Glu	Asp	Trp	Pro	Ser	Asp	Asp	Ser	Gln	Asp	His	Asp	Tyr	Asp	Pro	Glu			
			340					345					350					
Arg	Asn	Glu	Asn	Ser	Cys	Ser	Ile	Ser	Thr	Ala	Gly	Thr	Glu	Gly	Asn			
		355					360					365						
Ala	Ser	Asp	Asp	Thr	Asn	Ser	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Trp	Ser	Phe	Glu			
	370					375					380							
Asp	Glu	Ile	Leu	Ser	Gly	Ser	Lys	Arg	Ser	Gly	Ile	Ile	Ser	Ala	Asp			
385					390					395					400			
Ser	Asp	Glu	Thr	Ser	Asp	Cys	Glu	Ile	Ile	Ser	Gly	Arg	Arg	Gln	Arg			
				405					410					415				
Arg	Ala	Val	Asp	Tyr	Arg	Lys	Leu	Tyr	Asp	Glu	Met	Phe	Gly	Lys	Asp			
			420					425					430					
Ala	His	Ala	Asn	Glu	Gln	Val	Ser	Glu	Asp	Glu	Asp	Trp	Gly	Pro	Ala			
		435					440					445						
Asn	Lys	Arg	Arg	Arg	Glu	Lys	Glu	Ser	Asp	Ala	Ala	Ser	Thr	Leu	Ile			
	450					455				460								
Thr	Leu	Tyr	Glu	Gly	Glu	Lys	Lys	Leu	Pro	Asn	Val	Glu	Thr	Met	Glu			
465					470					475					480			
Ala	Lys	Gln	Lys	Ile	Ser	Ser	Asp	Pro	Gln	Thr	Lys	Arg	Pro	Phe	Ser			
				485					490					495				
Arg	Ile	Pro	Leu	Asp	Ala	Val	Glu	Lys	Leu	Arg	Gln	Ala	Phe	Gly	Glu			
			500					505					510					
Asn	Glu	Leu	Pro	Ser	Arg	Asp	Val	Arg	Glu	Asn	Leu	Ala	Lys	Gln	Leu			
		515					520					525						
Gly	Leu	Asp	Tyr	Glu	Lys	Val	Asn	Lys	Trp	Phe	Lys	Asn	Ala	Arg	Tyr			
	530					535					540							
Ile	Ala	Leu	Lys	Thr	Arg	Lys	Ala	Glu	Arg	Ala	Lys	Gln	Leu	Gln	Thr			
545					550													

Leu Lys Gln Val Ile Leu Arg Leu Gln Cys Asp Lys Thr Asn Gln Trp
 690 695 700
 Gln Asp Gln Ser Val Ile Tyr Val Pro Val Ala Glu Leu Arg Glu Lys
 705 710 715 720
 Gly Arg Phe Cys Ile Thr Ser
 725

<210> 195

<211> 2166

<212> ADN

5 <213> *Zea mays*

<400> 195

atgcattctt	cgaaaaataa	actggggttg	aatgagacct	ctatgggggtt	ggttcctgta	60
ccaaaaagac	cagctagacc	tgatgcttcc	caccaatgca	aatctgattc	ctttatgaag	120
cgatcaccaa	ggaaagttag	aaatgctact	ctggcaaaaa	gcataaagag	caaataccac	180
tatagtcccc	tcaaacacgc	gaagggttca	gattctgttc	ctgggaaaat	cgtaacagga	240
ctaaccgcaa	ggaaaaagaa	gaaaaaggaaa	atccaaatta	cagacgaggc	aactcgtttg	300
gaacgaagag	cgagatattt	tctaatacaag	ataaaactgg	agcagaattt	gctagatgct	360
tactctggag	atggatggaa	tgggcaaagc	cgagagaaaa	taaagccaga	gaagggaactg	420
caacgtgcc	ggaaacaaat	cataaaatgc	aaaattgcta	tacgtgatat	catccgcca	480
cttgatttgt	atacttctac	tgggagtgtt	gatgaccac	taatgcctac	agatcagtcc	540
accaatcccc	aacataccat	gtgctcaaca	tgcaagtctc	atgaatcatt	tcccagcaat	600
aaaattatct	tctgcaaagg	gccctgcaaa	agggcatgtc	atgagaaatg	tttggaacct	660
cccttaacaa	aaagcgtact	tccaacaagt	agccatgggt	ggctttgcaa	attctgtttg	720
tgcaaggtga	ggattttaga	aactattaat	gcacatctag	ggacgagttt	tacagtgaag	780
tgccactttg	aagatataat	caaggaaact	actgaactaa	tagactctga	ggatgcacta	840
gatgaagatt	ggctttctga	gtattcaggt	gatgaggact	atgatcctga	tgaatatgag	900
gccagtggtg	actgtatgga	cagcggggag	aagattatgt	ctgatgattc	caatgggtca	960
ggaagcccc	tttattctcc	aaatgacgat	attcctgact	tcatatcagc	agacttaaat	1020
gttggtggaag	ggttttgtca	taccaattta	gatttaggca	ttgatgccgt	tgaagatgat	1080
tttgacaga	tcctcaccta	ccaaaggcca	agaagagatg	ttgattatag	aaggcttaac	1140
gaggaaatgt	ttgggaaaat	aaccgggaat	gaagaacaga	gcgaggacga	agattggggc	1200
catgaaagga	gaaagaaaag	gacgcattca	ggtgttgctg	gggataattc	tgttggtttc	1260
ttgaacgtta	tatctgatga	aaagagccag	aagaagggga	gaaaactttt	caggattcct	1320
cctgcagctg	ttgagggtact	tcgcagagct	tttgctgaaa	atgagcttcc	accccggtat	1380
gttaaaagaaa	atctctcaag	agaattggga	atctcttttg	aaaagattga	taaattggtc	1440
aaaaatacac	ggtgtgctgc	tctcagagat	cggaaggctg	aaggaaacag	tcataatata	1500
gctcccagca	aaagctcaaa	aaataaagga	aaagctggaa	tctcaggcaa	gactggaagg	1560
aatggtcatg	ttactgggtc	ctgcaataat	ttgagaacaa	atgaagaaaa	aacagggtata	1620
tcggggaaagt	ttgattcagg	agacaactct	tgtttgggtc	ccttctctga	agtcacatca	1680
gtgcctacgc	gattgccaca	caactttgag	atgaggaaga	tggaatcaac	tagaagtcct	1740
gcgaggctac	acaataaagg	agggttcctg	cttgcaacag	tccaaattaa	ggagagtacg	1800
ttgttaccca	caggcaagcc	ttgttggcag	tcagaaatga	gccatccaac	aactaatgaa	1860
gtgagcactt	cagcgcaagc	tactacttgg	atcgacgcgg	gggcgtgtgc	cgaggagcaa	1920
gaacctactc	cttgggttga	catcggggtc	tcagactacc	agcctttcct	ggatgtgatc	1980
gacgacatgt	gcggacttga	gtggaggctg	cagagactga	aggagaacat	gctctcatct	2040
agcatagacg	gccaaaccgc	cgccagtga	agtgaacaaa	gaaaccagac	cgtggtgcta	2100
gtgccaaaccg	ccgagctcaa	ggaaaagctg	ccgcatgacg	gtttattcgg	gcattattgc	2160
ccatag						2166

<210> 196

<211> 721

10 <212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 196

Met His Ser Ser Glu Asn Lys Leu Gly Trp Asn Glu Thr Ser Met Gly
 1 5 10 15
 Leu Val Pro Val Pro Lys Arg Pro Ala Arg Pro Asp Ala Ser His Gln
 20 25 30

ES 2 539 530 T3

Cys	Lys	Ser	Asp	Ser	Phe	Met	Lys	Arg	Ser	Pro	Arg	Lys	Val	Arg	Asn
		35					40					45			
Ala	Thr	Leu	Ala	Lys	Ser	Ile	Lys	Ser	Lys	Tyr	His	Tyr	Ser	Pro	Leu
		50				55					60				
Lys	Gln	Arg	Lys	Gly	Ser	Asp	Ser	Val	Pro	Gly	Lys	Ile	Val	Thr	Gly
65				70					75						80
Leu	Thr	Ala	Arg	Lys	Lys	Lys	Arg	Lys	Ile	Gln	Ile	Thr	Asp	Glu	
				85				90					95		
Ala	Thr	Arg	Leu	Glu	Arg	Arg	Ala	Arg	Tyr	Phe	Leu	Ile	Lys	Ile	Lys
			100					105					110		
Leu	Glu	Gln	Asn	Leu	Leu	Asp	Ala	Tyr	Ser	Gly	Asp	Gly	Trp	Asn	Gly
		115					120					125			
Gln	Ser	Arg	Glu	Lys	Ile	Lys	Pro	Glu	Lys	Glu	Leu	Gln	Arg	Ala	Arg
		130				135					140				
Lys	Gln	Ile	Ile	Lys	Cys	Lys	Ile	Ala	Ile	Arg	Asp	Ile	Ile	Arg	Gln
145				150						155					160
Leu	Asp	Leu	Tyr	Thr	Ser	Thr	Gly	Ser	Val	Asp	Asp	Pro	Leu	Met	Pro
				165					170					175	
Thr	Asp	Gln	Ser	Thr	Asn	Pro	Glu	His	Thr	Met	Cys	Ser	Thr	Cys	Lys
			180					185					190		
Ser	His	Glu	Ser	Phe	Pro	Ser	Asn	Lys	Ile	Ile	Phe	Cys	Lys	Gly	Pro
		195					200					205			
Cys	Lys	Arg	Ala	Cys	His	Glu	Lys	Cys	Leu	Glu	Pro	Pro	Leu	Asn	Lys
		210				215					220				
Ser	Val	Leu	Pro	Thr	Ser	Ser	His	Gly	Trp	Leu	Cys	Lys	Phe	Cys	Leu
225				230						235					240
Cys	Lys	Val	Arg	Ile	Leu	Glu	Thr	Ile	Asn	Ala	His	Leu	Gly	Thr	Ser
				245					250					255	
Phe	Thr	Val	Lys	Cys	His	Phe	Glu	Asp	Ile	Phe	Lys	Glu	Thr	Thr	Glu
			260					265					270		
Leu	Ile	Asp	Ser	Glu	Asp	Ala	Leu	Asp	Glu	Asp	Trp	Leu	Ser	Glu	Tyr
		275					280					285			
Ser	Gly	Asp	Glu	Asp	Tyr	Asp	Pro	Asp	Glu	Asn	Glu	Ala	Ser	Gly	Asp
	290					295					300				
Cys	Met	Asp	Ser	Gly	Glu	Lys	Ile	Met	Ser	Asp	Asp	Ser	Asn	Gly	Ser
305				310						315					320
Gly	Ser	Pro	Leu	Tyr	Ser	Pro	Asn	Asp	Asp	Ile	Pro	Asp	Phe	Ile	Ser
				325					330					335	
Ala	Asp	Leu	Asn	Val	Val	Glu	Gly	Phe	Cys	His	Thr	Asn	Leu	Asp	Leu
			340					345					350		
Gly	Ile	Asp	Ala	Val	Glu	Asp	Asp	Phe	Ala	Gln	Ile	Leu	Thr	Tyr	Gln
		355					360					365			
Arg	Pro	Arg	Arg	Asp	Val	Asp	Tyr	Arg	Arg	Leu	Asn	Glu	Glu	Met	Phe
	370					375					380				
Gly	Lys	Ile	Thr	Gly	Asn	Glu	Glu	Gln	Ser	Glu	Asp	Glu	Asp	Trp	Gly
385				390					395						400
His	Glu	Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Thr	His	Ser	Gly	Val	Ala	Gly	Asp	Asn
				405					410					415	
Ser	Val	Gly	Phe	Leu	Asn	Val	Ile	Ser	Asp	Glu	Lys	Ser	Gln	Lys	Lys
			420					425					430		
Gly	Arg	Lys	Leu	Phe	Arg	Ile	Pro	Pro	Ala	Ala	Val	Glu	Val	Leu	Arg
		435					440					445			
Arg	Ala	Phe	Ala	Glu	Asn	Glu	Leu	Pro	Pro	Arg	Asp	Val	Lys	Glu	Asn
	450					455					460				
Leu	Ser	Arg	Glu	Leu	Gly	Ile	Ser	Phe	Glu	Lys	Ile	Asp	Lys	Trp	Phe
465				470						475					480
Lys	Asn	Thr	Arg	Cys	Ala	Ala	Leu	Arg	Asp	Arg	Lys	Ala	Glu	Gly	Asn
				485					490					495	
Ser	His	Asn	Thr	Ala	Pro	Ser	Lys	Ser	Ser	Lys	Asn	Lys	Gly	Lys	Ala
			500					505					510		
Gly	Ile	Ser	Gly	Lys	Thr	Gly	Arg	Asn	Gly	His	Val	Thr	Gly	Pro	Cys

[illegible]

<210> 197

<211> 2172

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 197

atgtataaaag	cagtaagtaa	gcgggtaact	agaagtagtg	gatctggttt	gaagcagaca	60
aatgtagata	atggaggaga	gattagtcca	actgttgaca	gagtatctga	acaaggcaaa	120
tcatcagagg	cagggagtc	catgccaaact	gatgcaaacg	gaaatggaca	tttgcacat	180
gagattatgg	atcatggaaa	ggggaatgaa	gaacagaaaac	caacccctca	aaccgtgaag	240
aaggattcta	ataccaatac	caaattttca	gggtctcctc	gtgagcttgt	cacctggtctt	300
ccttgccgtg	gacaatttga	ataccacaac	cggtccaggg	catctacagg	ttcgaagagg	360
ttaggaggag	gtggagaaaag	gaatgtgttg	tttgcaagtc	acaagagagc	tcagagatct	420
aaggaagatg	ctggaccatc	ttcggttgtt	gctaattcca	cacctgtagg	tcgaccaaag	480
aaaaagaata	agactatgaa	caaaggacaa	gttagagaag	atgatgagta	cacaagaatc	540
aaaaagaaac	ttcgatactt	tctaaaccgg	attaactatg	agcaaagcct	aattgacgcc	600
tattcgttag	aaggctggaa	aggttcaagc	ctggaaaaga	taaggccaga	gaaagagctt	660
gaacgagcca	caaaggaaat	tttgccgggc	aagcttaaaa	ttagagatct	ttttcagcac	720
cttgacacac	ctgtgtctga	agggaagcct	ccagagtctt	tatttgatac	tgatggagag	780
atttctagcg	aggatatctt	ctgtgcaaaa	tgtggttcaa	aggacttgtc	tgttgataat	840
gatatcatac	tatgcgatgg	gttttgcgat	cgaggctttc	accaatactg	tcttgaacca	900
cctctgcgga	agaagatat	tcctccggat	gatgagggtt	ggctatgcc	cggatgtgat	960
tgcaaaagatg	acagcttgga	cttgcttaat	gattcttttag	ggacaaaatt	ttcggtcagc	1020
gacagttggg	agaaaatatt	tcctgaggca	gcagcagcgc	tggttggtgg	aggtcaaaat	1080
cttgactgtg	atcttctctt	agatgattct	gatgatgaag	agtatgatcc	agattgtttg	1140
aatgataatg	aaaatgatga	agatggcagt	gatgacaatg	agaatatctga	gaacgaagat	1200
ggtagttctg	atgaaactga	attcacatct	gcatctgacg	aaatgattga	gtcattttaa	1260
gaagggaag	atataatgaa	agatgtaatg	gcccttccat	ctgatgatcc	tgaggatgat	1320
gactatgatc	ctgatcccc	gacttgtgat	gatgataaag	aaagttcaaa	ttctgattgt	1380
acatcagaca	ctgaagatct	tgaaacttcc	ttcaaaggag	atgagactaa	tcagcaagct	1440
gaagatacac	cacttgagga	tcctggcaga	cagacgtctc	agctccaag	tgatgcaatt	1500
ttagagttag	atgttgggct	tgatgatggg	cctgcgggtg	tatccagaag	gaggaaatgtt	1560
gaaaggctgg	attacaaaaa	gttgatatgat	gaqqaatatg	acaatgttcc	gacttcgtca	1620

ES 2 539 530 T3

```

agtgatgatg acgattggga taaaactgca agaattggga aagaagattc cgagtcggaa 1680
gatgaagggg acactgtacc tctgaaacag tcttcaaagt cagaagatca tacttctaag 1740
aaacttatac ggaagtcgaa aagggcagat aaaaaggata ccttagaaat gccacaagaa 1800
ggtcctggag aaaatggtgg ttctggtgaa attgaaaaaa gcagctcttc agcatgtaaa 1860
cagacagatc ccaaaactca gagactgtac atatcttttc aagagaatca atatccagac 1920
aaagccacga aggagagctt agccaaagag ctacaaatga cagttaagca agttaataac 1980
tggtttaagc ataggcggtg gtcgataaac agcaaacctt tagtttcaga ggaaaatgtc 2040
gagaagttaa aaacaggcaa ggaaggtgaa tgtgagacat ctgttgctgg aagtagcaaa 2100
caactatgg aaaccgagtc agttgcagag aaaccaacca atactggatc acggaaaaga 2160
agaagaaagt ag                                     2172

```

<210> 198

<211> 723

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 198

```

Met Tyr Lys Ala Val Ser Lys Arg Val Thr Arg Ser Ser Gly Ser Gly
1      5      10      15
Leu Lys Gln Thr Asn Val Asp Asn Gly Gly Glu Ile Ser Pro Thr Val
20
Asp Arg Val Ser Glu Gln Gly Lys Ser Ser Glu Ala Gly Ser His Met
35      40      45
Pro Thr Asp Ala Asn Gly Asn Gly His Leu His His Glu Ile Met Asp
50      55      60
His Gly Lys Gly Asn Glu Glu Gln Lys Pro Thr Pro Gln Thr Val Lys
65      70      75      80
Lys Asp Ser Asn Thr Asn Thr Lys Phe Ser Gly Ser His Arg Glu Leu
85      90      95
Val Ile Gly Leu Pro Cys Arg Gly Gln Phe Glu Ile His Asn Arg Ser
100      105      110
Arg Ala Ser Thr Ser Ser Lys Arg Leu Gly Gly Gly Gly Glu Arg Asn
115      120      125
Val Leu Phe Ala Ser His Lys Arg Ala Gln Arg Ser Lys Glu Asp Ala
130      135      140
Gly Pro Ser Ser Val Val Ala Asn Ser Thr Pro Val Gly Arg Pro Lys
145      150      155      160
Lys Lys Asn Lys Thr Met Asn Lys Gly Gln Val Arg Glu Asp Asp Glu
165      170      175
Tyr Thr Arg Ile Lys Lys Lys Leu Arg Tyr Phe Leu Asn Arg Ile Asn
180      185      190
Tyr Glu Gln Ser Leu Ile Asp Ala Tyr Ser Leu Glu Gly Trp Lys Gly
195      200      205
Ser Ser Leu Glu Lys Ile Arg Pro Glu Lys Glu Leu Glu Arg Ala Thr
210      215      220
Lys Glu Ile Leu Arg Arg Lys Leu Lys Ile Arg Asp Leu Phe Gln His
225      230      235      240
Leu Asp Thr Leu Cys Ala Glu Gly Ser Leu Pro Glu Ser Leu Phe Asp
245      250      255
Thr Asp Gly Glu Ile Ser Ser Glu Asp Ile Phe Cys Ala Lys Cys Gly
260      265      270
Ser Lys Asp Leu Ser Val Asp Asn Asp Ile Ile Leu Cys Asp Gly Phe
275      280      285
Cys Asp Arg Gly Phe His Gln Tyr Cys Leu Glu Pro Pro Leu Arg Lys
290      295      300
Glu Asp Ile Pro Pro Asp Asp Glu Gly Trp Leu Cys Pro Gly Cys Asp
305      310      315      320
Cys Lys Asp Asp Ser Leu Asp Leu Leu Asn Asp Ser Leu Gly Thr Lys
325      330      335
Phe Ser Val Ser Asp Ser Trp Glu Lys Ile Phe Pro Glu Ala Ala Ala
340      345      350

```

ES 2 539 530 T3

Ala Leu Val Gly Gly Gly Gln Asn Leu Asp Cys Asp Leu Pro Ser Asp
 355 360 365
 Asp Ser Asp Asp Glu Glu Tyr Asp Pro Asp Cys Leu Asn Asp Asn Glu
 370 375 380
 Asn Asp Glu Asp Gly Ser Asp Asp Asn Glu Glu Ser Glu Asn Glu Asp
 385 390 395 400
 Gly Ser Ser Asp Glu Thr Glu Phe Thr Ser Ala Ser Asp Glu Met Ile
 405 410 415
 Glu Ser Phe Lys Glu Gly Lys Asp Ile Met Lys Asp Val Met Ala Leu
 420 425 430
 Pro Ser Asp Asp Ser Glu Asp Asp Asp Tyr Asp Pro Asp Ala Pro Thr
 435 440 445
 Cys Asp Asp Asp Lys Glu Ser Ser Asn Ser Asp Cys Thr Ser Asp Thr
 450 455 460
 Glu Asp Leu Glu Thr Ser Phe Lys Gly Asp Glu Thr Asn Gln Gln Ala
 465 470 475 480
 Glu Asp Thr Pro Leu Glu Asp Pro Gly Arg Gln Thr Ser Gln Leu Gln
 485 490 495
 Gly Asp Ala Ile Leu Glu Ser Asp Val Gly Leu Asp Asp Gly Pro Ala
 500 505 510
 Gly Val Ser Arg Arg Arg Asn Val Glu Arg Leu Asp Tyr Lys Lys Leu
 515 520 525
 Tyr Asp Glu Glu Tyr Asp Asn Val Pro Thr Ser Ser Ser Asp Asp Asp
 530 535 540
 Asp Trp Asp Lys Thr Ala Arg Met Gly Lys Glu Asp Ser Glu Ser Glu
 545 550 555 560
 Asp Glu Gly Asp Thr Val Pro Leu Lys Gln Ser Ser Asn Ala Glu Asp
 565 570 575
 His Thr Ser Lys Lys Leu Ile Arg Lys Ser Lys Arg Ala Asp Lys Lys
 580 585 590
 Asp Thr Leu Glu Met Pro Gln Glu Gly Pro Gly Glu Asn Gly Gly Ser
 595 600 605
 Gly Glu Ile Glu Lys Ser Ser Ser Ser Ala Cys Lys Gln Thr Asp Pro
 610 615 620
 Lys Thr Gln Arg Leu Tyr Ile Ser Phe Gln Glu Asn Gln Tyr Pro Asp
 625 630 635 640
 Lys Ala Thr Lys Glu Ser Leu Ala Lys Glu Leu Gln Met Thr Val Lys
 645 650 655
 Gln Val Asn Asn Trp Phe Lys His Arg Arg Trp Ser Ile Asn Ser Lys
 660 665 670
 Pro Leu Val Ser Glu Glu Asn Val Glu Lys Leu Lys Thr Gly Lys Glu
 675 680 685
 Gly Glu Cys Glu Thr Ser Val Ala Gly Ser Ser Lys Gln Thr Met Glu
 690 695 700
 Thr Glu Ser Val Ala Glu Lys Pro Thr Asn Thr Gly Ser Arg Lys Arg
 705 710 715 720
 Arg Arg Lys

<210> 199

<211> 2901

<212> ADN

<213> *Lotus japonicus*

<400> 199

atgattagtt	caactggaga	attgacaagc	cataacaaca	gtagcattga	gcacatggaa	60
actgagcaac	ctgaattgtc	tgaaaaaaca	cctcagatag	gctctgaatg	tctggacggt	120
gaacaaaagg	tgcttggtac	tgtgtcaacc	agttctgtta	ataatgaaaa	ttcaaatcaa	180
gtttctgcca	atgtgaccga	gaattctgtt	tttcaactac	cagcaacacc	tcaacattgc	240
ttagaaaaga	gtgggtcagac	tgtaacaagt	ccacccctgg	aagaaagcac	cttgaaacaa	300
gttgctacta	atgtatctaa	tggtaaatca	gaaaacaaat	gtcagacatc	ctctcaagat	360

```

gttcaaaacg aacttgtgga agcaagtgat gtaataactg gctcttttgt tgcggaccaaa 420
acacaatcca ttctctgtca agtgaatacg agttctgtga atgaactatt ggatattcct 480
tccggagatg ttgcagtaga agttggttct gatagtttag aaaaaaagtc taaaggggtgc 540
ttggtagaca gcgaacaaaag ggtacttggt actgtgttaa ccaattctat taatgatgga 600
aattcaaate aagtttctgc caatgtgacc gagaattctg ttattcaact gccagcacca 660
cctcaacatt gctttgaaaa gagtggacag actgtaaaaa gtcatctctt ggaagaaagt 720
accttaaaac aagtctccac taatttatct aacagtaaat cagaaaacat atgtcagaca 780
tcctctcaag atgttcaaaa cgaacttggt gaaacaagtg atgcagtaac tggctctggt 840
gttgacagaca aaacacaate cattctgtct caagtgaata caagttctgt gaatgaacta 900
ttggatatct cttccagaga tgttgacaga gaagttgggt ctgatagtgc agaaaggaag 960
tctaaaagca caactccttc acaattgaga catataggta aaagtaactc aaagttatcg 1020
aaaaagaagt atatcctaag gtcgttagga agcagtgcac gagctttgcg gtccaggaca 1080
aaagaaaaac ctaaagcgcc tgaaccaagt agtaactcag ttgacgttaa taatgatgga 1140
gtgaagaagg aaaaaaggag gaagaagaaa aaacacaggc gggaggaaaa gaaggatcaa 1200
ttttataaaa tcaaagctca cctaagatat ttattaaaca gagtaagcta tgagcaaaac 1260
ttaattgatg cttactctgg tgacggctgg aaaggataca gtatggacaa gttaaagcct 1320
gataaggaga ttcaacgggc taaatctgaa attcttcgac gtaaattgaa aattagggat 1380
ctatttcaaa acttggtatc cttgtgtgct gaaggaaagt ttccagaatc tttgtttgat 1440
tctgagggag agattgacag tgaggatata ttctgttcaa tttgccagac caaagagttg 1500
agcactgata atgatatata tctctgtgat ggtgcttgtg accgtggatt tcaccagcac 1560
tgcttggtat ctccattggt aactgaagac attccacctg gcgatgaggg ttggttatgc 1620
cccggtatgt attgcaaaag tgactgcgtt gaccttctta acgactcctt aggaacacgt 1680
ctctctctta gtgacacctg ggagaagggt tttcctgaag cagcagctgt tactggaaat 1740
aatatggatc agggacttcc ttctgatgat tctgatgatg atgattataa ccctaattgt 1800
aaagaggatg tggaggttga aggaggtgaa tcaagttctg atgaatctga atatgcttct 1860
gcttctgaga aattggaaga ttcacaccat gaggatccat acttaggcct tccttctgaa 1920
gattcagagg acaatgatta tgatcctagt gctccagatc ttgacaataa agtcacagaa 1980
gaaagttcaa gctctgattt cacatctgac tctgaggatc ttgctgctgc tattgaggat 2040
aacacgtccc ctggacatgt taaacagact aaaagcagac aaaaaagtaa agttggtaag 2100
aaccatcaa tggttgatga agtgctcatc ttacgagagc cagaacttga ggaagaggggt 2160
ttcactccag tttctgggaa aagaaatgtg gaaaggctgg actacaaaaa gctgtatgat 2220
gagacataca aaagtgatac tagtgaagat gaagaatgga ctgccagtgc cactccaagt 2280
agaaaaaaga aactctgtgg caaaatgact ccagtgtcat cagatggaaa ggcctcaaat 2340
aattctagac atactcctga aaggaacacc caacaagata agttgaaaaa tacaataat 2400
tcaccacta atactcctga aggtctgtcgt caatctggct caagggataa aaagcctagg 2460
tcttcaaacac gtcaaagact tggagacgtt gtagtgacaga gacttcacaa atctttttaa 2520
gacaatcagt atccggatcg agccacaaaa gaaagcttgg cagaagaact ggggctcact 2580
tttttccagg ttgacaaatg gtttggcaat gctcgatggg gctttcggcg ttcacgcgt 2640
atgggagcta gtccaggcga atatgcttcg ccacaggcca ctggcagcgg acctgaaaaat 2700
actggggaga gggaaacgca attagcttcc caggaagtcg gtgaagaaaa attgaaaacc 2760
cccagtcta gaaaaaggaa gcatttctct gaaccgcagg catctgaagc accgcagatt 2820
attgttcttg gcttagcagc atctcctggc tcaccacggg ctcatgcagg caataaaaaag 2880
aagacagtga aaaggaaatg a 2901

```

<210> 200

<211> 966

<212> PRT

<213> *Lotus japonicus*

<400> 200

```

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

```


				85					90					95	
Thr	Leu	Lys	Gln	Val	Ala	Thr	Asn	Val	Ser	Asn	Gly	Lys	Ser	Glu	Asn
			100					105					110		
Lys	Cys	Gln	Thr	Ser	Ser	Gln	Asp	Val	Gln	Asn	Glu	Leu	Val	Glu	Ala
		115					120					125			
Ser	Asp	Val	Ile	Thr	Gly	Ser	Phe	Val	Ala	Asp	Gln	Thr	Gln	Ser	Ile
		130				135					140				
Pro	Ala	Gln	Val	Asn	Thr	Ser	Ser	Val	Asn	Glu	Leu	Leu	Asp	Ile	Pro
145				150					155						160
Ser	Gly	Asp	Val	Ala	Val	Glu	Val	Gly	Ser	Asp	Ser	Leu	Glu	Lys	Lys
			165					170						175	
Ser	Lys	Gly	Cys	Leu	Val	Asp	Ser	Glu	Gln	Arg	Val	Leu	Gly	Thr	Val
		180						185					190		
Leu	Thr	Asn	Ser	Ile	Asn	Asp	Gly	Asn	Ser	Asn	Gln	Val	Ser	Ala	Asn
		195					200					205			
Val	Thr	Glu	Asn	Ser	Val	Ile	Gln	Leu	Pro	Ala	Pro	Pro	Gln	His	Cys
		210				215					220				
Phe	Glu	Lys	Ser	Gly	Gln	Thr	Val	Lys	Ser	Ser	Ser	Leu	Glu	Glu	Ser
225				230						235					240
Thr	Leu	Lys	Gln	Val	Ser	Thr	Asn	Leu	Ser	Asn	Ser	Lys	Ser	Glu	Asn
			245					250						255	
Ile	Cys	Gln	Thr	Ser	Ser	Gln	Asp	Val	Gln	Asn	Glu	Leu	Val	Glu	Thr
		260						265					270		
Ser	Asp	Ala	Val	Thr	Gly	Ser	Val	Val	Ala	Asp	Lys	Thr	Gln	Ser	Ile
		275					280					285			
Pro	Ala	Gln	Val	Asn	Thr	Ser	Ser	Val	Asn	Glu	Leu	Leu	Asp	Ile	Pro
		290				295					300				
Ser	Arg	Asp	Val	Ala	Glu	Glu	Val	Gly	Ser	Asp	Ser	Ser	Glu	Arg	Lys
305				310						315					320
Ser	Lys	Ser	Thr	Thr	Pro	Ser	Gln	Leu	Arg	His	Ile	Gly	Lys	Ser	Asn
			325					330						335	
Ser	Lys	Leu	Ser	Lys	Lys	Lys	Tyr	Ile	Leu	Arg	Ser	Leu	Gly	Ser	Ser
		340					345						350		
Asp	Arg	Ala	Leu	Arg	Ser	Arg	Thr	Lys	Glu	Lys	Pro	Lys	Ala	Pro	Glu
		355					360					365			
Pro	Ser	Ser	Asn	Ser	Val	Asp	Val	Asn	Asn	Asp	Gly	Val	Lys	Lys	Glu
		370				375					380				
Lys	Arg	Arg	Lys	Lys	Lys	Lys	Thr	Gly	Gly	Glu	Glu	Lys	Lys	Asp	Gln
385				390						395					400
Phe	Tyr	Lys	Ile	Lys	Ala	His	Leu	Arg	Tyr	Leu	Leu	Asn	Arg	Val	Ser
			405						410					415	
Tyr	Glu	Gln	Asn	Leu	Ile	Asp	Ala	Tyr	Ser	Gly	Asp	Gly	Trp	Lys	Gly
		420						425					430		
Tyr	Ser	Met	Asp	Lys	Leu	Lys	Pro	Asp	Lys	Glu	Ile	Gln	Arg	Ala	Lys
		435													

Val Thr Gly Asn Asn Met Asp Gln Gly Leu Pro Ser Asp Asp Ser Asp
580 585 590
Asp Asp Asp Tyr Asn Pro Asn Gly Lys Glu Asp Val Glu Val Glu Gly
595 600 605
Gly Glu Ser Ser Ser Asp Glu Ser Glu Tyr Ala Ser Ala Ser Glu Lys
610 615 620
Leu Glu Asp Ser His His Glu Asp Pro Tyr Leu Gly Leu Pro Ser Glu
625 630 635 640
Asp Ser Glu Asp Asn Asp Tyr Asp Pro Ser Ala Pro Asp Leu Asp Asn
645 650 655
Lys Val Thr Glu Glu Ser Ser Ser Ser Asp Phe Thr Ser Asp Ser Glu
660 665 670
Asp Leu Ala Ala Ala Ile Glu Asp Asn Thr Ser Pro Gly His Val Lys
675 680 685
Gln Thr Lys Ser Arg Gln Lys Ser Lys Val Gly Lys Asn Pro Ser Met
690 695 700
Val Asp Glu Val Ser Ser Leu Arg Glu Pro Glu Leu Glu Glu Glu Gly
705 710 715 720
Phe Thr Pro Val Ser Gly Lys Arg Asn Val Glu Arg Leu Asp Tyr Lys
725 730 735
Lys Leu Tyr Asp Glu Thr Tyr Lys Ser Asp Thr Ser Glu Asp Glu Glu
740 745 750
Trp Thr Ala Ser Ala Thr Pro Ser Arg Lys Lys Lys Leu Cys Gly Lys
755 760 765
Met Thr Pro Val Ser Ser Asp Gly Lys Ala Ser Asn Asn Ser Arg His
770 775 780
Thr Pro Glu Arg Asn Thr Gln Gln Asp Lys Val Glu Asn Thr Asn Asn
785 790 795 800
Ser Pro Thr Lys Ser Leu Glu Gly Cys Leu Glu Ser Gly Ser Arg Asp
805 810 815
Lys Lys Pro Arg Ser Ser Thr Arg Gln Arg Leu Gly Asp Val Val Val
820 825 830
Gln Arg Leu His Lys Ser Phe Lys Asp Asn Gln Tyr Pro Asp Arg Ala
835 840 845
Thr Lys Glu Ser Leu Ala Glu Glu Leu Gly Leu Thr Phe Phe Gln Val
850 855 860
Asp Lys Trp Phe Gly Asn Ala Arg Trp Gly Phe Arg Arg Ser Ser Arg
865 870 875 880
Met Gly Ala Ser Pro Gly Glu Tyr Ala Ser Pro Gln Ala Thr Gly Ser
885 890 895
Gly Pro Glu Asn Thr Gly Glu Arg Glu Arg Glu Leu Ala Ser Gln Glu
900 905 910
Val Gly Glu Glu Lys Leu Lys Thr Pro Ser Pro Arg Lys Arg Lys His
915 920 925
Leu Ser Glu Pro Gln Ala Ser Glu Ala Pro Gln Ile Val Leu Gly
930 935 940
Leu Ala Ala Ser Pro Gly Ser Pro Arg Ala His Ala Gly Asn Lys Lys
945 950 955 960
Lys Thr Val Lys Arg Lys
965

<210> 201

<211> 2379

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 201

atggataaga	caactacttc	tgatcttgtt	ttggacaacg	acaacattgg	gagtaatgct	60
ggttctgcac	aggagcctct	tactaccaat	ggtaagacta	gtgggggtcag	aaatagatac	120
aaacaaactg	ttaaaagggg	aaggaaaggc	tcccaaatat	caccaagtaa	aacatatccc	180
ctgagatctt	cacatagtaa	tgtcagggtg	cttcgctctg	octcaaaaaa	gaagaatgag	240

```

acacctattg tgcccacaaa tgataatact gctgttcaac gagttgcgaa gaaaaggaaa 300
agaagcaaac ccttgagacc tgcacctagc aggggtgcttc gctctacctc ggaaaagaag 360
aataaggcac ataatgagct tctaaatgat ggtgctgggtg ttcaaccagc cgaaaagaaa 420
agaaaggtag gcagaccccc aaaaggagga actoccaaagg acgattacct catgatccga 480
aagcaggtta gatatgtttt gaatcgaatg aactatgaac aaagtttaat tcaagcctat 540
gccagtgaag gttggaaagg tcaaagcttg gaaaaataaa gacctgagaa ggagcttgaa 600
cgagccaagg tggaaattct gcgatgcaag tcaagaatac gggaagcttt tcggaatttg 660
gattccctcc tatctgaggg aaagctggat gaatctatgt ttgattctgc tggagaaata 720
tctagtgaag atattttctg tgctgcatgt gggttcaaagg atgttacatt aaaaaatgac 780
ataattcttt gtgatggaat ctgcgacaga ggggttccacc agtattgttt aaacctcct 840
ttgcttgctg aagatattcc acagggggat gaaggatggc ttgcccctgc atgtgattgc 900
aaaattgact gcatagatgt attaaatgaa ctccaagggg tcaaactctc tatccatgac 960
tcttgggaga aagtttttcc tgaggcagca tcctttttga atggttctaa gcaaattgat 1020
gcgtccgacg ttccatcaga tgattcagca gacaatgatt atgacctac tttggctcaa 1080
gggcacaagg tggatgaaga aaaatcttct ggagaagatg gtggtgaagg attagattct 1140
gatgactcat cttctgagga ttctgaatct tctgagaagg aaaagtctaa aacttcacag 1200
aatggaagga cagttgatga tcttgggttg ccttctgagg attcagagga tggtgacttt 1260
gatccagcag gtccagattc cgacaaagaa caaatgatg aatcaaaactc agatcagtca 1320
gatgaatcag attttacatc tgactctgat gatttttggtg ctgagattgc taaatcctgt 1380
ggtcaggatg aaatctcagg cccttcacatc tcacaaatca gaacagtcga tcgcaccgat 1440
ggaagtgggt ttgatgggtg gcctaattgca gaaaattcga atcttgcat tttggagaca 1500
gagctagagg aagacatggg gctaccaatt tctagtaaac gacaagttga acgtttggat 1560
tacaataaac tgtataatga ggcttatggg aaagcatcat ctgattcaag tgacgatgaa 1620
gagtggatg gaaatagtac acccgaaaaa ggtaatttag aagacagtga aacagattcg 1680
cttgctgaat cacctcaggg tggaaaagga ttctctagaa gagcaccagt taggtaccat 1740
aataatgaac atactccaca gaatgtaagg cccgggtgggt cagtaagcga ccagcaaaact 1800
gaagtacttt gctccaatag caatggtagc acagccaaaa acagacattt tggctcctgca 1860
attaatcaga aactgaaggc acatttcaag gaagatccat accctagtcg tgcaacaaaa 1920
gaaaatctgg cacaagagtt aggcctcaca ttaaatcagg tcaactaaatg gttttccagt 1980
actcgtcatt acgcaagagt ggcagccaca aaaaaggaga acaacattga aaatcatacg 2040
gctgagaata ataacaatac caacactggt gatagcatac aactgagagg atccaatgat 2100
attgttagtg tagatagaaa tgatatggtc tccgaggaaa ggacaggaca aagtaatctc 2160
aatgaaggta ctccattaag atcagatacc agctgtgggc agagtgtggc tgtgactcct 2220
atggtacacc cagaaaacca gggcaatgat tcctcaagta atgttagaac accaaatgct 2280
aagtctgcgg agaaattgat ccctggactg gaaaattcag atgaggctag gcgaaaggcg 2340
gtacaacggg aactgagaaa gatgaagact ggcaggtga 2379

```

<210> 202

<211> 792

<212> PRT

5

<213> *Oryza sativa*

<400> 202

```

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

```

Arg	Pro	Pro	Lys	Gly	Gly	Thr	Pro	Lys	Asp	Asp	Tyr	Leu	Met	Ile	Arg
145					150					155					160
Lys	Arg	Val	Arg	Tyr	Val	Leu	Asn	Arg	Met	Asn	Tyr	Glu	Gln	Ser	Leu
				165					170					175	
Ile	Gln	Ala	Tyr	Ala	Ser	Glu	Gly	Trp	Lys	Gly	Gln	Ser	Leu	Glu	Lys
			180					185					190		
Ile	Arg	Pro	Glu	Lys	Glu	Leu	Glu	Arg	Ala	Lys	Val	Glu	Ile	Leu	Arg
		195					200					205			
Cys	Lys	Ser	Arg	Ile	Arg	Glu	Ala	Phe	Arg	Asn	Leu	Asp	Ser	Leu	Leu
	210					215					220				
Ser	Glu	Gly	Lys	Leu	Asp	Glu	Ser	Met	Phe	Asp	Ser	Ala	Gly	Glu	Ile
225					230					235					240
Ser	Ser	Glu	Asp	Ile	Phe	Cys	Ala	Ala	Cys	Gly	Ser	Lys	Asp	Val	Thr
				245					250					255	
Leu	Lys	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu	Cys	Asp	Gly	Ile	Cys	Asp	Arg	Gly	Phe
			260					265					270		
His	Gln	Tyr	Cys	Leu	Asn	Pro	Pro	Leu	Leu	Ala	Glu	Asp	Ile	Pro	Gln
		275					280					285			
Gly	Asp	Glu	Gly	Trp	Leu	Cys	Pro	Ala	Cys	Asp	Cys	Lys	Ile	Asp	Cys
	290					295					300				
Ile	Asp	Val	Leu	Asn	Glu	Leu	Gln	Gly	Val	Lys	Leu	Ser	Ile	His	Asp
305					310					315					320
Ser	Trp	Glu	Lys	Val	Phe	Pro	Glu	Ala	Ala	Ser	Phe	Leu	Asn	Gly	Ser
				325					330					335	
Lys	Gln	Ile	Asp	Ala	Ser	Asp	Leu	Pro	Ser	Asp	Asp	Ser	Ala	Asp	Asn
			340					345					350		
Asp	Tyr	Asp	Pro	Thr	Leu	Ala	Gln	Gly	His	Lys	Val	Asp	Glu	Glu	Lys
		355					360					365			
Ser	Ser	Gly	Glu	Asp	Gly	Gly	Glu	Gly	Leu	Asp	Ser	Asp	Asp	Ser	Ser
	370					375					380				
Ser	Glu	Asp	Ser	Glu	Ser	Ser	Glu	Lys	Glu	Lys	Ser	Lys	Thr	Ser	Gln
385					390					395					400
Asn	Gly	Arg	Thr	Val	Asp	Asp	Leu	Gly	Leu	Pro	Ser	Glu	Asp	Ser	Glu
				405					410					415	
Asp	Gly	Asp	Phe	Asp	Pro	Ala	Gly	Pro	Asp	Ser	Asp	Lys	Glu	Gln	Asn
			420					425					430		
Asp	Glu	Ser	Asn	Ser	Asp	Gln	Ser	Asp	Glu	Ser	Asp	Phe	Thr	Ser	Asp
		435					440					445			
Ser	Asp	Asp	Phe	Cys	Ala	Glu	Ile	Ala	Lys	Ser	Cys	Gly	Gln	Asp	Glu
	450					455					460				
Ile	Ser	Gly	Pro	Ser	Ser	Ser	Gln	Ile	Arg	Thr	Val	Asp	Arg	Thr	Asp
465					470					475					480
Gly	Ser	Gly	Phe	Asp	Gly	Glu	Pro	Asn	Ala	Glu	Asn	Ser	Asn	Leu	Ala
				485					490					495	
Phe	Met	Glu	Thr	Glu	Leu	Glu	Gln	Asp	Met	Val	Leu	Pro	Ile	Ser	Ser
			500					505					510		
Lys	Arg	Gln	Val	Glu	Arg	Leu	Asp	Tyr	Lys	Lys	Leu	Tyr	Asn	Glu	Ala
		515					520					525			
Tyr	Gly	Lys	Ala	Ser	Ser	Asp	Ser	Ser	Asp	Asp	Glu	Glu	Trp	Tyr	Gly
	530					535					540				
Asn	Ser	Thr	Pro	Glu	Lys	Gly	Asn	Leu	Glu	Asp	Ser	Glu	Thr	Asp	Ser
545					550					555					560
Leu	Ala	Glu	Ser	Pro	Gln	Gly	Gly	Lys	Gly	Phe	Ser	Arg	Arg	Ala	Pro
				565					570					575	
Val	Arg	Tyr	His	Asn	Asn	Glu	His	Thr	Pro	Gln	Asn	Val	Arg	Pro	Gly
			580					585					590		
Gly	Ser	Val	Ser	Asp	Gln	Gln	Thr	Glu	Val	Leu	Cys	Ser	Asn	Ser	Asn
		595					600					605			
Gly	Ser	Thr	Ala	Lys	Asn	Arg	His	Phe	Gly	Pro	Ala	Ile	Asn	Gln	Lys
	610					615					620				
Leu	Lys	Ala	His	Phe	Lys	Glu	Asp	Pro	Tyr	Pro	Ser	Arg	Ala	Thr	Lys

625					630					635					640
Glu	Asn	Leu	Ala	Gln	Glu	Leu	Gly	Leu	Thr	Phe	Asn	Gln	Val	Thr	Lys
				645					650					655	
Trp	Phe	Ser	Ser	Thr	Arg	His	Tyr	Ala	Arg	Val	Ala	Ala	Thr	Lys	Lys
			660					665					670		
Glu	Asn	Asn	Ile	Glu	Asn	His	Thr	Ala	Glu	Asn	Asn	Asn	Asn	Thr	Asn
			675					680					685		
Thr	Val	Asp	Ser	Ile	Gln	Leu	Arg	Gly	Ser	Asn	Asp	Ile	Val	Ser	Val
	690					695					700				
Asp	Arg	Asn	Asp	Met	Val	Ser	Glu	Glu	Arg	Thr	Gly	Gln	Ser	Asn	Leu
705					710					715					720
Asn	Glu	Gly	Thr	Pro	Leu	Arg	Ser	Asp	Thr	Ser	Cys	Gly	Gln	Ser	Val
				725					730					735	
Ala	Val	Thr	Pro	Met	Val	His	Pro	Glu	Asn	Gln	Gly	Asn	Asp	Ser	Ser
			740					745					750		
Ser	Asn	Val	Arg	Thr	Pro	Asn	Ala	Lys	Ser	Ala	Glu	Lys	Leu	Ile	Pro
		755					760					765			
Gly	Leu	Glu	Asn	Ser	Asp	Glu	Ala	Arg	Arg	Lys	Ala	Val	Gln	Arg	Glu
	770					775					780				
Leu	Arg	Lys	Met	Lys	Thr	Gly	Arg								
785						790									

<210> 203

<211> 3267

<212> ADN

<213> *Petroselinum crispum*

<400> 203

atggaagaga	tctcagaccc	taaaccaaat	gcattagagc	aagtacttcc	tactgtccca	60
aatggtaaat	gtactgcacc	ggtgcaaagt	gaaagtttgg	ctggtgatgt	tcaaaaagta	120
tcaggtgaag	caaagggtgag	gatatgttcc	tgttgggtgcg	agatagtagc	ttctccagaa	180
gatttaacta	aacttggtgc	ttgtaatgat	tttgcaagag	atataaaatt	gtttgattct	240
gatcccatgc	aacaagaagc	tgaaagctcc	attggaatac	cattgatccc	taaacaagtt	300
acaatgtccc	ataacatga	ccatgaatct	ggttctgaaa	tggtcagtaa	cgaagtaatg	360
caagaaaacc	atgtaattgc	cacagaaaat	acttaccaga	aatctgattt	tgaccgtata	420
aatatgggac	aaaaagaaac	catgccagaa	gaagtgatcc	ataagtcttt	cttggaatcc	480
tcaacttcc	cgatagatat	actattaaat	aatcataaca	gttatcaatc	aggactgcca	540
ccagagaatg	cagtaacaga	ttgcaagcaa	gtccaattgg	gacaccgaag	tgatgatgct	600
ataaagaatt	ctgggtctgt	ggaattggta	ataggtcaga	aaaatgttgc	caagagtcc	660
agccagttgg	tagaaacggg	gaaaagaggt	cgtggtcggc	ccaggaaagt	acaaactggc	720
cttgagcaat	tggtaatagg	tcagaaaact	gctgccaaag	gctctagcca	gttagggtgac	780
acagggaaaa	gatctcgtgg	tcggcccaga	aaagtacaaa	attctccaac	ttctttcttg	840
gagaatataa	atatggaaca	aaaagaaaca	ataccagaac	aagtgaacca	aaattctatc	900
ttggagtcc	tgactatccc	gacagacaat	cagtcaagaa	cttataacag	tgatcaatca	960
gaactgccac	cagagaatgc	agcaaaaaat	tgcaatcacg	cccaatttgg	acatcaaagt	1020
gatgatacta	caaagatttc	tggaattcaag	gaatttgtaa	taggtcagga	aacagttgca	1080
aagagtcc	gccagttgg	agacgcagga	aaaagaggtc	gtggtcggcc	cagaaaagta	1140
caaactgg	ttgagcaatt	ggtaccagtt	caggaaaactg	cggccaagag	ctctagccag	1200
ttggggagaca	cagggaaaag	atctcgcggc	cggcccagga	aagtacaaga	ttctccaact	1260
tcttttagggg	gtaatgttaa	agtgtgtacca	gagaaaggaa	aagattctca	ggaattgtcg	1320
gtaaacagca	gcagatcatt	gcgctcaagg	tcacaagaga	aatctatcga	acccgatgtc	1380
aataatattg	tggcagatga	aggtgctgac	agagaaaaac	caaggaagaa	gaggaaaaag	1440
cgaatggagg	aaaatagggt	tgatgaattc	tgtagaataa	ggacacacct	aaggtactta	1500
ctacacagaa	taaaatacga	gaagaatttc	cttgatgctt	actctgggga	gggatggaag	1560
ggacaaagcc	tagacaaaat	aaaacctgag	aaggagctta	aacgagcaaa	agctgaaatt	1620
tttgagcgca	aattgaaaat	tagagatcta	tttcagcgct	tagatttagc	acgttccgag	1680
ggaaggcttc	cagaaattct	atttgattct	cgaggagaaa	ttgacagcga	ggatatattc	1740
tgcgcgaaat	gtggatccaa	ggatgtgaca	ctcagtaatg	atatcatcct	ttgcatgggt	1800
gcatgtgac	gtggatttca	ccaattttgt	ttggaccocac	cattgctgaa	agaatatatt	1860
cctcctgacg	acgagggttg	gctttgcccc	ggatgcgagt	gcaaaattga	ctgcatcaag	1920

```

ttacttaatg attcccaaga gacaaatatt ttactcgggtg acagctggga gaaagttttt 1980
gctgaggagg cagcagcagc agcttcggga aaaaatctag atgataattc tggactgcct 2040
tcagatgatt ccgaggatga tgattatgat cctggggggcc ctgatttgga tgagaagggtg 2100
cagggagatg attcgagtac ggatgaatct gattatcagt cggaatcaga tgatatgcaa 2160
gttatacgtc aaaaaaattc gcgcgggctt ccttcagatg attccgaaga tgatgaatac 2220
gatcctagtg gcttagttac tgatcagatg tataaggaca gctcatgttc tgattttaca 2280
tctgattctg aggattttac aggtgtgttt gacgattata aggatactgg taaagctcaa 2340
gggccactgg catcgacccc agatcacgtc aggaacaatg aggaagggtg tgggcatcct 2400
gagcaagggtg atactgcccc cctgtatccg agaagacaag tagagagttt ggactacaaa 2460
aagctaaatg atattgagtt ctctaaaatg tgtgacatcc ttgatattct ttcaagtcaa 2520
cttgatgtaa ttatttgtac tggtaaccag gaagagtatg ggaacacatc ttctgattca 2580
agtgatgaag atttatatggt tactttcttca ccagataaaa ataattctga taaagaagct 2640
acagcaatgg agcgtggaag agagagcggg gatttgagc tagacaaaa agcgagagaa 2700
tccactcata ataggagata tataaagaag tttgctgttg aaggcacaga ttcttttctt 2760
tctagatcgt gtgaagactc tgcagcacct gttgctgtga gtaaaagtac ttcaaaaaca 2820
ttgcacgggg aacatgcaac tcagagactc ctccaatcct tcaaggaaaa tcaataccct 2880
caacgagctg tgaaagagag tttggctgca gaattagcac tttcagtcctg acagggttagc 2940
aactggttta ataatagacg ttggagcttt cgccactcat cacgtattgg atcgatgta 3000
gctaaatttg attcaaacga tactccccgt cagaaaagca ttgacatgtc tggaccacg 3060
ttgaaatcgg tcttgacag tgctacttac agtgaattg aaaagaagga acaagatacg 3120
gcaagccttg gtttgacaga aggttgtgac agatacatga cgctgaatat ggttgacatg 3180
gaaggcaatg tgcacactcc ttgtattgca gaaactaggg aagaaaaaac cgaagtcggt 3240
ataaagccac aacagaaccc actataa 3267

```

<210> 204

<211> 1088

<212> PRT

<213> *Petroselinum crispum*

<400> 204

```

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

```

				245					250					255			
Gln	Leu	Gly	Asp	Thr	Gly	Lys	Arg	Ser	Arg	Gly	Arg	Pro	Arg	Lys	Val		
			260					265					270				
Gln	Asn	Ser	Pro	Thr	Ser	Phe	Leu	Glu	Asn	Ile	Asn	Met	Glu	Gln	Lys		
		275					280					285					
Glu	Thr	Ile	Pro	Glu	Gln	Val	Thr	Gln	Asn	Ser	Ile	Leu	Glu	Ser	Leu		
	290					295					300						
Thr	Ile	Pro	Thr	Asp	Asn	Gln	Ser	Arg	Thr	Tyr	Asn	Ser	Asp	Gln	Ser		
305					310					315					320		
Glu	Leu	Pro	Pro	Glu	Asn	Ala	Ala	Lys	Asn	Cys	Asn	His	Ala	Gln	Phe		
				325					330					335			
Gly	His	Gln	Ser	Asp	Asp	Thr	Thr	Lys	Ile	Ser	Gly	Phe	Lys	Glu	Leu		
			340					345					350				
Val	Ile	Gly	Gln	Glu	Thr	Val	Ala	Lys	Ser	Pro	Ser	Gln	Leu	Val	Asp		
	355						360					365					
Ala	Gly	Lys	Arg	Gly	Arg	Gly	Arg	Pro	Arg	Lys	Val	Gln	Thr	Gly	Leu		
	370					375					380						
Glu	Gln	Leu	Val	Pro	Val	Gln	Glu	Thr	Ala	Ala	Lys	Ser	Ser	Ser	Gln		
385					390					395					400		
Leu	Gly	Asp	Thr	Gly	Lys	Arg	Ser	Arg	Gly	Arg	Pro	Arg	Lys	Val	Gln		
			405						410					415			
Asp	Ser	Pro	Thr	Ser	Leu	Gly	Gly	Asn	Val	Lys	Val	Val	Pro	Glu	Lys		
			420					425					430				
Gly	Lys	Asp	Ser	Gln	Glu	Leu	Ser	Val	Asn	Ser	Ser	Arg	Ser	Leu	Arg		
	435						440					445					
Ser	Arg	Ser	Gln	Glu	Lys	Ser	Ile	Glu	Pro	Asp	Val	Asn	Asn	Ile	Val		
	450					455					460						
Ala	Asp	Glu	Gly	Ala	Asp	Arg	Glu	Lys	Pro	Arg	Lys	Lys	Arg	Lys	Lys		
465				470						475					480		
Arg	Met	Glu	Glu	Asn	Arg	Val	Asp	Glu	Phe	Cys	Arg	Ile	Arg	Thr	His		
			485						490					495			
Leu	Arg	Tyr	Leu	Leu	His	Arg	Ile	Lys	Tyr	Glu	Lys	Asn	Phe	Leu	Asp		
			500					505					510				
Ala	Tyr	Ser	Gly	Glu	Gly	Trp	Lys	Gly	Gln	Ser	Leu	Asp	Lys	Ile	Lys		
	515						520					525					
Pro	Glu	Lys	Glu	Leu	Lys	Arg	Ala	Lys	Ala	Glu	Ile	Phe	Gly	Arg	Lys		
	530					535					540						
Leu	Lys	Ile	Arg	Asp	Leu	Phe	Gln	Arg	Leu	Asp	Leu	Ala	Arg	Ser	Glu		
545					550					555					560		
Gly	Arg	Leu	Pro	Glu	Ile	Leu	Phe	Asp	Ser	Arg	Gly	Glu	Ile	Asp	Ser		
			565						570					575			
Glu	Asp	Ile	Phe	Cys	Ala	Lys	Cys	Gly	Ser	Lys	Asp	Val	Thr	Leu	Ser		
			580					585					590				
Asn	Asp	Ile	Ile	Leu	Cys	Asp	Gly	Ala	Cys	Asp	Arg	Gly	Phe	His	Gln		
	595						600					605					
Phe	Cys	Leu	Asp	Pro	Pro	Leu	Leu	Lys	Glu	Tyr	Ile	Pro	Pro	Asp	Asp		
	610					615					620						
Glu	Gly	Trp	Leu	Cys	Pro	Gly	Cys	Glu	Cys	Lys	Ile	Asp	Cys	Ile	Lys		
625					630					635					640		
Leu	Leu	Asn	Asp	Ser	Gln	Glu	Thr	Asn	Ile	Leu	Leu	Gly	Asp	Ser	Trp		
			645						650					655			
Glu	Lys	Val	Phe	Ala	Glu	Glu	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Ser	Gly	Lys	Asn		
			660				665						670				
Leu	Asp	Asp	Asn	Ser	Gly	Leu	Pro	Ser	Asp	Asp	Ser	Glu	Asp	Asp	Asp		
	675						680					685					
Tyr	Asp	Pro	Gly	Gly	Pro	Asp	Leu	Asp	Glu	Lys	Val	Gln	Gly	Asp	Asp		
	690					695						700					
Ser	Ser	Thr	Asp	Glu	Ser	Asp	Tyr	Gln	Ser	Glu	Ser	Asp	Asp	Met	Gln		
705					710					715					720		
Val	Ile	Arg	Gln	Lys	Asn	Ser	Arg	Gly	Leu	Pro	Ser	Asp	Asp	Ser	Glu		
			725						730					735			

Asp Asp Glu Tyr Asp Pro Ser Gly Leu Val Thr Asp Gln Met Tyr Lys
 740 745 750
 Asp Ser Ser Cys Ser Asp Phe Thr Ser Asp Ser Glu Asp Phe Thr Gly
 755 760 765
 Val Phe Asp Asp Tyr Lys Asp Thr Gly Lys Ala Gln Gly Pro Leu Ala
 770 775 780
 Ser Thr Pro Asp His Val Arg Asn Asn Glu Glu Gly Cys Gly His Pro
 785 790 795 800
 Glu Gln Gly Asp Thr Ala Pro Leu Tyr Pro Arg Arg Gln Val Glu Ser
 805 810 815
 Leu Asp Tyr Lys Lys Leu Asn Asp Ile Glu Phe Ser Lys Met Cys Asp
 820 825 830
 Ile Leu Asp Ile Leu Ser Ser Gln Leu Asp Val Ile Ile Cys Thr Gly
 835 840 845
 Asn Gln Glu Glu Tyr Gly Asn Thr Ser Ser Asp Ser Ser Asp Glu Asp
 850 855 860

 Tyr Met Val Thr Ser Ser Pro Asp Lys Asn Asn Ser Asp Lys Glu Ala
 865 870 875 880
 Thr Ala Met Glu Arg Gly Arg Glu Ser Gly Asp Leu Glu Leu Asp Gln
 885 890 895
 Lys Ala Arg Glu Ser Thr His Asn Arg Arg Tyr Ile Lys Lys Phe Ala
 900 905 910
 Val Glu Gly Thr Asp Ser Phe Leu Ser Arg Ser Cys Glu Asp Ser Ala
 915 920 925
 Ala Pro Val Ala Gly Ser Lys Ser Thr Ser Lys Thr Leu His Gly Glu
 930 935 940
 His Ala Thr Gln Arg Leu Leu Gln Ser Phe Lys Glu Asn Gln Tyr Pro
 945 950 955 960
 Gln Arg Ala Val Lys Glu Ser Leu Ala Ala Glu Leu Ala Leu Ser Val
 965 970 975
 Arg Gln Val Ser Asn Trp Phe Asn Asn Arg Arg Trp Ser Phe Arg His
 980 985 990
 Ser Ser Arg Ile Gly Ser Asp Val Ala Lys Phe Asp Ser Asn Asp Thr
 995 1000 1005
 Pro Arg Gln Lys Ser Ile Asp Met Ser Gly Pro Ser Leu Lys Ser
 1010 1015 1020
 Val Leu Asp Ser Ala Thr Tyr Ser Glu Ile Glu Lys Lys Glu Gln
 1025 1030 1035
 Asp Thr Ala Ser Leu Gly Leu Thr Glu Gly Cys Asp Arg Tyr Met
 1040 1045 1050
 Thr Leu Asn Met Val Ala Asp Glu Gly Asn Val His Thr Pro Cys
 1055 1060 1065
 Ile Ala Glu Thr Arg Glu Glu Lys Thr Glu Val Gly Ile Lys Pro
 1070 1075 1080
 Gln Gln Asn Pro Leu
 1085

<210> 205

<211> 2160

<212> ADN

<213> *Zea mays*

<400> 205

atggaaaaaa	atatagctca	ctgtcctggt	gagggcaatg	gtgagattga	aaatgggtgcg	60
agctctagtc	agaatcctga	gtctcttgag	cattcagttt	tgctgtctac	atctcaaacg	120
atgccaaata	acttggggat	aaggaaaaac	tataaaaggg	cagcaaacag	aggtaaaaaa	180
ggttcccaag	gactaacagg	ccaagcatat	actttgatgt	catctaatag	tgatgtcagg	240
gtgcttcgct	ccacatcaag	ttcaaagaca	acatctactg	agcatgttca	ggctccagta	300
caaccggctg	ccaagagaag	aaaaatgagc	agagcctcaa	acaaaagtgc	gactgatgag	360
ttttcacaaa	ttcgtaaacg	agtttagatat	attttgaacc	gaatgaatta	tgagcaaagc	420


```

ctaattgaag cttatgctag cgaaggctgg aaaaatcaaa gtttggataa gataagacct 480
gagaaggagc ttgaacgagc caaatcagaa atcttacgat gcaaattgag aatacgagaa 540
gtcttccgga atattgattc tcttctctcc aaggggaaaa ttgaogaaac tttatttgat 600
tctgaaggag aaatatcttg cgaagatata ttttgttcca cttgtggttc gaatgacgct 660
acattgggta atgatatacat tctctgcgat ggagcttctg acagagggtt ccaccagaac 720
tgtttaaatc ctccctcgcg tactgaagat atcccatggg gagatgaagg atggctctgc 780
ccagcatgtg attgcaagat agattgtata gatctaataa atgaactcca tgggagtaac 840
atctccattg aggactcttg ggagaaagtt tttccagatg cagctgctat ggcaaatgac 900
tctaaacaag atgacgcatt tgatcttcca tcagatgact cagacgacaa tgactttgac 960
cccaatatgc ctgaagagca tgtggttggg aaggatgaag aatcgtctga agaggatgag 1020
gatggaggat cagactctga tgactcagac tttttgacat gttctgatga ttcggaacct 1080
ttgatagaca agaaggttga tgacctcaga ttaccttctg aagattcaga ggatgatgac 1140
tatgatccag caggtctctga ttcagataaa gatgtcgaaa agaagtcaag ttctgatgaa 1200
tctgacttca catctgactc agatgatttt tgtaaggaga tttcaaaatc tggacatgat 1260
gaagtttcat cacctctatt acccgatgcc aaggtgggtg atatggaaaa gattactgct 1320
caagctaaaa caacaagtgc tgctgacgac cctatggaga ctgaaataga ccagggtgtg 1380
gttttaccag attcaaggag acggcaagct gaacgggttg actacaaaaa gttgtatgat 1440
gaggcatatg gtgaagcatc atctgattct agtgatgatg aagaatggtc tgggaagaac 1500
acgccaataa taaaaagcaa tgaagagggt gaagccaatt ctctgcggg aaaaggctcc 1560
agagttgtgc accataatga tgaactgact acacaaagca ctaaaaaaag cttgcattct 1620
attoatggtt cagtagatga gaaacctgga gaccttactt ctaatggcag caacagcaca 1680
gccaggaaag gacatttttg cccagtaatt aatcagaagc tacatgaaca ttttaagaca 1740
caaccatacc ctagtctgtc tgttaaagaa agtctggcag aagaactagg gttaacattt 1800
cgtcaggtta acaaattggt tgaaactagg cgtcattccg caagggtagc ttcttccagg 1860
aaaggcatca gtctagataa gcatagcccc caaaatacta atagtcaagt gacagctagt 1920
atggaaccta aagaacctga ggggactgtg gtggaagaat ctaatgtatg cctaaatggg 1980
ggtactacca tctctaaaga agcagtgtct tcaaaagttg gatcaagaac ccctggaagt 2040
gatgtgggag ggtcaaaaagt tgattctgct gaggatcaga atccggggcc tgatcttgca 2100
gagaaggcaa ggcaaaaagg aatacagcag gagttgagga agaaaaaat gggacgatga 2160

```

<210> 206

<211> 719

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 206

```

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

```

ES 2 539 530 T3

		195					200					205			
Asp	Ile	Phe	Cys	Ser	Thr	Cys	Gly	Ser	Asn	Asp	Ala	Thr	Leu	Gly	Asn
	210					215					220				
Asp	Ile	Ile	Leu	Cys	Asp	Gly	Ala	Cys	Asp	Arg	Gly	Phe	His	Gln	Asn
225					230					235					240
Cys	Leu	Asn	Pro	Pro	Leu	Arg	Thr	Glu	Asp	Ile	Pro	Met	Gly	Asp	Glu
				245					250					255	
Gly	Trp	Leu	Cys	Pro	Ala	Cys	Asp	Cys	Lys	Ile	Asp	Cys	Ile	Asp	Leu
			260					265					270		
Ile	Asn	Glu	Leu	His	Gly	Ser	Asn	Ile	Ser	Ile	Glu	Asp	Ser	Trp	Glu
	275						280					285			
Lys	Val	Phe	Pro	Asp	Ala	Ala	Ala	Met	Ala	Asn	Asp	Ser	Lys	Gln	Asp
	290				295						300				
Asp	Ala	Phe	Asp	Leu	Pro	Ser	Asp	Asp	Ser	Asp	Asp	Asn	Asp	Phe	Asp
305					310					315					320
Pro	Asn	Met	Pro	Glu	Glu	His	Val	Val	Gly	Lys	Asp	Glu	Glu	Ser	Ser
				325					330					335	
Glu	Glu	Asp	Glu	Asp	Gly	Gly	Ser	Asp	Ser	Asp	Asp	Ser	Asp	Phe	Leu
			340					345					350		
Thr	Cys	Ser	Asp	Asp	Ser	Glu	Pro	Leu	Ile	Asp	Lys	Lys	Val	Asp	Asp
	355					360						365			
Leu	Arg	Leu	Pro	Ser	Glu	Asp	Ser	Glu	Asp	Asp	Asp	Tyr	Asp	Pro	Ala
	370				375						380				
Gly	Pro	Asp	Ser	Asp	Lys	Asp	Val	Glu	Lys	Lys	Ser	Ser	Ser	Asp	Glu
385					390					395					400
Ser	Asp	Phe	Thr	Ser	Asp	Ser	Asp	Asp	Phe	Cys	Lys	Glu	Ile	Ser	Lys
				405					410					415	
Ser	Gly	His	Asp	Glu	Val	Ser	Ser	Pro	Leu	Leu	Pro	Asp	Ala	Lys	Val
			420					425					430		
Gly	Asp	Met	Glu	Lys	Ile	Thr	Ala	Gln	Ala	Lys	Thr	Thr	Ser	Ser	Ala
	435						440					445			
Asp	Asp	Pro	Met	Glu	Thr	Glu	Ile	Asp	Gln	Gly	Val	Val	Leu	Pro	Asp
	450					455					460				
Ser	Arg	Arg	Arg	Gln	Ala	Glu	Arg	Leu	Asp	Tyr	Lys	Lys	Leu	Tyr	Asp
465				470					475						480
Glu	Ala	Tyr	Gly	Glu	Ala	Ser	Ser	Asp	Ser	Ser	Asp	Asp	Glu	Glu	Trp
			485						490					495	
Ser	Gly	Lys	Asn	Thr	Pro	Ile	Ile	Lys	Ser	Asn	Glu	Glu	Gly	Glu	Ala
			500					505					510		
Asn	Ser	Pro	Ala	Gly	Lys	Gly	Ser	Arg	Val	Val	His	His	Asn	Asp	Glu
	515						520					525			
Leu	Thr	Thr	Gln	Ser	Thr	Lys	Lys	Ser	Leu	His	Ser	Ile	His	Gly	Ser
	530					535					540				
Val	Asp	Glu	Lys	Pro	Gly	Asp	Leu	Thr	Ser	Asn	Gly	Ser	Asn	Ser	Thr
545															

ES 2 539 530 T3

Ser Ala Glu Asp Gln Asn Pro Gly Pro Asp Leu Ala Glu Lys Ala Arg
 690 695 700
 Gln Lys Ala Ile Gln Gln Glu Leu Arg Lys Lys Lys Met Gly Arg
 705 710 715

<210> 207

<211> 2079

<212> ADN

5 <213> *Zea mays*

<400> 207

```
atggaaaaaa agacagttca cgttctggct gagggtaatg gtgagattga aaatgggtacg      60
agctctagtc agaatcctga gaccttgag catccagttt tgctgtctgc atctcaaaact    120
gtgccaaaata acttgggggat aaggaaaaaac tataaaaggg cagcaaacag aggtaaaaaag    180
ggttcccaag gactaacagg tcaggcatat acattgaggt catctgatat tgatgtcagg    240
gtgcttcgct ctacatcagg ttcaaagaca acatctactg agcatgtgca gcctccagga    300
caaccagctg ccaagagaag aaaaaggagc agagcctcaa acaaaaattc gacagatgag    360
ttctcacaaa ttctgtaaacg ggtagatac attttgaacc gaatgaatta tgagcaaacg    420
ctaattgaag cttatgctag tgaaggctgg aaaaatcaaa gtttggataa gataagacct    480
gagaaggagc ttgaacgagc caaatcagaa atcttaogat gcaaattgag aatacgggaa    540
gtcttccaaa atattgattc tcttctgtcc aaagggaaaa ttgacgaatc tttatttgat    600
tctgaaggag aaatatcttg tgaagatata ttttgtgcta cttgtgggtc gaaaaatgct    660
acattgggta atgatatcat tctctgtgat ggagcttggt acagagggtt ccaccagaac    720
tgtctaaatc ctctctgtcg tactgaagat attcccatgg gagatgaagg atggctctgc    780
ccagcatgtg attgcaagtt agactgtata gatctaataa atgaactcca gggcagtgac    840
atctccattg aggacccttg ggagaaagtt tttccagagg cagctgctat gaccaatggc    900
tctaagcaag atgaacgatt tgatcttcca tctgatgatt cggatgacaa tgattttgac    960
cccaatatgc ctgaagagca tgtggctagt aaggaagaag gatcttctga agaggaagag   1020
gatgatgacg gaggatcaga ctctgacgac tctgacttct taacctgttc tgatgatttg   1080
gaacctttga tagataaaaa gaaggttgat gacctgggat tatcttctga agattcagag   1140
gatgatgact atgatccagc aggtcctgat tgggataaag atgtcgaaaa gaagtcaaat   1200
tctgatgagt ctgatttcac gtctgactcg gatgattttt gtaaggagat taaaaaatct   1260
ggtggacatg atgaagtttc atcgccctcca ttaccgatg tcaagggtgg tgatatggaa   1320
aagaacactg ctcagttctaa cacaacaagt tctgtctgac accctatgga gactgaaata   1380
gaccagagtg tggttttacc agtatcaagg agacgtcaag ctgaacgggt ggactacaaa   1440
aggctgtatg atgaggcata tgggtgaagca tcatctgatt ctagtgatga agaagaatgg   1500
tctgggaaga acacaccaat aaaaagcaat gaagagggtg aagttgggtc tcctgcagga   1560
aaaggctcta gagttgcgca ccataatgaa ctgactacac aaaacactaa agaaagcttg   1620
cattctcttc atggttcaag agatgagaaa catggagatc ttacttctaa tggcagcaat   1680
atcaaagata ggaaaggaca ttttgggtcca gtgattagtc agaagctaca tgaacatttt   1740
aagacacaa ccatccctag tcgttctctt aaagaaaagct tggcagaaga actagggcta   1800
acatttcacg aggtcaacag atggtttgaa aataggcgct attttgcaag gttagcttct   1860
tcagggaagc gcatacgatc agataagcat agccccaaa atactaatag cccagtgaca   1920
cctagtatgc aaacctaaaga accagagggg actgtgatgg aagaatctaa tgtatgcata   1980
aacagggatg ctaccatctc taaaaaagcg gtttcttcaa aagtcggatc aagaaagaac   2040
cttagcaaga gttccoctaa aagccgggtc aaaagttga      2079
```

<210> 208

<211> 692

10 <212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 208

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

Leu	Thr	Gly	Gln	Ala	Tyr	Thr	Leu	Arg	Ser	Ser	Asp	Ile	Asp	Val	Arg
65					70					75					80
Val	Leu	Arg	Ser	Thr	Ser	Gly	Ser	Lys	Thr	Thr	Ser	Thr	Glu	His	Val
				85					90					95	
Gln	Pro	Pro	Gly	Gln	Pro	Ala	Ala	Lys	Arg	Arg	Lys	Arg	Ser	Arg	Ala
			100					105					110		
Ser	Asn	Lys	Asn	Ser	Thr	Asp	Glu	Phe	Ser	Gln	Ile	Arg	Lys	Arg	Val
		115					120					125			
Arg	Tyr	Ile	Leu	Asn	Arg	Met	Asn	Tyr	Glu	Gln	Ser	Leu	Ile	Glu	Ala
	130					135					140				
Tyr	Ala	Ser	Glu	Gly	Trp	Lys	Asn	Gln	Ser	Leu	Asp	Lys	Ile	Arg	Pro
145					150					155					160
Glu	Lys	Glu	Leu	Glu	Arg	Ala	Lys	Ser	Glu	Ile	Leu	Arg	Cys	Lys	Leu
				165					170					175	
Arg	Ile	Arg	Glu	Val	Phe	Gln	Asn	Ile	Asp	Ser	Leu	Leu	Ser	Lys	Gly
			180					185					190		
Lys	Ile	Asp	Glu	Ser	Leu	Phe	Asp	Ser	Glu	Gly	Glu	Ile	Ser	Cys	Glu
		195					200					205			
Asp	Ile	Phe	Cys	Ala	Thr	Cys	Gly	Ser	Lys	Asn	Ala	Thr	Leu	Gly	Asn
	210					215					220				
Asp	Ile	Ile	Leu	Cys	Asp	Gly	Ala	Cys	Asp	Arg	Gly	Phe	His	Gln	Asn
225					230					235					240
Cys	Leu	Asn	Pro	Pro	Leu	Arg	Thr	Glu	Asp	Ile	Pro	Met	Gly	Asp	Glu
				245					250					255	
Gly	Trp	Leu	Cys	Pro	Ala	Cys	Asp	Cys	Lys	Leu	Asp	Cys	Ile	Asp	Leu
			260					265					270		
Ile	Asn	Glu	Leu	Gln	Gly	Ser	Asp	Ile	Ser	Ile	Glu	Asp	Pro	Trp	Glu
		275					280					285			
Lys	Val	Phe	Pro	Glu	Ala	Ala	Ala	Met	Thr	Asn	Gly	Ser	Lys	Gln	Asp
	290					295					300				
Glu	Arg	Phe	Asp	Leu	Pro	Ser	Asp	Asp	Ser	Asp	Asp	Asn	Asp	Phe	Asp
305					310					315					320
Pro	Asn	Met	Pro	Glu	Glu	His	Val	Ala	Ser	Lys	Glu	Glu	Gly	Ser	Ser
				325					330					335	
Glu	Glu	Glu	Glu	Asp	Asp	Asp	Gly	Gly	Ser	Asp	Ser	Asp	Asp	Ser	Asp
			340					345					350		
Phe	Leu	Thr	Cys	Ser	Asp	Asp	Leu	Glu	Pro	Leu	Ile	Asp	Lys	Lys	Lys
		355					360					365			
Val	Asp	Asp	Leu	Gly	Leu	Ser	Ser	Glu	Asp	Ser	Glu	Asp	Asp	Asp	Tyr
	370					375					380				
Asp	Pro	Ala	Gly	Pro	Asp	Ser	Asp	Lys	Asp	Val	Glu	Lys	Lys	Ser	Asn
385					390					395					400
Ser	Asp	Glu	Ser	Asp	Phe	Thr	Ser	Asp	Ser	Asp	Asp	Phe	Cys	Lys	Glu
				405					410					415	
Ile	Lys	Lys	Ser	Gly	Gly	His	Asp	Glu	Val	Ser	Ser	Pro	Pro	Leu	Pro
			420					425					430		
Asp	Val	Lys	Val	Gly	Asp	Met	Glu	Lys	Asn	Thr	Ala	Gln	Ser	Asn	Thr
		435					440					445			
Thr	Ser	Ser	Ala	Asp	Asp	Pro	Met	Glu	Thr	Glu	Ile	Asp	Gln	Ser	Val
	450					455					460				
Val	Leu	Pro	Val	Ser	Arg	Arg	Arg	Gln	Ala	Glu	Arg	Leu	Asp	Tyr	Lys
465					470					475					480
Arg	Leu	Tyr	Asp	Glu	Ala	Tyr	Gly	Glu	Ala	Ser	Ser	Asp	Ser	Ser	Asp
				485					490						495
Glu	Glu	Glu	Trp	Ser	Gly	Lys	Asn	Thr	Pro	Ile	Lys	Ser	Asn	Glu	Glu
			500					505					510		
Gly	Glu	Val	Gly	Ser	Pro	Ala	Gly	Lys	Gly	Ser	Arg	Val	Ala	His	His
		515					520					525			
Asn	Glu	Leu	Thr	Thr	Gln	Asn	Thr	Lys	Glu	Ser	Leu	His	Ser	Leu	His
	530					535					540				
Gly	Ser	Val	Asp	Glu	Lys	His	Gly	Asp	Leu	Thr	Ser	Asn	Gly	Ser	Asn

545					550					555				560	
Ile	Lys	Asp	Arg	Lys	Gly	His	Phe	Gly	Pro	Val	Ile	Ser	Gln	Lys	Leu
				565					570					575	
His	Glu	His	Phe	Lys	Thr	Gln	Pro	Tyr	Pro	Ser	Arg	Ser	Leu	Lys	Glu
			580					585					590		
Ser	Leu	Ala	Glu	Glu	Leu	Gly	Leu	Thr	Phe	His	Gln	Val	Asn	Arg	Trp
		595					600					605			
Phe	Glu	Asn	Arg	Arg	His	Phe	Ala	Arg	Leu	Ala	Ser	Ser	Arg	Lys	Gly
	610					615					620				
Ile	Ser	Pro	Asp	Lys	His	Ser	Pro	Gln	Asn	Thr	Asn	Ser	Pro	Val	Thr
625					630					635					640
Pro	Ser	Met	Gln	Pro	Lys	Glu	Pro	Glu	Gly	Thr	Val	Met	Glu	Glu	Ser
			645						650					655	
Asn	Val	Cys	Ile	Asn	Arg	Asp	Ala	Thr	Ile	Ser	Lys	Lys	Ala	Val	Ser
			660					665					670		
Ser	Lys	Val	Gly	Ser	Arg	Lys	Asn	Leu	Ser	Lys	Ser	Ser	Pro	Lys	Ser
		675					680					685			
Arg	Val	Lys	Ser												
	690														

<210> 209

<211> 4731

<212> ADN

<213> *Zea mays*

<400> 209

atgggaagga	aagggtcaga	agtatcacca	agcaaaaggt	atcccttgag	gtctgcacac	60
agtagtggtg	gagttcttcg	ctctgcctta	gccaataata	ataaggacag	tgagcctctg	120
aatgcggctg	ctgctaccca	agcagctgtg	aaaaaaagaa	gtggcaacca	gctagatagt	180
cctaatagca	ctgtcaggct	acttcgttct	acgtcaaaaa	ataaggacga	ggcacatagc	240
gggcctctta	atgacaggat	cattgataag	ccagctgcaa	ataaaagaaa	acatgccaat	300
ccctcacagg	ttggaagtcc	cagcagcagt	gtcaggggtg	ttcgtctctg	aataaaaaat	360
aaagatatgg	cgcgacgtga	gcctcaaaag	gacaggaccg	ctgggtgagg	agctacaaat	420
aaaagaaaaa	acgccaattc	ctcaaagggt	gggagctctg	gctctggtct	cagtgtgctt	480
cggctctgct	caaaagctaa	ggatgagaca	tgtatcaaac	ctttaaatga	tagtctctgt	540
gttgaaccag	cttcaagtaa	aagaaaatgc	accagtcctg	caaagggtgg	aagtccagc	600
aacagtgtca	gggtgcttgc	atctacttca	aaatataaga	atgagacatg	taccgagcct	660
ttaaagtata	gtgggtgctg	tgaaccagct	gcaaatagaa	ggaaagggtg	cagtcgttca	720
aaggaggga	gtcccaatag	cagtgtcagg	gtgcttgcgt	ctgcctcaaa	taataagatt	780
gatgtatcta	tttagccact	gaataatagt	actactggtc	aaccggctgc	gaaaagaaga	840
aaaataggca	gttgccttaa	gagcagtgcc	agggtgcttt	gctctacctc	agaaaggaaa	900
aatgaggcat	ctagtgaacc	tttaaagtgt	agtactgctg	ctcagccagc	tgcgaggaaa	960
aagaaagggt	gtgcaatgcc	aaagactgat	aacccaaaga	ttggtgtcag	ggttcttctg	1020
tctgcctcag	gaaagaagaa	tgagacatgt	actgagcctg	taaactcgag	tacttctcgt	1080
gaaccaactg	tgacaaaaaa	aagaaattgc	agaccttcaa	aggatcgagg	tcccaagaag	1140
gactacttaa	aaatttgtca	aagaattaaa	tatatcttga	atcgaatgaa	gtatgaacaa	1200
gcctttatct	aggcttatgc	aagtgaagg	tggaaaggcc	aaagtttgg	aaaaataaga	1260
cccgagaagg	agcttgaacg	agccaaggca	gaaatccttc	aatgcaagtt	aagaatccgg	1320
gaagcttttc	gaaatatgga	ctctctttta	togaagggga	agcttgaaga	atctttgttt	1380
gattcagcag	gacaaatttc	aagcgaagat	atattttgtg	ccatatgtgg	ctcaaaggat	1440
gttacttcac	aaaatgacat	cattctttgt	gatggagcct	gtgacagagg	attccaccag	1500
aattgtttga	gccttccttt	gctaactgaa	gaaattcctc	cgggggatga	aggatggctt	1560
tgccctgcat	gtgtgtgcaa	agcagactat	atagatgcgt	taaatgaact	tcaaggagc	1620
aaactctcca	ttcatgactc	atgggtgaaa	gttttccttg	aggcagcttc	aactgccaat	1680
ggttctaaac	aagttgatgc	ttctgatctg	ctgccagatc	atataaagga	cagtgtctaac	1740
cttgcatggg	ttggaacaca	catggtgaat	gaaatcaggt	tttctgaaga	ggatgatagc	1800
aaagcggatg	acctcggttt	gccttcggag	gactcagggg	atgggtgactt	cgatccagca	1860
ggtccagatt	ctagtgaaga	ccaaaatgat	ggattgaact	cagaagagtc	agatttcaca	1920
tctgactctg	attatttttg	tgttgagatt	gctaaatctt	gcggccagga	tgaagtctcg	1980
gcatctccat	tatcaaatgt	gataaaccgt	actgatagaa	tgaaactcag	ggcctacagt	2040
agacgctcta	atgaagaaaa	ccacaatcat	gcatttatgg	acatggagct	agagcaagac	2100

```

atagtgtctac cagttccaag caggcggcag gttgaacggt tggattacaa aaaactatac 2160
gatgaggcat atgaggaaga atcatctaata tcaagtgtatg aagaagagtgt gtctggaaaa 2220
gaactcttag aaggcagtggt aacagattca cttgatgagc cttcgtcctg taaaaggctc 2280
tctagaagag caccagcagg gcagcagaat aatgaactta caccacagag cgggcctcat 2340
ggttctaaca gtgagcagaa aactgaagtt cttcgtcca atggcagtag tagcacagga 2400
cggaagtatg atcctgaagt taccagaaa ttgaagggtgc attttgagaa agatccatat 2460
cctagocgtg aaacaaaaga aaatctatca gaagaactag gcttgacatt taatcaggtc 2520
tccaaatggt tctctagtac tctgactat tcaagggttg cttctgcaa aaaagaaatg 2580
catcctgaca gccatacttg tgagaataat gatgagacaa ctgtagacag catgcaagca 2640
aaacaaccca atgctggggt gatggaaaag ttgacggggg atagaaatgg cattgttcct 2700
gagaaaccga tgggtgcagga caatcttaac caaggagcga tggaaaagtt aactagggat 2760
aaaaatgaca ttgttcctga gaaaccggtg atgcagagca gtcttaacca atgtaataat 2820
gaagatatat cgctttcttg aacagaaatt gagatggagt cttacgaaca agaactcatc 2880
gactcaagtg atgaagagtgt gtccatactt agcacaccac gaaaaacaag attacaagac 2940
catggaaaat catcagttac tgaatcactt cgttctgcaa aacgggtgttc cagaagagca 3000
ccagctagggt agcagaataa tgaacgtatt cagagtgtgc agcttcatgg ttctgcaagt 3060
gagcagcaaa ctgaatttct tctgtccaat gtcagcagtg gcaagggtctc aaaatatcat 3120
tttgccctta tagttagtca gaagcttaag gaacattttg aaaaagatcc atatccttgc 3180
cgtgcaacaa aagagagtct ggcacaagag ctaggactga catttaatac gatcagtaag 3240
tggttctctg gcactcgtca ttattcaaga gatgctgttg ccaagaatca gaaacgccc 3300
ggagaaaata ctactgtgaa taataatagc acaacctttg atgacataca agtaatagaa 3360
cccaatgttg ggttgataga taaaccagct gcagatgtaa atgacatgat ttctgaaaag 3420
ttgatggtcc aaataaatct taacgaaggc attgaagaag atatcccacc gagccaatat 3480
gccagggtgtg aagagaaaat aactatgact ccagctgcca tctcaaggga agctggtctt 3540
ccaggatatg gtccctggtcc tggagaaaaa tttcttcagg tcagttcaag gaatactagc 3600
tgtgagcaga gtgtgatact ggctcctacc gctatgcga gagaaagtgg tccaccagga 3660
tatgagcagt gagaaaaaca gggcaatggg gctccatgga atacaagtta tgagcgaaga 3720
ctatttatga atcctgtgac cagctcaaga gcagtcagtc ctccaggata tgggcctgaa 3780
gaaagccgag gcagtggtcat ttcttggaat acaagcagtg aacaaatatt gtttatgagt 3840
cctacaacca tctcaagaga acttggtcca ccaggatatg ggctagaga agaccagtgc 3900
agtggcactt catggaatgc aagctgagag ttgggagtat ttatgagtc tgtgaccacc 3960
tcaagagaag acagtccgcc aggatattgg cctcgagaaa accaggagaa tgacaatatg 4020
agatgagagt tgagaatgtt tacaagtcct acaaccatct ccagagaagt tggcccacca 4080
ggatatgagc ttactggaaa aaacaagggtc aacggcgctt catgtactac gaattaccag 4140
caggagcgt ttacagagtc tgaagccttc ccaagagaag cctgtcctcc aggttttgtg 4200
tctggagaga accagggtta cgacactcca tggatatatga gcagcaaaaca gatggcggtt 4260
acgagtccta cgaccaaccc tagagtaggt ccgccagggt atggacagga aaaccagggtc 4320
agtctgttt cttggaatac gagttatgag caggagagtgt ttatgagttc tacaacatc 4380
tcaagagaag ccggtccgcc aggttatggg cctggggaaa gtcagggcaa tatcattca 4440
tggatttcga caggcggtca gagaatgttt acaggtcctt caactatccc gaacgaagtc 4500
gggcagcaag gatattggccc ttccaggaatc ccgggaacgg atggctcaag gagtatggac 4560
ttgaaagcct ttccaccagg atatggacct gctggagaaa accagggcgg tgggtgttca 4620

gggagcgtca taagccccc tgctcgggtc gcagagaacg tagagttttc agacgacgct 4680
agaaaaaagg ctatacagcg ggagctgaga cggcggcaga agttcaggta a 4731

```

<210> 210

<211> 1576

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 210

```

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

```

ES 2 539 530 T3

65					70					75				80	
Gly	Pro	Leu	Asn	Asp	Arg	Ile	Ile	Asp	Lys	Pro	Ala	Ala	Asn	Lys	Arg
				85					90					95	
Lys	His	Ala	Asn	Pro	Ser	Gln	Val	Gly	Ser	Pro	Ser	Ser	Ser	Val	Arg
			100					105					110		
Val	Leu	Arg	Ser	Ala	Ile	Lys	Asn	Lys	Asp	Met	Ala	Arg	Ser	Glu	Pro
		115				120						125			
Gln	Ser	Asp	Arg	Thr	Ala	Gly	Glu	Ala	Ala	Thr	Asn	Lys	Arg	Lys	Asn
	130					135					140				
Ala	Asn	Ser	Ser	Lys	Val	Gly	Ser	Leu	Ser	Ser	Gly	Leu	Ser	Val	Leu
145				150						155					160
Arg	Ser	Ala	Ser	Lys	Ala	Lys	Asp	Glu	Thr	Cys	Ile	Lys	Pro	Leu	Asn
				165					170					175	
Asp	Ser	Pro	Ala	Val	Glu	Pro	Ala	Ser	Ser	Lys	Arg	Lys	Cys	Thr	Ser
			180					185					190		
Pro	Ser	Lys	Val	Gly	Ser	Pro	Ser	Asn	Ser	Val	Arg	Val	Leu	Arg	Ser
		195				200						205			
Thr	Ser	Lys	Tyr	Lys	Asn	Glu	Thr	Cys	Thr	Glu	Pro	Leu	Asn	Asp	Ser
	210					215					220				
Gly	Ala	Val	Glu	Pro	Ala	Ala	Asn	Arg	Arg	Lys	Gly	Val	Ser	Arg	Ser
225				230						235					240
Lys	Glu	Gly	Ser	Pro	Asn	Ser	Ser	Val	Arg	Val	Leu	Arg	Ser	Ala	Ser
				245					250					255	
Asn	Asn	Lys	Ile	Asp	Val	Ser	Ile	Glu	Pro	Leu	Asn	Asn	Ser	Thr	Thr
			260					265					270		
Gly	Gln	Pro	Ala	Ala	Lys	Arg	Arg	Lys	Asn	Gly	Ser	Ser	Phe	Lys	Ser
		275					280					285			
Ser	Ala	Arg	Val	Leu	Cys	Ser	Thr	Ser	Glu	Arg	Lys	Asn	Glu	Ala	Ser
	290					295					300				
Ser	Glu	Pro	Leu	Asn	Asp	Ser	Thr	Ala	Ala	Gln	Pro	Ala	Ala	Arg	Lys
305				310						315					320
Lys	Lys	Gly	Gly	Ala	Met	Pro	Lys	Thr	Asp	Asn	Pro	Lys	Ile	Gly	Val
				325					330					335	
Arg	Val	Leu	Arg	Ser	Ala	Ser	Gly	Lys	Lys	Asn	Glu	Thr	Cys	Thr	Glu
				340				345					350		
Pro	Val	Asn	Arg	Ser	Thr	Ser	Arg	Glu	Pro	Thr	Val	Thr	Lys	Lys	Arg
		355					360					365			
Asn	Cys	Lys	Pro	Ser	Lys	Asp	Arg	Gly	Pro	Lys	Lys	Asp	Tyr	Leu	Lys
	370					375					380				
Ile	Cys	Gln	Arg	Ile	Lys	Tyr	Ile	Leu	Asn	Arg	Met	Lys	Tyr	Glu	Gln
385				390					395						400
Ala	Phe	Ile	Gln	Ala	Tyr	Ala	Ser	Glu	Gly	Trp	Lys	Gly	Gln	Ser	Leu
				405					410					415	
Glu	Lys	Ile	Arg	Pro	Glu	Lys	Glu	Leu	Glu	Arg	Ala	Lys	Ala	Glu	Ile
			420					425					430		
Leu	Gln	Cys	Lys	Leu	Arg	Ile	Arg	Glu	Ala	Phe	Arg	Asn	Met	Asp	Ser
		435					440					445			
Leu	Leu	Ser	Lys	Gly	Lys	Leu	Glu	Glu	Ser	Leu	Phe	Asp	Ser	Ala	Gly
	450					455					460				
Gln	Ile	Ser	Ser	Glu	Asp	Ile	Phe	Cys	Ala	Ile	Cys	Gly	Ser	Lys	Asp
465				470						475					480
Val	Thr	Ser	Gln	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu	Cys	Asp	Gly	Ala	Cys	Asp	Arg
				485					490					495	
Gly	Phe	His	Gln	Asn	Cys	Leu	Ser	Pro	Leu	Leu	Thr	Glu	Glu	Ile	
			500					505				510			
Pro	Pro	Gly	Asp	Glu	Gly	Trp	Leu	Cys	Pro	Ala	Cys	Val	Cys	Lys	Ala
		515					520					525			
Asp	Tyr	Ile	Asp	Ala	Leu	Asn	Glu	Leu	Gln	Gly	Ser	Lys	Leu	Ser	Ile
	530					535					540				
His	Asp	Ser	Trp	Val	Lys	Val	Phe	Pro	Glu	Ala	Ala	Ser	Thr	Ala	Asn

ES 2 539 530 T3

545					550					555				560	
Gly	Ser	Lys	Gln	Val	Asp	Ala	Ser	Asp	Leu	Leu	Pro	Asp	His	Ile	Lys
				565					570					575	
Asp	Ser	Ala	Asn	Leu	Ala	Leu	Val	Gly	Thr	His	Met	Val	Asn	Glu	Ile
			580					585					590		
Arg	Phe	Ser	Glu	Glu	Asp	Asp	Ser	Lys	Ala	Asp	Asp	Leu	Gly	Leu	Pro
		595					600					605			
Ser	Glu	Asp	Ser	Gly	Asp	Gly	Asp	Phe	Asp	Pro	Ala	Gly	Pro	Asp	Ser
	610					615					620				
Ser	Glu	Asp	Gln	Asn	Asp	Gly	Leu	Asn	Ser	Glu	Glu	Ser	Asp	Phe	Thr
625					630					635					640
Ser	Asp	Ser	Asp	Tyr	Phe	Cys	Ala	Glu	Ile	Ala	Lys	Ser	Cys	Gly	Gln
				645					650					655	
Asp	Glu	Val	Ser	Ala	Ser	Pro	Leu	Ser	Asn	Val	Ile	Asn	Arg	Thr	Asp
			660					665					670		
Arg	Met	Lys	Leu	Arg	Ala	Tyr	Ser	Arg	Arg	Ser	Asn	Glu	Glu	Asn	His
		675					680					685			
Asn	His	Ala	Phe	Met	Asp	Met	Glu	Leu	Glu	Gln	Asp	Ile	Val	Leu	Pro
	690					695					700				
Val	Pro	Ser	Arg	Arg	Gln	Val	Glu	Arg	Leu	Asp	Tyr	Lys	Lys	Leu	Tyr
705					710					715					720
Asp	Glu	Ala	Tyr	Glu	Glu	Glu	Ser	Ser	Asn	Ser	Ser	Asp	Glu	Glu	Glu
				725					730					735	
Trp	Ser	Gly	Lys	Glu	Leu	Leu	Glu	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Ser	Leu	Asp
			740					745					750		
Glu	Pro	Ser	Ser	Cys	Lys	Arg	Leu	Ser	Arg	Arg	Ala	Pro	Ala	Gly	Gln
		755					760					765			
Gln	Asn	Asn	Glu	Leu	Thr	Pro	Gln	Ser	Arg	Pro	His	Gly	Ser	Asn	Ser
	770					775					780				
Glu	Gln	Lys	Thr	Glu	Val	Leu	Arg	Ser	Asn	Gly	Ser	Ser	Ser	Thr	Gly
785					790					795					800
Arg	Lys	Tyr	Asp	Pro	Glu	Val	Thr	Gln	Lys	Leu	Lys	Val	His	Phe	Glu
				805					810					815	
Lys	Asp	Pro	Tyr	Pro	Ser	Arg	Glu	Thr	Lys	Glu	Asn	Leu	Ser	Glu	Glu
			820					825					830		
Leu	Gly	Leu	Thr	Phe	Asn	Gln	Val	Ser	Lys	Trp	Phe	Ser	Ser	Thr	Arg
		835					840					845			
His	Tyr	Ser	Arg	Val	Ala	Ser	Ala	Lys	Lys	Glu	Met	His	Pro	Asp	Ser
	850					855					860				
His	Thr	Cys	Glu	Asn	Asn	Asp	Glu	Thr	Thr	Val	Asp	Ser	Met	Gln	Ala
865					870					875					880
Lys	Gln	Pro	Asn	Ala	Gly	Val	Met	Glu	Lys	Leu	Thr	Gly	Asp	Arg	Asn
				885					890					895	
Gly	Ile	Val	Pro	Glu	Lys	Pro	Met	Val	Gln	Asp	Asn	Leu	Asn	Gln	Gly
			900					905						910	
Ala	Met	Glu	Lys	Leu	Thr	Arg	Asp	Lys	Asn	Asp	Ile	Val	Pro	Glu	Lys
		915					920					925			
Pro	Val	Met	Gln	Ser	Ser	Leu	Asn	Gln	Cys	Asn	Asn	Glu	Asp	Ile	Pro
	930					935					940				
Leu	Ser	Gly	Thr	Glu	Ile	Glu	Met	Glu	Ser	Tyr	Glu	Gln	Glu	Ser	Ser
945					950					955					960
Asp	Ser	Ser	Asp	Glu	Glu	Trp	Ser	Ile	Leu	Ser	Thr	Pro	Arg	Lys	Thr
				965					970					975	
Arg	Leu	Gln	Asp	His	Gly	Lys	Ser	Ser	Val	Thr	Glu	Ser	Leu	Arg	Ser
			980					985					990		
Ala	Lys	Arg	Cys	Ser	Arg	Arg	Ala	Pro	Ala	Arg	Glu	Gln	Asn	Asn	Glu
		995					1000					1005			
Arg	Ile	Gln	Ser	Glu	Gln	Leu	His	Gly	Ser	Ala	Ser	Glu	Gln	Gln	
	1010					1015					1020				
Thr	Glu	Phe	Leu	Arg	Ser	Asn	Val	Ser	Ser	Gly	Lys	Val	Ser	Lys	
	1025					1030					1035				

Tyr	His	Phe	Gly	Pro	Ile	Val	Ser	Gln	Lys	Leu	Lys	Glu	His	Phe
1040						1045					1050			
Glu	Lys	Asp	Pro	Tyr	Pro	Cys	Arg	Ala	Thr	Lys	Glu	Ser	Leu	Ala
1055						1060					1065			
Gln	Glu	Leu	Gly	Leu	Thr	Phe	Asn	Gln	Ile	Ser	Lys	Trp	Phe	Ser
1070						1075					1080			
Gly	Thr	Arg	His	Tyr	Ser	Arg	Asp	Ala	Val	Ala	Lys	Asn	Gln	Lys
1085						1090					1095			
Arg	Pro	Gly	Glu	Asn	Thr	Thr	Val	Asn	Asn	Asn	Ser	Thr	Thr	Phe
1100						1105					1110			
Asp	Asp	Ile	Gln	Val	Ile	Glu	Pro	Asn	Val	Gly	Leu	Ile	Asp	Lys
1115						1120					1125			
Pro	Ala	Ala	Asp	Val	Asn	Asp	Met	Ile	Ser	Glu	Lys	Leu	Met	Val
1130						1135					1140			
Gln	Ile	Asn	Leu	Asn	Glu	Gly	Ile	Glu	Glu	Asp	Ile	Pro	Pro	Ser
1145						1150					1155			
Gln	Tyr	Ala	Arg	Cys	Glu	Glu	Lys	Ile	Thr	Met	Thr	Pro	Ala	Ala
1160						1165					1170			
Ile	Ser	Arg	Glu	Ala	Gly	Leu	Pro	Gly	Tyr	Gly	Pro	Gly	Pro	Gly
1175						1180					1185			
Glu	Asn	Phe	Leu	Gln	Val	Ser	Ser	Arg	Asn	Thr	Ser	Cys	Glu	Gln
1190						1195					1200			
Ser	Val	Ile	Leu	Ala	Pro	Thr	Ala	Ile	Ala	Arg	Glu	Val	Gly	Pro
1205						1210					1215			
Pro	Gly	Tyr	Ala	Thr	Gly	Glu	Asn	Gln	Gly	Asn	Gly	Ala	Pro	Trp
1220						1225					1230			
Asn	Thr	Ser	Tyr	Glu	Arg	Arg	Leu	Phe	Met	Asn	Pro	Val	Thr	Ser
1235						1240					1245			
Ser	Arg	Ala	Val	Ser	Pro	Pro	Gly	Tyr	Gly	Pro	Glu	Glu	Ser	Arg
1250						1255					1260			
Gly	Ser	Gly	Ile	Ser	Trp	Asn	Thr	Ser	Ser	Glu	Gln	Ile	Leu	Phe
1265						1270					1275			
Met	Ser	Pro	Thr	Thr	Ile	Ser	Arg	Glu	Leu	Gly	Pro	Pro	Gly	Tyr
1280						1285					1290			
Gly	Pro	Arg	Glu	Asp	Gln	Cys	Ser	Gly	Thr	Ser	Trp	Asn	Ala	Ser
1295						1300					1305			
Cys	Glu	Leu	Gly	Val	Phe	Met	Ser	Pro	Val	Thr	Thr	Ser	Arg	Glu
1310						1315					1320			
Asp	Ser	Pro	Pro	Gly	Tyr	Gly	Pro	Arg	Glu	Asn	Gln	Glu	Asn	Asp
1325						1330					1335			
Asn	Met	Arg	Cys	Glu	Leu	Arg	Met	Phe	Thr	Ser	Pro	Thr	Thr	Ile
1340						1345					1350			
Ser	Arg	Glu	Val	Gly	Pro	Pro	Gly	Tyr	Glu	Leu	Thr	Gly	Lys	Asn
1355						1360					1365			
Lys	Gly	Asn	Gly	Ala	Ser	Cys	Thr	Thr	Asn	Tyr	Gln	Gln	Gly	Ala
1370						1375					1380			
Phe	Thr	Ser	Pro	Glu	Ala	Phe	Pro	Arg	Glu	Ala	Cys	Pro	Pro	Gly
1385						1390					1395			
Phe	Val	Ser	Gly	Glu	Asn	Gln	Gly	Asn	Asp	Thr	Pro	Trp	Tyr	Met
1400						1405					1410			
Ser	Ser	Lys	Gln	Met	Ala	Phe	Thr	Ser	Pro	Thr	Thr	Asn	Pro	Arg
1415						1420					1425			
Val	Gly	Pro	Pro	Gly	Tyr	Gly	Gln	Glu	Asn	Gln	Gly	Ser	Arg	Val
1430						1435					1440			
Ser	Trp	Asn	Thr	Ser	Tyr	Glu	Gln	Gly	Val	Phe	Met	Ser	Ser	Thr
1445						1450					1455			
Asn	Ile	Ser	Arg	Glu	Ala	Gly	Pro	Pro	Gly	Tyr	Gly	Pro	Gly	Glu
1460						1465					1470			
Ser	Gln	Gly	Asn	Ile	Thr	Ser	Trp	Ile	Ser	Thr	Gly	Gly	Gln	Arg
1475						1480					1485			

Met	Phe	Thr	Gly	Pro	Ser	Thr	Ile	Pro	Asn	Glu	Val	Gly	Gln	Gln
1490						1495					1500			
Gly	Tyr	Gly	Pro	Ser	Gly	Ile	Pro	Gly	Thr	Asp	Gly	Ser	Arg	Ser
1505						1510					1515			
Met	Asp	Leu	Lys	Ala	Phe	Pro	Pro	Gly	Tyr	Gly	Pro	Ala	Gly	Glu
1520						1525					1530			
Asn	Gln	Gly	Gly	Gly	Ala	Ser	Gly	Ser	Val	Ile	Ser	Pro	His	Ala
1535						1540					1545			
Arg	Ser	Ala	Glu	Asn	Val	Glu	Phe	Ser	Asp	Asp	Ala	Arg	Lys	Lys
1550						1555					1560			
Ala	Ile	Gln	Arg	Glu	Leu	Arg	Arg	Arg	Gln	Lys	Phe	Arg		
1565						1570					1575			

<210> 211

<211> 4620

<212> ADN

<213> *Zea mays*

<400> 211

atgggaagga	aaggctcaga	aatgtcacca	agtaaaaggt	atcccttgag	gtctccacat	60
agtagtggtg	gagttcttcg	ctctgcctta	gccaatgata	ataaggacag	tgagcctctg	120
aatgctgctg	ctgctaccca	agccgctgtg	aaaaaaagaa	gtggcagtcg	gttgatagtg	180
cctaataagca	gtgtcagggt	gcttcactct	acatcaaaaa	ataagaacga	ggatgtagtc	240
gggcctctaa	atgacaggat	ccctgataag	ccagctgcaa	ataaaagaaa	acgtgccagt	300
ccttcacagg	tgggaagttc	cagcaacagt	gtcagggtcg	tgcgtctctg	aataaaaaat	360
aaagatgagg	catgcagtaa	atctctaagt	gacaggaccg	ctgggtgagcc	agctgcaaat	420
aaaagaaaaa	acgtcaatcg	ctcaaagacg	gggagtctga	gctgtggtgt	cagggtgctt	480
ctatctgctt	caaaagctaa	ggatgagaca	tctaccaagc	ctttaaatga	tagtgctact	540
gttgaaccag	cttcaggtaa	aaggaaaggg	accagtcogt	caaagggtgg	aagtgccagc	600
aatagtgtca	gggtgcttcg	atctacttca	aaatataaga	atgagacatg	tactgagcct	660
ttaaatgata	gtggtgctgt	tgaaccagct	gcaataaaaa	ggaaagggtg	cagtcgttca	720
aaggagagaa	gtotcaatag	cagtgtcagg	gtcgttgcct	tggcctcaaa	taataagatt	780
gaggtatcta	ttaagcctct	aggtaaatag	actgctgggg	aaccagctgc	gaaaagaaga	840
aaaagcggca	gttcccttga	ggcaggaagc	cctgtgagca	gtgccagggt	gcttcgcctt	900
acctcagaaa	ggaagaatga	ggcatctaag	cctttaaatg	aaagtactgc	tgctcaacca	960
gctgcgagga	aaaaaaaaagc	tggggtaatt	tcaaagaccg	acaatccaaa	gatttgtctc	1020
agggttcttc	gctctgcctc	aggaaagaag	aatgaagcat	gtattgggca	tgtaaatgat	1080
agtacttctg	ctgaaccaac	tgtgacaaaa	agaaaccgca	agccttcaat	ggatgcagct	1140
cccaagaagg	actacttaaa	aattttgtcaa	agagttagat	atattttgaa	tgaatgaac	1200
tatcaacaaa	cctttattca	agcttatgca	agtgaagggt	ggaaaggcca	aagtttgga	1260
aaaataagac	ctgaaaagga	gcttgaacga	gccaaaggcag	aaatcctcca	atgcaagtta	1320
agaatccgtg	aagcttttctg	aaatatggac	tctcttttat	ccaaggggaa	gcttgaagaa	1380
tctttgtttg	attccgcagg	agaaatttca	agcgaagata	tattttgtgc	tgtatgtggc	1440
tcaaaggatg	ttacttttaca	aaatgacatc	attctttgtg	atggagcctg	tgacagagga	1500
ttccaccaga	actgttttgaa	ccctcctttg	ctaactgaag	atatacctcc	gggggatcaa	1560
agatggcttt	gccctgcatg	tgtctgcaaa	gcagactcta	tagatgcact	aaatgaactt	1620
caaggagagca	agctctccat	tcatgactca	tgggagaaag	ttttccctga	ggcagcttca	1680
attgccaaag	gttctaaaca	agttgatact	tctgatctgc	tgccagatca	tataaagcac	1740
agtgaacaac	ctgcattggt	tgaagggtcg	atggtggatg	aagtcaggct	ttctgcagag	1800
gatgacagca	aagcggatga	ccttcgcttg	tcttcggagg	actcagggga	tggtagcttc	1860
gatccgtcag	gtccagattc	tagtgaagac	caaaaagatg	gattgaactc	agaagagtca	1920
gatttcacat	cagactctga	tgatttttgt	gctgagattg	ccaaatcttg	tggccaggat	1980
gaagtctcgg	catctccatt	atcaaatgtg	ataaaccata	cttatagaat	gaaactcagg	2040
gccagcaaca	accgctctaa	tgaagaaaac	catgatcatg	tatttatgga	catggagcta	2100
gggcaagaca	tgggtgctacc	agtttcaagc	aggcggcagg	tggaaacggt	ggattacaaa	2160
aaactatatg	atgaggcata	tgggaaagaa	tcatctaat	caagtgatga	caaagagtgg	2220
tctggaaaaag	aactattaga	aggcagtga	acagattcac	ttagtgagcg	acctcatcct	2280
gtaaaacgggt	gctctagaag	agcacaagca	gagcagcaga	ataatgaaca	tacaccacag	2340
agggagcggc	ttcatgggtc	tgaagtgag	cagaaaactg	gaattcttcg	atccaatggc	2400
agcagtagca	caggacggaa	gtttggtcct	gtagctaccc	agaaattgaa	ggtacatttt	2460
gagaaagatc	catatcctag	cctgaaaacg	aaagagaata	tatcagaaga	actaggcttg	2520

```

acattttaatc aggtctccag atggttctct agcactcgtc actattcaag ggttgcttct 2580
gccagaaaaag aaatgcatcc tgacggccat actagcgaga ataatgatac cactactgta 2640
gatagcatgc aagcaaggca acccaacact gtggtgatgg aaaagttgac tgggaataga 2700
aatgacattg tttctgagaa accgatgggt cagaacaatc ttaaccaagg ggtggcagaa 2760
aagttgacta gggatagaaa tgacattggt cctgagaaac aggtggtgca gagcaatctt 2820
aaccaatgta ataatagaaga tatcccgctt tctggaacag aaattgagat ggagtcttac 2880
gaacaagaat catctgaaag cagtgatgaa gagtgggtcca cacttagcac accacgaaaa 2940
acaaaattac aaggcaacga aaaagtatca cttactgaat cactacgttc tgcaaaaacgg 3000
tgttctagaa gagcaccagc tagggagcag aataatgaac atactcagag tgagcaactt 3060
catggttctg taagtaaaca gcaaaactgaa gttcttcgct ccaatgtcag cagtggcgat 3120
gctcaaaat gtcatttttg ccctatagtt actcagaagc tgaaggaaaca ttttgaaaaa 3180
gatccatata cttgocgtgc aacaaaagag ggtctggcac aagagctagg actgacattt 3240
aatcagatca gtaagtgggt ctctgccacc catcattatt caagagatgc tgttgccaaag 3300
aaccaaaaat acccaggaga aaatactact gagaataata gtagcacaat ctttgatggt 3360
atacaagtaa tagaacccaa ttttggtttg atagataaac cagatgcaga tacaatgac 3420
atgatttctg aaaagttgat ggtacaaatt aatcttaacg aaggcattga agaggatata 3480
ccaccgagcc aatatactac caggtgtgaa gagaaattaa ctatgactca agctgccatc 3540
tcaagggaag ctggacctcc aggttatggt cctggagaaa actttcttca ggtcagttca 3600
aggattacta gctgtgagca gagtgtgata atggctccta gcgctatcgc aagaggagtt 3660
ggtccaccag gatatacgcc tggagaacac cagggcaatg gggctccatg gaatacaagc 3720
tatgagcgaa gaccgtttac gagtctgctg actagctcaa gagaagtogg acctccagga 3780
tatgggcctg aagaaaaacca aggcagtggc atttcctgta atacaagcag agagcaaaata 3840
ttgtttatga gccctacaac catctcgaga gaacttggtc caccaggata tttgcccaga 3900
gaaaaccagc gcagtgcacac ttcattggaat acaagctgcg agtcgggact atttatgagt 3960
cctgcgacca cctcaataga acatgggtcca ccaggatatg ggocctggaga aaaccaggag 4020
aatgacagta caagctgcga gttgagaatg tttaccagtc ctacaatcgt ctccagagaa 4080
gttggtccac caggatacca gcagggagtg tttatgagtc ctaaaaccat ctcaagagaa 4140
gtctgtcctc caggatttgg gtctggagag aaccagggca acgacactac atggtacaaa 4200
cagagcgctt ttacaagtc tacaaccatc tcgagagaag tcggtccgcc aggggtatgga 4260
caggaagatc agggcaatgg tggttcttgg aacacaggtt gtgagcaggg agtggtttacg 4320
agtcctacta gaggcacttc aagagaagtc ggtccgccag gatacgggcc cggggaaagt 4380
cagggcaata ccacttcgtg gatttcgacc tgccagcaga gaatgcttgc aggaatccag 4440
agaactggtg gctcaaggag tatggacttg gaagccttcc caccgggata cggacctggt 4500
ggtgcttcag ggagtgtcat aagcccccaa gctcggctct cagagaatgt agaattttcg 4560
gacgaggcta gaaaaaaggc tatacagcgg gagctgagac ggcggcagaa gttcaggtga 4620

```

<210> 212

<211> 1539

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 212

```

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

Val Val Arg Ser Ala Ile Lys Asn Lys Asp Glu Ala Cys Ser Lys Ser
115         120         125

```

ES 2 539 530 T3

Leu	Ser	Asp	Arg	Thr	Ala	Gly	Glu	Pro	Ala	Ala	Asn	Lys	Arg	Lys	Asn
	130					135					140				
Val	Asn	Arg	Ser	Lys	Thr	Gly	Ser	Leu	Ser	Cys	Gly	Val	Arg	Val	Leu
145					150					155					160
Leu	Ser	Ala	Ser	Lys	Ala	Lys	Asp	Glu	Thr	Ser	Thr	Lys	Pro	Leu	Asn
				165					170					175	
Asp	Ser	Ala	Thr	Val	Glu	Pro	Ala	Ser	Gly	Lys	Arg	Lys	Gly	Thr	Ser
			180					185					190		
Pro	Ser	Lys	Val	Gly	Ser	Ala	Ser	Asn	Ser	Val	Arg	Val	Leu	Arg	Ser
		195					200					205			
Thr	Ser	Lys	Tyr	Lys	Asn	Glu	Thr	Cys	Thr	Glu	Pro	Leu	Asn	Asp	Ser
	210					215					220				
Gly	Ala	Val	Glu	Pro	Ala	Ala	Asn	Lys	Arg	Lys	Gly	Val	Ser	Arg	Ser
225					230					235					240
Lys	Glu	Arg	Ser	Leu	Asn	Ser	Ser	Val	Arg	Val	Val	Ala	Leu	Ala	Ser
				245					250					255	
Asn	Asn	Lys	Ile	Glu	Val	Ser	Ile	Lys	Pro	Leu	Gly	Asn	Ser	Thr	Ala
			260					265					270		
Gly	Glu	Pro	Ala	Ala	Lys	Arg	Arg	Lys	Ser	Gly	Ser	Ser	Phe	Glu	Ala
		275					280						285		
Gly	Ser	Pro	Val	Ser	Ser	Ala	Arg	Val	Leu	Arg	Pro	Thr	Ser	Glu	Arg
	290					295					300				
Lys	Asn	Glu	Ala	Ser	Lys	Pro	Leu	Asn	Glu	Ser	Thr	Ala	Ala	Gln	Pro
305					310					315					320
Ala	Ala	Arg	Lys	Lys	Lys	Ala	Gly	Val	Ile	Ser	Lys	Thr	Asp	Asn	Pro
				325					330					335	
Lys	Ile	Gly	Leu	Arg	Val	Leu	Arg	Ser	Ala	Ser	Gly	Lys	Lys	Asn	Glu
			340					345					350		
Ala	Cys	Ile	Gly	His	Val	Asn	Asp	Ser	Thr	Ser	Ala	Glu	Pro	Thr	Val
		355					360					365			
Thr	Lys	Arg	Asn	Arg	Lys	Pro	Ser	Met	Asp	Arg	Ser	Pro	Lys	Lys	Asp
	370					375					380				
Tyr	Leu	Lys	Ile	Cys	Gln	Arg	Val	Arg	Tyr	Ile	Leu	Asn	Arg	Met	Asn
385					390					395					400
Tyr	Gln	Gln	Thr	Phe	Ile	Gln	Ala	Tyr	Ala	Ser	Glu	Gly	Trp	Lys	Gly
				405					410					415	
Gln	Ser	Leu	Glu	Lys	Ile	Arg	Pro	Glu	Lys	Glu	Leu	Glu	Arg	Ala	Lys
			420					425					430		
Ala	Glu	Ile	Leu	Gln	Cys	Lys	Leu	Arg	Ile	Arg	Glu	Ala	Phe	Arg	Asn
		435					440					445			
Met	Asp	Ser	Leu	Leu	Ser	Lys	Gly	Lys	Leu	Glu	Glu	Ser	Leu	Phe	Asp
	450					455					460				
Ser	Ala	Gly	Glu	Ile	Ser	Ser	Glu	Asp	Ile	Phe	Cys	Ala	Val	Cys	Gly
465					470					475					480
Ser	Lys	Asp	Val	Thr	Leu	Gln	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu	Cys	Asp	Gly	Ala
				485					490					495	
Cys	Asp	Arg	Gly	Phe	His	Gln	Asn	Cys	Leu	Asn	Pro	Pro	Leu	Leu	Thr
			500					505					510		
Glu	Asp	Ile	Pro	Pro	Gly	Asp	Gln	Arg	Trp	Leu	Cys	Pro	Ala	Cys	Val
		515					520					525			
Cys	Lys	Ala	Asp	Ser	Ile	Asp	Ala	Leu	Asn	Glu	Leu	Gln	Gly	Ser	Lys
	530					535					540				
Leu	Ser	Ile	His	Asp	Ser	Trp	Glu	Lys	Val	Phe	Pro	Glu	Ala	Ala	Ser
545					550					555					560
Ile	Ala	Asn	Gly	Ser	Lys	Gln	Val	Asp	Thr	Ser	Asp	Leu	Leu	Pro	Asp
				565					570					575	
His	Ile	Lys	His	Ser	Asp	Asn	Pro	Ala	Leu	Val	Glu	Gly	Leu	Met	Val
			580					585					590		
Asp	Glu	Val	Arg	Leu	Ser	Ala	Glu	Asp	Asp	Ser	Lys	Ala	Asp	Asp	Leu
		595					600					605			
Arg	Leu	Ser	Ser	Glu	Asp	Ser	Gly	Asp	Gly	Asp	Phe	Asp	Pro	Ser	Gly

ES 2 539 530 T3

610	615	620
Pro Asp Ser Ser Glu Asp	Gln Lys Asp Gly Leu Asn Ser Glu Glu Ser	
625	630	635
Asp Phe Thr Ser Asp Ser	Asp Asp Phe Cys Ala Glu Ile Ala Lys Ser	640
	645	650
Cys Gly Gln Asp Glu Val Ser Ala Ser	Pro Leu Ser Asn Val Ile Asn	655
	660	665
His Thr Tyr Arg Met Lys Leu Arg Ala Ser	Asn Asn Arg Ser Asn Glu	670
	675	680
Glu Asn His Asp His Val Phe Met Asp Met	Glu Leu Gly Gln Asp Met	685
	690	695
Val Leu Pro Val Ser Ser Arg Arg Gln Val	Glu Arg Leu Asp Tyr Lys	700
705	710	715
Lys Leu Tyr Asp Glu Ala Tyr Gly Lys	Glu Ser Ser Asn Ser Ser Asp	720
	725	730
Asp Lys Glu Trp Ser Gly Lys Glu Leu	Leu Glu Gly Ser Glu Thr Asp	735
	740	745
Ser Leu Ser Glu Arg Pro His Pro Val	Lys Arg Cys Ser Arg Arg Ala	750
	755	760
Gln Ala Glu Gln Gln Asn Asn Glu His Thr	Pro Gln Arg Glu Arg Leu	765
	770	775
His Gly Ser Glu Ser Glu Gln Lys Thr Gly	Ile Leu Arg Ser Asn Gly	780
785	790	795
Ser Ser Ser Thr Gly Arg Lys Phe Gly	Pro Val Ala Thr Gln Lys Leu	800
	805	810
Lys Val His Phe Glu Lys Asp Pro Tyr	Pro Ser Arg Glu Thr Lys Glu	815
	820	825
Asn Ile Ser Glu Glu Leu Gly Leu Thr Phe	Asn Gln Val Ser Arg Trp	830
	835	840
Phe Ser Ser Thr Arg His Tyr Ser Arg	Val Ala Ser Ala Arg Lys Glu	845
	850	855
Met His Pro Asp Gly His Thr Ser Glu	Asn Asn Asp Thr Thr Thr Val	860
865	870	875
Asp Ser Met Gln Ala Arg Gln Pro Asn	Thr Val Val Met Glu Lys Leu	880
	885	890
Thr Gly Asn Arg Asn Asp Ile Val Ser	Glu Lys Pro Met Val Gln Asn	895
	900	905
Asn Leu Asn Gln Gly Val Ala Glu Lys	Leu Thr Arg Asp Arg Asn Asp	910
	915	920
Ile Val Pro Glu Lys Gln Val Val Gln Ser	Asn Leu Asn Gln Cys Asn	925
	930	935
Asn Glu Asp Ile Pro Leu Ser Gly Thr	Glu Ile Glu Met Glu Ser Tyr	940
945	950	955
Glu Gln Glu Ser Ser Glu Ser Ser Asp	Glu Trp Ser Thr Leu Ser	960
	965	970
Thr Pro Arg Lys Thr Lys Leu Gln Gly	Asn Glu Lys Val Ser Leu Thr	975
	980	985
Glu Ser Leu Arg Ser Ala Lys Arg Cys	Ser Arg Arg Ala Pro Ala Arg	990
	995	1000
Glu Gln Asn Asn Glu His Thr Gln Ser	Glu Gln Leu His Gly Ser	1005
	1010	1015
Val Ser Lys Gln Gln Thr Glu Val Leu	Arg Ser Asn Val Ser Ser	1020
	1025	1030
Gly Asp Ala Ser Lys Cys His Phe Gly	Pro Ile Val Thr Gln Lys	1035
	1040	1045
Leu Lys Glu His Phe Glu Lys Asp Pro	Tyr Pro Cys Arg Ala Thr	1050
	1055	1060
Lys Glu Gly Leu Ala Gln Glu Leu Gly	Leu Thr Phe Asn Gln Ile	1065
	1070	1075
Ser Lys Trp Phe Ser Ala Thr His His	Tyr Ser Arg Asp Ala Val	1080
	1085	1090
		1095

Ala	Lys	Asn	Gln	Lys	Tyr	Pro	Gly	Glu	Asn	Thr	Thr	Glu	Asn	Asn
	1100					1105					1110			
Ser	Ser	Thr	Ile	Phe	Asp	Gly	Ile	Gln	Val	Ile	Glu	Pro	Asn	Phe
	1115					1120					1125			
Gly	Leu	Ile	Asp	Lys	Pro	Asp	Ala	Asp	Thr	Asn	Asp	Met	Ile	Ser
	1130					1135					1140			
Glu	Lys	Leu	Met	Val	Gln	Ile	Asn	Leu	Asn	Glu	Gly	Ile	Glu	Glu
	1145					1150					1155			
Asp	Ile	Pro	Pro	Ser	Gln	Tyr	Thr	Thr	Arg	Cys	Glu	Glu	Lys	Leu
	1160					1165					1170			
Thr	Met	Thr	Gln	Ala	Ala	Ile	Ser	Arg	Glu	Ala	Gly	Pro	Pro	Gly
	1175					1180					1185			
Tyr	Gly	Pro	Gly	Glu	Asn	Phe	Leu	Gln	Val	Ser	Ser	Arg	Ile	Thr
	1190					1195					1200			
Ser	Cys	Glu	Gln	Ser	Val	Ile	Met	Ala	Pro	Ser	Ala	Ile	Ala	Arg
	1205					1210					1215			
Gly	Val	Gly	Pro	Pro	Gly	Tyr	Thr	Pro	Gly	Glu	His	Gln	Gly	Asn
	1220					1225					1230			
Gly	Ala	Pro	Trp	Asn	Thr	Ser	Tyr	Glu	Arg	Arg	Pro	Phe	Thr	Ser
	1235					1240					1245			
Pro	Ala	Thr	Ser	Ser	Arg	Glu	Val	Gly	Pro	Pro	Gly	Tyr	Gly	Pro
	1250					1255					1260			
Glu	Glu	Asn	Gln	Gly	Ser	Gly	Ile	Ser	Cys	Asn	Thr	Ser	Arg	Glu
	1265					1270					1275			
Gln	Ile	Leu	Phe	Met	Ser	Pro	Thr	Thr	Ile	Ser	Arg	Glu	Leu	Gly
	1280					1285					1290			
Pro	Pro	Gly	Tyr	Leu	Pro	Arg	Glu	Asn	Gln	Arg	Ser	Asp	Thr	Ser
	1295					1300					1305			
Trp	Asn	Thr	Ser	Cys	Glu	Ser	Gly	Leu	Phe	Met	Ser	Pro	Ala	Thr
	1310					1315					1320			
Thr	Ser	Ile	Glu	His	Gly	Pro	Pro	Gly	Tyr	Gly	Pro	Gly	Glu	Asn
	1325					1330					1335			
Gln	Glu	Asn	Asp	Ser	Thr	Ser	Cys	Glu	Leu	Arg	Met	Phe	Thr	Ser
	1340					1345					1350			
Pro	Thr	Ile	Val	Ser	Arg	Glu	Val	Gly	Pro	Pro	Gly	Tyr	Gln	Gln
	1355					1360					1365			
Gly	Val	Phe	Met	Ser	Pro	Lys	Thr	Ile	Ser	Arg	Glu	Val	Cys	Pro
	1370					1375					1380			
Pro	Gly	Phe	Gly	Ser	Gly	Glu	Asn	Gln	Gly	Asn	Asp	Thr	Thr	Trp
	1385					1390					1395			
Tyr	Lys	Gln	Ser	Ala	Phe	Thr	Ser	Pro	Thr	Thr	Ile	Ser	Arg	Glu
	1400					1405					1410			
Val	Gly	Pro	Pro	Gly	Tyr	Gly	Gln	Glu	Asp	Gln	Gly	Asn	Gly	Gly
	1415					1420					1425			
Ser	Trp	Asn	Thr	Ser	Cys	Glu	Gln	Gly	Val	Phe	Thr	Ser	Pro	Thr
	1430					1435					1440			
Arg	Gly	Ile	Ser	Arg	Glu	Val	Gly	Pro	Pro	Gly	Tyr	Gly	Pro	Gly
	1445					1450					1455			
Glu	Ser	Gln	Gly	Asn	Thr	Thr	Ser	Trp	Ile	Ser	Thr	Cys	Gln	Gln
	1460					1465					1470			
Arg	Met	Leu	Ala	Gly	Ile	Gln	Arg	Thr	Gly	Gly	Ser	Arg	Ser	Met
	1475					1480					1485			
Asp	Leu	Glu	Ala	Phe	Pro	Pro	Gly	Tyr	Gly	Pro	Gly	Gly	Ala	Ser
	1490					1495					1500			
Gly	Ser	Val	Ile	Ser	Pro	Gln	Ala	Arg	Ser	Ala	Glu	Asn	Val	Glu
	1505					1510					1515			
Phe	Ser	Asp	Glu	Ala	Arg	Lys	Lys	Ala	Ile	Gln	Arg	Glu	Leu	Arg
	1520					1525					1530			
Arg	Arg	Gln	Lys	Phe	Arg									
	1535													

<210> 213

<211> 2907

<212> ADN

<213> *Vitis vinifera*

<400> 213

atggatgctt	ccctgcccc	agagagtaat	cggactagga	aaagttctag	tcctaaacag	60
aattattttag	aagaggccag	aaaactttct	gaaagtgtgt	gtagcgaatc	gtcagagcag	120
aaacgtccct	ctgaaaatgg	acagcatgag	ccagcagaaa	tcagccctgt	gctatccaat	180
tgtattgtta	ctgaacagtc	agaactgcct	ccagaagatg	tgggtgatac	aattattagga	240
ttgcctccag	cagatgtgac	caagaattct	cttactgaac	atttgggatt	gcctccagaa	300
gatgcaatca	agaatgatgg	aactgaacaa	ttggggtttt	ttcctgaagt	tgtgaccaag	360
agttctatta	ttgaaaaatt	aggacaatca	gagccacctc	ctgaaaatgt	ggcccgggtat	420
tctggctctg	accagtcagg	gtcagcacc	aaagatttgg	ccaataaaaag	aactgcaaaa	480
ctagttaaaa	gaaaaatataa	attgagatct	tcagtaagcg	gttcccgggt	tttacgctca	540
aggtcacaag	agaaaccta	agcttcacag	ccaagtgaata	atcttgtaaa	tgccagtgct	600
agcagagaaa	ggaaagggaag	aaagaagaaa	aggatgaata	aaacaactgc	agatgaattt	660
gcgagaatca	ggaaacatct	tagatattta	ctgaacagaa	tgagctatga	gcaaaatctg	720
attgatgctt	attctgcoga	aggttggaaa	ggacaaaagt	tggaataaatt	aaagccagag	780
aaggaacttc	aacgtgcctc	atctgaaatt	tctogtcoga	aactgmaaat	acgtgattct	840
ttcaacatc	ttgattcatt	atgtgctgaa	ggaagggttc	cagaatcttt	atttgattct	900
gaagggcaga	ttgacagtga	ggatatattc	tgtgctaaat	gtgagtccaa	agacatgtct	960
gctgataatg	acataatact	ctgtgacggg	gcttggtgatc	gtggatttca	ccagttttgt	1020
ctggaaccgc	cattgtttaa	agaagaaatt	cctcctgatg	acgagggttg	gctgtgccct	1080
gcatgtgatt	gcaaagttga	ctgcatggac	ctgcttaatt	actctcaagg	aacaaaactt	1140
tctgtaattg	atagctggga	gaagggtttt	cctgaggcag	ctgcagctgg	gaataaccag	1200
gataacaaact	ctggattttc	atcagatgat	tctgaggata	atgattatga	ccccgattgt	1260
ccagagggtg	atgagaaggg	tcaggggagat	aagtcaagtt	ctgataaatt	tgatgaatct	1320
gatgaatttg	acgaatctga	tgaatctgat	ttcacttctg	catctgatga	tatgggtggc	1380
tcaccraata	atgagcagtg	tttggggctt	ccttctgatg	attcagagga	tgatgatttt	1440
gatcctgatg	ctccagaaat	tgatgaacag	gttaatcagg	ggagttcaag	ttctgatttt	1500
acatctgact	ccgaggattt	tactgccact	ttagatcgca	gaaactttct	tgacaacagag	1560
gatggctctg	atgagcaaaag	aagatttggg	aggaagaaga	aagatacttt	aaaggatgag	1620
ctcttatccg	tggttagagtc	aaattctggg	caagataatg	cacctctgtc	tgcaaaagaga	1680
catgtagaaa	ggctggatta	caaaaagctg	catgatgagg	catatggaaa	tgtttcttct	1740
gattcaagtg	atgatgaaga	ctggacagag	aatgttatac	caagaaagag	gaagaatctt	1800
agtggtaatg	ttgcctcagt	gtcaccaaat	ggaaacactt	caatcactga	gaatgggaca	1860
aataccaagg	acataaaagca	cgacttggaa	gcagctggat	gcactcccaa	gcgaagaact	1920
cgtcagaagc	tgaactttga	aagcacaat	aattcacttg	ctgagtcaca	taaaggttct	1980
cgaaagtctg	gttctactgg	tgaaaaaagt	gggcaatcat	catataaaaa	acttgagaga	2040
gctgtaactg	agagactcta	caaactcttc	caggaaaatc	agtaccctga	tcgtgctatg	2100
aaagaaaaat	tggcagaaga	gctgggaata	acgagccggc	aggttagcaa	atggtttgag	2160
aatgcccggt	ggagctttcg	ccatcgacca	cccaagggaag	ccagtgcggg	taaaagtgtt	2220
gtgaaaaagg	atgcatccac	gtctcaaaaca	gatcaaaagc	ctgagcaaga	agtggttctt	2280
agagaaagtt	ctcacaatgg	agtgggaaaa	aaggagtcgc	ccaaagcagg	tgcttcgaag	2340
gtagaccgca	gcaagggaagc	caatgcaggt	aaaagtgtctg	tgaaaaagga	tgcatccacg	2400
tctcaaacag	atcaaaagcc	tgagcaagaa	gtgggttatta	aagaaagttc	tcacaatgga	2460
gtgggaaaaa	aggagtcgac	caaagcaggt	gcttcgaagg	tagaccgtcg	cagtggagct	2520
aagaggagaa	ggaaattggc	aactgatgga	agccatagac	agaaatcttc	aactcccaac	2580
tctacaagac	aaaagacaaa	gtcaaatcat	gaagcatctg	aggcaacca	tggaagcaga	2640
aggcagaatt	cttctactcc	caagtctaga	aggcaaaaga	ctaagttagc	tggtgaagcg	2700
tctgaagcaa	ctggtggaag	cagtagacag	aattcgtcaa	cccaaatttc	taaaaggcga	2760
aaaaccaagt	cagatcatga	agcatcta	cccgctctta	gcggtgaaga	gatagcaaa	2820
acggcaaaag	gctcatctgg	cacacaaaaa	acaaaggaaa	agctaagtga	cagaatccaa	2880
acaagaagta	ggaaatctat	tgcttga				2907

<210> 214

<211> 968

<212> PRT

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> INCIERTO

<222> (276)..(276)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<400> 214

```

Met Asp Ala Ser Pro Ala Gln Glu Ser Asn Arg Thr Arg Lys Ser Ser
1      5      10      15
Ser Pro Lys Gln Asn Ile Leu Glu Glu Ala Arg Lys Leu Ser Glu Ser
20      25      30
Val Cys Ser Glu Ser Ser Glu Gln Lys Arg Pro Ser Glu Asn Gly Gln
35      40      45
His Glu Pro Ala Glu Ile Ser Pro Val Leu Ser Asn Cys Ile Val Thr
50      55      60
Glu Gln Ser Glu Leu Pro Pro Glu Asp Val Gly Asp Thr Ile Leu Gly
65      70      75      80
Leu Pro Pro Ala Asp Val Thr Lys Asn Ser Leu Thr Glu His Leu Gly
85      90      95
Leu Pro Pro Glu Asp Ala Ile Lys Asn Asp Gly Thr Glu Gln Leu Gly
100     105     110
Phe Phe Pro Glu Val Val Thr Lys Ser Ser Ile Ile Glu Lys Leu Gly
115     120     125
Gln Ser Glu Pro Pro Pro Glu Asn Val Ala Arg Tyr Ser Gly Leu Asp
130     135     140
Gln Ser Gly Ser Ala Pro Lys Asp Leu Ala Asn Lys Arg Thr Ala Lys
145     150     155     160
Leu Val Lys Arg Lys Tyr Lys Leu Arg Ser Ser Val Ser Gly Ser Arg
165     170     175
Val Leu Arg Ser Arg Ser Gln Glu Lys Pro Lys Ala Ser Gln Pro Ser
180     185     190
Asp Asn Phe Val Asn Ala Ser Ala Ser Arg Glu Arg Lys Gly Arg Lys
195     200     205
Lys Lys Arg Met Asn Lys Thr Thr Ala Asp Glu Phe Ala Arg Ile Arg
210     215     220
Lys His Leu Arg Tyr Leu Leu Asn Arg Met Ser Tyr Glu Gln Asn Leu
225     230     235     240
Ile Asp Ala Tyr Ser Ala Glu Gly Trp Lys Gly Gln Ser Val Glu Lys
245     250     255
Leu Lys Pro Glu Lys Glu Leu Gln Arg Ala Ser Ser Glu Ile Ser Arg
260     265     270
Arg Lys Leu Xaa Ile Arg Asp Leu Phe Gln His Leu Asp Ser Leu Cys
275     280     285
Ala Glu Gly Arg Phe Pro Glu Ser Leu Phe Asp Ser Glu Gly Gln Ile
290     295     300
Asp Ser Glu Asp Ile Phe Cys Ala Lys Cys Glu Ser Lys Asp Met Ser
305     310     315     320
Ala Asp Asn Asp Ile Ile Leu Cys Asp Gly Ala Cys Asp Arg Gly Phe
325     330     335
His Gln Phe Cys Leu Glu Pro Pro Leu Leu Lys Glu Glu Ile Pro Pro
340     345     350
Asp Asp Glu Gly Trp Leu Cys Pro Ala Cys Asp Cys Lys Val Asp Cys
355     360     365
Met Asp Leu Leu Asn Asp Ser Gln Gly Thr Lys Leu Ser Val Ile Asp
370     375     380
Ser Trp Glu Lys Val Phe Pro Glu Ala Ala Ala Gly Asn Asn Gln
385     390     395     400
Asp Asn Asn Ser Gly Phe Ser Ser Asp Asp Ser Glu Asp Asn Asp Tyr
405     410     415
Asp Pro Asp Cys Pro Glu Val Asp Glu Lys Gly Gln Gly Asp Lys Ser

```


ES 2 539 530 T3

			420					425					430			
Ser	Ser	Asp	Lys	Phe	Asp	Glu	Ser	Asp	Glu	Phe	Asp	Glu	Ser	Asp	Glu	
		435					440					445				
Ser	Asp	Phe	Thr	Ser	Ala	Ser	Asp	Asp	Met	Val	Val	Ser	Pro	Asn	Asn	
	450					455					460					
Glu	Gln	Cys	Leu	Gly	Leu	Pro	Ser	Asp	Asp	Ser	Glu	Asp	Asp	Asp	Phe	
465					470					475					480	
Asp	Pro	Asp	Ala	Pro	Glu	Ile	Asp	Glu	Gln	Val	Asn	Gln	Gly	Ser		
			485					490						495		
Ser	Ser	Asp	Phe	Thr	Ser	Asp	Ser	Glu	Asp	Phe	Thr	Ala	Thr	Leu	Asp	
			500					505					510			
Arg	Arg	Asn	Phe	Ser	Asp	Asn	Glu	Asp	Gly	Leu	Asp	Glu	Gln	Arg	Arg	
		515					520					525				
Phe	Gly	Arg	Lys	Lys	Lys	Asp	Thr	Leu	Lys	Asp	Glu	Leu	Leu	Ser	Val	
	530					535					540					
Leu	Glu	Ser	Asn	Ser	Gly	Gln	Asp	Asn	Ala	Pro	Leu	Ser	Ala	Lys	Arg	
545					550					555					560	
His	Val	Glu	Arg	Leu	Asp	Tyr	Lys	Lys	Leu	His	Asp	Glu	Ala	Tyr	Gly	
			565						570					575		
Asn	Val	Ser	Ser	Asp	Ser	Ser	Asp	Asp	Glu	Asp	Trp	Thr	Glu	Asn	Val	
			580					585					590			
Ile	Pro	Arg	Lys	Arg	Lys	Asn	Leu	Ser	Gly	Asn	Val	Ala	Ser	Val	Ser	
		595					600					605				
Pro	Asn	Gly	Asn	Thr	Ser	Ile	Thr	Glu	Asn	Gly	Thr	Asn	Thr	Lys	Asp	
	610					615					620					
Ile	Lys	His	Asp	Leu	Glu	Ala	Ala	Gly	Cys	Thr	Pro	Lys	Arg	Arg	Thr	
625					630					635					640	
Arg	Gln	Lys	Leu	Asn	Phe	Glu	Ser	Thr	Asn	Asn	Ser	Leu	Ala	Glu	Ser	
			645						650					655		
His	Lys	Gly	Ser	Arg	Ser	Pro	Gly	Ser	Thr	Gly	Glu	Lys	Ser	Gly	Gln	
			660					665					670			
Ser	Ser	Tyr	Lys	Lys	Leu	Gly	Glu	Ala	Val	Thr	Glu	Arg	Leu	Tyr	Lys	
		675					680					685				
Ser	Phe	Gln	Glu	Asn	Gln	Tyr	Pro	Asp	Arg	Ala	Met	Lys	Glu	Lys	Leu	
	690					695					700					
Ala	Glu	Glu	Leu	Gly	Ile	Thr	Ser	Arg	Gln	Val	Ser	Lys	Trp	Phe	Glu	
705				710						715					720	
Asn	Ala	Arg	Trp	Ser	Phe	Arg	His	Arg	Pro	Pro	Lys	Glu	Ala	Ser	Ala	
			725						730					735		
Gly	Lys	Ser	Ala	Val	Lys	Lys	Asp	Ala	Ser	Thr	Ser	Gln	Thr	Asp	Gln	
			740					745					750			
Lys	Pro	Glu	Gln	Glu	Val	Val	Leu	Arg	Glu	Ser</						

ES 2 539 530 T3

900				905				910							
Ser	Thr	Pro	Asn	Ser	Lys	Arg	Arg	Lys	Thr	Lys	Ser	Asp	His	Glu	Ala
915				920				925							
Ser	Asn	Pro	Val	Leu	Ser	Gly	Lys	Lys	Ile	Ala	Lys	Thr	Ala	Lys	Ser
930				935				940							
Ser	Ser	Gly	Thr	Pro	Lys	Thr	Lys	Glu	Lys	Leu	Ser	Asp	Arg	Ile	Gln
945				950				955				960			
Thr	Arg	Ser	Arg	Lys	Ser	Ile	Ala	965							

<210> 215

<211> 2805

<212> ADN

<213> *Populus tremuloides*

<400> 215

atgtctgagg	ctgagaacat	gggtgtttct	ccatcacaag	ttagttctca	aactaaaagt	60
tactcatgcc	cttcacaaac	taaactggaa	aatactcatg	gatttactgc	tgaatacaac	120
tgtggtggat	attcggaa	gaaacataag	cttgagtc	aaatcataca	aactgaagcc	180
ggagatagcg	gtactgcagt	tctccaatct	gggtgctggg	aaactgtgga	accatctact	240
gaagatgtaa	caaacaattc	ttttactgat	ttggatccac	ctcccgaa	tgccaggggt	300
gctacttttg	atgaaagttc	aagacctata	ctaactgcta	tagatcagaa	actcgagcca	360
ggtgctagaa	gtgtgaattac	tgcgtgtacg	catgggtgaat	catcaaaagc	aactgactct	420
ggtattctac	aggatgaacc	tggaaatacc	aatgctgcat	catcaagctg	cattgcta	480
gaaacctcac	aagcatcact	tgaaaatcta	gccataaatt	cttgctactga	agatgtgggt	540
ccgccgtatg	gagatgcaag	caagggtaac	cagattgata	aaagttcata	coctcaacaa	600
actatactcg	gacatacact	tgagttactt	tctgacagag	cttggtgtga	acgatcagaa	660
gaaagacaga	agcctggatc	tgaactttca	gaaaaatgaat	caacgggaat	tgacactgaa	720
ttatatagtg	gcattgctat	cgagaattca	gagccgctta	ctcaactagt	gaccaagagt	780
tctcctatca	aacatgtagg	cttgcttctt	ggtgacagca	tcatcattcc	tgcaaatgaa	840
caaacaagac	caactcatga	tgatgaggac	aaaggcccag	atcatgaaca	tttgaaaca	900
ccatctagag	ttgcgattgg	tattactaga	cgcggtagac	ctagaggtaa	gagtgttca	960
agattgtcaa	ggaagatata	tatgttaaga	tctttgagaa	gtagtgatag	agttctccgg	1020
tcaagatcac	aagagaaacc	taaagctctt	gaatcaagta	ataattcagg	taatgtta	1080
tccactgggt	ataaaaaagg	gaaaagaagg	aaaaagagaa	gaggaaagaa	tattgtggct	1140
gtgaatatt	ccaaatcag	ggcacattct	aggtacttat	tgaactggat	gagctatgag	1200
caaagcttga	tcactgctta	ttctggggaa	ggctggaaag	gacttagcct	agaaaagtta	1260
aagcccgaga	aggagttgca	gcgagccaca	tctgaaatta	ccagacgcaa	agtgaaaata	1320
agggatttat	ttcaacatat	tgattctctg	tgcagcgaag	gaagggtccc	atcatcttta	1380
tttgattctg	aaggacagat	tgacagtgag	gatgtattct	gtgcaaaatg	tgggtccaaa	1440
gatttgaatg	ctgataatga	tattatacta	tgtgatgggt	cttgtagacg	aggatttcat	1500
cagttctgtt	tgataccacc	attgttaaga	gaagacattc	ctctgatga	tgagggtctg	1560
ttatgccctg	gatgtgattg	caaagttgac	tgcatgggtt	tgcttaacga	ttctcaagga	1620
acaaatatat	ctatcagtga	tagctgggag	aaagttttcc	ctgaggctgc	cgccacagcg	1680
tctggacaaa	aactggatca	caactttgga	ccatcttctg	atgattctga	tgataatgat	1740
tatgaacctg	atggtccaga	tattgataag	aagagtcagg	aggaggaatc	gagctctgac	1800
gaatctgact	tcacttctgc	atctgatgaa	ttcaaggctc	ccccggatgg	caaagagtac	1860
ttggggctct	cttctgatga	ttcagaggat	gatgactact	atcctgatgc	tccagttctt	1920
gaggagaagc	tgaagcagga	aagttcaagt	tctgatttta	catcagactc	tgaggattctt	1980
gctgcaacta	ttaatggtga	tgggttgtct	ttgaagatg	aatgccacat	gcctattgaa	2040
cctcgtggag	tttctaattg	gaggaaatct	aaatttgatg	gaaagaagat	gcagttctta	2100
aacagcgagc	ttttatccat	gctagaacca	gatctgtgcc	aagatgagtc	agcaactgtt	2160
tctggaaaaa	gaaatgttga	cagattggac	tacaagaagc	tctatgatga	aacgtatgga	2220
aacatttcta	cttcaagtga	tgatgattac	actgatactg	ttgggccaa	gaagaggagg	2280
aaaaatactg	gagatgttgc	tacagtgaca	gcaaacggag	atgcctctgt	taccgagaat	2340
ggaatgaata	gcaagaatat	gaaccaggaa	ttaaaggaga	acaaacgtaa	tctgagaga	2400
ggaacttgcc	aaaactcgag	ctttcaagaa	acaaatgttt	ccccggctaa	atcatatgtt	2460
ggtgcattct	tatctggttc	tagtggtaaa	agcgttaggc	cctctgctta	taaaaaactt	2520
ggagaagctg	taactcagag	actgtacagt	tacttcaggg	aaaatcagta	tccagaccga	2580
gctgcaaaag	caagcttggc	agaagagcta	ggaattactt	ttgagcaggt	taacaagtgg	2640
tttgtgaatg	cccgttggag	cttcaacctt	tcatcatcta	caggtacaag	taaagctgaa	2700
agtgcttctg	gaaaaggtag	ctgtgatggc	caagtgaggg	atagtgaa	gaagaaccga	2760
aagagcaata	aacaaaaaac	taacaccccg	aaatctagga	gataa		2805

<210> 216

<211> 934

<212> PRT

<213> *Populus tremuloides*

5

<400> 216

Met	Ser	Glu	Ala	Glu	Asn	Met	Gly	Val	Ser	Pro	Ser	Gln	Val	Ser	Ser
1				5					10					15	
Gln	Thr	Lys	Ser	Tyr	Ser	Cys	Pro	Ser	Gln	Thr	Lys	Leu	Glu	Asn	Thr
			20					25					30		
His	Gly	Phe	Thr	Ala	Glu	Tyr	Asn	Cys	Gly	Gly	Tyr	Ser	Glu	Glu	Lys
		35					40					45			
His	Lys	Leu	Glu	Ser	Glu	Ile	Ile	Gln	Thr	Glu	Ala	Gly	Asp	Ser	Gly
	50					55					60				
Thr	Ala	Val	Leu	Gln	Ser	Gly	Ala	Gly	Glu	Thr	Val	Glu	Pro	Ser	Thr
65					70					75					80
Glu	Asp	Val	Thr	Asn	Asn	Ser	Phe	Thr	Asp	Leu	Asp	Pro	Pro	Pro	Glu
				85					90					95	
Asp	Ala	Arg	Gly	Ala	Thr	Phe	Asp	Glu	Ser	Ser	Arg	Pro	Ile	Leu	Thr
			100					105					110		
Ala	Ile	Asp	Gln	Lys	Leu	Glu	Pro	Gly	Ala	Arg	Ser	Val	Asn	Thr	Ala
		115					120					125			
Cys	Thr	His	Gly	Glu	Ser	Ser	Lys	Ala	Thr	Asp	Ser	Gly	Ile	Leu	Gln
	130					135					140				
Asp	Glu	Pro	Gly	Asn	Thr	Asn	Ala	Ala	Ser	Ser	Ser	Cys	Ile	Ala	Asn
145				150						155					160
Glu	Thr	Ser	Gln	Ala	Ser	Leu	Glu	Asn	Leu	Ala	Asn	Asn	Ser	Cys	Thr
				165					170					175	
Glu	Asp	Val	Gly	Pro	Pro	Tyr	Gly	Asp	Ala	Ser	Lys	Gly	Asn	Gln	Ile
			180					185					190		
Asp	Lys	Ser	Ser	Tyr	Pro	Gln	Gln	Thr	Ile	Ser	Gly	His	Thr	Leu	Glu
		195				200						205			
Leu	Leu	Ser	Asp	Arg	Ala	Cys	Cys	Glu	Arg	Ser	Glu	Glu	Arg	Gln	Lys
	210					215					220				
Pro	Gly	Ser	Glu	Leu	Ser	Glu	Asn	Glu	Ser	Thr	Gly	Ile	Asp	Thr	Glu
225					230					235					240
Leu	Tyr	Ser	Gly	Ile	Ala	Ile	Glu	Asn	Ser	Glu	Pro	Leu	Thr	Gln	Leu
				245					250					255	
Val	Thr	Lys	Ser	Ser	Pro	Ile	Lys	His	Val	Gly	Leu	Leu	Pro	Gly	Asp
			260					265					270		
Ser	Ile	Ile	Ile	Pro	Ala	Asn	Glu	Gln	Thr	Arg	Pro	Thr	His	Asp	Asp
		275					280					285			
Glu	Asp	Lys	Gly	Pro	Asp	His	Glu	His	Leu	Glu	Thr	Pro	Ser	Arg	Val
	290					295					300				
Ala	Ile	Gly	Ile	Thr	Arg	Arg	Gly	Arg	Pro	Arg	Gly	Lys	Ser	Ala	Ser
305					310					315					320
Arg	Leu	Ser	Arg	Lys	Ile	Tyr	Met	Leu	Arg	Ser	Leu	Arg	Ser	Ser	Asp
				325					330					335	
Arg	Val	Leu	Arg	Ser	Arg	Ser	Gln	Glu	Lys	Pro	Lys	Ala	Pro	Glu	Ser
			340					345					350		
Ser	Asn	Asn	Ser	Gly	Asn	Val	Asn	Ser	Thr	Gly	Asp	Lys	Lys	Gly	Lys
		355					360					365			
Arg	Arg	Lys	Lys	Arg	Arg	Gly	Lys	Asn	Ile	Val	Ala	Asp	Glu	Tyr	Ser
	370					375					380				
Lys	Ile	Arg	Ala	His	Leu	Arg	Tyr	Leu	Leu	Asn	Arg	Met	Ser	Tyr	Glu
385					390					395					400
Gln	Ser	Leu	Ile	Thr	Ala	Tyr	Ser	Gly	Glu	Gly	Trp	Lys	Gly	Leu	Ser
				405					410					415	

Leu	Glu	Lys	Leu	Lys	Pro	Glu	Lys	Glu	Leu	Gln	Arg	Ala	Thr	Ser	Glu
			420					425					430		
Ile	Thr	Arg	Arg	Lys	Val	Lys	Ile	Arg	Asp	Leu	Phe	Gln	His	Ile	Asp
		435					440					445			
Ser	Leu	Cys	Ser	Glu	Gly	Arg	Phe	Pro	Ser	Ser	Leu	Phe	Asp	Ser	Glu
	450					455					460				
Gly	Gln	Ile	Asp	Ser	Glu	Asp	Val	Phe	Cys	Ala	Lys	Cys	Gly	Ser	Lys
465					470				475						480
Asp	Leu	Asn	Ala	Asp	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu	Cys	Asp	Gly	Ala	Cys	Asp
			485						490					495	
Arg	Gly	Phe	His	Gln	Phe	Cys	Leu	Ile	Pro	Pro	Leu	Leu	Arg	Glu	Asp
			500					505					510		
Ile	Pro	Pro	Asp	Asp	Glu	Gly	Trp	Leu	Cys	Pro	Gly	Cys	Asp	Cys	Lys
	515						520					525			
Val	Asp	Cys	Ile	Gly	Leu	Leu	Asn	Asp	Ser	Gln	Gly	Thr	Asn	Ile	Ser
	530					535					540				
Ile	Ser	Asp	Ser	Trp	Glu	Lys	Val	Phe	Pro	Glu	Ala	Ala	Ala	Thr	Ala
545					550				555						560
Ser	Gly	Gln	Lys	Leu	Asp	His	Asn	Phe	Gly	Pro	Ser	Ser	Asp	Asp	Ser
			565						570					575	
Asp	Asp	Asn	Asp	Tyr	Glu	Pro	Asp	Gly	Pro	Asp	Ile	Asp	Lys	Lys	Ser
		580						585				590			
Gln	Glu	Glu	Glu	Ser	Ser	Ser	Asp	Glu	Ser	Asp	Phe	Thr	Ser	Ala	Ser
	595						600					605			
Asp	Glu	Phe	Lys	Ala	Pro	Pro	Asp	Gly	Lys	Glu	Tyr	Leu	Gly	Leu	Ser
	610					615					620				
Ser	Asp	Asp	Ser	Glu	Asp	Asp	Tyr	Asp	Pro	Asp	Ala	Pro	Val	Leu	
625					630				635					640	
Glu	Glu	Lys	Leu	Lys	Gln	Glu	Ser	Ser	Ser	Ser	Asp	Phe	Thr	Ser	Asp
			645						650					655	
Ser	Glu	Asp	Leu	Ala	Ala	Thr	Ile	Asn	Gly	Asp	Gly	Leu	Ser	Leu	Glu
		660						665				670			
Asp	Glu	Cys	His	Met	Pro	Ile	Glu	Pro	Arg	Gly	Val	Ser	Asn	Gly	Arg
	675						680					685			
Lys	Ser	Lys	Phe	Asp	Gly	Lys	Lys	Met	Gln	Ser	Leu	Asn	Ser	Glu	Leu
	690					695					700				
Leu	Ser	Met	Leu	Glu	Pro	Asp	Leu	Cys	Gln	Asp	Glu	Ser	Ala	Thr	Val
705					710					715					720
Ser	Gly	Lys	Arg	Asn	Val	Asp	Arg	Leu	Asp	Tyr	Lys	Lys	Leu	Tyr	Asp
			725						730					735	
Glu	Thr	Tyr	Gly	Asn	Ile	Ser	Thr	Ser	Ser	Asp	Asp	Asp	Tyr	Thr	Asp
	740							745					750		
Thr	Val	Gly	Pro	Arg	Lys	Arg	Arg	Lys	Asn	Thr	Gly	Asp	Val	Ala	Thr
	755						760					765			
Val	Thr	Ala	Asn	Gly	Asp	Ala	Ser	Val	Thr	Glu	Asn	Gly	Met	Asn	Ser
	770					775					780				
Lys	Asn	Met	Asn	Gln	Glu	Leu	Lys	Glu	Asn	Lys	Arg	Asn	Pro	Glu	Arg
785					790					795					800
Gly	Thr	Cys	Gln	Asn	Ser	Ser	Phe	Gln	Glu	Thr	Asn	Val	Ser	Pro	Ala
			805						810					815	
Lys	Ser	Tyr	Val	Gly	Ala	Ser	Leu	Ser	Gly	Ser	Ser	Gly	Lys	Ser	Val
			820					825					830		
Arg	Pro	Ser	Ala	Tyr	Lys	Lys	Leu	Gly	Glu	Ala	Val	Thr	Gln	Arg	Leu
	835						840					845			
Tyr	Ser	Tyr	Phe	Arg	Glu	Asn	Gln	Tyr	Pro	Asp	Arg	Ala	Ala	Lys	Ala
	850					855					860				
Ser	Leu	Ala	Glu	Glu	Leu	Gly	Ile	Thr	Phe	Glu	Gln	Val	Asn	Lys	Trp
865					870					875					880
Phe	Val	Asn	Ala	Arg	Trp	Ser	Phe	Asn	His	Ser	Ser	Ser	Thr	Gly	Thr
			885						890					895	
Ser	Lys	Ala	Glu	Ser	Ala	Ser	Gly	Lys	Gly	Ser	Cys	Asp	Gly	Gln	Val

900 905 910
 Arg Asp Ser Glu Ser Lys Asn Arg Lys Ser Asn Lys Gln Lys Thr Asn
 915 920 925
 Thr Pro Lys Ser Arg Arg
 930

<210> 217

<211> 2793

<212> ADN

5 <213> *Populus tremuloides*

<400> 217

atgtccgagg	ctgagcacat	gggtgtttct	ccatcaaaag	tttctcatac	taaaagttat	60
tcatgcocctg	cacaaactac	actggaaaat	acgcatgaac	ccagtgcctga	atacaagttt	120
ggtggatatac	cggaagagag	acataagcct	gagtggtgaaa	tcatacaaac	tgaagctgga	180
gataacaggg	ctgcagttct	ccaatcttct	tctggtgaag	ttgtgcaacc	atctactgac	240
gatttaacaa	aaagtcctct	tattgatttg	gacccacctc	ctgacgatgc	aaggagtgct	300
ctgtttgata	atagtccaag	acctatatca	accgctatgg	atcagaaact	tgagccaggt	360
gctacaagtg	tgaatactgc	ttgtgtgcat	agtgaatcat	caaaagcaat	tgactctagt	420
attctactgg	atgaacctag	gaatagcaac	acagaattgt	caagctgcat	tgcaaatgaa	480
acctcacaag	catcacttga	aggtctagcc	aattgattctc	gtgctgaaga	tgaggagctg	540
tcacttgtag	aggcaagcaa	tagtgacctg	attgatgaaa	gttcatactc	tcaacaaact	600
acatctggac	agacacgtga	gtttcattct	gacagagctt	gttgtaaacc	attggaagaa	660
agacagaagc	ccggtcttga	acttgacaaa	aatgaatcaa	tggaaattgg	cattggatta	720
cccagtggtta	ttgctattga	gaatttggag	ccgcttactg	aaactgtgac	caagagttgt	780
cctatcaaac	atataggcct	gcctcctggt	gatgacatca	gcattcctgc	aaatgaacaa	840
ataagacctta	ctcatgataa	ggagtccaaa	taccctgatt	gtgaacattt	ggaaaaacta	900
tctggaattg	tgatttggtat	tactagtcaa	ggtgtaccca	gtgttaagag	aacttcaaaa	960
ttgtcagggga	agaaatatac	aagttcttct	agaaaaagtg	atagagttct	ccggtcaaat	1020
tcacaagaga	aacctaaagc	tcccgagccg	agtaataatt	ctactaatgt	taattccact	1080
ggtgaggaaa	aagggaagaa	gaggaaaaag	agaagaggga	aaagtatatg	ggctgatgaa	1140
tattccagaa	tcagggcacg	tcttaggtac	ttgttgaatc	ggatgagcta	tgagcaaaagc	1200
ttgatcactg	cttattccgg	ggaaggctgg	aaaggactta	gtctagaaaa	gttaaaacct	1260
gagaaggagt	tgcaacgggc	cacatctgaa	atcatcagac	gcaaagtga	aataagggat	1320
ttatttcaac	atattgatcc	actatgcggt	gaagggaagt	tcccgacatc	tttgtttgat	1380
tctgaaggac	aaattgacag	tgaggatata	ttctgtgcaa	aatgtggatc	caaagatttg	1440
actgctgata	atgatattat	actatgtgat	ggtgcttgcg	accgagggtt	tcatcaattc	1500
tgtttggtac	caccattggt	aagagaagac	attcctcctg	gtgatgaggg	ctggttatgc	1560
cctggatgtg	attgcaaaat	tgactgcatt	gacttgctta	atgactctca	aggaacaaat	1620
atatctatca	gtgacagatg	ggataatggt	ttccccgagg	cagctgcagt	agcatctgga	1680
caaaaactcg	actacaactt	tggattgtct	tctgatgatt	ctgatgataa	tgattatgat	1740
cctgatggtc	cagatattga	cgagaagagt	caggagggaat	caagctctga	cgaatctgac	1800
ttcagttctg	cgtctgatga	atgtgaggct	ccacctgatg	ataaacagta	cttggggctc	1860
ccttctgatg	attcagagga	tgatgactat	gatcctgatg	ctccagttct	cgaggagaag	1920
ctgaagcaga	aaagttccag	ttctgatttt	acttcggact	ctgaggatct	tgatgccact	1980
cttaatgggt	atgggttgct	tttaggagat	gaataaccaca	tgccatttga	acctcatgaa	2040
gattctaattg	ggcgaagatc	gagatttggt	ggaaaagaaga	atcattcttt	aaacagcaag	2100
cttttatcca	tgctagaacc	agattctcac	caagaaaagt	ctgcacctgt	ttctggaaaa	2160
agaaatattg	aaagattgga	ctacaagaag	ctctatgatg	aaacatatgg	aaacatttgt	2220
acttcaagtg	atgatgattt	cactgatact	gttgacccaa	ggaagaggag	gaaaaacact	2280
ggagatgttg	ctatggggat	agcaaatgga	gatgcttctg	ttactgagaa	tggattgaat	2340
agcaagaata	tgaattcagga	attaaagaag	aattgaacct	cttctgggag	aactcaccaa	2400
aactcgagct	ttcaagatac	aatgtttcc	ccagcaaaaa	cacatgttgg	cgaatctctc	2460
tctggttcta	gcagtaaaaag	agttaggccc	tctgcttata	aaaaacttgg	agaagctgta	2520
actcagaaac	tgtacagttt	cttcaaggaa	aatcgggtatc	ctgaccaagc	tgcaaaaggca	2580
agtttggcag	aagagctagg	aattactttt	gagcagggtta	acaagtgggt	catgaatgct	2640
cgttggagct	tcaaccattc	atcacctgaa	ggtacaagta	aagctgaaag	tgcttcagga	2700
aagggtagct	gtgatgggca	tgtgagggat	agtgaatcga	agaacccaaa	gagcaataaa	2760
caaaaaacta	gtaccccaaa	atctaggaga	tag			2793

<210> 218

<211> 930

<212> PRT

<213> *Populus tremuloides*

<400> 218

```

Met Ser Glu Ala Glu His Met Gly Val Ser Pro Ser Lys Val Ser His
1      5      10      15
Thr Lys Ser Tyr Ser Cys Pro Ala Gln Thr Thr Leu Glu Asn Thr His
20      25      30
Glu Pro Ser Ala Glu Tyr Lys Phe Gly Gly Tyr Pro Glu Glu Arg His
35      40      45
Lys Leu Glu Cys Glu Ile Ile Gln Thr Glu Ala Gly Asp Asn Arg Ala
50      55      60
Ala Val Leu Gln Ser Cys Ser Gly Glu Val Val Gln Pro Ser Thr Asp
65      70      75      80
Asp Leu Thr Lys Ser Pro Leu Ile Asp Leu Asp Pro Pro Pro Asp Asp
85      90      95
Ala Arg Ser Ala Leu Phe Asp Asn Ser Pro Arg Pro Ile Ser Thr Ala
100     105     110
Met Asp Gln Lys Leu Glu Pro Gly Ala Thr Ser Val Asn Thr Ala Cys
115     120     125
Val His Ser Glu Ser Ser Lys Ala Ile Asp Ser Ser Ile Leu Leu Asp
130     135     140
Glu Pro Arg Asn Ser Asn Thr Glu Leu Ser Ser Cys Ile Ala Asn Glu
145     150     155     160
Thr Ser Gln Ala Ser Leu Glu Gly Leu Ala Asn Asp Ser Arg Ala Glu
165     170     175
Asp Ala Gly Leu Ser Leu Val Glu Ala Ser Asn Ser Asp Leu Ile Asp
180     185     190
Glu Ser Ser Tyr Ser Gln Gln Thr Thr Ser Gly Gln Thr Arg Glu Phe
195     200     205
His Ser Asp Arg Ala Cys Cys Lys Pro Leu Glu Glu Arg Gln Lys Pro
210     215     220
Gly Ser Glu Leu Ala Glu Asn Glu Ser Met Glu Ile Gly Ile Gly Leu
225     230     235     240
Pro Ser Gly Ile Ala Ile Glu Asn Leu Glu Pro Leu Thr Glu Leu Val
245     250     255
Thr Lys Ser Cys Pro Ile Lys His Ile Gly Leu Pro Pro Gly Asp Asp
260     265     270
Ile Ser Ile Pro Ala Asn Glu Gln Ile Arg Pro Thr His Asp Lys Glu
275     280     285
Ser Lys Tyr Pro Asp Cys Glu His Leu Glu Lys Leu Ser Gly Ile Val
290     295     300
Ile Gly Ile Thr Ser Gln Gly Val Pro Ser Val Lys Arg Thr Ser Lys
305     310     315     320
Leu Ser Gly Lys Lys Tyr Thr Ser Ser Ser Arg Lys Ser Asp Arg Val
325     330     335
Leu Arg Ser Asn Ser Gln Glu Lys Pro Lys Ala Pro Glu Pro Ser Asn
340     345     350
Asn Ser Thr Asn Val Asn Ser Thr Gly Glu Glu Lys Gly Lys Arg Arg
355     360     365
Lys Lys Arg Arg Gly Lys Ser Ile Val Ala Asp Glu Tyr Ser Arg Ile
370     375     380
Arg Ala Arg Leu Arg Tyr Leu Leu Asn Arg Met Ser Tyr Glu Gln Ser
385     390     395     400
Leu Ile Thr Ala Tyr Ser Gly Glu Gly Trp Lys Gly Leu Ser Leu Glu
405     410     415
Lys Leu Lys Pro Glu Lys Glu Leu Gln Arg Ala Thr Ser Glu Ile Ile
420     425     430
Arg Arg Lys Val Lys Ile Arg Asp Leu Phe Gln His Ile Asp Ser Leu

```

		435						440						445				
Cys	Gly	Glu	Gly	Arg	Phe	Pro	Ala	Ser	Leu	Phe	Asp	Ser	Glu	Gly	Gln			
	450					455					460							
Ile	Asp	Ser	Glu	Asp	Ile	Phe	Cys	Ala	Lys	Cys	Gly	Ser	Lys	Asp	Leu			
465					470					475					480			
Thr	Ala	Asp	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu	Cys	Asp	Gly	Ala	Cys	Asp	Arg	Gly			
				485					490					495				
Phe	His	Gln	Phe	Cys	Leu	Val	Pro	Pro	Leu	Leu	Arg	Glu	Asp	Ile	Pro			
			500					505					510					
Pro	Gly	Asp	Glu	Gly	Trp	Leu	Cys	Pro	Gly	Cys	Asp	Cys	Lys	Val	Asp			
		515					520					525						
Cys	Ile	Asp	Leu	Leu	Asn	Asp	Ser	Gln	Gly	Thr	Asn	Ile	Ser	Ile	Ser			
	530					535					540							
Asp	Arg	Trp	Asp	Asn	Val	Phe	Pro	Glu	Ala	Ala	Ala	Val	Ala	Ser	Gly			
545					550					555					560			
Gln	Lys	Leu	Asp	Tyr	Asn	Phe	Gly	Leu	Ser	Ser	Asp	Asp	Ser	Asp	Asp			
				565					570						575			
Asn	Asp	Tyr	Asp	Pro	Asp	Gly	Pro	Asp	Ile	Asp	Glu	Lys	Ser	Gln	Glu			
			580					585					590					
Glu	Ser	Ser	Ser	Asp	Glu	Ser	Asp	Phe	Ser	Ser	Ala	Ser	Asp	Glu	Phe			
		595					600					605						
Glu	Ala	Pro	Pro	Asp	Asp	Lys	Gln	Tyr	Leu	Gly	Leu	Pro	Ser	Asp	Asp			
	610					615					620							
Ser	Glu	Asp	Asp	Asp	Tyr	Asp	Pro	Asp	Ala	Pro	Val	Leu	Glu	Glu	Lys			
625					630					635					640			
Leu	Lys	Gln	Glu	Ser	Ser	Ser	Ser	Asp	Phe	Thr	Ser	Asp	Ser	Glu	Asp			
				645					650						655			
Leu	Asp	Ala	Thr	Leu	Asn	Gly	Asp	Gly	Leu	Ser	Leu	Gly	Asp	Glu	Tyr			
			660					665					670					
His	Met	Pro	Ile	Glu	Pro	His	Glu	Asp	Ser	Asn	Gly	Arg	Arg	Ser	Arg			
		675					680					685						
Phe	Gly	Gly	Lys	Lys	Asn	His	Ser	Leu	Asn	Ser	Lys	Leu	Leu	Ser	Met			
	690				695						700							
Leu	Glu	Pro	Asp	Ser	His	Gln	Glu	Lys	Ser	Ala	Pro	Val	Ser	Gly	Lys			
705					710					715					720			
Arg	Asn	Ile	Glu	Arg	Leu	Asp	Tyr	Lys	Lys	Leu	Tyr	Asp	Glu	Thr	Tyr			
			725					730						735				
Gly	Asn	Ile	Cys	Thr	Ser	Ser	Asp	Asp	Asp	Phe	Thr	Asp	Thr	Val	Ala			
			740				745						750					
Pro	Arg	Lys	Arg	Arg	Lys	Asn	Thr	Gly	Asp	Val	Ala	Met	Gly	Ile	Ala			
		755					760					765						
Asn	Gly	Asp	Ala	Ser	Val	Thr	Glu	Asn	Gly	Leu	Asn	Ser	Lys	Asn	Met			
	770					775					780							
Asn	Gln	Glu	Leu	Lys	Lys	Asn	Glu	His	Thr	Ser	Gly	Arg						

		915		920		925	
	Arg Arg						
	930						
	<210> 219						
	<211> 2184						
	<212> ADN						
5	<213> <i>Populus tremuloides</i>						
	<400> 219						
	atggggtgatt ctggaaagaa atcaaagcag caagacttgc acgaatcttc accatctgac 60						
	acagtgaatg ggtcgttgct gattaaatca ttgaagataa agaaggggtgg caaattatct 120						
	catagaaaaa gcgaaaaaac taaaactaaa cctcatctga aaactatcat taattcatct 180						
	gtatcaaaga aaaagggttac tectaagaag ggcatcagga atggctctac cagtagaaga 240						
	ttgattcaca ggaaaattct gcataaagca cttgataaga aggcctcaag aaatggggct 300						
	tccctcagagc tccaaggcaa acagttgtca actattgatt ctgaggggaa tggaaaaaat 360						
	gccgatgaag gtgcaattaa aaaagtcaag aagaggaagc ctaagaaaag gcaaaaggac 420						
	aaggtaaagc tagatgaacc accacgcttg cagaggagag caaggtaact gatgattaaa 480						
	atgaagctgg agcagaatct tatagatgct tactctggag aagggttgaa aggtaaaagt 540						
	cgagagaaga ttccggccaga aaaggaacta ctgagagcca ggaaacagat ttgaaatgt 600						
	aaacttggat tacgtgaaat aattcggcag gtggattctc taagtacagt aggatgtatt 660						
	gaagatgctg ttatggctcc agatggatct gtttcccatg aacatatatt ctgtgcgaag 720						
	tgcaaatgga atgaagtttc ccaagataat gatattgtac tctgtgatgg gacatgcaac 780						
	tgtgccttcc accaaaaatg ccttgatcct cctttggata ctgaaaatat acctccagga 840						
	gatcagggat ggtttttgcaa gttctgtgac tgtaggatgg aaattataga agccatgaat 900						
	gctcatttgg ggacccactt ctgagaggac agcggttggc aggatatttt caaagaagaa 960						
	gcagcagttc cagatgggtg aaatatgcta ttaaattccag aagaagaatg gccttctgat 1020						
	gattctgaag atgatgatta tgatccagag agggagagaga acgtcatgag tggagcaggt 1080						
	actgatgatg atgcatctga tgacaccagc aattcaaccg gcttgagttg gtcttcagat 1140						
	ggtgaggttt ttccaggatc caggaggtgg gaggtggaag gcttggactt cagaaacaat 1200						
	tctatttata gcagttttaga ttctgatgaa accagtgatg gggaaattat ttgtggcctg 1260						
	aggcagagaa gagcgggttga ttataagaag ttatacaatg agatgttttg aaaggacgct 1320						
	cctgcacatg agcaaccacg cgaagatgaa gattgggggtc ctagcaaaaag aaagcgacga 1380						
	gagaaggagt cagatgcagc cagcaccta atgactctat atgaaagtaa aagaagatgt 1440						
	aaaaatgatg caaccattga aggcattgat aagcttccac gagatcctca aattcgaagg 1500						
	ccaattttca ggctccccc tgatgctggt gagaaacttc gccaaagtatt tgcagagaat 1560						
	gaacttccat ctagaactgt caaggagaat ctatcaaaaag aattgggctt tgaacctggg 1620						
	aagggttagca aatggttcaa gaattccgt tatttagctc tgaagtctag aaaggtagag 1680						
	aaggggagaac aagttcatta ttctagttcc aaagtctctg ctgaaccac tttaaatgtc 1740						
	atgaaggaca aaactgctga tctttcactg ttaaaggata gccaggcaga aactgggggtg 1800						
	tgtacccag agaatttgaa aaggatcttg cagaggaaga agccgaggtc aataagtaaa 1860						
	agtttaaaga aaaatgaaca gaaaagaggt tccttogaat cacctactaa aagcaatgag 1920						
	atgaatgttg agcacaatga tgatctgagc ttgaagaagc tgttaaaagc aaaaacaaag 1980						
	ggagtaaaga aaaagggtaa tcgtatttca gcagctgctg aatctgatat ggagaaactt 2040						
	tgtagagcaa agacgagagt agagaatctg aagcagaaac tggtgaaact acaaactggc 2100						
	aaagctagga agtcttccaa aatccgtccg ctgacgaat ctgttgtcta cgttctatt 2160						
	gctgagctaa gagaaaagaa atga						2184
	<210> 220						
	<211> 727						
10	<212> PRT						
	<213> <i>Populus tremuloides</i>						
	<400> 220						

ES 2 539 530 T3

Met	Gly	Asp	Ser	Gly	Lys	Lys	Ser	Lys	Gln	Gln	Asp	Leu	His	Glu	Ser
1				5					10					15	
Ser	Pro	Ser	Asp	Thr	Val	Asn	Gly	Ser	Leu	Leu	Ile	Lys	Ser	Leu	Lys
			20					25					30		
Ile	Lys	Lys	Gly	Gly	Lys	Leu	Ser	His	Arg	Lys	Ser	Glu	Lys	Pro	Lys
		35					40					45			
Thr	Lys	Pro	His	Leu	Lys	Thr	Ile	Ile	Asn	Ser	Ser	Val	Ser	Lys	Lys

ES 2 539 530 T3

50					55					60					
Lys	Val	Thr	Pro	Lys	Lys	Gly	Ile	Arg	Asn	Gly	Ser	Thr	Ser	Arg	Arg
65					70					75					80
Leu	Ile	His	Arg	Lys	Ile	Leu	His	Lys	Ala	Leu	Asp	Lys	Lys	Ala	Ser
				85					90					95	
Arg	Asn	Gly	Ala	Ser	Ser	Glu	Leu	Gln	Gly	Lys	Gln	Leu	Ser	Thr	Ile
			100					105					110		
Asp	Ser	Glu	Gly	Asn	Gly	Lys	Asn	Ala	Asp	Glu	Gly	Ala	Ile	Lys	Lys
		115					120					125			
Val	Lys	Lys	Arg	Lys	Pro	Lys	Lys	Arg	Gln	Lys	Asp	Lys	Val	Lys	Leu
	130					135					140				
Asp	Glu	Pro	Pro	Arg	Leu	Gln	Arg	Arg	Ala	Arg	Tyr	Leu	Met	Ile	Lys
145					150					155					160
Met	Lys	Leu	Glu	Gln	Asn	Leu	Ile	Asp	Ala	Tyr	Ser	Gly	Glu	Gly	Trp
				165				170						175	
Lys	Gly	Lys	Ser	Arg	Glu	Lys	Ile	Arg	Pro	Glu	Lys	Glu	Leu	Leu	Arg
			180					185					190		
Ala	Arg	Lys	Gln	Ile	Leu	Lys	Cys	Lys	Leu	Gly	Leu	Arg	Glu	Ile	Ile
		195					200					205			
Arg	Gln	Val	Asp	Ser	Leu	Ser	Thr	Val	Gly	Cys	Ile	Glu	Asp	Ala	Val
	210					215					220				
Met	Ala	Pro	Asp	Gly	Ser	Val	Ser	His	Glu	His	Ile	Phe	Cys	Ala	Lys
225					230					235					240
Cys	Lys	Leu	Asn	Glu	Val	Ser	Gln	Asp	Asn	Asp	Ile	Val	Leu	Cys	Asp
			245					250						255	
Gly	Thr	Cys	Asn	Cys	Ala	Phe	His	Gln	Lys	Cys	Leu	Asp	Pro	Pro	Leu
			260					265					270		
Asp	Thr	Glu	Asn	Ile	Pro	Pro	Gly	Asp	Gln	Gly	Trp	Phe	Cys	Lys	Phe
		275					280					285			
Cys	Asp	Cys	Arg	Met	Glu	Ile	Ile	Glu	Ala	Met	Asn	Ala	His	Leu	Gly
	290				295					300					
Thr	His	Phe	Ser	Glu	Asp	Ser	Gly	Trp	Gln	Asp	Ile	Phe	Lys	Glu	Glu
305					310					315					320
Ala	Ala	Val	Pro	Asp	Gly	Gly	Asn	Met	Leu	Leu	Asn	Pro	Glu	Glu	Glu
			325					330					335		
Trp	Pro	Ser	Asp	Asp	Ser	Glu	Asp	Asp	Tyr	Asp	Pro	Glu	Arg	Arg	
			340					345					350		
Glu	Asn	Val	Met	Ser	Gly	Ala	Gly	Thr	Asp	Asp	Asp	Ala	Ser	Asp	Asp
		355					360					365			
Thr	Ser	Asn	Ser	Thr	Arg	Leu	Ser	Trp	Ser	Ser	Asp	Gly	Glu	Val	Phe
	370				375					380					
Ser	Gly	Ser	Arg	Arg	Trp	Glu	Val	Asp	Gly	Leu	Asp	Phe	Arg	Asn	Asn
385					390					395					400
Ser	Ile	Tyr	Ser	Ser	Leu	Asp	Ser	Asp	Glu	Thr	Ser	Asp	Gly	Glu	Ile
			405					410						415	
Ile	Cys	Gly	Arg	Arg	Gln	Arg	Arg	Ala	Val	Asp	Tyr	Lys	Lys	Leu	Tyr
			420					425					430		
Asn	Glu	Met	Phe	Gly	Lys	Asp	Ala	Pro	Ala	His	Glu	Gln	Pro	Ser	Glu
		435					440					445			
Asp	Glu	Asp	Trp	Gly	Pro	Ser	Lys	Arg	Lys	Arg	Arg	Glu	Lys	Glu	Ser
	450				455					460					
Asp	Ala	Ala	Ser	Thr	Leu	Met	Thr	Leu	Tyr	Glu	Ser	Lys	Arg	Arg	Cys
465					470					475					480
Lys	Asn	Asp	Ala	Thr	Ile	Glu	Gly	Met	Met	Lys	Leu	Pro	Arg	Asp	Pro
			485					490						495	
Gln	Ile	Arg	Arg	Pro	Ile	Phe	Arg	Leu	Pro	Pro	Asp	Ala	Val	Glu	Lys
			500					505					510		
Leu	Arg	Gln	Val	Phe	Ala	Glu	Asn	Glu	Leu	Pro	Ser	Arg	Thr	Val	Lys
		515					520					525			
Glu	Asn	Leu	Ser	Lys	Glu	Leu	Gly	Leu	Glu	Pro	Gly	Lys	Val	Ser	Lys
	530					535					540				

Trp	Phe	Lys	Asn	Ser	Arg	Tyr	Leu	Ala	Leu	Lys	Ser	Arg	Lys	Val	Glu
545					550					555					560
Lys	Gly	Glu	Gln	Val	His	Tyr	Ser	Ser	Ser	Lys	Val	Ser	Ala	Glu	Pro
				565					570					575	
Thr	Leu	Asn	Val	Met	Lys	Asp	Lys	Thr	Ala	Asp	Leu	Ser	Leu	Leu	Lys
			580					585					590		
Asp	Ser	Gln	Ala	Glu	Thr	Gly	Val	Cys	Thr	Pro	Glu	Asn	Leu	Lys	Arg
		595					600					605			
Ile	Leu	Gln	Arg	Lys	Lys	Pro	Arg	Ser	Ile	Ser	Lys	Ser	Leu	Lys	Lys
	610					615					620				
Asn	Glu	Gln	Lys	Arg	Gly	Ser	Phe	Glu	Ser	Pro	Thr	Lys	Ser	Asn	Glu
625					630					635					640
Met	Asn	Val	Glu	His	Asn	Asp	Asp	Leu	Ser	Leu	Lys	Lys	Leu	Leu	Lys
				645						650				655	
Ala	Lys	Thr	Lys	Gly	Val	Lys	Lys	Lys	Gly	Asn	Arg	Ile	Ser	Ala	Ala
			660					665					670		
Ala	Glu	Ser	Asp	Met	Glu	Lys	Leu	Cys	Arg	Ala	Lys	Thr	Arg	Val	Glu
		675					680					685			
Asn	Leu	Lys	Gln	Lys	Leu	Val	Lys	Leu	Gln	Thr	Gly	Lys	Ala	Arg	Lys
	690					695					700				
Ser	Ser	Lys	Ile	Arg	Pro	Leu	Asp	Glu	Ser	Val	Val	Tyr	Val	Pro	Ile
705					710					715					720
Ala	Glu	Leu	Arg	Glu	Lys	Lys									
				725											

<210> 221

<211> 2460

<212> ADN

5 <213> *Ostreococcus tauri*

<220>

<221> misc_feature

<222> (178)..(178)

<223> n es a, c, g o t

10 <220>

<221> misc_feature

<222> (214)..(214)

<223> n es a, c, g o t

<220>

15 <221> misc_feature

<222> (1375)..(1375)

<223> n es a, c, g o t

<220>

<221> misc_feature

20 <222> (1381)..(1381)

<223> n es a, c, g o t

<220>

<221> misc_feature

<222> (1648)..(1648)

<223> n es a, c, g o t

<220>

<221> misc_feature

5

<222> (1684)..(1684)

<223> n es a, c, g o t

<400> 221

atgaatgagg	tgcgcgacgc	ggaggaacga	tgtaaacgtc	gtgtgcgagc	ggtcgcggac	60
gcggtgcgga	agggaggcgt	ggtgtgggcg	atcgtggggg	ggaaagatag	tcaatgcgcg	120
cgcgcggcgt	ccgacgcgcg	cggtgttgga	gattggggcg	gcgcgatgtg	tgtgaganga	180
ctgacgatgc	atcgatcggt	ggttgatgat	acgnagtttg	cgctcgcgcg	atcgcggata	240
cagtcgcagt	tcgcgcgat	tcgaagacat	caggcgttgg	tggaagcgta	cgcgagcgac	300
ggctggcgcg	gacaggcggc	tcaaaagccg	aaaccagtca	gggagattga	aaaggcgcgc	360
gagaagatat	tcgagggtaa	attgaagata	cgggagtatt	ttaaggtttt	ggagttcgat	420
gagcgcgagc	gcgagatcac	gacggtggcg	gacgagtttg	gggagtgcga	cgccgcggat	480
atTTTTtGta	gcaagtgcac	cctcgcgagc	gacaggcatg	acgacgatat	tttgctctgc	540
gatggcttct	gcgatcgtgc	gtatcatcaa	tcatgcgtgg	ctccaccggg	tttggcggaa	600
gacattccgc	ccgaggacga	aggttggctc	tgtccgagat	gcgacgcgcg	agtggacgtc	660
atttacgtct	tgaacgacga	gtacgatcaa	aatttggggc	agaggtgtgt	ttcagcggat	720
atTTtctgtt	cagaggcgga	catgcgagat	aaagggatcg	ttccaggaa	ggcgcagttc	780
aaacacgcgc	acgaagagga	ttggccgagc	gatgagagcg	atgacgagga	cttcgatcag	840
ggcggacaca	gcgacgatgg	gcgagacgac	gagcacgagg	cgctgagcgg	aagcgcacag	900
tcatcgagcg	atgaatcgag	cagcgaatca	gagtcctgat	tcatcatcga	gggcccacga	960
aggcgcacga	aggttgatta	cgctgcacct	aacaacgcga	tgttcggcga	cagcggaggc	1020
tacgagggcg	aagctgagga	gctcggtttg	aaacgcagca	acaaaaccaa	ggcggagatg	1080
ctcgcgcgc	tcaagggtga	gagcgcgaac	gggataacga	acggtgccac	gaagaaggat	1140
ccaaaatcaa	aacgctcgaa	gcgagagcgc	gtggatgaga	aatctccgcg	accgcgcgtc	1200
aggttcactc	ccgatcaaaa	acttgagctc	gagcgtgtct	tctccgagtg	cgctcgcgtc	1260
gacattgacg	cgcgcgacgc	cctcgcgaag	cgactcggga	taccgcggcg	cgcaaattcg	1320
attaaaatat	ggttcatgaa	tcgccgtcgt	agggctaaga	ttttgggtga	gaggnaatac	1380
ngacagcacg	ataatccacg	tcccgctcgc	tcggtcgacg	cctcgtcaca	aacaacctct	1440
gaaaaacott	caagtcacct	cagaagctca	cgcgcgtctc	aaacatgtcg	atcgccctta	1500
aacgcgcccc	caaaactcata	tacttctccg	cgtggttctg	cccgttcgcc	catcgagcga	1560
cgctcgcgtt	ggagcattac	gcgcacggcg	gagagatttc	ctacgagtgg	aaggaatcgc	1620
tcggtgagggt	cacgcttctg	tgacattnga	cgctcgaatg	cgacgaaact	tgagcgcttc	1680
gacngaccgg	agacgaatcg	ccgcgtagga	tgggaaaaac	gcaagtcaac	ctcgagttag	1740
gtgaagacga	aacacgagaa	ttggtaccat	tacaagtccc	cagagctact	gagacacaac	1800
ccgctgggca	tgggtgccgac	actcgtgacg	ccgcgcagct	atgaggataa	agatggagat	1860
ccatcgcgga	acgtggtgac	ggagagcttg	gtgtgcgtac	agtttatcga	tgaactcgtt	1920
cggggaaacg	cgtacgcggg	ggagacggcg	gcgatcatgc	cgagcgaccc	gtacgcgcgc	1980
gcgaaggcga	gagtgagcgc	cgactgggtg	aacaaaaacg	tatgctcgag	gtattatcac	2040
gtcctggtgc	gacaagaggc	gagcgaagcg	agagaagcgt	ttgaaaagct	cgtggagggg	2100
ctggagagat	tcgcggcggt	gtgcggcagc	ggagaaggga	agttctatgg	tggacaaacg	2160
acgcccggat	tgggtggacta	cgcgctcttt	ccatgggcgt	ggcgcctccc	ggtgttcgag	2220
cactaccgcg	ggatggattt	caagattcct	cgcaccgcgg	cactgaaatc	gtatcacgat	2280
tggatggaag	ccatgctcgc	gcgagagcaa	gttcgcaaga	cgcttccacc	gtgggacgat	2340
tacttggaa	acattggacg	atacgcgcgac	gggagcgcgc	gatcgaaagt	cgccaacgca	2400
gtccgcgacg	gccgtgcggc	gcacgattac	gacgacaagg	aggacaacac	cgatagttga	2460

<210> 222

10

<211> 819

<212> PRT

<213> *Ostreococcus tauri*

<220>

<221> INCIERTO

15

<222> (60)..(60)

	<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural
	<220>
	<221> INCIERTO
	<222> (72)..(72)
5	<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural
	<220>
	<221> INCIERTO
	<222> (459)..(459)
	<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural
10	<220>
	<221> INCIERTO
	<222> (461)..(461)
	<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural
	<220>
15	<221> INCIERTO
	<222> (550)..(550)
	<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural
	<220>
	<221> INCIERTO
20	<222> (562)..(562)
	<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural
	<400> 222

ES 2 539 530 T3

Met	Asn	Glu	Val	Arg	Asp	Ala	Glu	Glu	Arg	Cys	Lys	Arg	Arg	Val	Arg
1				5					10					15	
Ala	Val	Ala	Asp	Ala	Val	Arg	Lys	Gly	Gly	Val	Val	Trp	Ala	Ile	Val
			20					25					30		
Gly	Trp	Lys	Asp	Ser	Gln	Cys	Ala	Arg	Ala	Ala	Ser	Asp	Ala	Arg	Val
		35					40					45			
Val	Gly	Asp	Trp	Ala	Arg	Ala	Met	Cys	Val	Arg	Xaa	Leu	Thr	Met	His
	50					55					60				
Arg	Ser	Val	Val	Asp	Asp	Thr	Xaa	Phe	Ala	Leu	Ala	Arg	Ser	Arg	Ile
65				70						75					80
Gln	Ser	Gln	Phe	Ala	Thr	Ile	Arg	Arg	His	Gln	Ala	Leu	Val	Glu	Ala
			85						90					95	
Tyr	Ala	Ser	Asp	Gly	Trp	Arg	Gly	Gln	Ala	Ala	Gln	Lys	Pro	Lys	Pro
			100				105						110		
Val	Arg	Glu	Ile	Glu	Lys	Ala	Arg	Glu	Lys	Ile	Phe	Glu	Gly	Lys	Leu
		115					120					125			
Lys	Ile	Arg	Glu	Tyr	Phe	Lys	Val	Leu	Glu	Phe	Asp	Glu	Arg	Glu	Arg
	130					135					140				
Glu	Ile	Thr	Thr	Val	Ala	Asp	Glu	Phe	Gly	Glu	Cys	Asp	Ala	Ala	Asp
145				150						155					160
Ile	Phe	Cys	Ser	Lys	Cys	Thr	Leu	Ala	Asp	Asp	Arg	His	Asp	Asp	Asp
			165						170					175	
Ile	Leu	Leu	Cys	Asp	Gly	Phe	Cys	Asp	Arg	Ala	Tyr	His	Gln	Ser	Cys
		180						185					190		
Val	Ala	Pro	Pro	Val	Leu	Ala	Glu	Asp	Ile	Pro	Pro	Glu	Asp	Glu	Gly
		195					200					205			
Trp	Leu	Cys	Pro	Arg	Cys	Asp	Ala	Arg	Val	Asp	Val	Ile	Tyr	Val	Leu
	210					215					220				
Asn	Asp	Glu	Tyr	Asp	Gln	Asn	Leu	Gly	Gln	Arg	Cys	Val	Ser	Ala	Asp
225				230						235					240
Ile	Phe	Val	Ala	Glu	Ala	Asp	Met	Arg	Asp	Lys	Gly	Ile	Val	Pro	Gly
			245						250					255	
Thr	Ala	Gln	Phe	Lys	His	Ala	His	Glu	Glu	Asp	Trp	Pro	Ser	Asp	Glu
		260						265					270		
Ser	Asp	Asp	Glu	Asp	Phe	Asp	Gln	Gly	Gly	His	Ser	Asp	Asp	Gly	Arg
		275					280					285			
Asp	Asp	Glu	His	Glu	Ala	Leu	Ser	Gly	Ser	Ala	Gln	Ser	Ser	Ser	Asp
	290					295					300				
Glu	Ser	Ser	Ser	Glu	Ser	Glu	Ser	Asp	Leu	Ile	Ile	Glu	Gly	Pro	Arg
305				310						315					320
Arg	Arg	Thr	Lys	Val	Asp	Tyr	Val	Ala	Leu	Asn	Asn	Ala	Met	Phe	Gly
			325						330					335	
Asp	Ser	Glu	Ala	Tyr	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Leu	Gly	Trp	Lys	Arg
			340					345					350		

Ser	Asn	Lys	Thr	Lys	Ala	Glu	Met	Leu	Ala	Ala	Leu	Lys	Gly	Glu	Ser
		355					360					365			
Ala	Asn	Gly	Ile	Thr	Asn	Gly	Ala	Thr	Lys	Lys	Asp	Pro	Lys	Ser	Lys
	370					375					380				
Arg	Ser	Lys	Arg	Glu	Arg	Val	Asp	Glu	Lys	Ser	Pro	Ala	Pro	Arg	Val
385					390					395					400
Arg	Phe	Thr	Pro	Asp	Gln	Lys	Leu	Glu	Leu	Glu	Arg	Val	Phe	Ser	Glu
				405					410					415	
Cys	Ala	Ser	Leu	Asp	Ile	Asp	Ala	Arg	Asp	Ala	Leu	Ala	Lys	Arg	Leu
			420					425					430		
Gly	Ile	Pro	Gly	Gly	Ala	Asn	Ser	Ile	Lys	Ile	Trp	Phe	Met	Asn	Arg
	435					440						445			
Arg	Arg	Arg	Ala	Lys	Ile	Leu	Gly	Glu	Arg	Xaa	Tyr	Xaa	Gln	His	Asp
450					455						460				
Asn	Pro	Arg	Pro	Ala	Arg	Ser	Phe	Asp	Ala	Ser	Ser	Gln	Thr	Thr	Ser
465					470					475					480
Glu	Lys	Pro	Ser	Ser	His	Leu	Arg	Ser	Ser	Arg	Ala	Ser	Gln	Thr	Cys
				485					490					495	
Arg	Ser	Pro	Leu	Asn	Ala	Pro	Pro	Asn	Ser	Tyr	Thr	Ser	Pro	Arg	Gly
			500					505					510		
Ser	Ala	Arg	Ser	Pro	Ile	Glu	Arg	Arg	Ser	Arg	Trp	Ser	Ile	Thr	Arg
	515						520					525			
Thr	Ala	Glu	Arg	Phe	Pro	Thr	Ser	Gly	Arg	Asn	Arg	Ser	Val	Arg	Ser
	530					535					540				
Arg	Phe	Val	Asp	Ile	Xaa	Arg	Ser	Asn	Ala	Thr	Lys	Leu	Glu	Arg	Leu
545					550					555					560
Asp	Xaa	Pro	Glu	Thr	Asn	Arg	Arg	Val	Gly	Trp	Glu	Lys	Arg	Lys	Ser
			565						570					575	
Thr	Ser	Ser	Glu	Val	Lys	Thr	Lys	His	Glu	Asn	Trp	Tyr	His	Tyr	Lys
			580					585					590		
Ser	Pro	Glu	Leu	Leu	Arg	His	Asn	Pro	Leu	Gly	Met	Val	Pro	Thr	Leu
	595						600					605			
Val	Thr	Pro	Ala	Thr	Tyr	Glu	Asp	Lys	Asp	Gly	Asp	Pro	Ser	Arg	Asn
	610					615					620				
Val	Val	Thr	Glu	Ser	Leu	Val	Cys	Val	Gln	Phe	Ile	Asp	Glu	Leu	Val
625					630					635					640
Arg	Gly	Asn	Ala	Tyr	Ala	Gly	Glu	Thr	Ala	Ala	Ile	Met	Pro	Ser	Asp
			645						650					655	
Pro	Tyr	Ala	Arg	Ala	Lys	Ala	Arg	Val	Asp	Ala	Asp	Trp	Val	Asn	Lys
		660						665					670		
Asn	Val	Cys	Ser	Arg	Tyr	Tyr	His	Val	Leu	Val	Arg	Gln	Glu	Ala	Ser
	675						680					685			
Glu	Gln	Arg	Glu	Ala	Phe	Glu	Lys	Leu	Val	Glu	Gly	Leu	Glu	Thr	Phe
	690					695					700				
Ala	Ala	Trp	Cys	Gly	Ser	Gly	Glu	Gly	Lys	Phe	Tyr	Gly	Gly	Gln	Thr
705				710						715					720
Thr	Pro	Gly	Leu	Val	Asp	Tyr	Ala	Leu	Phe	Pro	Trp	Ala	Trp	Arg	Leu
			725						730					735	
Pro	Val	Phe	Glu	His	Tyr	Arg	Gly	Met	Asp	Phe	Lys	Ile	Pro	Arg	Thr
			740					745					750		
Ala	Ala	Leu	Lys	Ser	Tyr	His	Asp	Trp	Met	Glu	Ala	Met	Leu	Ala	Arg
	755						760					765			
Glu	Gln	Val	Arg	Lys	Thr	Leu	Pro	Pro	Trp	Asp	Asp	Tyr	Leu	Glu	His
	770					775					780				
Ile	Gly	Arg	Tyr	Ala	Asp	Gly	Ser	Ala	Arg	Ser	Lys	Val	Ala	Asn	Ala
785				790						795					800
Val	Arg	Ser	Gly	Arg	Ala	Ala	His	Asp	Tyr	Asp	Asp	Lys	Glu	Asp	Asn
				805					810					815	
Thr	Asp	Ser													

<210> 223

<211> 2076

<212> ADN

<213> *Aquilegia formosa* x *Aquilegia pubescens*

<220>

<221> misc_feature

5 <222> (692)..(713)

<223> n e s a, c, g o t

<220>

<221> misc_feature

<222> (1459)..(1462)

10 <223> n e s a, c, g o t

<400> 223

atgcaagatg	gtgggaacct	tggtttttcca	aagaaacgtg	ttggatccca	aataaatacc	60
tcatttcaga	agaagaatag	ttgcaaaaat	cgcacatatta	ggagatggaa	accaaagcca	120
agatctcatg	tcaagacaat	tgcttctgttc	ttgttgaaga	gaaagacatc	tgagctctca	180
agcaacagag	ccagaaataa	atgttccaat	ggaaaacctt	ttagaagaag	agcgtcacag	240
aaacccaatg	ataccagttc	ttctgatagg	ccactttcat	caatgcttaa	agatttcaaa	300
tcgttaagca	ataaatgtca	gggacgtgaa	aagacaactg	acaaggatct	tggaagtcaa	360
aaggctcaca	gaaggagaag	gagcaagaag	aggaagaatg	aggagttaga	tgaagccgct	420
cgagtccaaa	gaagaacaag	gtacctcctg	attaaaatga	agctggagca	gaaccttatt	480
gaggcttact	ctggggaggg	ttggaaaggc	cagagtcgtg	agaaaattaa	gccagaaaag	540
gaactgcaaa	gagccaagaa	gcagatatgt	aagtgcacac	ttggaattcg	tgatgctatt	600
cgtcagctgg	aatctcttag	ttctgaggga	agcattgaag	attctgtgat	aggttcagat	660
ggatctgttt	tccatgaaca	tattttctgt	tnnnnnnnnn	nnnnnnnnnn	nnnagcattt	720
ccagataatg	acattatact	gtgtgatgga	gcattgcaat	gtgctttcca	ccagaaatgc	780
ctggagcctc	cattagccac	tgaaaatatt	cctcctgggtg	atcaagggtg	gtattgcaaa	840
ttttgtgagt	gcaagatggc	aatacttgat	gcaatcaatg	cacatcttgg	gactcagttt	900
tctctagaca	gtaaatggca	agatattttc	atggaagcag	ctaattgcacg	cgataatgag	960
gatattctcaa	ttcatcctga	tggtgactgg	ccatctgatg	actctgaaga	tggttgattat	1020
gacccagaaa	aatatgaaat	tgattgcagc	tatagcagaa	tgggctcgga	gcacaacgtg	1080
tctgacgatg	caagtagttc	cggcaccttg	tattggactt	ccgaagaaga	tgatggtttg	1140
cattctgagc	gattcagaac	tgatggtagt	ctggaggggg	gattttatgg	ggataaaaact	1200
aaaatccaga	gttctgatag	catagattcc	aatgacagta	ctgatgggat	ggcatttcat	1260
cgtaggcagc	gaagagatgt	tgattataag	aaactgcatg	atgaaatgtt	tggtaaagat	1320
atgcctgaaa	gtgaagaaat	cagtgaagat	gaagattggg	gacctagaag	aagaaagcgc	1380
agaagaaatg	agtctaattg	agccactact	ttagtatctt	cgtgtggtac	tgagaatgaa	1440
ttttcgaatg	tggcacttnn	nttaccatca	agagtgggtc	gggagagtct	ctcgaagcaa	1500
ttgggtattg	caattgagaa	gatcaacaag	tgggtcaaga	atgctcggta	tacagcttta	1560
aaaattagaa	aggcagaaaa	gactgaacaa	tcccctggag	gtggcaagat	gcaaagtgtc	1620
gacgtattaa	catcaaaggga	aaaccattat	ttggtctcaa	cagggaacagc	agtccaaaga	1680
tccaaagtgt	cgagtgtcca	tagaagtaaa	aaccgtaaat	tgacaaccac	accctcaagg	1740
gaagtacaag	agaaagtgtc	tgctgttgca	ccatccgcta	ctgcaaatga	ggtgagtgtg	1800
cagttaagaa	aagcagtgtg	cgtagagaag	gaaatgggca	gtgtaaaaag	aaaatctgca	1860
caagtaaaga	ggatcaagcg	cacatgctcc	actaaggagc	agcagctata	catgattgag	1920
ttggagagaa	tttgccgtct	tgaggagaag	cttgaaaaga	tgaagaaggt	attgcttagt	1980
atagatgaca	atcatagtaa	tgtatcagat	ggaccccata	tgaacgaaca	gtctgccgta	2040
tacattccag	ttgcagagct	aagagaaaag	atgttga			2076

<210> 224

<211> 691

15 <212> PRT

<213> *Aquilegia formosa* x *Aquilegia pubescens*

<220>

<221> INCIERTO

<222> (231)..(238)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<220>

<221> INCIERTO

5

<222> (487)..(488)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<400> 224

ES 2 539 530 T3

Met	Gln	Asp	Gly	Gly	Asn	Leu	Gly	Phe	Pro	Lys	Lys	Arg	Val	Gly	Ser	1	5	10	15
Gln	Ile	Asn	Thr	Ser	Phe	Gln	Lys	Lys	Asn	Ser	Cys	Lys	Asn	Pro	His	20	25	30	
Ile	Arg	Arg	Trp	Lys	Pro	Lys	Pro	Arg	Ser	His	Val	Lys	Thr	Ile	Ala	35	40	45	
Ser	Phe	Leu	Ser	Lys	Arg	Lys	Thr	Ser	Glu	Leu	Ser	Asn	Arg	Ala		50	55	60	
Arg	Asn	Lys	Cys	Ser	Asn	Gly	Lys	Pro	Phe	Arg	Arg	Arg	Ala	Ser	Gln	65	70	75	80
Lys	Pro	Asn	Asp	Thr	Ser	Pro	Ser	Asp	Arg	Pro	Leu	Ser	Ser	Met	Leu	85	90	95	
Lys	Asp	Phe	Lys	Ser	Leu	Ser	Asn	Lys	Cys	Gln	Gly	Arg	Glu	Lys	Thr	100	105	110	
Thr	Asp	Lys	Asp	Leu	Gly	Ser	Gln	Lys	Ala	His	Arg	Arg	Arg	Arg	Ser	115	120	125	
Lys	Lys	Arg	Lys	Asn	Glu	Glu	Leu	Asp	Glu	Ala	Ala	Arg	Val	Gln	Arg	130	135	140	
Arg	Thr	Arg	Tyr	Leu	Leu	Ile	Lys	Met	Lys	Leu	Glu	Gln	Asn	Leu	Ile	145	150	155	160
Glu	Ala	Tyr	Ser	Gly	Glu	Gly	Trp	Lys	Gly	Gln	Ser	Arg	Glu	Lys	Ile	165	170	175	
Lys	Pro	Glu	Lys	Glu	Leu	Gln	Arg	Ala	Lys	Lys	Gln	Ile	Leu	Lys	Cys	180	185	190	
Lys	Leu	Gly	Ile	Arg	Asp	Ala	Ile	Arg	Gln	Leu	Glu	Ser	Leu	Ser	Ser	195	200	205	
Glu	Gly	Ser	Ile	Glu	Asp	Ser	Val	Ile	Gly	Ser	Asp	Gly	Ser	Val	Phe	210	215	220	
His	Glu	His	Ile	Phe	Cys	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Ala	Phe	225	230	235	240
Pro	Asp	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu	Cys	Asp	Gly	Ala	Cys	Asn	Cys	Ala	Phe	245	250	255	
His	Gln	Lys	Cys	Leu	Glu	Pro	Pro	Leu	Ala	Thr	Glu	Asn	Ile	Pro	Pro	260	265	270	
Gly	Asp	Gln	Gly	Trp	Tyr	Cys	Lys	Phe	Cys	Glu	Cys	Lys	Met	Ala	Ile	275	280	285	
Leu	Asp	Ala	Ile	Asn	Ala	His	Leu	Gly	Thr	Gln	Phe	Ser	Leu	Asp	Ser	290	295	300	
Lys	Trp	Gln	Asp	Ile	Phe	Met	Glu	Ala	Ala	Asn	Ala	Arg	Asp	Asn	Glu	305	310	315	320
Asp	Ile	Ser	Ile	His	Pro	Asp	Gly	Asp	Trp	Pro	Ser	Asp	Asp	Ser	Glu	325	330	335	
Asp	Val	Asp	Tyr	Asp	Pro	Glu	Lys	Tyr	Glu	Ile	Asp	Cys	Ser	Tyr	Ser	340	345	350	
Arg	Met	Gly	Ser	Glu	His	Asn	Val	Ser	Asp	Asp	Ala	Ser	Ser	Ser	Gly	355	360	365	
Thr	Leu	Tyr	Trp	Thr	Ser	Glu	Glu	Asp	Asp	Gly	Leu	His	Ser	Glu	Arg	370	375	380	
Phe	Arg	Thr	Asp	Gly	Ser	Leu	Glu	Gly	Gly	Phe	Tyr	Gly	Asp	Lys	Thr	385	390	395	400
Lys	Ile	Gln	Ser	Ser	Asp	Ser	Ile	Asp	Ser	Asn	Asp	Ser	Thr	Asp	Gly	405	410	415	
Met	Ala	Phe	His	Arg	Arg	Gln	Arg	Arg	Asp	Val	Asp	Tyr	Lys	Lys	Leu				

ES 2 539 530 T3

[illegible]

<210> 225

<211> 1743

<212> ADN

5 <213> Max glicina

$\langle 220 \rangle$

<221> misc_feature

$\langle 222 \rangle$ (261)..(261)

<223> n e s a, c, g o t

10 <400> 225

aagaagaaaa	gacaaaggaa	taacatagat	gttgatgatg	cttcacgctt	gcgaaggaga	60
acaagggtacc	tcttaaatcaa	aatgaagcta	gagcagaacc	ttattgatgc	ttactctgga	120
gaagggttga	aagggtcaaag	tcgggaaaag	attaggccag	aaaaggagct	actacgagca	180
aaaaagcaga	ttttaaaatg	taaacttagt	attcgcgatg	ccatacacca	gctggattct	240
cttagttctg	tgggtagcat	ngaagattct	gccattgctc	cagatggatc	tgtttatcat	300
gaaaatatat	tctgtgccaa	ttgcaaaacta	catgaagctt	tcccagataa	tgatattata	360
ctctgtgatg	gcacttgcaa	tcgtgctttt	caccaaagat	gtctcaatcc	tcctttggat	420
actgaaaata	ttcctcctgg	agatcaaggc	tggttttgca	agttttgtga	atgtaagata	480
gaaatactag	aggcaacaaa	tgcccatctt	gggactcaat	tctccctaga	cagtaattgg	540
caggatgtat	tcaaggaaga	ggctgctatg	cctgatgggtg	acattgcatt	actaaatcct	600
gaagaagaat	ggccatcaga	cgatcctgaa	gatgatgatt	acaatccaga	gaggaaagaa	660
gacaaccaca	actttgacac	agaaggagct	gatgaaaatg	catccaatga	ttcaaccagt	720
tgttccagtc	tgttgtcttt	gaatggcgaa	tgtcctccag	tagatgaagg	catctgtcat	780
gaatattatt	ctgttaatag	ctgcttagat	tctgatgaat	ctggggaaat	agcatgtggt	840
cctaggcagc	gtaaagctgt	tgactacaag	aaactctatg	atgaaatgta	tgggaaggat	900
gctccacctt	gtgaacaaat	gagtgaagat	gaagactggg	gtcctggcaa	aagaaagcga	960
agagaaaagg	agtctgatgc	tgttgattct	cttatgactt	tgcatgaaag	tgagaatagg	1020
catcccaata	atgagcacia	catgacaagt	aaagattctt	caagcataaa	gatcaaaagg	1080
cattgtttta	ggattccacg	tgatgcagtt	gagaggcttc	gccaagtttt	tgctgagaac	1140
gaacttcctc	caagatctat	aagagagggt	ctttcaaaaag	agctgggcct	tgacaccgag	1200
aagggtcagca	aatggttcaa	aaatgcacgt	tacttagcac	ttaaaaacag	aaagcatcaa	1260
gcagaaggag	gagcagatca	gcttcagagt	atcacttcta	caaagaacag	attacaaaaa	1320
caggagaatg	tcgatccttt	gaaatcaaaag	acccccaaaa	ttactaggac	acattcccag	1380
aaggatgtta	aaaatgtcaa	tggaagaaaag	aaaatgaagt	catctaacaa	gaaaagacaa	1440
ccagaaattc	ctccacctcc	aggagaaaat	ggcaagaagg	actttatgga	gatcagtgat	1500
gatgtgagct	tgaagaaact	gttgaagaaa	agaaagaaga	ggttgataaa	ttttacgttt	1560
ggaggagact	ctcagttggc	agagttggaa	tttgaaagac	taagcgaatt	gaagactaaa	1620
gtagatagta	tgaagcaaaa	attaactgca	attcaaaatt	acagagttaa	gggttcaccc	1680
tattcgaatg	aaccatccat	tgtatatgta	cccacagctg	tgtttaaggga	aaaggttgaa	1740
tga						1743

<210> 226

<211> 580

5 <212> PRT

<213> Max glicina

<220>

<221> INCIERTO

<222> (87)..(87)

10 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<400> 226

ES 2 539 530 T3

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

Gly Ile Cys His Glu Tyr Tyr Ser Val Asn Ser Cys Leu Asp Ser Asp
260 265 270
Glu Ser Gly Glu Ile Ala Cys Gly Pro Arg Gln Arg Lys Ala Val Asp
275 280 285
Tyr Lys Lys Leu Tyr Asp Glu Met Tyr Gly Lys Asp Ala Pro Pro Cys
290 295 300
Glu Gln Met Ser Glu Asp Glu Asp Trp Gly Pro Gly Lys Arg Lys Arg
305 310 315 320
Arg Glu Lys Glu Ser Asp Ala Val Asp Ser Leu Met Thr Leu His Glu
325 330 335
Ser Glu Asn Arg His Pro Asn Asn Glu His Asn Met Thr Ser Lys Asp
340 345 350
Ser Ser Ser Ile Lys Ile Lys Arg His Cys Phe Arg Ile Pro Arg Asp
355 360 365
Ala Val Glu Arg Leu Arg Gln Val Phe Ala Glu Asn Glu Leu Pro Pro
370 375 380
Arg Ser Ile Arg Glu Gly Leu Ser Lys Glu Leu Gly Leu Asp Thr Glu
385 390 395 400
Lys Val Ser Lys Trp Phe Lys Asn Ala Arg Tyr Leu Ala Leu Lys Asn
405 410 415
Arg Lys His Gln Ala Glu Gly Gly Ala Asp Gln Leu Gln Ser Ile Thr
420 425 430
Ser Thr Lys Asn Arg Leu Gln Lys Gln Glu Asn Val Asp Pro Leu Lys
435 440 445
Ser Lys Thr Pro Lys Ile Thr Arg Thr His Ser Gln Lys Asp Val Lys
450 455 460
Asn Val Asn Gly Arg Lys Lys Met Lys Ser Ser Asn Lys Lys Arg Gln
465 470 475 480
Pro Glu Ile Pro Pro Pro Pro Gly Glu Asn Gly Lys Lys Asp Phe Met
485 490 495
Glu Ile Ser Asp Asp Val Ser Leu Lys Lys Leu Leu Lys Lys Arg Lys
500 505 510
Lys Arg Leu Ile Asn Phe Thr Phe Gly Gly Asp Ser Gln Leu Ala Glu
515 520 525
Leu Glu Phe Glu Arg Leu Ser Glu Leu Lys Thr Lys Val Asp Ser Met
530 535 540
Lys Gln Lys Leu Thr Ala Ile Gln Asn Tyr Arg Val Lys Gly Ser Pro
545 550 555 560
Tyr Ser Asn Glu Pro Ser Ile Val Tyr Val Pro Thr Ala Val Leu Arg
565 570 575
Glu Lys Val Glu
580

<210> 227

<211> 1614

<212> ADN

<213> *Lotus corniculatus*

<400> 227

atgcagggta	ctgagaagtt	aaatggcaca	ggatctacaa	aatccagtaa	ctcagaggaa	60
catgctgagt	caaaggtaga	ttcattgaga	tacagaacaa	atataacaaa	atgccgaggg	120
aagaaacaaa	aactgaaatc	aaaatctcat	aaactcagcg	gttgcttaag	tgcatcaggg	180
aggacagtta	ccaattcttc	catcaagaga	caagtaaagg	attcttctaa	taaaaagatt	240
attagacaaa	gtctacataa	aactgatggc	aaatcttcac	ggatgctgtc	ttcaacaatg	300
atacaaggag	gaaaatcttc	tcttggttct	agaaaggagg	gcaaagatgt	tgatggggag	360
gtaatggttc	aaaaagttaa	aagaaagaga	aagaagaaaa	ggagacagga	tgatgttgat	420
cttgatgatg	cttcaagctt	actgagaaga	acaaggtaac	tcttaatcaa	aatgaagcta	480
gagcagaatc	ttattgatgc	ttactctgga	gaagggttga	aagggtcaaag	tcgagagaag	540
attaggccag	aaaaggagct	acaaagagcc	aagaagcaga	ttttgaattg	taaacttagt	600
attcgggatg	ccattcgcca	gtagatttct	cttagctcat	tgggcagcat	tgaagattct	660
gtcattgatc	cagatggatc	tgtttatcat	gaacatatat	tctgtgcaaa	ttgcaagttg	720

```

cgtgaagctt tcccagataa tgatataata ctctgtgatg gcacatgcaa tcgtgctttt 780
caccaacggg gtctcaaccc tcctttggat actgaaaata ttctctctgg agaccaaggc 840
tggttctgca atttttgtga atgtaagata gaaatattgg aggcaacaaa tgcccatctt 900
gggactcaaa tctccttgga cagtacttgg caggatgtat tcaaggagga ggctgctata 960
cccgatgggtg ataatgcatt actgaatcca gaagaagaat ggccatcaga tgatcctgaa 1020
gacgatgatt attatccaga gaggaagaa gacaaccaca gcatcaaagc agaaggaaact 1080
gatgataatg catccaatga tttaagcagt tcttccagtc taggggtctt gaatgggtgaa 1140
tggttctccag tagatgaagg cacgggtctt gaattattatt ctgttaattg ctgcatagat 1200
tctgatgatt ctggggaaat agcatgtggc cgtaggcagc gtaaactctgt tgactacaag 1260
aaactatatg atgaaatggt tgggaaggat gtcctccat gtgaactagt gagtgaagat 1320
gaagactggg gtactggcaa aagaaagcga agagaaaaag agtctgatgc tgtaataact 1380
ctcatgacta tgcattgaaag tgagaacaaa aatcccaata atgagaatag tgatggaata 1440
agagagggtt cttcaggcaa accaataaga aggtcttgtt tcaggattcc acatgatgca 1500
cttgagaagc ttgcgcaagt ttttgcgagg aatgagcttc ctccaagatc tgtcaaagaa 1560
ggtctttcga aagaggttggg aattgatgct gcgaagggtta tgccttaciaa cctc 1614

```

<210> 228

<211> 538

<212> PRT

5

<213> *Lotus corniculatus*

<400> 228

```

Met Gln Gly Thr Glu Lys Leu Asn Gly Thr Gly Ser Thr Lys Ser Ser
1          5          10          15
Asn Ser Glu Glu His Ala Glu Ser Lys Val Asp Ser Leu Arg Tyr Arg
20          25          30
Thr Asn Ile Thr Lys Cys Arg Gly Lys Lys Gln Lys Leu Lys Ser Lys
35          40          45
Ser His Lys Leu Ser Gly Cys Leu Ser Ala Ser Gly Arg Thr Val Thr
50          55          60
Asn Ser Ser Ile Lys Arg Gln Val Lys Asp Ser Ser Asn Lys Lys Ile
65          70          75          80
Ile Arg Gln Ser Leu His Lys Thr Asp Gly Lys Ser Ser Arg Met Leu
85          90          95
Ser Ser Thr Met Ile Gln Gly Gly Lys Ser Ser Leu Gly Ser Arg Lys
100         105         110
Glu Gly Lys Asp Val Asp Gly Glu Val Met Val Gln Lys Val Lys Arg
115         120         125
Lys Arg Lys Lys Lys Arg Arg Gln Asp Asp Val Asp Leu Asp Asp Ala
130         135         140
Ser Arg Leu Leu Arg Arg Thr Arg Tyr Leu Leu Ile Lys Met Lys Leu
145         150         155         160
Glu Gln Asn Leu Ile Asp Ala Tyr Ser Gly Glu Gly Trp Lys Gly Gln
165         170         175
Ser Arg Glu Lys Ile Arg Pro Glu Lys Glu Leu Gln Arg Ala Lys Lys
180         185         190
Gln Ile Leu Asn Cys Lys Leu Ser Ile Arg Asp Ala Ile Arg Gln Leu
195         200         205
Asp Ser Leu Ser Ser Leu Gly Ser Ile Glu Asp Ser Val Ile Asp Pro
210         215         220
Asp Gly Ser Val Tyr His Glu His Ile Phe Cys Ala Asn Cys Lys Leu
225         230         235         240
Arg Glu Ala Phe Pro Asp Asn Asp Ile Ile Leu Cys Asp Gly Thr Cys
245         250         255
Asn Arg Ala Phe His Gln Arg Cys Leu Asn Pro Pro Leu Asp Thr Glu
260         265         270
Asn Ile Pro Pro Gly Asp Gln Gly Trp Phe Cys Asn Phe Cys Glu Cys
275         280         285
Lys Ile Glu Ile Leu Glu Ala Thr Asn Ala His Leu Gly Thr Gln Ile
290         295         300
Ser Leu Asp Ser Thr Trp Gln Asp Val Phe Lys Glu Glu Ala Ala Ile

```

ES 2 539 530 T3

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

<210> 229

<211> 573

<212> ADN

5 <213> *Sorghum propinquum*

<400> 229

aactcgagaa	caaatgaaga	aaaatctggt	atatcaggga	agattgattc	agtagacaac	60
tcttgcttgg	ttccottgtc	tgaaatcatt	aattgtgcata	cacgagtgc	ccacaattct	120
gagatgagga	agatggaatc	aactagcagt	cctgtgtggc	tgacacatga	aggaggctgc	180
ttgtttccaa	cactccaagc	caaggagagt	acattaccta	caagcaagcc	ttgtttgccg	240
tcagaaataa	cccattccaac	aactaatgaa	gtgagcaact	tagtgcaagc	tacttcttgg	300
atggatgctg	gggcgtgcat	tgagcagcaa	gaaaccactc	cttgggtgga	taccggggcc	360
tcagggttacc	agcctttcct	ggacgtgatt	gatgagatgt	gcggacttga	gtgcaggctg	420
cagaggctga	aggagaacat	gttctcatct	ggcatggacg	gcagaaccgc	cggtgtgagt	480
gacatgggaa	accaggctgt	ggtgcttgtg	ccgactgctg	agctcaagga	aaaagcgccg	540
catggcgggt	tatttgggca	ctattgcccc	tag			573

<210> 230

<211> 190

10 <212> PRT

<213> *Sorghum propinquum*

<400> 230

ES 2 539 530 T3

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

<210> 231

<211> 532

5

<212> ADN

<213> *Sorghum propinquum*

<400> 231

aagataaaaat	tggagcagaa	tctactagat	gcttactctg	gagatggatg	gaatgggcaa	60
agccgggaga	aaataaagcc	agagaaggaa	ctgcagcgtg	ccaggaaaca	aatcataaaa	120
tgcaaaattg	ctatacgtga	tatcattcgc	caactttgtt	tgtatacttc	tactgggagt	180
gttgatgacc	cagcaatgcc	tccagatcag	tttaccaatc	ccgaacatac	catgtgctca	240
acatgcaagt	ctcatgaatc	atttcccagc	aataaattta	tcttctgtga	agggccctgc	300
aaaagggcac	atcatgagaa	atgtttggaa	cctcccttaa	acaaaagggt	acttccaaca	360
agtagccatg	gatggccttg	caaattctgt	ttgtgcaagg	tgaaaatttt	agaaactatt	420
aatgcacatc	taggaacaag	ttttacagtg	atgtgctcct	ttgaagatat	attcaaggaa	480
gcaacagaac	aaatagactc	cgaggatgca	ctagatgaag	attggctctc	tg	532

<210> 232

10

<211> 177

<212> PRT

<213> *Sorghum propinquum*

<400> 232

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

165

170

175

Ser

<210> 233

<211> 180

<212> PRT

5

<213> *Oryza sativa*

<400> 233

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

<210> 234

<211> 50

<212> PRT

10

<213> *Oryza sativa*

<400> 234

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

<210> 235

5

<211> 2194

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 235

aatccgaaaa	gtttctgcac	cgttttcacc	ccctaactaa	caatataggg	aacgtgtgct	60
aaatataaaa	tgagacctta	tatatgtagc	gctgataact	agaactatgc	aagaaaaact	120
catccacctt	cttttagtggc	aatcgggcta	aataaaaaag	agtcgctaca	ctagtttcgt	180
tttccttagt	aattaagtgg	gaaaatgaaa	tcattattgc	ttagaatata	cgttcacatc	240
tctgtcatga	agttaaatta	ttcgaggtag	ccataattgt	catcaaactc	ttcttgaata	300
aaaaaatctt	tctagctgaa	ctcaatgggt	aaagagagag	atTTTTTTta	aaaaaataga	360
atgaagatat	tctgaacgta	ttggcaaaga	tttaaacata	taattatata	atTTTtatgt	420
ttgtgcattc	gtcatatcgc	acatcattaa	ggacatgtct	tactccatcc	caatttttat	480
ttagtaatta	aagacaattg	acttatTTTT	attatTTtatc	TTTTTtcgat	tagatgcaag	540
gtacttacgc	acacactttg	tgctcatgtg	catgtgtgag	tgacccctct	caatacacgt	600
tcaactagca	acacatctct	aatatcactc	gcctatttaa	tacatttagg	tagcaatatc	660
tgaattcaag	cactccacca	tcaccagacc	actTTtaata	atatctaaaa	tacaaaaaat	720
aatttttacag	aatagcatga	aaagtatgaa	acgaactatt	taggtTTTTc	acatacaaaa	780
aaaaaaagaa	ttttgctcgt	gogcgagcgc	caatctccca	tattgggcac	acaggcaaca	840
acagagtggc	tgccacacaga	acaaccacac	aaaaacgatg	atctaaccga	ggacagcaag	900
tccgcaacaa	cctTTtaaca	gcaggcTTtg	cggccaggag	agaggaggag	aggcaaagaa	960
aaaccaagcat	cctccttctc	ccatctataa	attcctcccc	cctTTTcccc	tctctatata	1020
ggaggcatcc	acgccaagaa	gagggagagc	accaaggaca	cgcgactagc	agaagccgag	1080
cgaccgcctt	ctcgatccat	atcttcgggt	cgagttcttg	gtcgatctct	tccctcctcc	1140
acctcctcct	cacaggggat	gtgcctccct	tgggttggtc	ttggatttat	tgttctaggt	1200
tgtgtagtag	gggcggtgat	gttaggaaag	gggatctgta	tctgtgatga	ttcctgttct	1260
tggatttggt	atagaggggt	tcttgatgtt	gcattgttatc	ggttcgggtt	gattagtagt	1320
atggTTTTca	atcgtctgga	gagctctatg	gaaatgaaat	ggTTtaggga	tccgaatctt	1380
gcgattttgt	gagtagcctt	tgTTtgaggt	aaaatcagag	caccgggtgat	tttgcttggt	1440
gtaataaagt	acggttggtt	ggtcctcgat	tctggtagtg	atgcttctcg	atttgacgaa	1500
gctatccttt	gtttattccc	tattgaacaa	aaataatcca	actttgaaga	cgggtccggt	1560
gatgagattg	aattgattgat	tcttaagcct	gtccaaaatt	tccgagctgg	cttgTTtaga	1620
tacagttagtc	cccatcacga	aattcatgga	aacagttata	atcctcagga	acaggggatt	1680
ccctgttctt	cggatttgct	ttagtccag	aattTTTTtt	cccaaataatc	ttaaaaagtc	1740
actttctggt	tcagttcaat	gaattgattg	ctacaaataa	tgctTTtata	gcgttatcct	1800
agctgtagtt	cagTTaatag	gtaatacccc	tatagTTtag	tcaggagaag	aacttatccg	1860
atttctgata	tccattTTta	atttatatgaa	atgaactgta	gcataagcag	tattcatttg	1920
gattattttt	tttattagct	ctacccccct	cattattctg	agctgaaagt	ctggcatgaa	1980
ctgtcctcaa	ttttgTTTTc	aaattcacat	cgatttatcta	tgcatttatcc	tcttgatatct	2040
acctgtagaa	gtttctTTTT	ggttatccct	tgaactgctt	attacagaaa	gaaatttatg	2100
aagctgtaat	cgggatagtt	atactgcttg	ttcttatgat	tcatttccct	tgtgcagttc	2160
ttggtgtagc	ttgccacttt	caccagcaaa	gttc			2194

10

<210> 236

<211> 56

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

ES 2 539 530 T3

<220>
<223> cebador: prm09687
<400> 236
ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt aaacaatgaa taccacagaa aagaaa 56
5 <210> 237
<211> 50
<212> ADN
<213> Secuencia artificial
<220>
10 <223> cebador: prm09688
<400> 237
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg atgcaagggt aagatgcttt 50
<210> 238
<211> 2649
15 <212> ADN
<213> *Physcomitrella patens*
<400> 238

```

atgatgaaga attaccgtcc tccatcacca cttccaagtg ctgccaaagc tttcttataaa 60
gacccggcgt cgtcattcca aatgacagga cgacattggg cagacccaga gggaggtgga 120
gaacggaagc ttcacacaca ctctcactca cactcactca ctacgaagg aaacgaagg 180
caaaggaaag ggagccccgc cgtgagccga gagcggagag caagcattcc caacggaagt 240
ctccgtcaat gcggtgcccg agccgacgac gacgacgat atgggctgag cctgtcatcg 300
caatggatgc attgccctgt aagtgggaag gtggaggaaag gattggggaa gaggttgagg 360
aagagaaaaa gaaagagaaa gagtttggtg ttggttggtg ggaaggggag ggggcgacgg 420
atgatgcccc tgggcgtagt ccgcgacgat gagtcccagg ccgtgctgg ctgcgcgcct 480
gcgcccaccc ctcccccaat cgccaagccg acgctgcgat cccactcgcg ctccagggcg 540
cacaaggcgc gctcccaaca cccgcgcgtg ggcgatggcg atgcgccctt gccccaccg 600
caaggaaacg caacaccagg aggaggagga gcagcagcag tgggcgcacc aggggccatg 660
gatgccgagg ctatggcggc ggggcagcgg cggcgtcgac gacgccgacg acagcggggc 720
aagaaactcg attgcccgtg tgacaatcgc acggaatta agaggcgtgt caagtacttg 780
ctcatgaaaa tgcgagtcga ccagaacctg ctggtatgct actccgggga gggttggaag 840
gggcagagga attctctttt tggcatatcc agtcgggaaa agatcaggcc ggagcaagaa 900
ctacagcgtg ctgaagcgca gatcctgcac tcgaaattgg ccatacggga ggctattcat 960
gaattggata acttggggtt agaaggctcg ctgcagaaa atgcatttga tgctgaaggc 1020
cgtgtttacc atgaagagat attttgtgcc aagtgcgat ctcaagatgc tctacctgac 1080
aacgacatta ttttatgtga cggcgcgatg aacagaggct tccatcagta ctgtttagac 1140
ccacctttag ctacgatcaa cattctctct ggagacgaag ggtggttggt tctgttatgt 1200
gagtgcgaaga tggagtgcac tgaagttatt aatgcatact tgggcacaca ctttgaggtg 1260
gagaatagtt gggaggagtt gttttctgaa gaagctctcg tggctgcggg cggtagaact 1320
caagggttca cagatggtga ttttctctcc tcagactcag aagacgacga ttataaccct 1380
gaaggagcgg agaagcggac agacagtga agcgaaggcg aaagtgatga aggtggggga 1440
gatagtgatt caggaagcga ttttagggaa aatgaagcgt ctggtagtga caaagatgag 1500
caagatccaa tgcaggcaac taatttagag agacttgcca gaacagcaaa gcggaccagc 1560
aaggaaaggaa gtggaggtcc agaattctta ggcagtgatg actcagaagt ttttctgtt 1620
gatgggttta cggatggtgg agtcaaatta ggtttaagac gtagagactc acaagcagaa 1680
gaatcagctt cagacgagga aaccatggtt atagcaggaa aaagacatcg aaaagcagta 1740
gactacaaga gattacatga tgaaatgttt gggaacatgg agattgatgt ggacgatata 1800
atatccgaag atgaggattg gggtcgaaa cgccgtcgga gaagaacct tctgatgac 1860
ccaagcaggt ctagacctcc tcgagttcga cggagaaagg cgcgaacctc aactggagat 1920
gctttaaaaa aagttgatgc agatggggtg ccatcagatt taccctctgg gtcacaaggc 1980
gagggagcag ccgatactct tgaagctgtt agagacaaac gaatgtggag gaagttgcct 2040
gattctgctg ttgagacgtt acgactggct gcggcagtgga cgacactgcc ctcaaaatcc 2100
cgtaaagagg agttggcgac acagcttggc ttgagttttt cacaagtcca tggatggttt 2160
aaaaatcagc ggtattttagc tctcagaaat gggtttggcga tttcaaagcg accagcagct 2220
gggcggatgg cggccactgt aaccatacaa tcggaacacg acaacaattc aagtgcctat 2280
ttaactgaga agttggatga agtccaaatg cgactttttg aactgaagca aactttggaa 2340
gatttcgcta agaattcatc tggtttaggc ggtggagaat cagataacag ttttgaaaat 2400
ggaggaattg gacttctcgc aaatgggaaa cggattatct atgtcccagt ggctgaggtt 2460
agagaacggc cttctctttt ctctgacagc tgtccgcttt cattattagc agtggttaaat 2520

tgcgaggtga attacaagag gaatctacgt atattcatgt gttcatggcc tagctgctta 2580
gcgtacgggg ttttgcatgc caactgcctc tgtcatattg gatcatgttt cgaaggaata 2640
ggtgggtga

```

<210> 239

<211> 882

<212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

<400> 239

```

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

```

Ser	Pro	Ala	Val	Ser	Arg	Glu	Arg	Arg	Ala	Ser	Ile	Pro	Asn	Gly	Ser
65				70						75					80
Leu	Arg	Gln	Cys	Gly	Ala	Gly	Ala	Asp	Asp	Asp	Asp	Asp	Asp	Gly	Leu
				85					90					95	
Ser	Leu	Ser	Ser	Gln	Trp	Met	His	Cys	Pro	Val	Ser	Gly	Lys	Val	Glu
			100					105					110		
Glu	Gly	Leu	Gly	Lys	Arg	Leu	Arg	Lys	Arg	Lys	Arg	Lys	Arg	Lys	Ser
		115					120					125			
Leu	Leu	Leu	Leu	Leu	Gly	Lys	Gly	Arg	Gly	Arg	Arg	Met	Met	Pro	Met
		130				135					140				
Gly	Val	Val	Arg	Asp	Asp	Glu	Ser	Gln	Ala	Ala	Ala	Gly	Ser	Pro	Pro
145				150					155						160
Ala	Pro	Thr	Pro	Pro	Pro	Ile	Ala	Lys	Pro	Thr	Leu	Arg	Ser	His	Ser
				165					170					175	
Arg	Ser	Arg	Ala	His	Lys	Ala	Arg	Ser	Gln	His	Pro	Pro	Leu	Gly	Asp
			180					185					190		
Gly	Asp	Ala	Pro	Leu	Pro	Pro	Pro	Gln	Gly	Thr	Ala	Thr	Pro	Gly	Gly
		195					200					205			
Gly	Gly	Ala	Ala	Ala	Val	Gly	Ala	Pro	Gly	Ala	Met	Asp	Ala	Glu	Ala
		210				215					220				
Met	Ala	Ala	Gly	Gln	Arg	Arg	Arg	Arg	Arg	Arg	Arg	Arg	Gln	Arg	Gly
225				230					235						240
Lys	Asn	Ser	Asp	Val	Pro	Leu	Asp	Asn	Arg	Thr	Arg	Ile	Lys	Arg	Arg
			245					250					255		
Val	Lys	Tyr	Leu	Leu	Met	Lys	Met	Arg	Val	Asp	Gln	Asn	Leu	Leu	Asp
			260					265					270		
Ala	Tyr	Ser	Gly	Glu	Gly	Trp	Lys	Gly	Gln	Arg	Asn	Ser	Leu	Phe	Gly
		275					280					285			
Ile	Ser	Ser	Arg	Glu	Lys	Ile	Arg	Pro	Glu	Gln	Glu	Leu	Gln	Arg	Ala
		290				295					300				
Glu	Ala	Gln	Ile	Leu	His	Ser	Lys	Leu	Ala	Ile	Arg	Glu	Ala	Ile	His
305				310					315						320
Glu	Leu	Asp	Asn	Leu	Gly	Leu	Glu	Gly	Ser	Leu	Asp	Glu	Asn	Ala	Phe
			325					330						335	
Asp	Ala	Glu	Gly	Arg	Val	Tyr	His	Glu	Glu	Ile	Phe	Cys	Ala	Lys	Cys
			340					345				350			
Arg	Ser	Gln	Asp	Ala	Leu	Pro	Asp	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu	Cys	Asp	Gly
		355					360					365			
Ala	Cys	Asn	Arg	Gly	Phe	His	Gln	Tyr	Cys	Leu	Asp	Pro	Pro	Leu	Ala
		370				375					380				
Thr	Ile	Asn	Ile	Pro	Pro	Gly	Asp	Glu	Gly	Trp	Leu	Cys	Pro	Val	Cys
385				390					395						400
Glu	Cys	Lys	Met	Glu	Cys	Ile	Glu	Val	Ile	Asn	Ala	Tyr	Leu	Gly	Thr
			405					410					415		
His	Phe	Glu	Val	Glu	Asn	Ser	Trp	Glu	Glu	Leu	Phe	Ser	Glu	Glu	Ala
			420					425					430		
Leu	Val	Ala	Ala	Gly	Gly	Arg	Thr	Gln	Gly	Val	Thr	Asp	Gly	Asp	Phe
		435					440					445			
Pro	Ser	Ser	Asp	Ser	Glu	Asp	Asp	Asp	Tyr	Asn	Pro	Glu	Gly	Ala	Glu
		450				455					460				
Lys	Arg	Thr	Asp	Ser	Glu	Ser	Glu	Gly	Glu	Ser	Asp	Glu	Gly	Gly	Gly
465				470					475						480
Asp	Ser	Asp	Ser	Gly	Ser	Asp	Phe	Arg	Glu	Asn	Glu	Ala	Ser	Gly	Ser
			485					490						495	
Asp	Lys	Asp	Glu	Gln	Asp	Pro	Met	Gln	Ala	Thr	Asn	Leu	Glu	Arg	Leu
			500					505					510		
Ala	Arg	Thr	Ala	Lys	Arg	Thr	Ser	Lys	Glu	Gly	Ser	Gly	Gly	Pro	Glu
		515					520					525			
Ser	Ser	Gly	Ser	Asp	Asp	Ser	Glu	Val	Phe	Leu	Val	Asp	Gly	Phe	Thr
		530				535					540				
Asp	Gly	Gly	Val	Lys	Leu	Gly	Leu	Arg	Arg	Arg	Asp	Ser	Gln	Ala	Glu

545					550					555				560
Glu	Ser	Ala	Ser	Asp	Glu	Glu	Thr	Met	Val	Ile	Ala	Gly	Lys	Arg
				565					570					575
Arg	Lys	Ala	Val	Asp	Tyr	Lys	Arg	Leu	His	Asp	Glu	Met	Phe	Gly
			580					585					590	
Met	Glu	Ile	Asp	Val	Asp	Asp	Ile	Ile	Ser	Glu	Asp	Glu	Asp	Trp
		595					600					605		
Pro	Lys	Arg	Arg	Arg	Arg	Arg	Thr	Ile	Pro	Asp	Asp	Pro	Ser	Arg
	610						615				620			
Arg	Pro	Pro	Arg	Val	Arg	Arg	Arg	Lys	Ala	Arg	Thr	Ser	Thr	Gly
625					630					635				640
Ala	Leu	Lys	Glu	Val	Asp	Ala	Asp	Gly	Val	Pro	Ser	Asp	Leu	Pro
				645					650					655
Gly	Ser	Gln	Gly	Glu	Gly	Ala	Ala	Asp	Thr	Leu	Glu	Ala	Val	Arg
			660					665					670	
Lys	Arg	Met	Trp	Arg	Lys	Leu	Pro	Asp	Ser	Ala	Val	Glu	Thr	Leu
		675					680					685		
Leu	Ala	Ala	Ala	Val	Thr	Thr	Leu	Pro	Ser	Lys	Ser	Arg	Lys	Glu
	690					695					700			
Leu	Ala	Thr	Gln	Leu	Gly	Leu	Ser	Phe	Ser	Gln	Val	His	Gly	Trp
705					710					715				720
Lys	Asn	Gln	Arg	Tyr	Leu	Ala	Leu	Arg	Asn	Gly	Leu	Ala	Ile	Ser
			725						730					735
Arg	Pro	Ala	Ala	Gly	Arg	Met	Ala	Ala	Thr	Val	Thr	Ile	Gln	Ser
			740					745					750	
His	Asp	Asn	Asn	Ser	Ser	Ala	Tyr	Leu	Thr	Glu	Lys	Leu	Asp	Glu
		755					760					765		
Gln	Met	Arg	Leu	Phe	Glu	Leu	Lys	Gln	Thr	Leu	Glu	Asp	Phe	Ala
	770					775					780			
Asn	Ser	Ser	Gly	Leu	Gly	Gly	Gly	Glu	Ser	Asp	Asn	Ser	Phe	Glu
785					790					795				800
Gly	Gly	Ile	Gly	Leu	Pro	Ala	Asn	Gly	Lys	Arg	Ile	Ile	Tyr	Val
				805					810					815
Val	Ala	Glu	Val	Arg	Glu	Arg	Pro	Ser	Leu	Phe	Ser	Asp	Ser	Cys
			820					825					830	
Leu	Ser	Leu	Leu	Ala	Val	Leu	Asn	Cys	Glu	Val	Asn	Tyr	Lys	Arg
		835					840					845		
Leu	Arg	Ile	Phe	Met	Cys	Ser	Trp	Pro	Ser	Cys	Leu	Ala	Tyr	Gly
	850					855					860			
Leu	His	Ala	Asn	Cys	Pro	Cys	His	Ile	Gly	Ser	Cys	Phe	Glu	Gly
865					870					875				880
Gly	Gly													

<210> 240

<211> 2379

<212> ADN

5 <213> *Physcomitrella patens*

<400> 240

atggtgcccga	cgggcgtggt	ggagcgggag	gaccagcctg	agcctgctgc	tgccccccca	60
gtgccgggtga	ttacacccaa	gacgcttcga	tcgcactcta	tcaggacgca	gaccacgcca	120
ggtgatggcg	atgctggtgc	ggatcatgct	cctggagcag	tggcagcagc	agcagcatca	180
gcaggaggag	gaggagcagc	ggatgtcatg	caaggtaacg	atgcggggca	ggaacggcga	240
ggacgacggc	gcgggcgacg	gaagaagtca	gacgtgcgcg	tcgataatcc	cacgcgaatc	300
ctaaagcatg	tcaagtactt	gtcattataa	atgcgagtcg	accagaacct	gctcgatgcg	360
tacacagggg	agggttggaa	gggtcagagt	cgcgagaaga	tcaggccgga	gcaagaacta	420
caacgtgcga	aggcgcagat	actgcgatct	aagttggcca	tacgggaggc	tattcatgaa	480
ctcgatgacg	tgggtttaga	aggttctctc	gacaaaaacg	cttttgatgc	tgaaggtcgt	540
atttaccatg	aagagatttt	ttgtgcgaag	tgcaaatccc	aagaagctct	tcctgacaac	600

```

gacattatct tgtgcgacgg ggcgtgcaac agaggcttcc atcagttattg cttagaccca 660
ccttttagcta cggaagacat tctctctgga gatgaaggat gggtatgccc tgtatgacac 720
tgcaagatgg agtgatttga agcgataaat tcatattttg gcaccagttt tgaggtcgag 780
aatagttggg agagcttttt ttgcaacgaa gctggtatag ctgcaggcgg tggaacgcaa 840
gaaggggctg gtgggtgattg gccttctctca ggcgatgaag atgatgagta tgatccagaa 900
acagcggaag ggccttcttc agcttctgaa agtggagctc aagtaatagg gcttgctgtt 960
gactggcctg cctcagacga cgaagatcac gactatgatc cggaagcagc ggaagaacct 1020
cctggagctt ctgggagtg aactcaaaca gtaggtcttg acgttgattg gccttccaca 1080
gacgatgaag atgacgactt tgatccagaa ggtatcagaa agcaggcaaa cagtgcagaa 1140
gaaagtagta gtgatgaaag tgaggaggac ggggaggata gtggttctgt aagcggcttc 1200
agggaaaatg aggcgtcttc aggtgtaagt gacaaaagt agcaggagcc tagtgaaaaa 1260
cataatctgg agctaactgc tgtcactaac atcaagaaac ttgcaagaaa aggaaaacgt 1320
aacataatca gcaacaaagg aaaaagttaa ttttagagt cttcagacag tgatgattct 1380
gatgtctctc tttttgacga gttcaagggt ggtaatgcca atttaggctt aagacgtggg 1440
gatccacagg cagcagtatc agcagcagac gaggaagccg tgattattgc tgggaaaaga 1500
catcggaag ctgtggacta caaaagacta catgatgaaa tgtatggtaa agcggaggcc 1560
gataacgatg acgacgttat ctctgaggat gaagattggg gtctgaacg tcgccgaaga 1620
cgaaccattc ctgatgatcc taactcgcca aggtcccgaa ttcgaggtag gaaagtgaga 1680
actccaagtg gagatatttc taaaggagcc gatgcagatt taccctctgg attaccagat 1740
atgccatccc actttcccac tggttcacaa ggtgaagtag gctcaccaca agacattcca 1800
gcactagatg gagcagctga cagtcctgga ggagaaaagc ggatgtggcg gcgattgcct 1860
gattccgcag tcgaggcatt acggtgtatt cttgatgta ataggctgcc ctcaaaatct 1920
cggaaggaag aattagcaat taagcttggg ttgagctttt cacaggttca tggatggtt 1980
aaaaatcagc ggcatcaagc tctgaggaaa gggttggcat gtcctaagcg gatacatcca 2040
gtagcatcaa gctcaagaga tttcaatact gtcgaatctc catcgtctgt ggcgacttta 2100
actgaaagca cattaccgca aaaagagaat gctccaaatt ctattttaac tgagaagttg 2160
gacgaagttc aggtgcgact cctcgaattg aagcaagcgt tggacgattt taccaagaat 2220
gcagcagtggt ttgcgagtg cggaagtatt gaattggata acaacgtgga aaacggagga 2280
attggacttc ctgaaaatgg aaaacgtgtt gtctatgtgc cagttgtggc cgacgttagg 2340
gaacaatcac caatgagtag gcatactagc gcatgttga 2379

```

<210> 241

<211> 792

<212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

<400> 241

```

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

```


Ser	Gln	Glu	Ala	Leu	Pro	Asp	Asn	Asp	Ile	Ile	Leu	Cys	Asp	Gly	Ala		
		195					200					205					
Cys	Asn	Arg	Gly	Phe	His	Gln	Tyr	Cys	Leu	Asp	Pro	Pro	Leu	Ala	Thr		
	210					215					220						
Glu	Asp	Ile	Pro	Pro	Gly	Asp	Glu	Gly	Trp	Leu	Cys	Pro	Val	Cys	Asp		
225					230					235					240		
Cys	Lys	Met	Glu	Cys	Ile	Glu	Ala	Ile	Asn	Ser	Tyr	Phe	Gly	Thr	Ser		
				245					250					255			
Phe	Glu	Val	Glu	Asn	Ser	Trp	Glu	Ser	Phe	Phe	Ser	Asn	Glu	Ala	Gly		
			260					265					270				
Ile	Ala	Ala	Gly	Gly	Gly	Thr	Gln	Glu	Gly	Ala	Gly	Gly	Asp	Trp	Pro		
		275					280					285					
Ser	Ser	Gly	Asp	Glu	Asp	Asp	Glu	Tyr	Asp	Pro	Glu	Thr	Ala	Glu	Gly		
	290				295					300							
Pro	Ser	Ser	Ala	Ser	Glu	Ser	Gly	Ala	Gln	Val	Ile	Gly	Leu	Ala	Val		
305					310					315					320		
Asp	Trp	Pro	Ser	Ser	Asp	Asp	Glu	Asp	His	Asp	Tyr	Asp	Pro	Glu	Ala		
				325					330					335			
Ala	Glu	Glu	Pro	Pro	Gly	Ala	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Gln	Thr	Val	Gly		
			340					345					350				
Leu	Asp	Val	Asp	Trp	Pro	Ser	Thr	Asp	Asp	Glu	Asp	Asp	Asp	Phe	Asp		
		355					360					365					
Pro	Glu	Gly	Ile	Arg	Lys	Gln	Ala	Asn	Ser	Asp	Glu	Glu	Ser	Ser	Ser		
	370					375					380						
Asp	Glu	Ser	Glu	Glu	Asp	Gly	Glu	Asp	Ser	Gly	Ser	Val	Ser	Gly	Phe		
385					390					395				400			
Arg	Glu	Asn	Glu	Ala	Ser	Ser	Gly	Val	Ser	Asp	Lys	Asp	Glu	Gln	Glu		
				405					410					415			
Pro	Ser	Glu	Lys	His	Asn	Leu	Glu	Leu	Thr	Ala	Val	Thr	Asn	Ile	Lys		
			420					425					430				
Lys	Leu	Ala	Arg	Lys	Gly	Lys	Arg	Asn	Ile	Ile	Ser	Asn	Lys	Gly	Lys		
		435					440					445					
Ser	Glu	Tyr	Leu	Glu	Ser	Ser	Asp	Ser	Asp	Asp	Ser	Asp	Val	Ser	Leu		
	450					455					460						
Phe	Asp	Glu	Phe	Lys	Gly	Gly	Asn	Ala	Asn	Leu	Gly	Leu	Arg	Arg	Gly		
465					470					475					480		
Asp	Pro	Gln	Ala	Ala	Val	Ser	Ala	Ala	Asp	Glu	Glu	Ala	Val	Ile	Ile		
				485					490					495			
Ala	Gly	Lys	Arg	His	Arg	Lys	Ala	Val	Asp	Tyr	Lys	Arg	Leu	His	Asp		
			500					505					510				
Glu	Met	Tyr	Gly	Lys	Ala	Glu	Ala	Asp	Asn	Asp	Asp	Asp	Val	Ile	Ser		
		515					520					525					
Glu	Asp	Glu	Asp	Trp	Gly	Pro	Glu	Arg	Arg	Arg	Arg	Arg	Thr	Ile	Pro		
	530					535						540					
Asp	Asp	Pro	Asn	Ser	Pro	Arg	Ser	Arg	Ile	Arg	Gly	Arg	Lys	Val	Arg		
545					550					555					560		
Thr	Pro	Ser	Gly	Asp	Ile	Ser	Lys	Gly	Ala	Asp	Ala	Asp	Leu	Pro	Ser		
				565					570					575			
Gly	Leu	Pro	Asp	Met	Pro	Ser	His	Phe	Pro	Thr	Gly	Ser	Gln	Gly	Glu		
			580					585					590				
Val	Gly	Ser	Pro	Gln	Asp	Ile	Pro	Ala	Leu	Asp	Gly	Ala	Ala	Asp	Ser		
		595					600					605					
Pro	Gly	Gly	Glu	Lys	Arg	Met	Trp	Arg	Arg	Leu	Pro	Asp	Ser	Ala	Val		
	610					615					620						
Glu	Ala	Leu	Arg	Cys	Ile	Leu	Asp	Val	Asn	Arg	Leu	Pro	Ser	Lys	Ser		
625					630					635					640		
Arg	Lys	Glu	Glu	Leu	Ala	Ile	Lys	Leu	Gly	Leu	Ser	Phe	Ser	Gln	Val		
				645					650					655			
His	Gly	Trp	Phe	Lys	Asn	Gln	Arg	His	Gln	Ala	Leu	Arg	Lys	Gly	Leu		
			660					665					670				
Ala	Cys	Pro	Lys	Arg	Ile	His	Pro	Val	Ala	Ser	Ser	Ser	Arg	Asp	Phe		

ES 2 539 530 T3

675						680					685				
Asn	Thr	Val	Glu	Ser	Pro	Ser	Ser	Val	Ala	Thr	Leu	Thr	Glu	Ser	Thr
690						695					700				
Leu	Pro	Gln	Lys	Glu	Asn	Ala	Pro	Asn	Ser	Ile	Leu	Thr	Glu	Lys	Leu
705	710					715					720				
Asp	Glu	Val	Gln	Val	Arg	Leu	Leu	Glu	Leu	Lys	Gln	Ala	Leu	Asp	Asp
725					730					735					
Phe	Thr	Lys	Asn	Ala	Ala	Val	Val	Ala	Asp	Gly	Gly	Ser	Ile	Glu	Leu
740					745					750					
Asp	Asn	Asn	Val	Glu	Asn	Gly	Gly	Ile	Gly	Leu	Pro	Glu	Asn	Gly	Lys
755					760					765					
Arg	Val	Val	Tyr	Val	Pro	Val	Val	Ala	Asp	Val	Arg	Glu	Gln	Ser	Pro
770					775					780					
Met	Ser	Thr	His	Thr	Ser	Ala	Cys								
785					790										

<210> 242

<211> 2166

<212> ADN

<213> *Zea mays*

<400> 242

atgcattctt	cggaaaaataa	actgggttgg	aatgagacct	ctatgggggtt	ggttcctgta	60
ccaaaaagac	cagctagacc	tgatgcttcc	caccaatgca	aatctgattc	ctttatgaag	120
cgatcaccaa	ggaaagttag	aaatgctact	ctggcaaaaa	gcataaagag	caaataccac	180
tatagtcccc	tcaaacagcg	gaagggttca	gattctgttc	ctgggaaaaat	cgtaacagga	240
ctaaccgcaa	ggaaaaagaa	gaaaatggaa	atccaaatta	cagacgaggc	aactcgtttg	300
gaacgaagag	cgagatatct	tctaatacag	ataaaactgg	agcagaattt	gctagatgct	360
tactctggag	atgttagtga	tgggcaaagc	cgagagaaaa	taaagccaga	gaaggaaactg	420
caacgtgcc	ggaaacaaat	cataaaatgc	aaaattgcta	tacgtgatat	catccgccaa	480
cttgatttgt	atacttctac	tgggagtgtt	gatgacccac	taatgcctac	agatcagtc	540
accaatccc	aacataccat	gtgctcaaca	tgcaggtctc	atgaatcatt	tcccagcaat	600
aaaatttat	tctgcaaagg	gcctgcaaaa	agggcatgtc	atgagaaatg	tttggaacct	660
cccttaaaaa	aaagcgtact	tccaacaagt	agccatgggt	ggctttgcaa	attctgtttg	720
tgcgaagtga	ggattttaga	aactattaat	gcacatctag	ggacgagttt	tacagtgaag	780
tgccactttg	aagatatatt	caaggaaact	actgaactaa	tagactctga	ggatgcacta	840
gatgaagatt	ggctttctga	gtattcaggt	gatgaggact	atgatcctga	tgaaaatgag	900
gccagtggcg	actgtatgga	cagcggggag	aagattatgt	ctgatgattc	caatggttca	960
ggaagcccc	tttattctcc	aaatgacgat	attcctgact	tcatatcagc	agacttaaat	1020
gttgtggaag	ggttttgtca	taccaattta	gatttaggca	ttgatgccgt	tgaagatgat	1080
tttgacaga	tcctcaccta	ccaaaggcca	agaagagatg	ttgattatag	aaggcttaac	1140
gaggaaatgt	ttgggaaaaa	aaccggaat	gaagaacaga	gcgaggacga	agattggggc	1200
catgaaaag	gaaagaaaag	gacgcattca	ggtgtgtcgt	gggaataattc	tgtttggttc	1260
ttgaacgtta	tatctgatga	aaagagccag	agaaggggga	gaaaactttt	caggatttct	1320
cctgcagctg	ttgaggtact	tcgcagagct	tttgtgaaa	atgagcttcc	accccgggat	1380
gttaaagaaa	atctctcaag	agaattggga	atttcttttg	aaaagattga	taaatggttc	1440
aaaaatacac	ggtgtgctgc	tctcagagat	cggaaggctg	aaggaaacag	tcataataca	1500
gctcccagca	aaatctcaaa	aaataaagga	aaagctggaa	tctcaggcaa	ggctggaagg	1560
aatggctcat	ttactggtcc	ctgcaataat	ttgagaataa	atgaagaaaa	aacaggata	1620
tcgggcaagt	ttgattcag	agacaaactc	tgtttgggtc	ccttctctga	agtcacat	1680
gtgcctacgc	gattgccaca	caactttgag	atgaggaaaga	tggattcaac	tagaagtcct	1740
gcgaggctac	acaataaagg	agggtgctg	tctgcaacaa	tccaaattaa	ggagagtaca	1800
ttgttacc	caggcaagcc	ttgttggcag	tcagaaatga	gccatccaac	aactaatgaa	1860
gtgagcactt	cagcgcaagc	tactacttgg	atcgacgcgg	gggcgtgtgc	cgaggagcaa	1920
gaacctactc	cttggttga	catcggggcc	tcagactacc	agcctttcct	ggatgtgatc	1980
gacgacatgt	gcggacttga	gtggaggctg	cagagactga	aggagaacat	gctctcatct	2040
agcactagac	gccaaaccgc	cgccagtga	agtgaacaaa	gaaaccagac	cgtggtgctc	2100
gtgccaactg	ccgagctcaa	ggaaaaactg	ccgcatgaag	gtttattcgg	gcattattgc	2160
ccatag						2166

<210> 243

<211> 721

ES 2 539 530 T3

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 243

Met 1	His	Ser	Ser	Glu 5	Asn	Lys	Leu	Gly	Trp 10	Asn	Glu	Thr	Ser	Met 15	Gly
Leu	Val	Pro	Val 20	Pro	Lys	Arg	Pro	Ala 25	Arg	Pro	Asp	Ala	Ser 30	His	Gln
Cys	Lys	Ser 35	Asp	Ser	Phe	Met	Lys 40	Arg	Ser	Pro	Arg	Lys 45	Val	Arg	Asn
Ala	Thr 50	Leu	Ala	Lys	Ser	Ile 55	Lys	Ser	Lys	Tyr	His 60	Tyr	Ser	Pro	Leu
Lys 65	Gln	Arg	Lys	Gly	Ser 70	Asp	Ser	Val	Pro	Gly 75	Lys	Ile	Val	Thr	Gly 80
Leu	Thr	Ala	Arg	Lys 85	Lys	Lys	Lys	Arg	Lys 90	Ile	Gln	Ile	Thr	Asp 95	Glu
Ala	Thr	Arg 100	Leu	Glu	Arg	Arg	Ala	Arg 105	Tyr	Phe	Leu	Ile	Lys 110	Ile	Lys
Leu	Glu	Gln 115	Asn	Leu	Leu	Asp	Ala 120	Tyr	Ser	Gly	Asp	Gly 125	Trp	Asn	Gly
Gln	Ser 130	Arg	Glu	Lys	Ile	Lys 135	Pro	Glu	Lys	Glu	Leu 140	Gln	Arg	Ala	Arg
Lys 145	Gln	Ile	Ile	Lys	Cys 150	Lys	Ile	Ala	Ile	Arg 155	Asp	Ile	Ile	Arg	Gln 160
Leu	Asp	Leu	Tyr	Thr 165	Ser	Thr	Gly	Ser	Val 170	Asp	Asp	Pro	Leu	Met 175	Pro
Thr	Asp	Gln 180	Ser	Thr	Asn	Pro	Glu	His 185	Thr	Met	Cys	Ser	Thr 190	Cys	Lys
Ser	His 195	Glu	Ser	Phe	Pro	Ser	Asn 200	Lys	Ile	Ile	Phe 205	Cys	Lys	Gly	Pro
Cys	Lys 210	Arg	Ala	Cys	His	Glu 215	Lys	Cys	Leu	Glu	Pro 220	Pro	Leu	Asn	Lys
Ser 225	Val	Leu	Pro	Thr 230	Ser	Ser	His	Gly	Trp	Leu	Cys 235	Lys	Phe	Cys	Leu 240
Cys	Lys	Val	Arg	Ile 245	Leu	Glu	Thr	Ile	Asn 250	Ala	His	Leu	Gly 255	Thr	Ser
Phe	Thr	Val 260	Lys	Cys	His	Phe	Glu	Asp 265	Ile	Phe	Lys	Glu	Thr 270	Thr	Glu
Leu	Ile	Asp 275	Ser	Glu	Asp	Ala	Leu 280	Asp	Glu	Asp	Trp	Leu	Ser 285	Glu	Tyr
Ser	Gly 290	Asp	Glu	Asp	Tyr	Asp 295	Pro	Asp	Glu	Asn	Glu 300	Ala	Ser	Gly	Asp
Cys 305	Met	Asp	Ser	Gly 310	Glu	Lys	Ile	Met	Ser	Asp 315	Asp	Ser	Asn	Gly	Ser 320
Gly	Ser	Pro	Leu	Tyr 325	Ser	Pro	Asn	Asp 330	Asp	Ile	Pro	Asp	Phe	Ile 335	Ser
Ala	Asp	Leu 340	Asn	Val	Val	Glu	Gly	Phe 345	Cys	His	Thr	Asn	Leu 350	Asp	Leu
Gly	Ile	Asp 355	Ala	Val	Glu	Asp	Asp 360	Phe	Ala	Gln	Ile	Leu	Thr 365	Tyr	Gln
Arg	Pro 370	Arg	Arg	Asp	Val	Asp 375	Tyr	Arg	Arg	Leu	Asn 380	Glu	Glu	Met	Phe
Gly 385	Lys	Ile	Thr	Gly 390	Asn	Glu	Glu	Gln	Ser	Glu 395	Asp	Glu	Asp	Trp	Gly 400
His	Glu	Arg	Arg	Lys 405	Lys	Arg	Thr	His	Ser 410	Gly	Val	Ala	Gly 415	Asp	Asn
Ser	Val	Gly 420	Phe	Leu	Asn	Val	Ile	Ser 425	Asp	Glu	Lys	Ser	Gln 430	Lys	Lys
Gly	Arg	Lys 435	Leu	Phe	Arg	Ile	Pro 440	Pro	Ala	Ala	Val	Glu 445	Val	Leu	Arg

Arg	Ala	Phe	Ala	Glu	Asn	Glu	Leu	Pro	Pro	Arg	Asp	Val	Lys	Glu	Asn
450						455					460				
Leu	Ser	Arg	Glu	Leu	Gly	Ile	Ser	Phe	Glu	Lys	Ile	Asp	Lys	Trp	Phe
465					470					475					480
Lys	Asn	Thr	Arg	Cys	Ala	Ala	Leu	Arg	Asp	Arg	Lys	Ala	Glu	Gly	Asn
				485					490					495	
Ser	His	Asn	Thr	Ala	Pro	Ser	Lys	Ile	Ser	Lys	Asn	Lys	Gly	Lys	Ala
		500						505					510		
Gly	Ile	Ser	Gly	Lys	Ala	Gly	Arg	Asn	Gly	His	Val	Thr	Gly	Pro	Cys
	515						520					525			
Asn	Asn	Leu	Arg	Ile	Asn	Glu	Glu	Lys	Thr	Gly	Ile	Ser	Gly	Lys	Phe
530						535					540				
Asp	Ser	Gly	Asp	Asn	Ser	Cys	Leu	Val	Pro	Phe	Ser	Glu	Val	Ile	Asn
545				550						555					560
Val	Pro	Thr	Arg	Leu	Pro	His	Asn	Phe	Glu	Met	Arg	Lys	Met	Glu	Ser
				565					570					575	
Thr	Arg	Ser	Pro	Ala	Arg	Leu	His	Asn	Lys	Gly	Gly	Cys	Leu	Ser	Ala
		580						585					590		
Thr	Ile	Gln	Ile	Lys	Glu	Ser	Thr	Leu	Leu	Pro	Thr	Gly	Lys	Pro	Cys
	595						600					605			
Trp	Gln	Ser	Glu	Met	Ser	His	Pro	Thr	Thr	Asn	Glu	Val	Ser	Thr	Ser
610						615					620				
Ala	Gln	Ala	Thr	Thr	Trp	Ile	Asp	Ala	Gly	Ala	Cys	Ala	Glu	Glu	Gln
625					630					635					640
Glu	Pro	Thr	Pro	Trp	Val	Asp	Ile	Gly	Ala	Ser	Asp	Tyr	Gln	Pro	Phe
				645					650					655	
Leu	Asp	Val	Ile	Asp	Asp	Met	Cys	Gly	Leu	Glu	Trp	Arg	Leu	Gln	Arg
				660					665					670	
Leu	Lys	Glu	Asn	Met	Leu	Ser	Ser	Ser	Ile	Asp	Gly	Gln	Thr	Ala	Ala
	675						680					685			
Ser	Glu	Ser	Asp	Lys	Arg	Asn	Gln	Thr	Val	Val	Leu	Val	Pro	Thr	Ala
690						695					700				
Glu	Leu	Lys	Glu	Lys	Leu	Pro	His	Asp	Gly	Leu	Phe	Gly	His	Tyr	Cys
705					710					715					720
Pro															

<210> 244

<211> 846

<212> ADN

5

<213> *Triticum aestivum*

<400> 244

atggcggggc	agccgcgcga	gggcccggag	gacgacttcc	tcgaccagtt	cttctccctc	60
accaactccc	tctccgcgc	cgccgcgcgc	tcgggcgacc	agcccttctc	cctcgccctc	120
agcctcgacg	ccgcctcgga	cgccctccgg	agcaggggcg	gcatcggcga	cgacgcgcgc	180
aacgccgcgg	agcgggacgg	cgtgcagctc	cccggcctct	tcccgcgggt	gttcggcggt	240
ggcctccagc	cgccgcacct	tcgccccagc	cacccctccc	cacagatgtt	ccacgcgcag	300
cagccgaagc	agggcgggcc	ggctggaggg	ccgcagccgc	cggcgcgcag	gcogaagggt	360
cgggcgcgct	gcggtcaggc	gactgatccc	cacagcatcg	cggagaggct	aagaagagag	420
aggatagcgg	aaaggatgag	ggccctacag	gaattgggtc	ccaatacgaa	caagacagat	480
agggcagtta	tgctagatga	gacccctggat	tatgtgaagt	tccttaggct	tcaagtaaag	540
gtgttaagca	tgagcagatt	gggtggtgct	ggtgctggtg	cacagctggt	ttctgacatt	600
ccactttcag	ttaaggggga	agcaagcgat	ggtgggagca	aacagcagat	atgggaaaag	660
tggtcaacgg	atggcacgga	aaaacaggtt	gcgaagctga	tggacgagga	catcggtgcc	720
gcaatgcaat	ttctccaatc	aaaggctctc	tgcattgatgc	cagtctccct	tgccatggct	780
atctatgaca	cacaacattc	acaggacggc	caaccagtga	agcctgaacc	caacaacact	840
gcctag						846

<210> 245

<211> 281

<212> PRT

<213> *Triticum aestivum*

<400> 245

```

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

```

5 <210> 246

<211> 6

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

10 <223> motivo 1

<220>

<221> VARIANTE

<222> (1)..(1)

<223> /reemplazo = "Asp"

15 <220>

<221> VARIANTE

<222> (2)..(2)
<223> /reemplazo = "Ser" /reemplazo = "Glu"
<220>
<221> VARIANTE
5 <222> (3)..(3)
<223> /reemplazo = "Met"
<220>
<221> VARIANTE
<222> (4)..(4)
10 <223> /reemplazo = "Phe"
<220>
<221> VARIANTE
<222> (5)..(5)
<223> /reemplazo = "Glu" /reemplazo = "Gln" /reemplazo = "Leu"
15 <220>
<221> VARIANTE
<222> (6)..(6)
<223> /reemplazo = "His" /reemplazo = "Glu"
<400> 246

	Glu	Asp	Phe	Leu	Asp	Gln
20	1				5	

<210> 247
<211> 16
<212> PRT
<213> Secuencia artificial
25 <220>
<223> motivo 2
<220>
<221> VARIANTE
<222> (3)..(3)
30 <223> /reemplazo = "Ile" /reemplazo = "Gln"
<220>
<221> VARIANTE
<222> (6)..(6)
<223> /reemplazo = "His"

35 <400> 247

	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg
	1				5					10					15	

<210> 248
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 5 <220>
 <223> motivo 3
 <220>
 <221> VARIANTE
 <222> (1)..(1)
 10 <223> /reemplazo = "Ile" /reemplazo = "Val" /reemplazo = "Leu"
 <220>
 <221> VARIANTE
 <222> (2)..(2)
 <223> /reemplazo = "Arg"
 15 <220>
 <221> VARIANTE
 <222> (3)..(3)
 <223> /reemplazo = "Ser" /reemplazo = "Gln" /reemplazo = "Asp" /reemplazo = "Asn"
 <220>
 20 <221> VARIANTE
 <222> (6)..(6)
 <223> /reemplazo = "Asp" /reemplazo = "Val"
 <400> 248

 Met Lys Ala Leu Gln Glu Leu Val Pro
 1 5
 25 <210> 249
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 30 <223> motivo 4
 <220>
 <221> VARIANTE
 <222> (1)..(1)
 <223> /reemplazo = "Ile"
 35 <220>
 <221> VARIANTE

<222> (2)..(2)
 <223> /reemplazo = "Ile"
 <220>
 <221> VARIANTE
 5 <222> (6)..(6)
 <223> /reemplazo = "Val" /reemplazo = "Leu"
 <220>
 <221> VARIANTE
 <222> (7)..(7)
 10 <223> /reemplazo = "Glu" /reemplazo = "Gly"
 <220>
 <221> VARIANTE
 <222> (9)..(9)
 <223> /reemplazo = "Leu" /reemplazo = "Ile"
 15 <220>
 <221> VARIANTE
 <222> (10)..(10)
 <223> /reemplazo = "Arg"
 <220>
 20 <221> VARIANTE
 <222> (13)..(13)
 <223> /reemplazo = "Arg"
 <220>
 <221> VARIANTE
 25 <222> (16)..(16)
 <223> /reemplazo = "Ile"
 <400> 249
 Met Leu Asp Glu Ile Ile Asp Tyr Val Lys Phe Leu Gln Leu Gln Val
 1 5 10 15
 Lys
 <210> 250
 30 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> motivo 5
 35 <220>

<221> VARIANTE
 <222> (1)..(1)
 <223> /reemplazo = "Ile"
 <220>
 5 <221> VARIANTE
 <222> (7)..(7)
 <223> /reemplazo = "Val"
 <400> 250
 Val Leu Ser Met Ser Arg Leu Gly
 1 5
 10 <210> 251
 <211> 16
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 15 <223> motivo 6
 <220>
 <221> VARIANTE
 <222> (2)..(2)
 <223> /reemplazo = "Val" /reemplazo = "Leu" /reemplazo = "Ile"
 20 <220>
 <221> VARIANTE
 <222> (3)..(3)
 <223> /reemplazo = "Arg"
 <220>
 25 <221> VARIANTE
 <222> (4)..(4)
 <223> /reemplazo = "Met"
 <220>
 <221> VARIANTE
 30 <222> (5)..(5)
 <223> /reemplazo = "Leu"
 <220>
 <221> VARIANTE
 <222> (6)..(6)
 35 <223> /reemplazo = "Asp"
 <220>

```

<221> VARIANTE
<222> (7)..(7)
<223> /reemplazo = "Asp" /reemplazo = "Ser" /reemplazo = "Lys" /reemplazo = "Thr"
<220>

5
<221> VARIANTE
<222> (8)..(8)
<223> /reemplazo = "Asn" /reemplazo = "Ser"
<220>

<221> VARIANTE
10
<222> (9)..(9)
<223> /reemplazo = "Val" /reemplazo = "Ile"
<220>

<221> VARIANTE
<222> (10)..(10)
15
<223> /reemplazo = "Val" /reemplazo = "Ile"
<220>

<221> INCIERTO
<222> (11)..(11)
<223> Xaa es un aminoácido desconocido
20
<220>

<221> VARIANTE
<222> (15)..(15)
<223> /reemplazo = "Leu" /reemplazo = "Phe"
<400> 251
    Val Ala Lys Leu Met Glu Glu Asp Met Gly Xaa Ala Met Gln Tyr Leu
    1          5          10          15
<210> 252
<211> 6
<212> PRT
<213> Secuencia artificial
30
<220>

<223> motivo 7
<220>

<221> VARIANTE
<222> (1)..(1)
35
<223> /reemplazo = "Val"
<220>

```

<221> VARIANTE
 <222> (2)..(2)
 <223> /reemplazo = "Ser"
 <220>
 5 <221> VARIANTE
 <222> (3)..(3)
 <223> /reemplazo = "Val"
 <220>
 <221> VARIANTE
 10 <222> (4)..(4)
 <223> /reemplazo = "Thr" /reemplazo = "Ala"
 <400> 252
 Met Pro Ile Ser Leu Ala
 1 5
 <210> 253
 15 <211> 51
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> motivo 8
 20 <400> 253
 Ser Ile Ala Glu Arg Leu Arg Arg Glu Arg Ile Ala Glu Arg Met Arg
 1 5 10 15
 Ala Leu Gln Glu Leu Val Pro Asn Thr Asn Lys Thr Asp Arg Ala Val
 20 25 30
 Met Leu Asp Glu Ile Leu Asp Tyr Val Lys Phe Leu Arg Leu Gln Val
 35 40 45
 Lys Val Leu
 50
 <210> 254
 <211> 50
 <212> ADN
 25 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> cebador: prm009718
 <220>
 <221> misc_feature
 30 <222> (47)..(47)
 <223> n es a, c, g o t

<400> 254
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggcgt aaacaatggc ggggcanccg 50
 <210> 255
 <211> 50
 5 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> cebador: prm009719
 <400> 255
 10 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggta tgggtgttgc agctgctgtt 50
 <210> 256
 <211> 2194
 <212> ADN
 <213> *Oryza sativa*
 15 <400> 256
 aatccgaaaa gtttctgcac cgttttccac ccctaactaa caatataggg aaogtgtgct 60
 aaatataaaa tgagacctta tatatgtagc gctgataact agaactatgc aagaaaaact 120
 catccaccta ctttagtggc aatcgggcta aataaaaaag agtcgctaca ctagtttcgt 180
 tttccttagt aattaagtgg gaaaatgaaa tcattattgc ttagaatata cgttcacatc 240
 tctgtcatga agttaaatta ttogaggtag ccataattgt catcaaactc ttcttgaata 300
 aaaaaatctt tctagctgaa ctcaatgggt aaagagagag atttttttta aaaaaataga 360
 atgaagatat tctgaacgta ttggcaaaga tttaaacata taattatata attttatagt 420
 ttgtgcattc gtcatatcgc acatcattaa ggacatgtct tactccatcc caatttttat 480
 ttagtaatta aagacaattg acttattttt attatttato ttttttogat tagatgcaag 540
 gtacttacgc acacactttg tgctcatgtg catgtgtgag tgcacctcct caatacacgt 600
 tcaactagca acacatctct aatatcactc gcttatttaa tacatttagg tagcaatata 660
 tgaattcaag cactccacca tcaccagacc acttttaata atatctaaaa tacaanaaat 720
 aattttacag aatagcatga aaagtatgaa acgaactatt taggtttttc acatacaaaa 780
 aaaaaaagaa ttttgctcgt gcgcgagcgc caatctccca tattgggcac acaggcaaca 840
 acagagtggc tgcccacaga acaaccacaa aaaaacgatg atctaacgga ggacagcaag 900
 tccgcaacaa ccttttaaca gcaggctttg cggccaggag agaggaggag aggcaagaa 960
 aaccaagcat cctccttctc ccactatata attcctcccc ccttttcccc tctctatata 1020
 ggaggcatcc aagccaagaa gagggagagc accaaggaca cgcgactagc agaagccgag 1080
 cgaccgctt ctogatccat atcttcgggt cgagttcttg gtogatctct tccctcctcc 1140
 acctcctcct cacagggtat gtgcctcctt togtttgttc ttggatttat tgttctaggt 1200
 tgtgttagtac gggcggtgat gttaggaaag gggatctgta tctgtgatga ttctgttct 1260
 tggatttggg atagaggggt tcttgatgtt gcatgttata ggttcggttt gattagtagt 1320
 atggttttca atcgtctgga gagctctatg gaaatgaaat ggtttaggga tcggaatctt 1380
 gcgattttgt gattaccttt tgtttgaggt aaaatcagag cacoggtgat tttgcttggg 1440
 gtaataaagt acggttgttt ggtcctcgat tctggtagtg atgcttctcg atttgacgaa 1500
 gctatccttt gtttattccc tattgaacaa aaataatcca actttgaaga cggctccggt 1560
 gatgagattg aatgattgat tcttaagcct gtccaaaatt tcgcagctgg cttgtttaga 1620
 tacagtagtc cccatcacga aattcatgga aacagttata atcctcagga acaggggatt 1680
 cctgttctt cegatttgc ttagtcccag aatttttttt cccaaatata ttaaaaagtc 1740
 actttctggt tcagttcaat gaattgattg ctacaaataa tgcttttata gogttatcct 1800
 agctgtagtt cagttaatag gtaatacccc tatagtttag tcaggagaag aacttatccg 1860
 atttctgata tccattttta attatatgaa atgaactgta gcataagcag tattcatttg 1920
 gattattttt tttattagct ctacccccct cattattctg agctgaaagt ctggcatgaa 1980
 ctgtcctcaa ttttggtttt aaattcacat cgattatcta tgcattatcc tcttgatatc 2040
 acctgtagaa gtttcttttt ggttattcct tgactgcttg attacagaaa gaaatttatg 2100
 aagctgtaat cgggatagtt atactgcttg ttcttatgat tcaatttctt tgtgcagttc 2160
 ttggtgtagc ttgccacttt caccagcaaa gttc 2194
 <210> 257

<211> 3093

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

5 <223> casete de expresión

<400> 257

aatccgaaaa	gtttctgcac	cgttttccac	ccctaactaa	caatataggg	aacgtgtgct	60
aaatataaaa	tgagacctta	tatatgtagc	gctgataact	agaactatgc	aagaaaaact	120
catccaccta	cttttagtggc	aatcgggcta	aataaaaaag	agtcgctaca	ctagtttctgt	180
tttcccttagt	aattaagtgg	gaaaatgaaa	tcattattgc	ttagaatata	cgttcacatc	240
tctgtcatga	agttaaatta	ttcgaggtag	ccataattgt	catcaaactc	ttcttgaata	300
aaaaaatctt	tctagctgaa	ctcaatgggt	aaagagagag	atTTTTTTta	aaaaaataga	360
atgaagatat	tctgaacgta	ttggcaaaga	tttaaacata	taattatata	atTTTTatagt	420
ttgtgcattc	gtcatatcgc	acatcattaa	ggacatgtct	tactccatcc	caatttttat	480
ttagtaatta	aagacaattg	acttattttt	attattttatc	ttttttcgat	tagatgcaag	540
gtacttaacgc	acacactttg	tgctcatgtg	catgtgtgag	tgacacctct	caatacacgt	600
tcaactagca	acacatctct	aatatcactc	gcctatttta	tacatttagg	tagcaatatc	660
tgaattcaag	cactccacca	tcaccagacc	acttttaata	atatctaaaa	tacaaaaaat	720
aattttacag	aatagcatga	aaagtatgaa	acgaactatt	taggtttttc	acatacaaaa	780
aaaaaaagaa	ttttgctcgt	gcgcgagcgc	caatctccca	tattgggcac	acaggcaaca	840
acagagtggc	tgcccacaga	acaacccaca	aaaaacgatg	atctaacgga	ggacagcaag	900
tcgcgaacaa	ccttttaaca	gcaggctttg	cgccacaggag	agaggaggag	aggcaaagaa	960
aaccaagcat	cctccttctc	ccatctataa	attcctcccc	ccttttcccc	tctctatata	1020
ggaggcatcc	aagccaagaa	gaggagagag	accaaggaca	cgcgactagc	agaagccgag	1080
cgaccgcctt	ctcgatccat	atcttccggg	cgagttcttg	gtcgatctct	tccctcctcc	1140
acctcctcct	cacagggtat	gtgcctcctt	tcggttggtc	ttggatttat	tgttctaggt	1200
tgtgtagtag	ggcggttgat	gttaggaaag	gggatctgta	tctgtgatga	ttcctgttct	1260
tggtttggg	atagaggggt	tcttgatgtt	gcattgttatc	ggttcgggtt	gtctagtagt	1320
atggttttca	atcgtctgga	gagctctatg	gaaatgaaat	ggtttaggga	tcggaatctt	1380
gcgattttgt	gagtaccttt	tgtttgagggt	aaaatcagag	caccgggtgat	tttgcttggt	1440
gtaataaagt	acgggttggtt	ggctcctcgt	tctggtagtg	atgcttctcg	atttgacgaa	1500
gctatccttt	gtttattccc	tattgaacaa	aaataatcca	actttgaaga	cgggtcccgtt	1560
gatgagattg	aatgattgat	tcttaagcct	gtccaaaatt	tcgcagctgg	cttggttaga	1620
tacagttagc	cccatcacga	aattcatgga	aacagttata	atcctcagga	acaggggatt	1680
ccctgttctt	ccgatttgct	ttagtccag	aatttttttt	cccaaatatc	ttaaaaagtc	1740
actttctggt	tcagttcaat	gaattgattg	ctacaaataa	tgcttttata	gcgttatcct	1800
agctgtagtt	cagttaatag	gtaatacccc	tatagtttag	tcaggagaag	aacttatccg	1860
atttctgata	tccattttta	attatatgaa	atgaactgta	gcataagcag	tattcatttg	1920
gattattttt	tttatttagct	ctcacccctt	cattattctg	agotgaaagt	ctggcatgaa	1980
ctgtcctcaa	ttttgttttc	aaattcacat	cgattatcta	tgcatatatc	tcttgatatct	2040
acctgtagaa	gtttcttttt	ggttattcct	tgactgcttg	attacagaaa	gaaatttatg	2100
aagctgtaat	cgggatagtt	atactgcttg	ttcttatgat	tcatttcctt	tgtgcagttc	2160
ttggtgtagc	ttgccacttt	caccagcaaa	gttcatttta	atcaactagg	gatatacaaa	2220
gtttgtacaa	aaaagcaggc	ttaaacaatg	gcggggcagc	cgccgcaggg	cccgaggagc	2280
gacttccctg	accagttctt	ctcctccacc	aactccctct	ccgcgcgcgg	ccgcccctcc	2340
ggcgaccagc	ccttctccct	cgccctcagc	ctcgacgcgc	cctcggaacgc	ctccggcagc	2400
agggggcggc	tcggcgacga	cgccggcaac	gcgcgggagc	gggacggcgt	gcagctcccc	2460
ggcctcttcc	cgccgggtgtt	cgccgggtggc	ctccagccgc	cgacettctg	ccccagccac	2520
cctccccccac	agatgttcca	cgccgagcag	ccgaagcagg	gcggggccggc	tgaggggccg	2580
cagccgcggg	cgccgaggcc	gaagggtcgg	gcgcgtcgcg	gtcaggcgac	tgatccccac	2640
agcatcgcg	agaggctaag	aagagagagg	atagcggaaa	ggatgagggc	cctacaggaa	2700
ttggtcccca	atacgaacaa	gacagatagg	gcagttatgc	tagatgagat	cctggattat	2760
gtgaagtcc	ttaggcttca	agtaaagggt	ttaaagcatga	gcagattggg	tggtgctggt	2820
gctgttgca	agctgggttc	tgacattcca	ctttcagtta	agggggaagc	agcgatggt	2880
gggagcaaac	acgagatatg	ggaaaagtgg	tcaacgggatg	gcacggaaaa	acaggttgcg	2940
aagctgatgg	acgaggacat	cgggtgcgcga	atgcaatttc	tccaatcaaa	ggctctctgc	3000
atgatgccag	tctcccttgc	catggctatc	tatgacacac	aacattcaca	ggacggccaa	3060
ccagtgaagc	ctgaacccaa	caacactgcc	tag			3093

<210> 258

<211> 285

<212> PRT

<213> *Allium cepa*

<400> 258

5

```

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

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

```

<210> 259

<211> 302

<212> PRT

10

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 259

ES 2 539 530 T3

Met	Ala	Asn	Asn	Asn	Asn	Ile	Pro	His	Asp	Ser	Ile	Ser	Asp	Pro	Ser
1				5					10					15	
Pro	Thr	Asp	Asp	Phe	Phe	Glu	Gln	Ile	Leu	Gly	Leu	Ser	Asn	Phe	Ser
			20					25					30		
Gly	Ser	Ser	Gly	Ser	Gly	Leu	Ser	Gly	Ile	Gly	Gly	Val	Gly	Pro	Pro
		35					40					45			
Pro	Met	Met	Leu	Gln	Leu	Gly	Ser	Gly	Asn	Glu	Gly	Asn	His	Asn	His
	50					55					60				
Met	Gly	Ala	Ile	Gly	Gly	Gly	Gly	Pro	Val	Gly	Phe	His	Asn	Gln	Met
65					70					75					80
Phe	Pro	Leu	Gly	Leu	Ser	Leu	Asp	Gln	Gly	Lys	Gly	His	Gly	Phe	Leu
			85					90						95	
Lys	Pro	Asp	Glu	Thr	Gly	Lys	Arg	Phe	Gln	Asp	Asp	Val	Leu	Asp	Asn
			100					105					110		
Arg	Cys	Ser	Ser	Met	Lys	Pro	Ile	Phe	His	Gly	Gln	Pro	Met	Ser	Gln
		115					120					125			
Pro	Ala	Pro	Pro	Met	Pro	His	Gln	Gln	Ser	Thr	Ile	Arg	Pro	Arg	Val
	130					135					140				
Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg
145					150					155					160
Leu	Arg	Arg	Glu	Arg	Ile	Ala	Glu	Arg	Ile	Arg	Ser	Leu	Gln	Glu	Leu
			165					170						175	
Val	Pro	Thr	Val	Asn	Lys	Thr	Asp	Arg	Ala	Ala	Met	Ile	Asp	Glu	Ile
			180					185					190		
Val	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu	Arg	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met
		195					200					205			
Ser	Arg	Leu	Gly	Gly	Ala	Gly	Ala	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Thr	Glu	Met
	210					215					220				
Pro	Leu	Ser	Ser	Ser	Val	Glu	Asp	Glu	Thr	Gln	Ala	Val	Trp	Glu	Lys
225					230					235					240
Trp	Ser	Asn	Asp	Gly	Thr	Glu	Arg	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu	Glu
				245					250					255	
Asn	Val	Gly	Ala	Ala	Met	Gln	Leu	Leu	Gln	Ser	Lys	Ala	Leu	Cys	Ile
			260					265					270		
Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Met	Ala	Ile	Tyr	His	Ser	Gln	Pro	Pro	Asp
		275					280					285			
Thr	Ser	Ser	Ser	Ile	Val	Lys	Pro	Glu	Met	Asn	Pro	Pro	Pro		
	290					295					300				

<210> 260

<211> 310

5

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 260

ES 2 539 530 T3

Met	Ala	Ser	Asn	Asn	Pro	His	Asp	Asn	Leu	Ser	Asp	Gln	Thr	Pro	Ser
1				5					10					15	
Asp	Asp	Phe	Phe	Glu	Gln	Ile	Leu	Gly	Leu	Pro	Asn	Phe	Ser	Ala	Ser
			20					25					30		
Ser	Ala	Ala	Gly	Leu	Ser	Gly	Val	Asp	Gly	Gly	Leu	Gly	Gly	Gly	Ala
		35					40					45			
Pro	Pro	Met	Met	Leu	Gln	Leu	Gly	Ser	Gly	Glu	Glu	Gly	Ser	His	Met
	50					55					60				
Gly	Gly	Leu	Gly	Gly	Ser	Gly	Pro	Thr	Gly	Phe	His	Asn	Gln	Met	Phe
65					70					75					80
Pro	Leu	Gly	Leu	Ser	Leu	Asp	Gln	Gly	Lys	Gly	Pro	Gly	Phe	Leu	Arg
				85					90					95	
Pro	Glu	Gly	Gly	His	Gly	Ser	Gly	Lys	Arg	Phe	Ser	Asp	Asp	Val	Val
			100					105					110		
Asp	Asn	Arg	Cys	Ser	Ser	Met	Lys	Pro	Val	Phe	His	Gly	Gln	Pro	Met
		115					120					125			
Gln	Gln	Pro	Pro	Pro	Ser	Ala	Pro	His	Gln	Pro	Thr	Ser	Ile	Arg	Pro
	130					135					140				
Arg	Val	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala
145					150					155					160
Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Arg	Ile	Ala	Glu	Arg	Ile	Arg	Ala	Leu	Gln
			165						170					175	
Glu	Leu	Val	Pro	Thr	Val	Asn	Lys	Thr	Asp	Arg	Ala	Ala	Met	Ile	Asp
		180						185					190		
Glu	Ile	Val	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu	Arg	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu
	195						200					205			
Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Gly	Ala	Gly	Ala	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Thr
	210				215						220				
Asp	Met	Pro	Leu	Ser	Ser	Ser	Val	Glu	Asp	Glu	Thr	Gly	Glu	Gly	Gly
225				230					235						240
Arg	Thr	Pro	Gln	Pro	Ala	Trp	Glu	Lys	Trp	Ser	Asn	Asp	Gly	Thr	Glu
			245						250					255	
Arg	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu	Glu	Asn	Val	Gly	Ala	Ala	Met	Gln
		260					265						270		
Leu	Leu	Gln	Ser	Lys	Ala	Leu	Cys	Met	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Met
		275					280					285			
Ala	Ile	Tyr	His	Ser	Gln	Pro	Pro	Asp	Thr	Ser	Ser	Val	Val	Lys	Pro
	290					295					300				
Glu	Asn	Asn	Pro	Pro	Gln										
305					310										

<210> 261

<211> 831

<212> PRT

5

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 261

Met	Met	Asn	Ser	Ser	Leu	Leu	Thr	Pro	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	His
1				5					10					15	
Ile	Gln	Thr	Pro	Ser	Thr	Thr	Phe	Asp	His	Glu	Asp	Phe	Leu	Asp	Gln
			20					25					30		
Ile	Phe	Ser	Ser	Ala	Pro	Trp	Pro	Ser	Val	Val	Asp	Asp	Ala	His	Pro
		35					40					45			
Leu	Pro	Ser	Asp	Gly	Phe	His	Gly	His	Asp	Val	Asp	Ser	Arg	Asn	Gln
	50					55					60				
Pro	Ile	Met	Met	Met	Pro	Leu	Asn	Asp	Gly	Ser	Ser	Val	His	Ala	Leu
65					70					75					80
Tyr	Asn	Gly	Phe	Ser	Val	Ala	Gly	Ser	Leu	Pro	Asn	Phe	Gln	Ile	Pro
				85				90						95	
Gln	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Leu	Met	Asn	Gln	Gln	Gly	Gln	Thr	Gln	Thr
			100					105					110		
Gln	Thr	Gln	Pro	Gln	Ala	Ser	Ala	Ser	Thr	Ala	Thr	Gly	Gly	Thr	Val
			115				120					125			
Ala	Ala	Pro	Pro	Gln	Ser	Arg	Thr	Lys	Ile	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln
	130					135					140				
Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Arg	Ile
145					150					155					160
Ala	Glu	Arg	Met	Lys	Ala	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Asn	Gly	Asn	Lys
				165				170						175	
Thr	Asp	Lys	Ala	Ser	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Ile	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe
			180					185					190		
Leu	Gln	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Gly	Ala
		195					200					205			
Ala	Ser	Val	Ser	Ser	Gln	Ile	Ser	Glu	Ala	Gly	Gly	Ser	His	Gly	Asn
	210					215					220				
Ala	Ser	Ser	Ala	Met	Val	Gly	Gly	Ser	Gln	Thr	Ala	Gly	Asn	Ser	Asn
225					230					235					240
Asp	Ser	Val	Thr	Met	Thr	Glu	His	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu	Glu
				245				250						255	
Asp	Met	Gly	Ser	Ala	Met	Gln	Tyr	Leu	Gln	Gly	Lys	Gly	Leu	Cys	Leu
			260					265						270	
Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Thr	Ala	Ile	Ser	Thr	Ala	Thr	Cys	His	Ser
		275					280					285			
Arg	Asn	Pro	Leu	Ile	Pro	Gly	Ala	Val	Ala	Asp	Val	Gly	Gly	Pro	Ser
	290					295					300				
Pro	Pro	Asn	Leu	Ser	Gly	Met	Thr	Ile	Gln	Ser	Thr	Ser	Thr	Lys	Met
305					310					315					320
Gly	Ser	Gly	Asn	Gly	Lys	Leu	Asn	Gly	Asn	Gly	Val	Thr	Glu	Arg	Ser
				325				330						335	
Ser	Ser	Ile	Ala	Val	Lys	Glu	Ala	Val	Ser	Val	Ser	Lys	Ala	Ala	Thr
			340					345					350		
Gly	Met	Gln	Phe	Asp	Glu	Ser	Asp	Ala	Arg	Val	Trp	Ile	Trp	Phe	Glu
		355					360					365			
Ile	Arg	Arg	Glu	Asp	Asp	Ile	Val	Glu	Leu	Leu	Trp	Gln	Ser	Gly	Gln
	370					375					380				
Val	Val	Gly	Thr	Asn	Gln	Thr	His	Arg	Gln	Ser	Tyr	Asp	Pro	Pro	Pro
385					390					395					400
Ile	Leu	Arg	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Arg	Gly	Glu	Glu	Asn	Ala	Pro	Leu
				405					410					415	
Ser	Gln	Pro	Pro	Pro	His	Leu	His	Gln	Gln	Asn	Leu	Phe	Ile	Gln	Glu
			420					425					430		
Gly	Glu	Met	Tyr	Ser	Trp	Leu	His	His	Ser	Tyr	Arg	Gln	Asn	Tyr	Phe
		435					440					445			
Cys	Ser	Glu	Leu	Leu	Asn	Ser	Thr	Pro	Ala	Thr	His	Pro	Gln	Ser	Ser
	450					455					460				
Ile	Ser	Leu	Ala	Pro	Arg	Gln	Thr	Ile	Ala	Thr	Arg	Arg	Ala	Glu	Asn

465					470					475				480
Phe	Met	Asn	Phe	Ser	Trp	Leu	Arg	Gly	Asn	Ile	Phe	Thr	Gly	Gly
				485					490					495
Val	Asp	Glu	Ala	Gly	Pro	Ser	Phe	Ser	Val	Val	Arg	Glu	Ser	Met
			500					505					510	
Val	Gly	Ser	Asn	Thr	Thr	Pro	Pro	Ser	Ser	Ser	Ala	Thr	Glu	Ser
		515					520					525		Cys
Val	Ile	Pro	Ala	Thr	Glu	Gly	Thr	Ala	Ser	Arg	Val	Ser	Gly	Thr
	530					535					540			Leu
Ala	Ala	His	Asp	Leu	Gly	Arg	Lys	Gly	Lys	Ala	Val	Ala	Val	Glu
545					550					555				560
Ala	Gly	Thr	Pro	Ser	Ser	Gly	Val	Cys	Lys	Ala	Glu	Thr	Glu	Pro
			565						570					575
Gln	Ile	Gln	Pro	Ala	Thr	Glu	Ser	Lys	Leu	Lys	Ala	Arg	Glu	Glu
			580					585					590	Thr
His	Gly	Thr	Glu	Glu	Ala	Arg	Gly	Ser	Thr	Ser	Arg	Lys	Arg	Ser
	595						600					605		Arg
Thr	Ala	Glu	Met	His	Asn	Leu	Ala	Glu	Arg	Arg	Arg	Arg	Glu	Lys
	610					615					620			Ile
Asn	Glu	Lys	Met	Lys	Thr	Leu	Gln	Gln	Leu	Ile	Pro	Arg	Cys	Asn
625					630					635				640
Val	Glu	Ser	Asp	Ser	Val	Ser	Thr	Leu	Ile	Ser	Leu	Leu	Lys	Phe
			645						650					655
Arg	Trp	Met	Met	Leu	Ser	Ser	Thr	Ser	Asn	Arg	Tyr	Arg	Ala	Lys
		660						665					670	Tyr
Lys	Tyr	Ala	Leu	Gln	Asn	Arg	Met	Cys	Phe	Lys	Pro	Met	Val	Gln
	675					680						685		His
Gly	Lys	Ser	Ser	Tyr	Val	Ser	Ser	Phe	Val	Glu	Met	Met	Ser	Thr
	690				695					700				Gly
Gln	Gly	Met	Met	Ser	Pro	Met	Met	Asn	Ala	Gly	Asn	Thr	Gln	Gln
705					710				715					720
Met	Pro	His	Met	Ala	Met	Asp	Met	Asn	Arg	Pro	Pro	Pro	Phe	Ile
			725					730						735
Phe	Pro	Gly	Thr	Ser	Phe	Pro	Met	Pro	Ala	Gln	Met	Ala	Gly	Val
		740						745					750	Gly
Pro	Ser	Tyr	Pro	Ala	Pro	Arg	Tyr	Pro	Phe	Pro	Asn	Ile	Gln	Thr
	755					760						765		Phe
Asp	Pro	Ser	Arg	Val	Arg	Leu	Pro	Ser	Pro	Gln	Pro	Asn	Pro	Val
	770				775					780				Ser
Asn	Gln	Pro	Gln	Phe	Pro	Ala	Tyr	Met	Asn	Pro	Tyr	Ser	Gln	Phe
785					790				795					800
Gly	Pro	His	Gln	Leu	Gln	Gln	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Phe	Gln	Val
			805					810						815
Leu	Tyr	His	Gly	Ile	His	Cys	Val	Val	Ala	Gly	Asn	Pro	Tyr	Val
			820					825					830	

<210> 262

<211> 310

<212> PRT

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 262

ES 2 539 530 T3

```

Met Asn Ser Ser Ser Leu Leu Thr Pro Ser Ser Ser Pro Ser Pro His
1      5      10      15
Leu Gln Ser Pro Ala Thr Phe Asp His Asp Asp Phe Leu His His Ile
      20      25      30
Phe Ser Ser Thr Pro Trp Pro Ser Ser Val Leu Asp Asp Thr Pro Pro
      35      40      45
Pro Thr Ser Asp Cys Ala Pro Val Thr Gly Phe His His Asp Ala
      50      55      60
Asp Ser Arg Asn Gln Ile Thr Met Ile Pro Leu Ser His Asn His Pro
      65      70      75      80
Asn Asp Ala Leu Phe Asn Gly Phe Ser Thr Gly Ser Leu Pro Phe His
      85      90      95
Leu Pro Gln Gly Ser Gly Gly Gln Thr Gln Thr Gln Ser Gln Ala Thr
      100      105      110
Ala Ser Ala Thr Thr Gly Gly Ala Thr Ala Gln Pro Gln Thr Lys Pro
      115      120      125
Lys Val Arg Ala Arg Arg Gly Gln Ala Thr Asp Pro His Ser Ile Ala
      130      135      140
Glu Arg Leu Arg Arg Glu Arg Ile Ala Glu Arg Met Lys Ser Leu Gln
      145      150      155      160
Glu Leu Val Pro Asn Gly Asn Lys Thr Asp Lys Ala Ser Met Leu Asp
      165      170      175
Glu Ile Ile Asp Tyr Val Lys Phe Leu Gln Leu Gln Val Lys Val Leu
      180      185      190
Ser Met Ser Arg Leu Gly Gly Ala Ser Ala Ser Ser Gln Ile Ser
      195      200      205
Glu Asp Ala Gly Gly Ser His Glu Asn Thr Ser Ser Ser Gly Glu Ala
      210      215      220
Lys Met Thr Glu His Gln Val Ala Lys Leu Met Glu Glu Asp Met Gly
      225      230      235      240
Ser Ala Met Gln Tyr Leu Gln Gly Lys Gly Leu Cys Leu Met Pro Ile
      245      250      255
Ser Leu Ala Thr Thr Ile Ser Thr Ala Thr Cys Pro Ser Arg Ser Pro
      260      265      270
Phe Val Lys Asp Thr Gly Val Pro Leu Ser Pro Asn Leu Ser Thr Thr
      275      280      285
Ile Val Ala Asn Gly Asn Gly Ser Ser Leu Val Thr Val Lys Asp Ala
      290      295      300
Pro Ser Val Ser Lys Pro
305      310

```

<210> 263

<211> 297

5

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 263

Met Ala Asn Asn Asn Asn Pro Thr Glu Gly Leu Thr Asp Asp Phe Leu
1 5 10 15
Asp Gln Ile Leu Ser Tyr Gly Ala His Glu Gly Asn Leu Ala Gly Asn
20 25 30
Asp Val Asn Leu Ala Gly Thr Thr Thr Pro Gly Gly Ser Met Ala Leu
35 40 45
Gln Leu Ser Ser Ser Gly Gly Asp Ile Thr Gly Ser Gly Gly Tyr His
50 55 60
His His His Gln His Gln His His His Gln Leu Ser Gly Gly Gly Gly
65 70 75 80
Gly Phe Pro Leu Gly Leu Ser Leu Glu Gln Ser Gly Lys Gly Gly Phe
85 90 95
Phe Lys Pro Asp Glu Ala Ser Gly Ser Gly Lys Arg Phe Arg Asp Asp
100 105 110
Phe Val Asp Leu Lys Ala Val Ser Ser Thr Asn Asn Asp Asn Asn Asp
115 120 125
Arg Gly Asp Ser Val His Leu Asn Asn Leu Phe Pro Ala Phe Gly His
130 135 140
Val Gln Gln Gln Gln Gln Ala His Ser Val Arg Pro Pro Ser His Gln
145 150 155 160
Asn Gln Ile Asn Gln Pro Phe Leu Gly His Pro Thr Pro Gly Ala Val
165 170 175
Ala Val Val Pro His Pro Pro Ala Ile Arg Pro Arg Val Arg Ala Arg
180 185 190
Arg Gly Gln Ala Thr Asp Pro His Ser Ile Ala Glu Arg Leu Arg Arg
195 200 205
Glu Arg Ile Ala Glu Arg Met Lys Ala Leu Gln Glu Leu Val Pro Ser
210 215 220
Ser Asn Lys Thr Asp Arg Ala Ala Met Leu Asp Glu Ile Val Asp Tyr
225 230 235 240
Val Lys Phe Leu Arg Leu Gln Val Lys Val Leu Ser Met Ser Arg Leu
245 250 255
Gly Gly Ala Gly Ala Val Ala Gln Leu Val Ala Asp Ile Pro Leu Ser
260 265 270
Ser Ala Glu Gly Gly Ala Ser Glu Gly Gly Ser Asn Gln Pro Ala Trp
275 280 285
Glu Lys Trp Ser Thr Asp Gly Thr Glu His Gln Val Ala Lys Leu Met
290 295 300
Glu Glu Asp Val Gly Ala Ala Met Gln Phe Leu Gln Ser Lys Ala Leu

305 310 315 320
Cys Ile Met Pro Ile Ser Leu Ala Ser Ala Ile Tyr His Asp Gln Pro
325 330 335
Pro Asp Ala Ser Thr Met Ile Lys Pro Glu Pro Asn Ala Pro Ser
340 345 350

<210> 265

<211> 205

<212> PRT

<213> *Aquilegia vulgaris*

<400> 265

ES 2 539 530 T3

```

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

```

<210> 266

<211> 278

<212> PRT

5

<213> *Brassica napus*

<400> 266

```

His Ala Ser Glu Thr Pro Ser Asp Asp Phe Phe Glu Gln Ile Leu Gly
1      5      10      15
Leu Pro Asn Phe Ser Ala Ser Ser Ser Asp Gly Gly Leu Gly Gly Gly
20      25      30

Gly Ala Pro Pro Met Met Leu Gln Leu Gly Ser Gly Glu Glu Gly Gly
35      40      45
His Met Gly Gly Leu Gly Gly Gly Ser Gly Phe His Asn Gln Met Phe
50      55      60
Pro Leu Gly Leu Ser Leu Glu Gln Gly Lys Gly Gln Gly Phe Leu Arg
65      70      75      80
Pro Glu Gly Gly Ser Leu Gly Thr Gly Lys Arg Phe Ser Asp Asp Val
85      90      95
Met Lys Pro Val Phe His Gly Gln Pro Met Gln Gln Gln Pro Ala Pro
100      105      110
Ala Ala Pro His Gln Pro Thr Ser Ile Arg Pro Arg Val Arg Ala Arg

```

[illegible]

<210> 267

<211> 345

<212> PRT

<213> *Citrus clementina*

<400> 267

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

ES 2 539 530 T3

			260					265					270			
Ser	Ala	Ile	Tyr	Arg	Thr	Arg	Gln	Pro	Asp	Ala	Pro	Ala	Phe	Val	Lys	
		275					280					285				
Pro	Glu	Ser	Ser	Thr	Pro	Ser	Tyr	Cys	Leu	Asn	Asn	Asn	Trp	Ser	Gln	
	290					295					300					
Gln	Leu	Ala	His	Asn	Asp	Ser	Lys	Tyr	Leu	Ile	Thr	Gly	Thr	Tyr	Ser	
305					310					315					320	
Tyr	Arg	Ile	Leu	Leu	Val	Leu	Leu	Ser	Asn	Gln	Ile	Ile	Gln	Ile	Pro	
				325					330					335		
Met	Gln	Arg	Ser	His	Ser	Ser	Phe	Pro								
			340					345								

<210> 268

<211> 410

<212> PRT

5 <213> *Curcuma longa*

<400> 268

ES 2 539 530 T3

Met	Gln	Pro	Ser	Ser	Lys	Glu	Thr	Glu	Arg	Met	Ala	Gln	Ser	His	Ala	
1				5					10					15		
Ala	Leu	Gln	Leu	Glu	Leu	Gln	Asn	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Gln	Asn	Asp	
			20					25					30			
Asp	Phe	Phe	Glu	Gln	Thr	Met	Ser	Gly	Phe	Ser	Thr	Ala	Ala	Trp	Ala	
		35				40						45				
Pro	Glu	Leu	Gly	Thr	Pro	Arg	Ser	Leu	Phe	Gly	Ala	Arg	Ser	Ser	Glu	
	50					55					60					
Glu	Ser	Pro	Asp	Asp	Glu	Gly	Leu	Asn	Tyr	Ala	Pro	Pro	Tyr	Gly	Gly	
65					70					75					80	
Ser	Ser	Leu	Leu	Ala	Ser	Arg	His	Arg	Met	His	Leu	Gly	Thr	Ser	Pro	
				85					90					95		
Ala	Asp	Ser	Ser	Met	Phe	Leu	Gln	Leu	Gly	Gly	Gln	Ile	Leu	Leu	His	
			100					105					110			
Pro	Thr	Ala	Gly	Ala	Ser	Gly	Gly	Glu	Ser	Gly	Gly	Phe	Leu	Arg	Leu	
		115					120					125				
Pro	Leu	Ser	Leu	Gly	Ser	Gly	Gly	Ser	Gly	Val	Ser	Thr	Ser	Ala	Ile	
	130					135					140					
Phe	Gly	Asp	Arg	Ser	Arg	Gly	Glu	Ile	Asp	Pro	Pro	Phe	Glu	Ser	Ser	
145					150					155					160	
Asn	Pro	Thr	Glu	Ala	Glu	Val	Leu	Tyr	Asn	Asp	Gly	Phe	Thr	Gly	Ser	
				165					170					175		
Leu	Pro	Arg	Ala	Val	Gln	Ala	Ser	Leu	His	Gln	Gln	Leu	Leu	Arg	Gln	
			180					185					190			
Pro	Gln	Asn	Tyr	Gly	Ala	Ala	Thr	Leu	Thr	Gly	Gln	Ala	Leu	Ala	Ile	
		195					200					205				
Thr	Ala	Thr	Ala	Ser	Gly	Thr	Ala	Gly	Ala	Gly	Thr	Ala	Pro	Pro	Lys	
	210					215					220					
Pro	Arg	Val	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	
225					230					235					240	
Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Arg	Ile	Ala	Glu	Arg	Met	Lys	Ala	Leu	
				245					250					255		
Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Asn	Ala	Asn	Lys	Thr	Asp	Lys	Ala	Ser	Met	Leu	
			260					265					270			
Asp	Glu	Ile	Ile	Asp	Tyr	Leu	Lys	Phe	Leu	Gln	Leu	Gln	Val	Lys	Val	
		275					280					285				
Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Gly	Ala	Ala	Ala	Val	Ala	Pro	Leu	Val	
	290					295					300					
Ala	Asp	Met	Ser	Ser	Glu	Ser	Gly	Gly	Gly	Ala	Gly	Thr	Pro	Arg	Ser	
305					310					315					320	
Asn	Asn	Asp	Gly	Leu	Thr	Ala	Ala	Glu	Gln	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Leu	
				325					330					335		
Glu	Glu	Asp	Met	Gly	Ser	Ala	Met	Gln	Tyr	Leu	Gln	Gly	Lys	Gly	Leu	

340

345

350

Cys	Leu	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Ser	Ala	Ile	Ser	Ser	Ala	Thr	Cys	
		355					360					365				
Arg	Pro	Arg	Pro	Pro	Pro	Gly	Val	Asn	Leu	Arg	Tyr	Pro	Ala	Ala	Gly	
	370					375					380					
Asp	Ala	Pro	Pro	Ser	Pro	Ser	Ile	Ser	Ala	Leu	Thr	Val	Gln	Ser	Ser	
385					390					395					400	
Asn	Ala	Gly	Ser	Ala	Gly	Ala	Asp	Ala	Ser							
				405					410							

<210> 269

<211> 281

<212> PRT

<213> híbrido de *Citrus paradisi*

ES 2 539 530 T3

<400> 269

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

<210> 270

<211> 469

5

<212> PRT

<213> *Citrus sinensis*

<400> 270

Met Gln Pro Cys Ser Ser Gly Gly Glu Met Gln Gly Ile Ser Ser Leu

ES 2 539 530 T3

1				5					10				15		
Leu	Ser	Asn	Gly	Ser	His	Glu	Gln	Gln	Ser	Gln	Ile	His	Gln	Ser	Ala
			20					25					30		
Thr	Phe	Asp	Pro	Thr	Ser	Gln	Asp	Asp	Phe	Leu	Glu	Gln	Met	Leu	Ser
		35					40					45			
Ser	Leu	Pro	Ser	Cys	Ser	Trp	Thr	Asp	Leu	Lys	Ser	Pro	Trp	Gly	Val
	50					55					60				
Val	Asp	Leu	Asn	Pro	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn	Ile	Asn	Asn	Lys	Gln
65					70					75					80
Pro	Arg	Asp	Leu	Ser	Asp	Glu	Thr	Ala	Pro	Ser	Thr	Thr	Gln	Glu	Asn
				85					90					95	
Asn	Val	Pro	Ala	Gly	Phe	Gln	Phe	Asp	Glu	Ser	Met	Ile	Leu	Ala	Ser
			100					105					110		
Lys	Met	Arg	Gln	His	Gln	Ile	Ser	Gly	Asn	Thr	Gly	Ser	Gly	Asn	Asn
		115					120					125			
Asn	Ser	Ala	Ala	Ala	Lys	Phe	Met	Met	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Ile
	130					135					140				
Met	Met	Ala	Ala	Ala	Arg	Gly	Gly	Ile	Gly	Leu	Pro	Leu	Ser	Leu	Gly
145					150					155					160
Asn	Gly	Gly	Asp	Asn	Asp	Ile	Val	Asp	Val	Ser	Ser	Phe	Lys	Ser	Gln
				165					170					175	
Gln	Gly	Gly	Asp	Gly	Ser	Val	Gln	Ala	Leu	Tyr	Asn	Gly	Phe	Thr	Gly
			180					185					190		
Ser	Leu	His	Gly	Ser	Thr	Gln	Pro	Gln	His	Phe	His	His	Leu	Gln	Gly
		195						200					205		
Gly	Ser	Met	Pro	Gly	Gln	Thr	Phe	Gly	Ala	Pro	Gly	Pro	Val	Met	Asn
	210					215					220				
Gln	Thr	Gln	Ala	Gln	Ala	Ser	Gly	Ser	Thr	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly
225					230					235					240
Gly	Asn	Thr	Pro	Ala	Gln	Gln	Pro	Lys	Gln	Arg	Val	Arg	Ala	Arg	Arg
				245					250					255	
Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu
			260					265					270		
Arg	Ile	Ala	Glu	Arg	Met	Lys	Ala	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Asn	Ala
		275					280					285			
Asn	Lys	Thr	Asp	Lys	Ala	Ser	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Ile	Asp	Tyr	Val
	290					295					300				
Lys	Phe	Leu	Gln	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly
305					310				315						320
Gly	Ala	Ala	Ala	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Ala	Asp	Met	Ser	Ser	Glu	Gly
				325					330					335	
Gly	Gly	Gly	Asp	Cys	Ile	Gln	Ala	Asn	Gly	Arg	Asn	Pro	Asn	Gly	Ala
			340					345					350		
Gln	Thr	Thr	Ser	Ala	Asn	Asp	Ser	Leu	Thr	Val	Thr	Glu	His	Gln	Val
		355					360					365			
Ala	Lys	Leu	Met	Glu	Glu	Asp	Met	Gly	Ser	Ala	Met	Gln	Tyr	Leu	Gln
	370					375					380				
Gly	Lys	Gly	Leu	Cys	Leu	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Thr	Ala	Ile	Ser
385					390				395						400
Thr	Ala	Thr	Cys	His	Ser	Arg	Asn	Pro	Ile	Ile	Ser	Thr	Ser	Asn	Asn
				405					410					415	
Asn	Asn	Asn	Asn	Gly	Asn	Pro	His	His	Asn	Pro	Leu	Leu	Gln	Ser	Asn
			420					425					430		
Gly	Glu	Gly	Pro	Thr	Ser	Pro	Ser	Met	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Gln	Ser
		435					440					445			
Ala	Thr	Met	Gly	Asn	Gly	Gly	Ala	Asp	Gly	Ser	Val	Lys	Asp	Ala	Ala
	450					455					460				
Ser	Val	Ser	Lys	Pro											
465															

<210> 271

<211> 320

<212> PRT

<213> *Eucalyptus grandis*

<400> 271

```

Met Ala Gly Ser Asn Pro Gln Glu Gly Leu Gly Asp Glu Phe Phe Glu
1      5      10      15
Gln Ile Leu Ala Val Pro Pro Gly Ala Tyr Ser Gly Gly Ser Thr Pro
20      25      30
Met Val Leu Gln Leu Gly Ser Gly Arg Gly Gly Val Glu Asp Gly Gly
35      40      45
Gly Arg Gly Gly Gly Gly Gly Leu Arg Gly Met Gly Val Met Met Pro
50      55      60
Leu Gly Leu Asn Leu Glu Gln Gly Gly Leu Phe Arg His Glu Asp Val
65      70      75      80
Glu Asn Ser Thr Ser Ala Ser Ser Thr Thr Ser Ala Ile Asn Met Glu
85      90      95
Arg Glu Ala Gly Val His His Gly Asn Asn Met Thr Ser Cys Leu Phe
100     105     110
Pro Ala Phe Gly Gln Phe Gln Thr His Gln Ser Val Gln Pro Pro Pro
115     120     125
Pro His Pro Pro Pro Pro Gln Leu His Pro Ala Phe Leu Asn Gln Pro
130     135     140
Ala Val Gly Ser Pro Asn Gln Pro Ala Ile Arg Pro Arg Ala Arg Ala
145     150     155     160
Arg Arg Gly Gln Ala Thr Asp Pro His Ser Ile Ala Glu Arg Leu Arg
165     170     175
Arg Glu Arg Ile Asn Glu Arg Met Lys Ala Leu Gln Glu Leu Val Pro
180     185     190
Ser Cys Asn Lys Thr Asp Arg Ala Ala Met Leu Asp Glu Ile Val Asp
195     200     205
Tyr Val Lys Phe Leu Arg Leu Gln Val Lys Val Leu Ser Met Ser Arg
210     215     220
Leu Gly Gly Ala Gly Ala Val Ala Gln Leu Val Ala Asp Val Pro Leu
225     230     235     240
Ser Ser Ala Glu Gly Glu Ile Ile Glu Gly Gly Asn Asn Gln Pro Ala
245     250     255
Trp Glu Lys Trp Leu Thr Asp Gly Thr Glu Gln Gln Val Ala Lys Leu
260     265     270
Met Glu Glu Asp Val Gly Ala Ala Met Gln Phe Leu Gln Ser Lys Thr
275     280     285
Leu Cys Ile Met Pro Ile Ser Leu Ala Ser Ala Ile Phe Arg Thr Ser
290     295     300
Gln Pro Asp Met Pro Arg Ser Ile Lys Pro Glu Ser Ser Ala Pro Ser
305     310     315     320

```

5

<210> 272

<211> 346

<212> PRT

<213> *Eucalyptus grandis*

<400> 272

```

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

```

10

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

<210> 273

<211> 265

<212> PRT

5 <213> *Gossypium hirsutum*

<400> 273

ES 2 539 530 T3

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

<210> 274

<211> 306

5

<212> PRT

<213> *Gossypium hirsutum*

<400> 274

ES 2 539 530 T3

Met	Ile	Ser	Asn	Gly	Gly	Glu	Ser	Ser	Glu	Phe	Arg	Arg	Ser	Phe	Thr
1				5					10					15	
Gly	Leu	Glu	Thr	Leu	Ser	Pro	Ile	Pro	Gln	Leu	Trp	His	Leu	Gln	Pro
			20					25					30		
Tyr	Asp	Ser	Val	Ser	Ser	Leu	Pro	Thr	Leu	Val	Gly	Gln	Thr	Ile	Val
		35					40					45			
Asp	Asp	Glu	Gly	Asn	Ile	Asn	Arg	Phe	Ile	Glu	Ile	Asp	Glu	Ile	Leu
	50					55					60				
Gln	Pro	Glu	Asn	Leu	Ser	Ala	Ser	Ile	Asn	Ser	Lys	Gly	Gln	Gln	Asp
65					70					75					80
Met	Gln	Asn	Ser	Phe	Cys	Ser	Ser	Phe	Pro	Ala	Asp	His	Pro	Ile	Thr
				85					90					95	
Lys	Thr	Met	Ile	Gly	Leu	Pro	Ser	Leu	Val	Gln	Gly	Ala	Ser	Pro	Asn
			100					105					110		
Leu	Asn	Asn	Gly	Ser	Asp	Arg	Thr	Val	Lys	Pro	Arg	Val	Arg	Ala	Arg
		115					120					125			
Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg
	130					135					140				
Glu	Lys	Ile	Ala	Glu	Arg	Met	Lys	Asn	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Asn
145					150					155					160
Ser	Asn	Lys	Thr	Asp	Lys	Ala	Ser	Ile	Leu	Asp	Glu	Ile	Ile	Gly	Tyr
				165					170					175	
Val	Lys	Phe	Leu	Gln	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu
			180					185					190		
Gly	Ala	Ala	Ala	Ala	Val	Val	Pro	Leu	Ile	Thr	Asp	Gly	Arg	Ala	Glu
		195					200					205			
Val	Ser	Asn	Gly	Leu	Ser	Leu	Ala	Pro	Leu	Ala	Gly	Gln	Gly	Val	Asp
		210				215					220				
Phe	Ser	Pro	Ser	Pro	Asp	Gln	Val	Val	Phe	Glu	Gln	Glu	Val	Val	Lys
225					230					235					240
Leu	Met	Glu	Ser	Asn	Met	Thr	Met	Ala	Met	Gln	Tyr	Leu	Gln	Ser	Lys
				245					250					255	
Gly	Phe	Cys	Leu	Met	Pro	Val	Ala	Leu	Ala	Ala	Ala	Ile	Ser	Asn	Val
			260					265						270	
Lys	Ser	Ser	Thr	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Val	Pro	Ala	Ser	Asp	Glu
		275					280					285			
Ser	Lys	Lys	Leu	Gly	Leu	His	Gln	Gln	Tyr	Ser	Asn	Gln	Gln	His	Leu
	290					295					300				

Gln Gln

305

<210> 275

<211> 303

<212> PRT

<213> *Gossypium hirsutum*

<400> 275

Met Ala Asn Asn Pro Asn Glu Ser Pro Ala Asp Asp Phe Leu Glu Gln
1 5 10 15
Ile Leu Gly Leu Ser His Phe Ala Pro Thr Glu Thr Gly Leu Ala Gly
20 25 30
Pro Asp Gly Arg Leu Ser Gly Asn Ala Thr Thr Ala Gly Ala Pro Met
35 40 45
Leu Leu Gln Leu Ser Ser Gly Gly Gly Thr Gly His Ile Gly Ala Ile
50 55 60
Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Phe His Gly Gln Val Phe Pro Leu Gly
65 70 75 80
Leu Ser Leu Glu Gln Gly Lys Gly Gly Phe Leu Lys Pro Glu Glu Ala
85 90 95
Ser Gly Ser Ser Lys Arg Phe Arg Asn Glu Val Val Asp Gly Arg Ala
100 105 110
Phe Ser Val Lys Asn Val Phe His Gly Gln Pro Val Pro Ala Thr Val
115 120 125
Ala Ala Gly Pro His Pro Pro Ala Met His Pro Arg Val Arg Ala Arg
130 135 140
Arg Gly Gln Ala Thr Asp Pro His Ser Ile Ala Glu Arg Leu Arg Arg
145 150 155 160
Glu Arg Ile Ala Glu Arg Ile Arg Ala Leu Gln Glu Leu Val Pro Ser
165 170 175
Val Asn Lys Thr Asp Arg Ala Ala Met Leu Asp Glu Ile Val Asp Tyr
180 185 190
Val Lys Phe Leu Arg Leu Gln Val Lys Val Leu Ser Met Ser Arg Leu
195 200 205
Gly Ala Ala Gly Ala Val Ala Pro Leu Val Thr Asp Leu Pro Leu Ser
210 215 220
Ser Val Glu Asp Glu Ser Gly Glu Gly Gly Arg Ser Gln Pro Ala Trp
225 230 235 240
Glu Lys Trp Ser Asn Asp Gly Thr Glu Arg Gln Val Ala Lys Leu Met
245 250 255
Glu Glu Asp Val Gly Ala Ala Met Gln Phe Leu Gln Ser Lys Ala Leu
260 265 270
Cys Val Met Pro Ile Ser Leu Ala Thr Ala Ile Tyr His Thr Gln Ser
275 280 285
Pro Asp Thr Ser Ser Val Val Lys Pro Glu Thr Asn Pro Pro Ser
290 295 300

<210> 276

<211> 304

<212> PRT

5 <213> *Gossypium hirsutum*

<400> 276

Met Ala Asn Asn Thr Asn Glu Ala Pro Ala Ala Asp Asp Phe Leu Glu
1 5 10 15
Gln Ile Leu Gly Leu Pro Asn Phe Ala Pro Ser Glu Thr Gly Leu Ala
20 25 30
Gly Ser Asp Ala Gly Leu Ala Ala Thr Ala Ala Gly Ala Gly Ala Pro
35 40 45
Met Phe Leu Gln Leu Ser Ser Gly Asp Gly Ala Ala His Ile Gly Gly

ES 2 539 530 T3

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

<210> 277

<211> 305

<212> PRT

5

<213> *Gossypium hirsutum*

<400> 277

Met Ala Asn Asn Pro Asn Glu Ala Ser Ala Asp Asp Phe Leu Glu Gln	
1	5
Ile Leu Gly Phe Pro Asn Phe Ala Pro Ser Glu Thr Gly Leu Ala Gly	
	20
Pro Asp Gly Gly Leu Thr Gly Thr Thr Ala Gly Ala Gly Thr Pro Met	
	35
Phe Leu Gln Leu Ser Ser Gly Asp Gly Ala Ser His Leu Gly Gly Ile	
	50
Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Phe Pro Gly Gln Val Phe Pro Leu Gly	
65	70
Leu Ser Leu Asp Gln Gly Lys Ser Gly Gly Phe Leu Lys Pro Glu Glu	
	85
Gly Ser Gly Gly Ser Ser Arg Arg Phe Arg Asp Glu Val Val Asp Gly	
	100
Arg Ala Ser Ser Val Lys Asn Val Phe His Gly Ser Pro Met Pro Ala	
	115
Thr Val Ala Pro Ser Pro His Pro Pro Thr Met Arg Pro Arg Val Arg	
	130
Ala Arg Arg Gly Gln Ala Thr Asp Pro His Ser Ile Ala Glu Arg Leu	
145	150
Arg Arg Glu Arg Ile Ala Glu Arg Ile Arg Ala Leu Gln Glu Leu Val	
	165
Pro Ser Val Asn Lys Thr Asp Arg Ala Val Met Leu Asp Glu Ile Val	
	170
	175

[illegible]

<210> 278

<211> 427

<212> PRT

<213> *Gossypium hirsutum*

<400> 278

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

ES 2 539 530 T3

290	Ala	Asn	Gly	Gly	Ser	His	Pro	Arg	Asn	Ser	Asn	Gly	Asp	Gln	Thr	Pro
305	Ser	Ala	Asn	Asp	Arg	Leu	Thr	Met	Thr	Glu	His	Gln	Val	Ala	Lys	Leu
					325					330						335
	Met	Glu	Glu	Asp	Met	Gly	Ser	Ala	Met	Gln	Tyr	Leu	Gln	Glu	Lys	Gly
				340					345					350		
	Leu	Cys	Leu	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Thr	Ala	Ile	Ser	Ser	Ala	Thr
				355				360					365			
	Ser	Arg	Ser	Arg	Asn	Pro	Met	Ile	Asn	His	Glu	Asn	Pro	Ala	Asn	Gly
		370					375					380				
	Ser	His	Leu	Leu	Ile	Gln	Ser	Ser	Gly	Gly	Asp	Gly	Pro	Ser	Ser	Pro
	385					390					395					400
	Ser	Met	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Gln	Ser	Ala	Thr	Met	Gly	Asn	Gly	Gly
					405					410					415	
	Leu	Glu	Gly	Gly	Ala	Ala	Ser	Val	Ser	Lys	Pro					
				420					425							

<210> 279

<211> 210

<212> PRT

5

<213> Max glicina

<400> 279

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

<210> 280

<211> 335

<212> PRT

10

<213> Max glicina

<400> 280

```

Met Leu Gln His Gln Leu Leu Arg Asp Ser Gly Leu Leu Asn Met Pro
1          5          10          15
Leu Ser Leu Pro Gly Asn Asp Val Val Val Asp Ala Ser Thr Phe Glu
20          25          30
Ser Pro Asn Pro Ser Gly Lys Ala Ser Val Gln Thr Leu Tyr Asn Gly
35          40          45
Phe Ala Gly Ser Leu His Gly Val Gly Gln Ser Ser Asn Gln Thr Gln
50          55          60
His Phe Gln His Pro Gln Gly Ser Ser Asn Pro Met Gln Gly Gln Asn
65          70          75          80
Phe Gly Ala Val Pro Ala Gly Gly Gly Ser Ala Thr Asn Gln Ala Pro
85          90          95
Ala Ser Gly Ala Ala Ala Gly Gly Ala Pro Ala Gln Pro Arg Gln Arg
100         105         110
Val Arg Ala Arg Arg Gly Gln Ala Thr Asp Pro His Ser Ile Ala Glu
115         120         125
Arg Leu Arg Arg Glu Arg Ile Ala Glu Arg Met Lys Ala Leu Gln Glu
130         135         140
Leu Val Pro Asn Ala Asn Lys Thr Asp Lys Ala Ser Met Leu Asp Glu
145         150         155         160
Ile Ile Asp Tyr Val Lys Phe Leu Gln Leu Gln Val Lys Val Leu Ser
165         170         175
Met Ser Arg Leu Gly Gly Ala Ala Ala Val Ala Pro Leu Val Ala Asp
180         185         190
Met Ser Ser Glu Gly Gly Gly Asp Cys Ile Gln Ala Asn Gly Lys Ser
195         200         205
Asn Gly Gly Gly Ala Gln Ala Ser Thr Thr Asn Thr Asn Thr Asn Gln
210         215         220
Thr Thr Ala Thr Thr Thr Ser Asn Asp Ser Leu Thr Met Thr Glu His
225         230         235         240
Gln Val Ala Lys Leu Met Glu Glu Asp Met Gly Ser Ala Met Gln Tyr
245         250         255
Leu Gln Gly Lys Gly Leu Cys Leu Met Pro Ile Ser Leu Ala Thr Ala
260         265         270
Ile Ser Thr Ala Thr Cys Pro Thr Arg Asn Val Asn Val Asn Pro Leu
275         280         285
Ile Asn Ala Ala Ala Gly Ala Thr His Phe Pro Thr Ala Ala Asn Pro
290         295         300
Ala Gly Glu Gly Pro Ser Ser Pro Ser Met Ser Val Leu Thr Val Gln
305         310         315         320
Ser Ala Ile Ala Gly Asn Asp Gly Ala Ala Ser Val Ser Lys Pro
325         330         335

```

<210> 281

<211> 331

5

<212> PRT

<213> Max glicina

<400> 281

ES 2 539 530 T3

Met	Ala	Gly	Asn	Ser	Gly	Ser	Glu	Gly	Leu	Gly	Asp	Asp	Phe	Phe	Glu
1				5					10					15	
Gln	Ile	Leu	Ala	Val	Pro	Glu	Ala	Gly	Thr	Val	Gly	Met	Leu	Gln	Leu
			20					25					30		
Gly	Ser	Thr	Thr	Gly	Ala	Phe	Arg	Gly	Ala	Ser	Gly	Leu	Met	Pro	Leu
		35					40					45			
Gly	Leu	Asn	Leu	Glu	Gln	Ala	Ala	Phe	Leu	Arg	His	Gln	Val	Asn	Val
	50					55					60				
Asp	Asp	Asp	Val	Val	His	Val	Asn	Val	Asp	Asp	Ala	Thr	Ile	His	Gln
65					70					75					80
His	His	Leu	Thr	Leu	His	Asn	Asn	Asn	Asn	Ser	Ser	Ser	Pro	Ser	Ser
				85					90					95	
Thr	Ala	Pro	Ile	Thr	Asp	Arg	Asp	Ser	Met	His	Met	Arg	Gly	Leu	Phe
				100					105					110	
Ser	Ala	Phe	Gly	Gln	Leu	His	Thr	Pro	Ile	Arg	Pro	Thr	Leu	Pro	Leu
		115					120					125			
Pro	Pro	Pro	Pro	Arg	Gln	Pro	Gln	Leu	His	Leu	His	His	His	Asn	Gln
	130					135					140				
Phe	Gln	Gly	Gln	Ala	Ala	Ala	Ala	Pro	Ala	Ser	Met	Ala	Ala	Met	Pro
145				150						155					160
Gln	Pro	Pro	Gly	Ile	Arg	Pro	Arg	Val	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala
			165					170						175	
Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Arg	Ile	Ala
		180					185					190			
Glu	Arg	Met	Lys	Ala	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Ser	Ile	Asn	Lys	Thr
		195					200					205			
Asp	Arg	Ala	Ala	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Val	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu
	210					215					220				
Arg	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Gly	Ala	Gly
225					230					235					240
Ala	Val	Ala	Gln	Leu	Val	Ala	Asp	Val	Pro	Leu	Ser	Ala	Val	Glu	Gly
			245						250					255	
Asp	Gln	Asp	Ile	Glu	Gly	Gly	Ala	Asn	Glu	Gln	Ala	Trp	Asp	Lys	Trp
			260					265					270		
Ser	Asn	Asp	Gly	Thr	Glu	Gln	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu	Glu	Asp
		275					280					285			
Val	Gly	Ala	Ala	Met	Gln	Phe	Leu	Gln	Ser	Lys	Ala	Leu	Cys	Ile	Met
	290					295					300				
Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Ser	Ala	Ile	Phe	Arg	Met	Pro	Gln	Ser	Glu	Ala
305					310					315					320
Ser	Thr	Gly	Ile	Lys	Pro	Glu	Ser	Asn	Ser	His					
				325					330						

<210> 282

<211> 244

5

<212> PRT

<213> Max glicina

<400> 282

ES 2 539 530 T3

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

<210> 283

<211> 303

5

<212> PRT

<213> *Gossypium raimondii*

<400> 283

ES 2 539 530 T3

Met	Ala	Asn	Asn	Pro	Asn	Glu	Ser	Pro	Ala	Asp	Asp	Phe	Leu	Glu	Gln
1				5					10					15	
Ile	Leu	Gly	Leu	Ser	His	Phe	Ala	Pro	Thr	Glu	Thr	Gly	Leu	Ala	Gly
			20					25					30		
Pro	Asp	Gly	Arg	Leu	Ser	Gly	Asn	Ala	Thr	Thr	Ala	Gly	Ala	Pro	Met
		35					40					45			
Leu	Leu	Gln	Leu	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Thr	Gly	His	Ile	Gly	Ala	Ile
	50					55					60				
Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Phe	His	Gly	Gln	Val	Phe	Pro	Leu	Gly
65					70					75					80
Leu	Ser	Leu	Glu	Gln	Gly	Lys	Gly	Gly	Phe	Leu	Lys	Pro	Glu	Glu	Ala
				85					90				95		
Ser	Gly	Ser	Ser	Lys	Arg	Phe	Arg	Asn	Glu	Val	Val	Asp	Gly	Arg	Ala
			100					105					110		
Phe	Ser	Val	Lys	Asn	Val	Phe	His	Gly	Gln	Pro	Val	Pro	Ala	Thr	Val
		115					120					125			
Ala	Ala	Gly	Pro	His	Pro	Pro	Ala	Met	Arg	Pro	Arg	Val	Arg	Ala	Arg
	130					135					140				
Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg
145					150					155					160
Glu	Arg	Ile	Ala	Glu	Arg	Ile	Arg	Ala	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Ser
				165					170					175	
Val	Asn	Lys	Thr	Asp	Arg	Ala	Ala	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Val	Asp	Tyr
			180					185					190		
Val	Lys	Phe	Leu	Arg	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu
		195					200					205			
Gly	Ala	Ala	Gly	Ala	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Thr	Asp	Leu	Pro	Leu	Ser
	210					215					220				
Ser	Val	Glu	Asp	Glu	Ser	Gly	Glu	Gly	Gly	Arg	Ser	Gln	Pro	Ala	Trp
225					230					235					240
Glu	Lys	Trp	Ser	Asn	Asp	Gly	Thr	Glu	Arg	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Met
				245					250					255	
Glu	Glu	Asp	Val	Gly	Ala	Ala	Met	Gln	Phe	Leu	Gln	Ser	Lys	Ala	Leu
			260				265						270		
Cys	Val	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Thr	Ala	Ile	Tyr	His	Thr	Gln	Ser
		275					280					285			
Pro	Asp	Thr	Ser	Ser	Val	Val	Lys	Pro	Glu	Thr	Asn	Pro	Pro	Ser	
	290					295					300				

<210> 284

<211> 306

<212> PRT

5 <213> *Helianthus petiolaris*

<400> 284

Met	Ser	Thr	Asp	Pro	Pro	Glu	Gly	Tyr	Gly	Asp	Asp	Phe	Leu	Glu	Gln

ES 2 539 530 T3

1				5					10				15			
Ile	Leu	Ala	Ile	Pro	Ser	Tyr	Asn	Ile	Thr	Gly	Cys	Leu	Pro	Val	Asn	
			20					25					30			
Thr	Ala	Asp	Ser	Thr	Gly	Ser	Glu	Thr	Val	Ser	Val	His	His	Gln	Gln	
		35					40					45				
Gln	Gln	Pro	Gln	Gln	Gln	Leu	Gln	Pro	Gln	Lys	Phe	Pro	Leu	Gly	Leu	
	50					55					60					
Ser	Leu	Asp	Asn	Gly	Arg	Glu	Thr	Ile	Gly	Gly	Ala	Phe	Ala	Gly	Gln	
65					70					75					80	
Gln	Gln	Gln	Leu	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Arg	Glu	Arg	Gly	Gly	Ser	Met	
				85					90					95		
Asn	Met	Ser	Gly	Leu	Phe	Pro	Gln	Phe	Glu	Asn	Leu	Gln	Ser	His	Ser	
			100					105					110			
Leu	Leu	His	Thr	Val	Pro	Gln	Gly	Phe	Gln	Gly	Gln	Pro	Thr	Ser	Ser	
		115					120					125				
Thr	Ala	Val	Thr	Val	Pro	His	Pro	Pro	Thr	Ile	Arg	Pro	Arg	Val	Arg	
	130					135					140					
Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	
145					150					155					160	
Arg	Arg	Glu	Arg	Ile	Ala	Glu	Arg	Met	Arg	Ala	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	
				165					170					175		
Pro	Ser	Cys	Asn	Lys	Thr	Asp	Lys	Ala	Ala	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Leu	
			180					185				190				
Asp	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu	Arg	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	
	195						200					205				
Arg	Leu	Gly	Gly	Ala	Gly	Ala	Val	Ala	Gln	Leu	Val	Ser	Asp	Val	Pro	
	210					215					220					
Leu	Gln	Ser	Val	Glu	Gly	Asp	Gly	Ser	Glu	Asn	Gly	Tyr	Asn	Asn	Gln	
225					230					235					240	
Gln	Gln	Gly	Gln	Ala	Ala	Trp	Glu	Asn	Trp	Ser	Asn	Asp	Asp	Thr	Glu	
				245					250					255		
Arg	Glu	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu	Glu	Asp	Val	Gly	Ala	Ala	Met	Gln	
			260					265				270				
Phe	Leu	Gln	Ser	Lys	Ala	Leu	Cys	Ile	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Ser	
	275						280					285				
Leu	Ile	Tyr	Pro	Asn	His	Gln	Pro	Asp	Val	Lys	Pro	Glu	Pro	Ser	Ala	
	290					295					300					
Pro	Ser															
305																

<210> 285

<211> 481

<212> PRT

5

<213> *Horedeum vulgare*

<400> 285

ES 2 539 530 T3

Met	Asn	Tyr	Ser	Asp	Gly	Ser	Phe	Phe	Pro	Ser	Trp	Pro	Gly	Asn	Ser	1	5	10	15
Ala	Ser	Glu	Asn	Tyr	Ser	Phe	Val	Asp	Gly	Ser	Val	Glu	Ser	Tyr	Thr	20	25	30	
Glu	Glu	Gly	Ser	Met	Pro	Thr	Thr	Gly	Tyr	Phe	Arg	Ala	Arg	Ser	Asn	35	40	45	
Gln	Asn	Leu	Thr	Phe	Asp	Glu	His	Glu	Gln	Asn	Pro	Ala	Met	Leu	Ala	50	55	60	
Asn	Gly	Cys	Leu	Pro	Tyr	Asn	Thr	Gln	Thr	Asp	Leu	Leu	Ser	Gly	Glu	65	70	75	80
Ile	Leu	Ser	Asp	Asp	Lys	Pro	Ser	Asn	Ser	Leu	Val	Glu	Leu	Ser	Gln	85	90	95	
Leu	Gln	Asn	Asn	Val	Cys	Leu	Gln	Asn	Asn	Leu	Ile	Pro	Pro	Gly	Thr	100	105	110	
Leu	Gln	Cys	Asn	Ser	Thr	Pro	Gly	Thr	Phe	Asp	Leu	Gln	Leu	Asp	Thr				
																115	120	125	
Pro	Gly	Leu	Leu	Glu	Leu	Pro	His	Ala	Leu	Ser	Ser	Ser	Ile	Glu	Ser	130	135	140	
Asn	Gly	Ser	Glu	Val	Ser	Ala	Phe	Leu	Ala	Asp	Val	Gln	Ala	Val	Ser	145	150	155	160
Ser	Ala	Ser	Thr	Leu	Cys	Ser	Thr	Phe	Gln	Asn	Val	Pro	Ser	Tyr	Met	165	170	175	
Glu	Pro	Val	Ser	Leu	Glu	Ala	Phe	Ser	Phe	Gln	Gly	Met	Gln	Asn	Ala	180	185	190	
Ala	Met	Phe	Asn	Asn	Ala	Ser	His	Ser	Asn	Gly	Asn	Leu	Ser	Val	Phe	195	200	205	
Asp	Glu	Ala	Thr	Met	Ala	Ser	Leu	His	Asp	Ser	Lys	Glu	Phe	Leu	Asn	210	215	220	
Gly	Ser	Ile	Ser	Ser	Leu	Gly	Thr	Gly	Gln	Gln	Ser	Gln	Leu	Ala	Gly	225	230	235	240
Gly	Gly	Leu	Lys	Ala	Glu	Gln	Gln	Glu	Gln	Asn	Thr	Met	Cys	Asn	Ile	245	250	255	
Pro	Leu	Pro	Ser	Phe	Val	Ser	Ala	Ser	Gln	Met	Ala	Val	Ser	Glu	Ala	260	265	270	
Gln	Gly	Ala	Leu	Ile	Pro	Ser	Lys	Thr	Thr	Ser	Ile	Thr	His	Asn	Asn	275	280	285	
Lys	Ser	Glu	Tyr	Pro	Ile	Pro	Ile	Ser	His	Ser	Ala	Asp	Val	Gln	His	290	295	300	
Lys	Ala	Asn	Ser	Gly	Asn	Gly	Asn	Ser	Ala	Ser	Ala	Lys	Pro	Arg	Ala	305	310	315	320
Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	325	330	335	
Leu	Arg	Arg	Glu	Lys	Ile	Ser	Glu	Arg	Met	Lys	Asn	Leu	Gln	Asp	Leu	340	345	350	
Val	Pro	Asn	Ser	Asn	Lys	Ala	Asp	Lys	Ser	Ser	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	355	360	365	
Ile	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu	Gln	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	370	375	380	
Ser	Arg	Leu	Gly	Ala	Pro	Gly	Ala	Val	Leu	Pro	Leu	Leu	Ala	Glu	Ser	385	390	395	400
Gln	Thr	Glu	Gly	Arg	Ser	Asn	Ser	Pro	Leu	Ser	Ser	Pro	Thr	Thr	Ser	405	410	415	
Gln	Gly	Leu	Leu	Asp	Val	Ala	Gly	Pro	Glu	Asp	Ser	Leu	Val	Phe	Glu	420	425	430	
Gln	Glu	Val	Ile	Lys	Leu	Met	Glu	Thr	Ser	Ile	Thr	Asn	Ala	Met	Gln	435	440	445	
Tyr	Leu	Gln	Asn	Lys	Gly	Leu	Cys	Leu	Met	Pro	Ile	Ala	Leu	Ala	Ser	450	455	460	
Ala	Ile	Ser	Asn	Gln	Lys	Gly	Thr	Ser	Ala	Ala	Ile	Pro	Pro	Glu		465	470	475	480
Arg																			

<210> 286

<211> 290

<212> PRT

<213> *lactuca perennis*

5

<400> 286

```

Met Ala Thr Asp Pro Pro Glu Gly Tyr Gly Asp Asp Phe Leu Glu Gln
1      5      10      15
Ile Leu Ala Ile Pro Ser Tyr Asn Ile Ala Gly Cys Leu Pro Gly Asn
20      25      30
Thr Thr Asp Ala Asn Ala Ser Glu Thr Val Ser Val His Arg Gln Gln
35      40      45
Gln Gln Gln Gln Pro Val Phe Pro Leu Gly Leu Ser Leu Asp Asn Gly
50      55      60
Arg Glu Thr Ile Gly Ala Phe Ala Gly Gln Gln Gln Gln Arg Glu Arg
65      70      75      80
Gly Gly Ser Met Asn Met Thr Gly Leu Phe Pro Ser Phe Glu Asn Leu
85      90      95
Gln Ser His Ser Leu Leu His Ser Val Pro Gln Ala Phe Gln Gly Gln
100     105     110
Ser Thr Thr Ser Thr Ala Val Thr Val Pro His Pro Pro Ser Ile Arg
115     120     125
Pro Arg Val Arg Ala Arg Arg Gly Gln Ala Thr Asp Pro His Ser Ile
130     135     140
Ala Glu Arg Leu Arg Arg Glu Arg Ile Ala Glu Arg Met Arg Ala Leu
145     150     155     160
Gln Glu Leu Val Pro Ser Cys Asn Lys Thr Asp Lys Ala Ala Met Leu
165     170     175
Asp Glu Ile Leu Asp Tyr Val Lys Phe Leu Arg Leu Gln Val Lys Val
180     185     190
Leu Ser Met Ser Arg Leu Gly Gly Ala Gly Ala Val Ala Gln Leu Val
195     200     205
Ser Asp Val Pro Leu Gln Ser Val Glu Gly Asp Thr Ser Glu Asn Gly
210     215     220
Tyr Asn Gln Pro Ala Trp Glu Asn Trp Ser Asn Asp Asp Thr Glu Arg
225     230     235     240
Glu Val Ala Lys Leu Met Glu Glu Asp Val Gly Ala Ala Met Gln Phe
245     250     255
Leu Gln Ser Lys Ala Leu Cys Ile Met Pro Ile Ser Leu Ala Ser Leu
260     265     270
Ile Tyr Pro Pro Gln Thr Pro Asp Ser Asn Ser His Val Lys Pro Glu
275     280     285
Thr Val
290

```

<210> 287

<211> 296

<212> PRT

<213> *Nicotiana benthamiana*

<400> 287

10

ES 2 539 530 T3

Met	Ala	Thr	Asn	Gln	Pro	Glu	Gly	Tyr	Ala	Asp	Asp	Phe	Leu	Glu	Gln
1			5						10					15	
Ile	Leu	Ala	Ile	Pro	Ser	Tyr	Ala	Gly	Leu	Pro	Pro	Val	Ala	Asp	Val
			20					25					30		
Gly	Thr	Ser	Ser	Glu	Thr	Thr	Ser	Phe	Thr	Ser	Ala	Ser	Ala	Ala	Gly
		35					40					45			
Leu	Gln	Gln	Pro	Leu	Phe	Pro	Leu	Gly	Leu	Ser	Leu	Glu	Asn	Gly	Arg
	50					55					60				
Asp	Asp	Val	Ser	Asp	Ala	Gly	Ala	Tyr	Ala	Val	Lys	His	Glu	Arg	Glu
65					70					75					80
Gly	Ile	Asn	Ile	Gly	Asn	Leu	Tyr	Ala	Gly	Leu	Glu	His	Leu	Gln	Ser
			85						90					95	
His	Ala	Val	Arg	His	Ala	Val	Pro	Pro	Val	His	His	Ile	Gln	Ser	Phe
			100					105					110		
Gln	Gly	Gln	Pro	Thr	Thr	Ser	Thr	Thr	Met	Thr	Val	Pro	His	Ser	Pro
		115					120					125			
Ala	Ile	Arg	Pro	Arg	Val	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro
	130					135					140				
His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Arg	Ile	Ser	Glu	Arg	Ile
145					150					155					160
Lys	Ala	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Ser	Cys	Asn	Lys	Thr	Asp	Arg	Ala
			165						170					175	
Ala	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Leu	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu	Arg	Leu	Gln
			180						185				190		
Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Gly	Ala	Ser	Ala	Val	Ala
		195					200					205			
Gln	Leu	Val	Ala	Asp	Ile	Pro	Leu	Gln	Ser	Met	Glu	Gly	Asp	Ser	Ala
	210					215					220				
Glu	Ser	Lys	Ser	Asn	Gln	His	Ile	Trp	Glu	Lys	Trp	Ser	Asn	Val	Asp
225					230					235					240
Thr	Glu	Gln	Glu	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu	Glu	Asp	Val	Gly	Ala	Ala
			245						250				255		
Met	Gln	Tyr	Leu	Gln	Ser	Lys	Ser	Leu	Cys	Ile	Met	Pro	Ile	Ser	Leu
			260				265						270		
Ala	Ala	Leu	Ile	Tyr	Pro	Thr	Gln	Gln	Pro	Asp	Asp	Met	Ser	Met	Val
		275					280					285			
Lys	Pro	Glu	Pro	Ala	Ala	Pro	Ser								
	290					295									

<210> 288

<211> 443

5

<212> PRT

<213> *Nicotiana benthamiana*

<400> 288

ES 2 539 530 T3

Met	Gln	Ala	Met	Asn	Gln	Tyr	Asp	Pro	Thr	Ser	Ser	His	Asp	Asp	Phe
1				5					10					15	
Leu	Asp	Gln	Ile	Leu	Ser	Ser	Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Leu	Cys	Trp	Pro
			20					25					30		
Asp	Leu	Ser	Lys	Ser	Trp	Asp	Pro	His	His	His	His	Leu	Ser	Pro	Pro
		35					40					45			
Leu	Pro	Pro	Asn	Pro	Ser	Ser	Gly	Asp	Asp	His	Gln	Leu	Pro	Pro	Ser
	50					55					60				
Asn	Pro	Leu	Gln	His	Phe	Gln	Tyr	Asp	Asp	Gln	Ser	Ser	Ser	Phe	Leu
65					70					75					80
Ala	Ala	Lys	Leu	Arg	Gln	His	Gln	Ile	Thr	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly
				85					90					95	
Gly	Asp	Ala	Val	Ala	Ala	Ala	Lys	Ala	Leu	Leu	Leu	Gln	Gln	Gln	Leu
			100					105					110		
Leu	Leu	Ser	Arg	Thr	Leu	Ala	Gly	Asn	Gly	Leu	Arg	Ser	Pro	Thr	Gly
		115					120					125			
Ala	Ser	Gly	Asp	Asn	Gly	Phe	Leu	Asn	Met	Leu	Gly	Asn	Gly	Asp	Gln
	130					135					140				
Asn	Asp	Ser	Val	Gly	Asn	Pro	Ala	Asn	Asp	Ser	Ser	Val	Gln	Ala	Leu
145					150					155					160
Phe	Asn	Gly	Phe	Thr	Gly	Ser	Leu	Gly	Gln	Asn	Ser	Ser	Gln	Pro	Gln
				165					170					175	
His	Phe	Leu	His	Pro	Gln	Gly	Gly	Arg	Met	Gln	Ala	Gln	Ser	Phe	Gly
			180					185					190		
Ala	Pro	Ala	Thr	Ala	Pro	Ala	Met	Asn	Gln	Thr	Pro	Ala	Ala	Ser	Gly
		195					200					205			
Ser	Ala	Gly	Gly	Gly	Thr	Thr	Pro	Ala	Ala	Gln	Pro	Lys	Gln	Gln	Arg
	210					215					220				
Val	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu
225					230					235					240
Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Arg	Ile	Ala	Glu	Arg	Met	Lys	Ala	Leu	Gln	Glu
				245					250					255	
Leu	Val	Pro	Asn	Ala	Asn	Lys	Thr	Asp	Lys	Ala	Ser	Met	Leu	Asp	Glu
			260					265					270		
Ile	Ile	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu	Gln	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser
		275					280					285			
Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Gly	Ala	Ala	Ala	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Ala	Asp
	290					295					300				
Met	Ser	Ser	Glu	Gly	Arg	Gly	Glu	Gly	Asn	Gly	Gly	Arg	Gly	Gly	Asn
305					310					315					320
Gly	Thr	Ala	Ser	Ser	Ser	Asn	Asn	Asp	Ser	Met	Thr	Val	Thr	Glu	His
				325					330					335	
Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu	Glu	Asp	Met	Gly	Ser	Ala	Met	Gln	Tyr
			340					345					350		
Leu	Gln	Gly	Lys	Gly	Leu	Cys	Leu	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Thr	Ala
		355						360				365			
Ile	Ser	Thr	Ala	Thr	Cys	His	Ser	Arg	Asn	Pro	Met	Ile	Pro	Asn	Gly
	370					375					380				
Asn	Gly	Gly	Asn	Asn	Pro	Leu	Leu	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Leu	Ala	Thr
385					390					395					400
Asn	Gly	Gly	Gly	Gly	Glu	Ala	Gly	Gly	Pro	Ser	Ser	Pro	Lys	Leu	Ser
				405					410					415	
Val	Leu	Thr	Val	Gln	Ser	Ala	Thr	Ile	Gly	Asn	Gly	Gly	Ile	Asp	Pro
			420					425					430		
Ser	Val	Lys	Asp	Ala	Thr	Ser	Val	Phe	Glu	Ala					
		435					440								

<210> 289

<211> 387

<212> PRT

<213> *Nicotiana benthamiana*

<400> 289

```

Met Gln Ala Met Asn Ser Gln Met Ser Leu Gln Glu Glu Asn Gly Ala
1      5      10      15
Ser Ser Gly Gln Asn Met Ser His Ser His Phe Asp Pro Thr Ser Ser
20      25      30
His Asp Asp Phe Leu Gln Gln Ile Leu Ser Ser Val Pro Ser Ser Ser
35      40      45
Pro Trp Pro Asp Leu Ser Ser Gly Gly Asp Gly His Phe Asp Asp Gln
50      55      60
Ser Ile Phe Val Ala Ser Lys Leu Arg Gln Asn Gln Ile Thr Gly Gly
65      70      75      80
Gly Gly Gly Gly Ala Ala Ala Lys Ala Leu Met Leu Gln Gln Gln Leu
85      90      95
Leu Leu Ser Arg Gly Leu Leu Ala Gly Asn Gly Asp Gln Asn Asp Asp
100      105      110
Val Gly Asn Pro Glu Asn Glu Ile Ser Val Gln Ala Leu Tyr Asn Gly
115      120      125
Phe Ala Gly Ser Leu Gly Gln Thr Ser Asn Gln Pro Gln His Phe His
130      135      140
His Ala Gln Gly Gly Ser Met Gln Ala Gln Ser Phe Gly Ala Pro Ala
145      150      155      160
Ser Ser Thr Met Asn Gln Thr Pro Ala Ala Ser Gly Gly Ser Ala Gly
165      170      175
Gly Gly Gln Pro Lys Gln Gln Lys Val Arg Ala Arg Arg Gly Gln Ala
180      185      190
Thr Asp Pro His Ser Ile Ala Glu Arg Leu Arg Arg Glu Arg Ile Ala
195      200      205
Glu Arg Met Lys Ser Leu Gln Glu Leu Val Pro Asn Ala Asn Lys Thr
210      215      220
Asp Lys Ala Ser Met Leu Asp Glu Ile Ile Asp Tyr Val Arg Phe Leu
225      230      235      240
Gln Leu Gln Val Lys Val Leu Ser Met Ser Arg Leu Gly Gly Ala Ala
245      250      255
Ala Val Ala Pro Leu Val Ala Asp Arg Ser Ser Glu Gly Gly Gly Gly
260      265      270
Asp Cys Ala Gln Ala Asn Gly Gly Gly Arg Gly Ser Asn Gly Thr Thr
275      280      285
Ser Leu Ala Asn Asn Asp Ser Met Thr Met Thr Glu His Gln Val Ala
290      295      300
Lys Leu Met Glu Glu Asp Met Gly Ser Ala Met Gln Tyr Leu Gln Gly
305      310      315      320
Lys Gly Leu Cys Leu Met Pro Ile Ser Leu Ala Thr Ala Ile Ser Thr
325      330      335
Ala Thr Cys His Ser Met Lys Leu Asn Asn Pro Leu Leu His Gly Gly
340      345      350
Gly Ser Gly Gly Ser Ala Ala Ile Asn Gly Gly Gly Gly Gly Pro Ser
355      360      365
Ser Pro Ser Leu Ser Ala Ser Thr Val Gln Ser Ala Thr Met Gly Asn
370      375      380
Gly Gly Ala
385

```

5

<210> 290

<211> 302

<212> PRT

<213> *Nicotiana benthamiana*

<400> 290

ES 2 539 530 T3

Met	Ala	Asn	Asn	Pro	Ser	Glu	Gly	Pro	Asp	Asp	Phe	Phe	Asp	Gln	Ile
1				5					10					15	
Leu	Gly	Phe	Pro	Ala	Tyr	Asn	Gly	Ala	Glu	Thr	Asn	Leu	Ala	Gly	Ser
			20					25					30		
Asp	Ala	Gly	Ala	Ile	Pro	Pro	Ala	Met	Leu	Leu	Gln	Leu	Asn	Ser	Gly
		35					40					45			
Asp	Ala	Ser	Gly	Gln	Phe	Ser	Gly	Met	Gly	Leu	Gly	Val	Gly	Leu	Gly
	50					55					60				
Gly	Gly	Gly	Gly	Phe	His	His	Pro	Ser	Gln	Ser	Gly	Ser	Phe	Pro	Leu
65				70						75					80
Gly	Leu	Ser	Leu	Glu	Gly	Gly	Lys	Ser	Gly	Phe	Met	Lys	Met	Asp	Asp
				85					90					95	
Val	Pro	Ala	Val	Pro	Gly	Arg	Arg	Phe	Arg	Asp	Asp	Val	Val	Asp	Ser
			100					105					110		
Arg	Ala	Ser	Ser	Ser	Val	Lys	Pro	Gly	Phe	His	Gly	Gln	Pro	Met	Pro
		115					120					125			
Ser	Met	Pro	His	Pro	Pro	Ala	Ile	Arg	Pro	Arg	Val	Arg	Ala	Arg	Arg
	130					135					140				
Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu
145				150					155						160
Arg	Ile	Ala	Glu	Arg	Ile	Arg	Ala	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Asn	Val
				165					170					175	
Asn	Lys	Thr	Asp	Arg	Ala	Ile	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Val	Asp	Tyr	Val
			180					185					190		
Lys	Phe	Leu	Arg	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly
		195					200					205			
Gly	Ala	Ala	Ala	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Thr	Glu	Ile	Pro	Ile	Ser	Ser
	210					215					220				
Val	Glu	Glu	Glu	Ile	Ser	Glu	Gly	Gly	Asn	Asn	Gln	Pro	Ala	Trp	Glu
225				230					235						240
Lys	Trp	Ser	Ser	Asp	Gly	Thr	Glu	Arg	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu
				245					250					255	
Glu	Asn	Val	Gly	Ser	Ala	Met	Gln	Phe	Leu	Gln	Ser	Lys	Ala	Leu	Cys
			260					265					270		
Ile	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Ser	Ala	Ile	Tyr	His	Ser	Gln	Pro	Pro
		275					280						285		
Asp	Thr	Ser	Ser	Leu	Ile	Lys	Pro	Glu	Thr	Asn	Pro	Pro	Ser		
	290					295					300				

<210> 291

<211> 298

<212> PRT

5

<213> *Nicotiana tabacum*

<400> 291

ES 2 539 530 T3

```

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

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

```

<210> 292

<211> 524

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 292

```

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

```

65					70					75				80
Asp	Gly	Leu	Gly	Phe	Ala	Ala	Met	Asp	Asp	Asp	Gly	Gly	Ala	Ala
				85					90					95
Leu	Gly	Ala	Leu	Glu	Pro	Cys	Ala	Met	Pro	Leu	Thr	Asp	Ser	Gly
			100					105					110	
Pro	Pro	Val	Ile	Cys	Ser	Ser	Ser	Ser	Asn	Asp	Ser	Ser	Gly	Ser
		115						120					125	
His	Ser	Ala	Ala	Met	Pro	Ala	Gly	Gly	Gly	Phe	Leu	Val	Gly	Glu
		130					135				140			
Gln	Gln	His	Val	Pro	Pro	Ala	Ala	Tyr	Ala	Ala	Gly	Gly	Val	Leu
145					150					155				160
Ser	Met	Ala	Ala	Gly	Glu	Glu	Thr	Pro	Gln	Ser	Phe	Gly	Phe	Gly
				165					170					175
Leu	Phe	Asn	Gly	Asp	Leu	Leu	Gln	Glu	Ala	Thr	Val	Ser	Lys	Tyr
			180					185					190	
His	His	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Leu	Gly	Val	Val	Pro	Ser	Ser	Gln
		195					200					205		
His	His	Leu	Asn	Asp	Asp	Ile	Asp	Phe	Asn	Thr	Gly	Lys	Leu	Met
		210				215					220			
Phe	Ala	Ser	Gly	Gln	Gln	His	Val	Thr	Pro	Ser	Ile	Asp	Ser	Leu
225				230						235				240
Ile	Asp	Gln	Lys	Glu	Phe	Ser	Ser	Gly	Leu	His	His	Leu	Asn	Leu
				245					250					255
Ser	Leu	Ile	Ser	Gly	Pro	Leu	Ala	Ser	Phe	Asn	Ala	Thr	Gln	Ser
			260					265					270	
Arg	Gln	Pro	Ala	Glu	Ala	Cys	Gly	Gly	Lys	Asn	Gly	Gly	Ala	Ala
		275					280					285		Pro
Phe	Val	Asn	Leu	Ser	Glu	Val	Leu	Pro	Lys	Gly	Asn	Gly	Ser	Gly
	290					295					300			Ser
Ala	Gly	Asn	Gly	Ala	Pro	Lys	Pro	Arg	Val	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly
305				310						315				Gln
Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Lys
				325					330					335
Ser	Asp	Arg	Met	Lys	Asp	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Asn	Ser	Asn
			340					345					350	Lys
Thr	Asn	Lys	Ala	Ser	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Ile	Asp	Tyr	Val	Lys
		355					360					365		Phe
Leu	Gln	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Ala
	370					375					380			Ala
Glu	Ala	Val	Val	Pro	Leu	Leu	Thr	Glu	Thr	Gln	Thr	Glu	Ser	Pro
385					390					395				Gly
Phe	Leu	Leu	Ser	Pro	Arg	Ser	Ser	Ser	Gly	Glu	Arg	Gln	Ala	Gly
				405					410					Ala
Gly	Ala	Val	Thr	Gly	Gly	Leu	Pro	Gly	Asp	Gln	Pro	Glu	Leu	Leu
			420					425					430	Asp
Gly	Gly	Ala	Met	Phe	Glu	Gln	Glu	Val	Val	Lys	Leu	Met	Glu	Asp
		435					440					445		Asn
Met	Thr	Thr	Ala	Met	Gln	Tyr	Leu	Gln	Ser	Lys	Gly	Leu	Cys	Leu
	450					455					460			Met
Pro	Val	Ala	Leu	Ala	Ser	Ala	Ile	Ser	Ala	Gln	Lys	Gly	Thr	Ser
465					470					475				Ser
Ala	Ala	Val	Arg	Pro	Glu	Lys	Lys	Lys	Asn	Gly	Asp	Gly	Asp	Gly
				485					490					Gly
Gly	Asp	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Gly	Glu	Phe	Asp	Ala	Pro	Arg	Arg
			500					505					510	Pro
Pro	Val	Gly	Arg	Pro	Lys	Glu	Met	Arg	Ser	Arg	Val			
		515					520							

<210> 293

<211> 441

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 293

Met	Gln	Pro	Asn	Ala	Arg	Gln	Met	Arg	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly
1				5					10					15		
Gly	Gly	Gln	Asp	Phe	Phe	Asp	Gln	Met	Leu	Ser	Thr	Leu	Pro	Ala		
			20				25					30				
Val	Trp	Ser	Glu	Leu	Gly	Ser	Gly	Lys	Pro	Ala	Trp	Asp	Leu	Thr	Ala	
		35					40					45				
Gly	Ala	Val	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Ser	Asp	Asp	His	Ser	Ala	Ala	
	50					55					60					
Ala	Phe	Asp	Asp	Ser	Ala	Leu	Leu	Ala	Ser	Arg	Leu	Arg	Gln	His	Gln	
65					70					75					80	
Ile	Asp	Gly	Gly	Gly	Asp	Lys	Pro	Ile	Met	Leu	Gln	Leu	Ser	Asp	Leu	
				85					90					95		
His	Arg	His	His	Gly	Leu	Ala	Ala	Gly	Asp	Asp	Ser	Gly	Gly	Ala	Ala	
			100					105					110			
Gly	Phe	Leu	Pro	Leu	Ser	Leu	Phe	Ala	Asp	Arg	Ser	Gln	Asp	Asp	Ile	
		115					120					125				
Asp	Ala	Ala	Phe	Lys	Ser	Pro	Asn	Gly	Ala	Arg	Gly	Asp	His	Ala	Leu	
	130					135					140					
Tyr	Asn	Gly	Phe	Gly	Ala	Ala	Gly	Met	His	Gly	Ala	Ala	Ala	Met	Gln	
145				150						155					160	
Pro	Pro	Pro	Phe	Gly	Gln	Gly	Gly	Ser	Met	Pro	Ala	Gln	Ser	Phe	Gly	
			165						170					175		
Gly	Gly	Ala	Ala	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Ala	Ser	Ala	
			180				185						190			
Ala	Ala	Ala	Ala	Gly	Ala	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Ala	Ala	Ala	Pro	Pro	
		195				200						205				
Arg	Gln	Arg	Gln	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	
	210				215						220					
Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Arg	Ile	Ala	Glu	Arg	Met	Lys	Ala	
225				230						235					240	
Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Asn	Ala	Asn	Lys	Thr	Asp	Lys	Ala	Ser	Met	
			245						250					255		
Leu	Asp	Glu	Ile	Ile	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu	Gln	Leu	Gln	Val	Lys	
			260					265					270			
Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Gly	Ala	Ser	Ala	Val	Ala	Pro	Leu	
		275					280					285				
Val	Ala	Asn	Met	Ser	Ser	Glu	Ser	Asn	Gly	Asn	Gly	Asn	Ala	Thr	Ser	
	290					295					300					
Ser	Ser	Gly	Asn	Gly	Glu	Ala	Ala	Asn	Gly	Ser	Ser	Asn	Gly	Asp	Asn	
305				310						315					320	
Asn	Gly	Gly	Gly	Thr	Leu	Arg	Val	Thr	Glu	Gln	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	
				325					330					335		
Met	Glu	Glu	Asp	Met	Gly	Ser	Ala	Met	Gln	Tyr	Leu	Gln	Gly	Lys	Gly	
			340					345					350			
Leu	Cys	Leu	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Thr	Ala	Ile	Ser	Ser	Ala	Thr	
		355					360					365				
Ser	Ser	Ser	Leu	Leu	Pro	Arg	Thr	Gly	Gly	Gly	Ala	Gly	Gly	Ser	Leu	
	370					375					380					
His	Glu	Gly	Gly	Asn	Gly	Thr	Ser	Pro	Pro	Leu	Val	Asn	Gly	Thr	Ala	
385				390						395					400	
Thr	Gly	Cys	Asp	Asp	Ala	Gly	Val	Phe	Phe	Ser	Val	Lys	Phe	Val	Val	
				405					410					415		
Glu	Leu	Ser	Phe	Leu	Leu	Leu	Asn	Glu	Asp	Cys	Arg	Gly	Lys	Glu	Glu	
			420					425					430			
Ser	Lys	Leu	Leu	Val	Gln	Lys	Gly	Pro								
		435					440									

<210> 294

<211> 294

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 294

```

Met Ala Gly Gln Gln Pro Gln Gln Gln Gly Pro Pro Glu Asp Asp Phe
1      5      10
Phe Asp Gln Phe Phe Ser Leu Thr Ser Ser Phe Pro Gly Ala Ala Pro
      20      25      30
Gly Gly Arg Ala Ala Gly Asp Gln Pro Phe Ser Leu Ala Leu Ser Leu
      35      40      45
Asp Ala Ala Ala Ala Ala Glu Ala Ser Gly Ser Gly Lys Arg Leu Gly
      50      55      60
Val Gly Asp Asp Ala Glu Gly Gly Gly Ser Lys Ala Asp Arg Glu Thr
65      70      75      80
Val Gln Leu Thr Gly Leu Phe Pro Pro Val Phe Gly Gly Gly Gly Val
      85      90      95
Gln Pro Pro Asn Leu Arg Pro Thr Pro Pro Thr Gln Val Phe His Pro
      100      105      110
Gln Gln Ser Lys Gln Gly Gly Ala Ala Val Gly Pro Gln Pro Pro Ala
      115      120      125
Pro Arg Pro Lys Val Arg Ala Arg Arg Gly Gln Ala Thr Asp Pro His
      130      135      140
Ser Ile Ala Glu Arg Leu Arg Arg Glu Arg Ile Ala Glu Arg Met Arg
145      150      155      160
Ala Leu Gln Glu Leu Val Pro Asn Thr Asn Lys Thr Asp Arg Ala Ala
      165      170      175
Met Leu Asp Glu Ile Leu Asp Tyr Val Lys Phe Leu Arg Leu Gln Val
      180      185      190
Lys Val Leu Ser Met Ser Arg Leu Gly Gly Ala Gly Ala Val Ala Gln
      195      200      205
Leu Val Ala Asp Ile Pro Leu Ser Val Lys Gly Glu Ala Ser Asp Ser
      210      215      220
Gly Gly Asn Gln Gln Ile Trp Glu Lys Trp Ser Thr Asp Gly Thr Glu
225      230      235      240
Arg Gln Val Ala Lys Leu Met Glu Glu Asp Ile Gly Ala Ala Met Gln
      245      250      255
Phe Leu Gln Ser Lys Ala Leu Cys Met Met Pro Ile Ser Leu Ala Met
      260      265      270
Ala Ile Tyr Asp Thr Gln Gln Thr Gln Asp Gly Gln Pro Val Lys His
      275      280      285
Glu Pro Asn Thr Pro Ser
      290

```

<210> 295

5

<211> 367

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 295

```

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

```

ES 2 539 530 T3

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

<210> 296

<211> 478

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 296

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

Gly Ser Asp Ile Ser Ala Phe Leu Ala Asp Val His Ala Val Ser Ser
 145 150 155 160
 Ala Pro Thr Leu Cys Ser Ala Phe Gln Asn Val Ser Ser Phe Met Glu
 165 170 175
 Pro Val Asn Leu Asp Ala Phe Gly Phe Gln Gly Ala Gln Asn Val Ala
 180 185 190
 Met Leu Asn Lys Thr Ser Leu Pro Asn Gly Asn Pro Ser Leu Phe Asp
 195 200 205
 Asn Ala Ala Ile Ala Ser Leu His Asp Ser Lys Glu Phe Leu Asn Gly
 210 215 220
 Gly Ser Ile Pro Ser Phe Gly Thr Val Leu Gln Ala Leu Gly Ala Gly
 225 230 235 240
 Gly Leu Lys Ala Ala Gln Gln Glu Gln Asn Ile Arg Asn Ile Pro Leu
 245 250 255
 Pro Thr Phe Thr Ser Gly Ser His Leu Ala Val Thr Asp Ala Gln Gly
 260 265 270
 Pro Pro Leu Pro Ser Lys Ile Pro Pro Leu Ile His Asp His Asn Ser
 275 280 285
 Glu Tyr Pro Ile Asn His Ser Ser Asp Val Glu Pro Gln Ala Asn Ser
 290 295 300
 Ala Pro Gly Asn Ser Ala Asn Ala Lys Pro Arg Thr Arg Ala Arg Arg
 305 310 315 320
 Gly Gln Ala Thr Asp Pro His Ser Ile Ala Glu Arg Leu Arg Arg Glu
 325 330 335
 Lys Ile Ser Glu Arg Met Lys Asn Leu Gln Val Leu Val Pro Asn Ser
 340 345 350
 Asn Lys Ala Asp Lys Ala Ser Met Leu Asp Glu Ile Ile Asp Tyr Val
 355 360 365
 Lys Phe Leu Gln Leu Gln Val Lys Val Leu Ser Met Ser Arg Leu Gly
 370 375 380
 Ala Pro Gly Ala Val Leu Pro Leu Leu Arg Glu Ser Gln Thr Glu Cys
 385 390 395 400
 His Ser Asn Pro Ser Leu Ser Ala Ser Thr Ile Ser Gln Gly Pro Pro
 405 410 415
 Asp Met Pro Asp Ser Glu Asp Ser Ser Ala Phe Glu Gln Glu Val Val
 420 425 430
 Lys Leu Met Glu Thr Ser Ile Ile Ser Ala Met Gln Tyr Leu Gln Asn
 435 440 445
 Lys Gly Leu Cys Leu Met Pro Ile Ala Leu Ala Ser Ala Ile Ser Asn
 450 455 460
 Gln Lys Gly Met Ala Ala Ala Ala Ile Pro Pro Glu Lys
 465 470 475

<210> 297

<211> 499

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 297

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

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Ala Ala Val Lys Gln Met Val
 100 105 110
 Leu Gln Gln Leu Ala Asp Leu Arg Gln Gly His His Met Met Leu Gln
 115 120 125
 Gly Leu Gly Gly Arg Ser Pro Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Asp
 130 135 140
 Gly Gly Leu Leu Leu Pro Leu Thr Leu Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly
 145 150 155 160
 Asp Val Gln Ala Leu Lys Ala Ala Ala Asn Ser Ala Gly Gly
 165 170 175
 Gly Asp Ala Gly Gly Val Tyr Gly Gly Gly Phe Ala Gly Ser Leu His
 180 185 190
 Gln Gln Gln Gln His Phe Gln Pro His Pro Gln Thr Ala Pro Thr Ile
 195 200 205
 Pro Thr Gln Ser Phe Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Thr
 210 215 220
 Ala Ser Gly Gly Gly Ala Ala Gln Pro Gln Ala Gly Ala Ala Gly Gly
 225 230 235 240
 Gly Ala Pro Ala Pro Pro Arg Gln Arg Val Arg Ala Arg Arg Gly Gln
 245 250 255
 Ala Thr Asp Pro His Ser Ile Ala Glu Arg Leu Arg Arg Glu Arg Ile
 260 265 270
 Ala Glu Arg Met Lys Ala Leu Gln Glu Leu Val Pro Asn Ala Asn Lys
 275 280 285
 Leu Met Gln Thr Asp Lys Ala Ser Met Leu Asp Glu Ile Ile Asp Tyr
 290 295 300
 Val Lys Phe Leu Gln Leu Gln Val Lys Ala Ser Thr Tyr Thr Lys Leu
 305 310 315 320
 Leu Ile His Val Leu Ser Met Ser Arg Leu Gly Gly Ala Ala Ala Val
 325 330 335
 Ala Pro Leu Val Ala Asp Met Ser Ser Glu Gly Arg Gly Gly Gly Ala
 340 345 350
 Ala Asn Gly Gly Ala Pro Ala Ala Gly Ser Asp Ser Leu Thr Val
 355 360 365
 Thr Glu Gln Gln Val Ala Lys Leu Met Glu Glu Asp Met Gly Thr Ala
 370 375 380
 Met Gln Tyr Leu Gln Gly Lys Gly Leu Cys Leu Met Pro Ile Ser Leu
 385 390 395 400
 Ala Ser Ala Ile Ser Ser Ala Thr Cys His Leu Arg Pro Pro Val Val
 405 410 415
 Ala Ala Ala Gln Gln Phe Pro Ala Gly Leu Gly Ala Ala Ala Ala Ala
 420 425 430
 Ala His His His Gln Leu Ser Ala Ala Ala Ala Ala Ala Met Arg
 435 440 445
 Gly His Leu Pro Gly Leu Asn Ala Asp Gly Ser Val Pro Ala Ser Pro
 450 455 460
 Ser Met Ser Val Leu Thr Ala Gln Ser Ala Met Ala Asn Gly Gly Gly
 465 470 475 480
 Gly Ala Ala Asp Gly Glu Gly Ser Gln Leu Lys Asp Ala Ala Ser Val
 485 490 495
 Ser Lys Pro

<210> 298

<211> 293

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 298

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

```

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

```

<210> 299

<211> 274

<212> PRT

5 <213> *Picea abies*

<220>

<221> misc_feature

<222> (257)..(259)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

10 <400> 299

ES 2 539 530 T3

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

<210> 300

<211> 300

5

<212> PRT

<213> *Populus deltoides*

<400> 300

ES 2 539 530 T3

Met	Ala	Asn	Asn	Pro	Thr	Glu	Pro	Pro	Ala	Asp	Asp	Phe	Leu	Gln	Glu
1				5					10					15	
Ile	Leu	Gly	Met	Pro	Asn	Phe	Ala	Ser	Ala	Glu	Ala	Gly	Leu	Val	Gly
			20					25					30		
Ala	Asp	Ala	Gly	Leu	Ala	Gly	Ala	Ala	Ala	Ala	Gln	Ala	Ser	Met	Met
		35					40					45			
Leu	Gln	Leu	Ser	Ser	Gly	Asp	Gly	Ser	Gly	His	Ile	Ser	Asp	Leu	Gly
	50					55					60				
Gly	Ala	Pro	Gly	Gly	Gly	Ser	Ala	Gly	Phe	His	Gly	Phe	Pro	Leu	Gly
65					70					75					80
Leu	Ser	Leu	Glu	Gln	Gly	Lys	Gly	Gly	Phe	Leu	Lys	Pro	Glu	Glu	Ala
				85					90					95	
Ser	Gly	Ser	Gly	Lys	Arg	Phe	Arg	Asp	Glu	Ile	Val	Asp	Gly	Arg	Ala
			100					105					110		
Lys	Asn	Val	Phe	His	Gly	Gln	Pro	Met	Pro	Thr	Thr	Val	Ala	Ile	Ala
	115						120					125			
Pro	His	Pro	Pro	Ala	Met	Arg	Pro	Arg	Val	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln
	130					135					140				
Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Arg	Ile
145					150					155					160
Ala	Glu	Arg	Ile	Arg	Ala	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Ser	Val	Asn	Lys
				165					170					175	
Thr	Asp	Arg	Ala	Thr	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Val	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe
			180					185					190		
Leu	Arg	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Gly	Ala
		195					200					205			
Gly	Ala	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Thr	Asp	Ile	Pro	Leu	Ser	Ser	Val	Glu
	210					215					220				
Asp	Glu	Thr	Gly	Glu	Gly	Gly	Arg	Asn	Gln	Pro	Ala	Trp	Glu	Lys	Trp
225					230					235					240
Ser	Asn	Asp	Gly	Thr	Glu	Arg	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu	Glu	Asn
				245					250					255	
Val	Gly	Ala	Ala	Met	Gln	Phe	Leu	Gln	Ser	Lys	Ala	Leu	Cys	Ile	Met
			260					265					270		
Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Thr	Ala	Ile	Tyr	His	Thr	Gln	Pro	Pro	Asp	Thr
		275					280					285			
Thr	Ser	Ile	Val	Lys	Pro	Glu	Thr	Asn	Pro	Gln	Ser				
	290					295					300				

<210> 301

<211> 463

5

<212> PRT

<213> *Pinus radiata*

<400> 301

Met 1	Ser	Leu	Leu	Pro 5	Pro	Gly	Ile	Gly	Gly 10	Gln	Gly	Leu	Asn	Ser 15	Gln	
Glu	Asn	Asp	Pro 20	Tyr	Pro	Tyr	Asp	Asp 25	Ser	Gln	Phe	Leu	Ala 30	Asn	Arg	
Leu	Arg	Gln 35	His	Gln	Leu	Ser	Gly 40	Asn	Ser	Ser	Met	Asn 45	Gln	Thr	Pro	
Asn	Gln 50	Ala	Ser	Gln	Gly	Ile 55	Asn	Glu	Thr	Asn 60	Thr	Ser	Pro	Gly	Arg	
Ser 65	Met	Val	Leu	Gln	Leu 70	Ser	Thr	Gly	Ser	Ala 75	Ser	Ala	Ser	Gln	Leu 80	
Leu	Ala	Ser	Met 85	Gly	Asn	Ser	Pro	Arg	Gly 90	Thr	Ala	Val	Met	Thr	Gln	
Ser	Pro	Ser	Thr 100	Gly	Gly	Ser	Cys	Asn 105	Gly	Ser	Asp	Gly	Gly 110	Met	Leu	
Pro	Leu	Pro 115	Leu	Ser	Leu	Gly	Gln 120	Ala	Gly	Lys	Ser	Gly 125	Asp	Ile	Asn	
Glu	Ser 130	Arg	Ser	Arg	Asp	Glu 135	Ile	Glu	Ala	Ser	Phe 140	Lys	Ser	Ala	Asn	
His 145	Ala	Arg	Asp	Ser	Asn 150	Leu	Gly	Gly	Leu	Phe 155	Pro	Pro	Phe	Ala	Ala 160	
Ser	Pro	Arg	Gly 165	Val	Arg	Pro	Thr	Gly	Gln 170	Asn	Phe	His	Thr	Gln	Ser 175	
Gly	Gln	Val 180	Pro	Met	Gln	Val	Tyr	Gly 185	Gly	Met	Pro	Gln	Pro 190	Gln	His	
Gln	Asn 195	Pro	Ser	Pro	Thr	Gly 200	Val	Gly	Ala	Ala	Pro	Pro 205	Val	Arg	Pro	
Arg	Val 210	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly 215	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	
Glu 225	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu 230	Arg	Ile	Ala	Glu	Arg 235	Met	Lys	Ala	Leu	Gln 240	
Glu	Leu	Val	Pro	Asn 245	Ser	Asn	Lys	Thr	Asp 250	Lys	Ala	Ser	Met	Leu	Asp 255	
Glu	Ile	Ile 260	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu 265	Gln	Leu	Gln	Val	Lys 270	Val	Leu	
Ser	Met	Ser 275	Arg	Leu	Gly	Gly	Ala 280	Gly	Ala	Val	Ala	Pro 285	Leu	Val	Ala	
Asp	Ile 290	Pro	Ala	Glu	Gly	Ala 295	Asn	Ala	Pro	Gln	Gly 300	Thr	Arg	Thr	Asn	
Ser 305	Ser	Gln	Asn	Ser	Ser 310	Pro	Asp	Gly	Leu	Ala 315	Leu	Thr	Glu	Arg	Gln 320	
Val	Ala	Lys	Leu 325	Met	Glu	Glu	Asp	Met	Gly 330	Ser	Ala	Met	Gln	Tyr	Leu 335	
Gln	Gly	Lys 340	Gly	Leu	Cys	Leu	Met	Pro 345	Ile	Ser	Leu	Ala 350	Ser	Ala	Ile	
Asn	Asn 355	Ser	Gly	Ala	Arg	Pro	Gln 360	Ala	Pro	Ser	Thr	Pro 365	Ser	Leu	Gln	
Gly	Leu	Leu	Pro	Pro	Asn	Ala	Asn	Asp	Arg	Gln	Ile	Leu	Glu	Pro	Ser	
370						375						380				
Asn 385	Ser	Ala	Leu	Ser	Ala 390	Leu	Thr	Ser	Thr	Ser 395	Met	Thr	Ile	Gln	Ser 400	
Ser	Ile	Ser	Ser	Pro 405	Gly	Ser	Gly	Ile	Thr	Glu 410	Gln	Gly	Asp	Asn	Ala 415	
His	Lys	Ala	Val 420	Asn	Gly	Thr	Arg	Asn 425	Pro	Lys	Asp	Ser	Arg	Glu	Ala 430	
Asn	Ser	Val 435	Thr	Lys	Ser	Asn	Gly 440	Ile	Gly	Gly 445	Pro	Ala	Leu	Ser	Lys	
Asn	Ala 450	Val	Lys	Gly	Glu	Asp 455	Glu	Pro	Gln	Arg	Arg 460	Thr	Gly	Gln		

<210> 302

$\langle 211 \rangle$ 325

<212> PRT

<213> *Picea sitchensis*

<400> 302

```

Met Asp Asp Ile Phe Asp Gln Leu Leu Ser Ser Ser Trp Glu Asp Ile
1      5      10      15
Asn Gly Ala Asp Arg Ser Ser Leu Asp Ser Ser Ala Gly Gly Pro Thr
20      25      30
Asn Cys Leu Pro Gly Asp Ser Met Gly Thr Leu Gln Ala Ser Ser Arg
35      40      45
Val Ser Thr Met Ser Val Thr Pro Ser Ser His Met Ser Pro Asn Leu
50      55      60
Glu Gly Gln Ala Gln Asn Asn Asp Val Gln Asn Ser Ser Ser Ser Val
65      70      75      80
Ile Ala Gly Glu Asn Thr Pro Tyr Leu Leu Lys Glu Leu Leu Val Cys
85      90      95
Ser Gln Ala Thr Asp Pro His Ser Ile Ala Glu Arg Glu Arg Arg Glu
100     105     110
Arg Ile Ala Lys Asn Leu Lys Ser Leu Gln Glu Leu Val Pro Asn Ala
115     120     125
Asn Lys Thr Asp Lys Ala Ser Met Leu Asp Glu Ile Ile Asp Tyr Val
130     135     140
Lys Phe Leu Gln Leu Gln Val Lys Val Leu Ser Met Ser Arg Leu Gly
145     150     155     160
Gly Ala Gly Ala Val Ala Pro Leu Ile Ala Asp Val Pro Ala Glu Gly
165     170     175
Ser Gly Ser Leu Ala Ser Ala Ala Leu Gly Gln Ala Gly Gly Ser Leu
180     185     190
Ser Gln Asp Gly Leu Ala Phe Glu Gln Asn Val Val Lys Leu Met Glu
195     200     205
Lys Asp Met Thr Ala Ala Met Gln Tyr Leu Gln Asn Lys Gly Leu Cys
210     215     220
Leu Met Pro Ile Ala Leu Ala Thr Ala Ile Ser Ser Ser Thr Gly Lys
225     230     235     240
Pro Leu Leu Gly Ser Gly Val Thr Asn Ser Val Asp Ser Thr Ser Asp
245     250     255
Arg Gln Ser Ser Gly Asn Gln Pro Ala Ser Leu Thr Val Asp Ser Cys
260     265     270
Ser Gly Ala Leu Gly Met Gly Ser Ala Gly Phe Gly Ser Asp Phe Leu
275     280     285
Leu Lys Glu Asn Thr Val Glu Lys Arg Gly Arg Glu Leu Val Pro Thr
290     295     300
Ala Glu Ser Asn Gly Ala Glu Phe Gly Ile Ile Ser Ser Leu Pro Lys
305     310     315     320
Leu Arg Lys Lys Glu
325

```

5

<210> 303

<211> 333

<212> PRT

<213> *Populus taeda*

<400> 303

```

Met Leu Ala Arg Glu Asn Arg Ser Gly Asp Thr Glu His Asp Asp Leu
1      5      10      15
Gln Gly Thr Leu Leu Thr Ser Tyr Thr Gly Pro Gln Gly Gly Gln Thr
20      25      30
Val Leu Pro Arg Thr Pro Gly Ala Gln Ser His Gln Gln Asn Leu Ser
35      40      45
Thr Gln Thr Ile Gln Ser Gly Glu Gly Thr Ser Leu Gln Gln Tyr Gly
50      55      60
Asn His Ser Ala Val Ser Gln Leu Gln Ser Gly Ala Gly Gly Gly Asn
65      70      75      80
Ala Ala Asn Gly Ala Ala Arg Pro Arg Val Arg Ala Arg Arg Gly Gln
85      90      95
Ala Thr Asp Pro His Ser Ile Ala Glu Arg Leu Arg Arg Glu Arg Ile
100     105     110
Ala Glu Arg Met Lys Ser Leu Gln Glu Leu Val Pro Asn Ser Asn Lys
115     120     125
Thr Asp Lys Ala Ser Met Leu Asp Glu Ile Ile Glu Tyr Val Lys Phe
130     135     140
Leu Gln Leu Gln Val Lys Val Leu Ser Met Ser Arg Leu Gly Gly Ala
145     150     155     160
Gly Ala Val Ala Pro Leu Ile Ala Asp Val Pro Ser Gln Gly Ser Gly
165     170     175
Gly Val Met Ser Thr Ala Leu Gly Gln Ala Ser Gly Pro Leu Thr Leu
180     185     190
Ser Gln Asp Gly Leu Ala Phe Glu Gln Glu Val Ala Arg Leu Met Glu
195     200     205
Ser Asn Met Thr Ser Ala Met Gln Tyr Leu Gln Asn Lys Gly Leu Cys
210     215     220
Leu Met Ser Ile Ala Leu Ala Thr Ala Ile Ser Ser Ser Ser Gly Lys
225     230     235     240
Pro Val Leu Ala Thr Val Pro Gly Thr Gly Val Asp Ser Ser Glu Lys
245     250     255
Gln Asn Ser Asp Met Gln Ser Ile Val Leu Pro Phe Ser Ser Ser Ser
260     265     270
Thr Thr Met Gly Leu Arg Ala Thr Ala Ser Gly Ser Asp Ala Pro Ile
275     280     285
Asn Glu Asn Ser Ile Asn Lys Ala Ser Ile Glu Lys Val Val Ala Glu
290     295     300
Lys Ser Asn Gly Ile Ser Pro Gly Leu Ser Ser Asp Val Pro Lys Val
305     310     315     320
Gly Ser Gln Ser Arg Glu Glu Leu Leu Lys Arg Ala Gln
325     330

```

<210> 304

<211> 300

<212> PRT

5 <213> *Populus trichocarpa*

<400> 304

```

Met Ala Asn Asn Pro Thr Glu Pro Pro Thr Asp Asp Phe Leu Gln Glu
1      5      10      15
Ile Leu Gly Met Pro Asn Phe Ala Ser Ala Glu Ala Gly Leu Val Gly
20      25      30
Ala Asp Ala Gly Leu Ala Gly Thr Ala Ser Val Gln Ala Pro Met Met

```

ES 2 539 530 T3

```

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

```

<210> 305

<211> 331

<212> PRT

5

<213> *Populus trichocarpa*

<400> 305

```

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

```

				165					170					175			
Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Val	Arg	Ile	Thr		
			180					185					190				
Glu	Arg	Val	Lys	Ala	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Thr	Cys	Asn	Lys	Thr		
		195					200					205					
Asp	Arg	Ala	Ala	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Val	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu		
	210					215				220							
Arg	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Ala	Ala	Gly		
225					230					235					240		
Ala	Val	Ala	Gln	Leu	Val	Ala	Asp	Val	Pro	Leu	Ser	Ser	Val	Gln	Gly		
			245					250						255			
Glu	Gly	Ile	Glu	Gly	Gly	Ala	Asn	Gln	Gln	Ala	Trp	Glu	Asn	Trp	Ser		
			260					265					270				
Asn	Asp	Gly	Thr	Glu	Gln	Glu	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu	Glu	Asp	Val		
	275						280					285					
Gly	Ala	Ala	Met	Gln	Leu	Leu	Gln	Ser	Lys	Ala	Leu	Cys	Ile	Met	Pro		
	290				295					300							
Val	Ser	Leu	Ala	Ser	Ala	Ile	Phe	Arg	Ala	Arg	Pro	Pro	Asn	Ala	Pro		
305					310					315					320		
Thr	Leu	Val	Lys	Pro	Glu	Ser	Asn	Pro	Pro	Ser							
				325					330								

<210> 306

<211> 334

<212> PRT

5 <213> *Populus trichocarpa*

<400> 306

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

ES 2 539 530 T3

			260					265				270			
Asn	Trp	Ser	Asn	Asp	Asp	Thr	Glu	Gln	Glu	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu
		275					280					285			
Glu	Asp	Val	Gly	Ala	Ala	Met	Gln	Phe	Leu	Gln	Ser	Lys	Ala	Leu	Cys
	290					295					300				
Ile	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Ser	Ala	Ile	Phe	Arg	Ala	Arg	Pro	Pro
305					310					315					320
Asn	Ala	Ser	Thr	Leu	Ile	Asn	Thr	Glu	Ser	Asn	Thr	Pro	Ser		
				325					330						

<210> 307

<211> 456

<212> PRT

5

<213> *Populus trichocarpa*

<400> 307

Met 1	Ile	Ser	Ser	Asn 5	Gln	Ser	Val	Glu	Ser 10	Leu	Ala	Thr	Gln	Asp 15	Thr
Ser	Ser	Val	Val	Leu	Gly	Ser	Glu	Ser	Asp	Tyr	Ala	Val	Asp	Lys	Val
Leu	Ile	Ser	Glu	Gln	Ala	Arg	Leu	Gln	Asn	Asp	Cys	Gln	Asn	Cys	Asn
Gly	Asn	Pro	Ser	Pro	Asp	Gly	Met	Ala	Arg	Gly	Asn	Leu	Lys	Phe	Gly
Asn	Thr	Gly	Leu	Gln	Cys	Asn	Gly	Ile	Leu	Pro	Thr	Leu	Ser	Ser	Leu
Asn	Tyr	Pro	Asn	Gln	Leu	Pro	Ile	Val	Gly	Asp	Leu	Thr	Ser	Tyr	Leu
Ser	Phe	Ser	Glu	Ala	Ser	Asn	Ala	Gly	Cys	Asn	Gly	Arg	Glu	Gln	Ser
Glu	Tyr	Leu	Arg	Ser	Leu	Lys	Asn	Leu	Gln	Asn	Leu	Ser	Ser	Ile	Pro
Gln	Leu	Trp	Pro	Ser	Gln	Ser	Tyr	Glu	Gly	Val	Ser	Ser	Leu	Pro	Pro
Leu	Met	Gly	Gln	Asp	Arg	Ile	Glu	Gly	Ser	Gly	Leu	Arg	Gly	Gly	Asn
Leu	Asp	Asp	Asp	Met	His	Ile	Met	Gly	Lys	Gly	Tyr	Met	Gly	Met	Asp
Glu	Ile	Leu	Arg	Leu	Asp	Lys	Leu	Ser	Ala	Ser	Pro	Thr	Thr	Glu	Gly
Lys	Glu	Asp	Leu	Gln	Ser	Cys	Pro	Phe	Ser	Ser	Gly	Ile	Ala	Glu	Pro
Asn	Val	Asn	Met	Ser	Met	Asn	Gln	Leu	Ser	Ser	Met	Pro	Gln	Thr	Thr
Ser	Ala	Ala	Pro	Val	Glu	Gly	Cys	Asn	Gly	Thr	Gly	Lys	Thr	Arg	Val
Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	His	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg
Leu	Arg	Arg	Glu	Lys	Ile	Ala	Glu	Arg	Met	Lys	Asn	Leu	Gln	Glu	Leu
Val	Pro	Asn	Ser	Asn	Lys	Val	Asp	Lys	Ala	Ser	Met	Leu	Asp	Glu	Ile
Ile	Glu	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu	Gln	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met
Ser	Arg	Leu	Gly	Ala	Ala	Gly	Ala	Val	Ile	Pro	Leu	Leu	Thr	Asp	Gly
Gln	Pro	Glu	Gly	His	Asn	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Pro	Ser	Ala	Gly	Leu
Gly	Ile	Asp	Ile	Ser	Pro	Ser	Ala	Asp	Gln	Ile	Ala	Phe	Glu	Gln	Glu
Val	Leu	Lys	Leu	Leu	Glu	Ser	Asp	Val	Thr	Met	Ala	Met	Gln	Tyr	Leu

	Gln	Ser	Lys	Gly	Leu	Cys	Leu	Met	Pro	Ile	Ala	Leu	Ala	Ala	Ala	Ile	
	355										360						
													365				
Ser	Ser	Val	Lys	Ala	Ser	Leu	Ser	Gly	Thr	Thr	Ser	Glu	Glu	Arg	Lys		
385	390						395					400					
Asn	Asn	Gly	Tyr	Thr	Ser	Gly	Leu	Val	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ile	Thr		
	405						410					415					
Gly	Ile	Asp	Thr	His	Pro	Met	Ser	Asn	Asp	Asn	Asn	Ile	Ala	Thr	Gly		
	420						425					430					
Thr	Leu	Ser	Ser	Lys	Gly	Met	Ile	Val	Asn	Gly	Cys	Asn	Glu	Val	Val		
	435						440					445					
Lys	Gln	Glu	Val	Leu	Lys	Asn	Thr										
	450						455										

<210> 308

$\langle 211 \rangle$ 300

<212> PRT

<213> *Populus trichocarpa*

<400> 308

```

Met Ala Asn Asn Pro Thr Glu Pro Pro Thr Asp Asp Phe Leu Gln Glu
1      5      10
Ile Leu Gly Met Pro Asn Phe Ala Ser Ala Glu Ala Gly Leu Val Gly
20      25      30
Ala Asp Ala Gly Leu Ala Gly Ala Ala Ala Ala Gln Ala Ser Met Met
35      40      45
Leu Gln Leu Ser Ser Gly Asp Gly Ser Gly His Ile Ser Asp Leu Gly
50      55      60
Gly Ala Pro Gly Gly Gly Ser Ala Gly Phe His Gly Phe Pro Leu Gly
65      70      75      80
Leu Ser Leu Glu Gln Gly Lys Gly Gly Phe Leu Lys Pro Glu Glu Ala
85      90      95
Ser Gly Ser Gly Lys Arg Phe Arg Asp Glu Ile Val Asp Gly Arg Ala
100      105      110
Lys Asn Val Phe His Gly Gln Pro Met Pro Thr Thr Val Ala Ile Ala
115      120      125
Pro His Pro Pro Ala Met Arg Pro Arg Val Arg Ala Arg Arg Gly Gln
130      135      140
Ala Thr Asp Pro His Ser Ile Ala Glu Arg Leu Arg Arg Glu Arg Ile
145      150      155      160
Ala Glu Arg Ile Arg Ala Leu Gln Glu Leu Val Pro Ser Val Thr Lys
165      170      175
Thr Asp Arg Ala Thr Met Leu Asp Glu Ile Val Asp Tyr Val Lys Phe
180      185      190
Leu Arg Leu Gln Val Lys Val Leu Ser Met Ser Arg Leu Gly Gly Ala
195      200      205
Gly Ala Val Ala Pro Leu Val Thr Asp Ile Pro Leu Ser Ser Val Glu
210      215      220
Asp Glu Thr Gly Glu Gly Gly Arg Asn Gln Pro Ala Trp Glu Lys Trp
225      230      235      240
Ser Asn Asp Gly Thr Glu Arg Gln Val Ala Lys Leu Met Glu Glu Asn
245      250      255
Val Gly Ala Ala Met Gln Phe Leu Gln Ser Lys Ala Leu Cys Ile Met
260      265      270
Pro Ile Ser Leu Ala Thr Ala Ile Tyr His Thr Gln Pro Pro Asp Thr
275      280      285
Thr Thr Ile Val Lys Pro Glu Thr Asn Pro Pro Ser
290      295      300

```

5

<210> 309

<211> 468

<212> PRT

<213> *Poncirus trifoliata*

<400> 309

ES 2 539 530 T3

Met	Gln	Pro	Cys	Ser	Ser	Gly	Gly	Glu	Met	Gln	Gly	Ile	Ser	Ser	Leu			
1				5					10					15				
Leu	Ser	Asn	Gly	Ser	His	Glu	Gln	Gln	Ser	Gln	Ile	His	Gln	Ser	Ala			
		20						25					30					
Thr	Phe	Asp	Pro	Thr	Ser	Gln	Asp	Asp	Phe	Leu	Glu	Gln	Met	Leu	Ser			
		35					40					45						
Ser	Leu	Pro	Ser	Cys	Ser	Trp	Thr	Asp	Leu	Lys	Ser	Pro	Trp	Gly	Val			
	50					55					60							
Val	Asp	Leu	Asn	Pro	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn	Ile	Asn	Asn	Lys	Gln			
65					70						75				80			
Pro	Arg	Asp	Leu	Ser	Asp	Glu	Thr	Ala	Pro	Ser	Thr	Thr	Gln	Glu	Asn			
				85					90					95				
Asn	Val	Pro	Ala	Gly	Phe	Gln	Phe	Asp	Glu	Ser	Met	Ile	Leu	Ala	Ser			
			100					105					110					
Lys	Met	Arg	Gln	His	Gln	Ile	Ser	Gly	Asn	Thr	Gly	Ser	Gly	Asn	Asn			
		115					120					125						
Asn	Ser	Ala	Ala	Ala	Lys	Phe	Met	Met	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln			
	130					135					140							
Ile	Met	Met	Ala	Ala	Ala	Arg	Gly	Gly	Ile	Gly	Leu	Pro	Leu	Ser	Leu			
145					150					155					160			
Gly	Asn	Gly	Gly	Asp	Asn	Asp	Ile	Val	Asp	Ala	Ser	Ser	Phe	Lys	Ser			
				165					170					175				
Gln	Gln	Gly	Gly	Asp	Gly	Ser	Val	Gln	Ala	Leu	Tyr	Asn	Gly	Phe	Thr			
			180						185					190				
Gly	Ser	Leu	His	Gly	Ser	Thr	Gln	Pro	Gln	His	Phe	His	His	Leu	Gln			
		195					200					205						
Gly	Gly	Ser	Met	Pro	Gly	Gln	Thr	Phe	Gly	Ala	Pro	Gly	Pro	Val	Met			
	210					215					220							
Asn	Gln	Thr	Gln	Ala	Gln	Ala	Ser	Gly	Ser	Thr	Gly	Gly	Gly	Gly	Asn			
225					230					235					240			
Thr	Pro	Ala	Gln	Gln	Pro	Lys	Gln	Arg	Val	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln			
				245					250					255				
Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Arg	Ile			
			260					265						270				
Ala	Glu	Arg	Met	Lys	Ala	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Asn	Ala	Asn	Lys			
		275					280					285						
Thr	Asp	Lys	Ala	Ser	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Ile	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe			
	290					295					300							
Leu	Gln	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Gly	Ala			
305					310					315					320			
Ala	Ala	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Ala	Asp	Met	Ser	Ser	Glu	Gly	Ala	Gly			
				325					330					335				
Gly	Gly	Asp	Cys	Ile	Gln	Ala	Asn	Gly	Arg	Asn	Pro	Asn	Gly	Ala	Gln			
			340					345					350					
Thr	Thr	Ser	Ala	Asn	Asp	Ser	Leu	Thr	Val	Thr	Glu	His	Gln	Val	Ala			
		355					360					365						
Lys	Leu	Met	Glu	Glu	Asp	Met	Gly	Ser	Ala	Met	Gln	Tyr	Leu	Gln	Gly			
	370					375					380							
Lys	Gly	Leu	Cys	Leu	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Thr	Ala	Ile	Ser	Ser			
385					390					395					400			
Ala	Thr	Cys	His	Ser	Arg	Asn	Pro	Ile	Ile	Ser	Thr	Ser	Asn	Asn	Asn			
				405					410					415				
Asn	Asn	Asn	Gly	Asn	Pro	His	His	Asn	Pro	Leu	Phe	Gln	Ser	Asn	Gly			
			420					425					430					
Glu	Gly	Pro	Thr	Ser	Pro	Ser	Met	Ser	Val	Leu	Thr	Val	Gln	Ser	Ala			
		435					440					445						
Thr	Met	Gly	Asn	Gly	Gly	Ala	Asp	Gly	Ser	Val	Lys	Asp	Ala	Ala	Ser			
				450				455					460					
				Val	Ser	Lys	Pro											
				465														

<210> 310

<211> 326

<212> PRT

<213> *Ricinus communis*

<400> 310

Met	Ala	Gly	Asn	Pro	Pro	Pro	Glu	Gly	Leu	Gly	Asp	Asp	Phe	Phe	Glu
1				5					10					15	
Gln	Ile	Leu	Ala	Val	Gln	Pro	Gly	Tyr	Gly	Gly	Gly	Asp	Gly	Gly	Gly
			20					25					30		
Gly	Gly	Asp	Val	Val	Gly	Ser	Thr	Met	Pro	Met	Met	Gly	Leu	Gln	Leu
		35					40					45			
Gly	Ser	Ala	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Leu	Arg	Thr	Asn	Asn	Met	Gly
	50					55					60				
Met	Met	Pro	Leu	Gly	Leu	Asn	Leu	Glu	Phe	Leu	Arg	Gln	Gln	Glu	Asp
65					70					75					80
Gly	Ser	Gly	Ala	Leu	Asp	Asn	Asn	Asn	His	Thr	Asn	Asn	Asn	Asn	Asn
				85					90					95	
Asn	Val	Ser	Ser	Ser	Thr	Thr	Ser	Val	Ile	Asn	Asp	Arg	Asp	Ser	Val
			100					105					110		
His	Met	Ala	Ser	Leu	Phe	Pro	Thr	Phe	Gly	Gln	Leu	Gln	Thr	Gln	Thr
		115					120					125			
Leu	Arg	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	His	Leu	His	Gln	Pro	Phe	His	Gly	Gln
	130					135					140				
Pro	Thr	Pro	Gly	Val	Val	Ser	Ala	Ala	Ser	Gln	Pro	Pro	Ala	Ile	Arg
145					150					155					160
Pro	Arg	Val	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile
			165					170						175	
Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Arg	Ile	Ala	Glu	Arg	Met	Lys	Ala	Leu
			180					185					190		
Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Thr	Ala	Asn	Lys	Thr	Asp	Arg	Ala	Ala	Met	Ile
		195					200					205			
Asp	Glu	Ile	Val	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu	Arg	Leu	Gln	Val	Lys	Val
	210					215					220				
Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Ala	Ala	Gly	Ala	Val	Ala	Gln	Leu	Val
225					230					235					240
Ala	Asp	Val	Pro	Leu	Ala	Ser	Val	Glu	Gly	Glu	Ser	Ile	Asp	Gly	Ala
			245					250						255	
Ala	Ala	Asn	Gln	Gln	Thr	Trp	Glu	Lys	Trp	Ser	Asn	Asp	Gly	Thr	Glu
			260					265					270		
Gln	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu	Glu	Asp	Ile	Gly	Ala	Ala	Met	Gln
		275					280					285			
Phe	Leu	Gln	Ser	Lys	Ala	Leu	Cys	Ile	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Ser
	290					295					300				
Ala	Ile	Leu	Arg	Thr	His	Pro	Pro	Asp	Ala	Pro	Ser	Ile	Ile	Lys	Pro
305					310					315					320
Glu	Ser	Asn	Thr	Pro	Ser										
					325										

5

<210> 311

<211> 299

<212> PRT

<213> *Ricinus communis*

<400> 311

Met	Ala	Asn	Asn	Pro	Thr	Glu	Pro	Pro	Ala	Asp	Asp	Phe	Leu	Gln	Glu
1				5					10					15	

10

```

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

```

<210> 312

<211> 277

<212> PRT

5

<213> *Sorghum bicolor*

<400> 312

```

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

```

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

<210> 313

<211> 302

<212> PRT

5

<213> *Solanum lycopersicum*

<400> 313

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

Asp Thr Ser Ser Leu Val Lys Pro Glu Thr Asn Pro Pro Ser
290 295 300

<210> 314

<211> 296

<212> PRT

5

<213> *Solanum lycopersicum*

<400> 314

```

Met Ala Asp Asn Pro Pro Glu Val Tyr Ala Ala Asp Asp Phe Leu Glu
1      5      10      15
Gln Ile Leu Ala Ile Pro Ser Tyr Ala Ser Leu Pro Val Thr Asp Leu
20
Thr Ala Gly Ala Ser Ser Glu Asn Ser Thr Ser Gly Val Ser Gln Leu
35      40
Gln Gln Gln Pro Leu Phe Pro Leu Gly Leu Ser Leu Asp Asn Gly Phe
50      55      60
Ala Asp Ala Asn Asn Thr Gly Gly Phe Gln Val Lys Thr Glu Arg Glu
65      70      75      80
Ala Met Asn Met Gly Asn Leu Tyr Pro Gly Leu Glu His Leu Gln Ser
85      90      95
His Ala Val Cys Leu Ser Val Pro Gln Val His Gln Val Gln Pro Phe
100      105      110
Gln Gly His Pro Thr Ser Ser Ala Ile Val Thr Ile Pro His Gln Pro
115      120      125
Ala Ile Arg Pro Arg Val Arg Ala Gln Arg Gly Gln Ala Thr Asp Pro
130      135      140
His Ser Ile Ala Glu Arg Leu Arg Arg Glu Arg Ile Ser Glu Arg Ile
145      150      155      160
Lys Ala Leu Gln Glu Leu Val Pro Ser Cys Asn Lys Thr Asp Arg Ala
165      170      175
Ala Met Leu Asp Glu Ile Leu Asp Tyr Val Lys Phe Leu Arg Leu Gln
180      185      190
Val Lys Val Leu Ser Met Ser Arg Leu Gly Gly Thr Ser Ala Ala Ala
195      200      205
Gln Val Val Ala Asp Ile Pro Leu Gln Ser Val Glu Gly Asp Thr Cys
210      215      220
Glu Ser His Ser Asn Gln His Val Trp Glu Lys Trp Ser Asp Ser Glu
225      230      235      240
Thr Glu Gln Glu Val Ala Lys Leu Met Glu Glu Asp Val Gly Thr Ala
245      250      255
Met Gln Tyr Leu Gln Ser Lys Ser Leu Cys Ile Met Pro Ile Ser Leu
260      265      270
Ala Ala Leu Ile Tyr Pro Thr Gln Gln Ser Asp Asn Gln Ser Met Val
275      280      285
Lys Pro Glu Gln Ala Ala Pro Leu
290      295

```

<210> 315

<211> 304

10

<212> PRT

<213> *Solanum lycopersicum*

<400> 315

```

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

```

ES 2 539 530 T3

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

<210> 316

<211> 302

<212> PRT

5

<213> *Solanum tuberosum*

<400> 316

ES 2 539 530 T3

Met	Ala	Asn	Asn	Pro	Ser	Glu	Gly	Pro	Ser	Asp	Asp	Phe	Phe	Asp	Gln
1				5					10					15	
Ile	Met	Gly	Phe	Pro	Ala	Tyr	Asn	Gly	Ala	Glu	Thr	Asn	Leu	Ala	Gly
			20					25					30		
Asn	Asp	Ala	Gly	Ala	Ile	Pro	Pro	Ala	Met	Met	Leu	Gln	Leu	Asn	Ser
		35					40					45			
Gly	Asp	Gly	Ser	Gly	Gln	Phe	Thr	Gly	Val	Gly	Leu	Gly	Val	Gly	Leu
	50					55					60				
Gly	Gly	Gly	Gly	Phe	His	Gly	His	Gly	Gly	Gly	Ala	Ser	Phe	Pro	Leu
65				70						75					80
Gly	Leu	Ser	Leu	Glu	Gln	Gly	Lys	Gly	Gly	Phe	Leu	Lys	Met	Asp	Asp
			85					90					95		
Val	Ser	Ala	Pro	Gly	Arg	Arg	Phe	Arg	Asp	Asp	Val	Val	Asp	Ser	Arg
			100					105					110		
Ala	Ser	Ser	Ser	Val	Lys	Pro	Gly	Phe	His	Gly	Gln	Pro	Met	Pro	Ser
			115				120					125			
Met	Pro	His	Pro	Pro	Ala	Ile	Arg	Pro	Arg	Val	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly
	130					135					140				
Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Arg
145				150						155					160
Ile	Ala	Glu	Arg	Ile	Arg	Ala	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Ser	Val	Asn
				165				170				175			
Lys	Thr	Asp	Arg	Ala	Val	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Val	Asp	Tyr	Val	Lys
			180					185					190		
Phe	Leu	Arg	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Gly
		195					200					205			
Ala	Gly	Ala	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Thr	Asp	Ile	Pro	Ile	Ser	Ser	Val
	210					215					220				
Glu	Glu	Glu	Ser	Ser	Glu	Gly	Gly	Asn	Asn	Asn	Gln	Pro	Ala	Trp	Glu
225				230						235					240
Lys	Trp	Ser	Ser	Asp	Gly	Thr	Glu	Arg	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu
			245					250					255		
Glu	Asn	Val	Gly	Ala	Ala	Met	Gln	Phe	Leu	Gln	Ser	Lys	Ala	Leu	Cys
		260				265							270		
Ile	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Ser	Ala	Ile	Tyr	His	Ser	Gln	Pro	Pro
	275					280						285			
Asp	Thr	Ser	Ser	Leu	Val	Lys	Pro	Glu	Thr	Asn	Pro	Pro	Ser		
	290					295					300				

<210> 317

<211> 304

<212> PRT

5

<213> *Solanum tuberosum*

<400> 317

ES 2 539 530 T3

Met 1	Ala 5	Ala 10	Asn 20	Gln 25	Pro 30	Glu 35	Ala 40	Tyr 45	Ala 50	Asp 55	Asp 60	Phe 65	Leu 70	Glu 75	Gln 80
Ile	Leu	Ala	Ile	Pro	Ser	Tyr	Ser	Gly	Leu	Pro	Val	Ala	Asp	Val	Gly
Thr	Pro	Ser	Glu	Thr	Thr	Ser	Phe	Thr	Ser	Ala	Ser	Ala	Val	Ser	His
Leu	Asn	Ser	Ala	Ala	Ala	Ala	Gly	Leu	Gln	Gln	Pro	Leu	Phe	Pro	Leu
Gly 65	Leu	Ser	Leu	Asp	Asn	Gly	Arg	Asp	Asp	Val	Ser	Glu	Ala	Gly	Ala
Tyr	Ala	Val	Lys	His	Glu	Arg	Asp	Gly	Met	Asn	Ile	Gly	Asn	Leu	Tyr
Ala	Gly	Leu	Glu	His	Leu	Gln	Ser	His	Ala	Val	Arg	His	Ser	Val	Pro
Ser	Ile	His	His	Val	Gln	Pro	Phe	Gln	Gly	Pro	Pro	Thr	Thr	Ser	Thr
Thr	Val	Thr	Val	Pro	His	Pro	Pro	Ser	Ile	Arg	Pro	Arg	Val	Arg	Ala
Arg 145	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg
Arg	Glu	Arg	Ile	Ser	Glu	Arg	Ile	Lys	Ala	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro
Ser	Cys	Asn	Lys	Thr	Asp	Arg	Ala	Ala	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Leu	Asp
Tyr	Val	Lys	Phe	Leu	Arg	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg
Leu	Gly	Gly	Ala	Ser	Ala	Val	Ala	Gln	Leu	Val	Ala	Asp	Ile	Pro	Leu
Gln 225	Ser	Val	Glu	Gly	Asp	Ser	Gly	Glu	Ser	Arg	Ser	Asn	Gln	His	Ile
Trp	Asp	Lys	Trp	Ser	Asn	Val	Asp	Thr	Glu	Gln	Glu	Val	Ala	Lys	Leu
Met	Glu	Glu	Asp	Val	Gly	Ala	Ala	Met	Gln	Tyr	Leu	Gln	Ser	Lys	Ser
Leu	Cys	Ile	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Ala	Leu	Ile	Tyr	Pro	Thr	Gln
Gln	Pro	Asp	Asp	Gln	Ser	Leu	Val	Lys	Pro	Glu	Ala	Ala	Ala	Pro	Ser
290				295				300							

<210> 318

<211> 447

5

<212> PRT

<213> *Solanum tuberosum*

<400> 318

Met	Gln	Ala	Met	Asn	Ser	Leu	Leu	Ser	Gln	Gln	Gln	Gln	Ser	Gln	Met
1				5					10					15	
Ser	Leu	Gln	Asp	Leu	Gln	Asn	Gly	Gly	Asn	Gly	Gly	Ser	Thr	Gly	Gly
			20					25					30		
Val	Gly	Gly	Leu	Gly	Gln	His	Asn	Met	Gly	His	Phe	His	Phe	Asp	Pro
		35					40					45			
Thr	Ser	Ser	His	Asp	Asp	Phe	Leu	Glu	Gln	Ile	Leu	Ser	Ser	Val	Pro
	50					55					60				
Ser	Ser	Ser	Pro	Trp	Pro	Asp	Leu	Ser	Lys	Ser	Trp	Asp	Pro	His	His
65					70				75						80
His	Leu	Ser	Ser	Pro	Pro	His	Asn	Pro	Ser	Ser	Gly	Glu	Asp	Gln	Pro
				85					90					95	
Pro	Ser	Asn	Pro	Leu	His	Ser	Gln	Phe	His	Tyr	Asp	Asp	Gln	Ala	Ser
			100					105					110		
Ser	Leu	Leu	Ala	Ser	Lys	Leu	Arg	Gln	His	Gln	Ile	Thr	Gly	Gly	Gly
		115					120					125			
Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Lys	Ala	Leu	Met	Leu	Gln	Gln	Gln	Leu	Leu	Leu
	130					135					140				
Ser	Arg	Thr	Leu	Ala	Gly	Asn	Gly	Leu	Arg	Ser	Pro	Asn	Gly	Ala	Ser
145					150				155						160
Gly	Asp	Asn	Gly	Leu	Leu	Ser	Leu	Pro	Leu	Asn	Leu	Ser	Asn	Asn	Gly
			165					170						175	
Asp	Gln	Asn	Asp	Gly	Val	Ala	Asn	Pro	Ala	Asn	Asp	Asn	Ser	Val	Gln
		180					185						190		
Ala	Leu	Phe	Asn	Gly	Phe	Thr	Gly	Ser	Leu	Gly	Gln	Thr	Ser	Asn	Gln
	195						200					205			
Pro	Gln	His	Phe	His	His	Pro	Gln	Gly	Gly	Ser	Met	Gln	Ser	Gln	Ser
	210					215					220				
Phe	Gly	Ala	Pro	Ala	Met	Asn	Gln	Thr	Pro	Ala	Ala	Ser	Gly	Ser	Ala
225					230				235						240
Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Thr	Pro	Ala	Ala	Gln	Pro	Lys	Gln	Gln	Arg
			245					250						255	
Val	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu
		260					265						270		
Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Arg	Ile	Ala	Glu	Arg	Met	Lys	Ala	Leu	Gln	Glu
	275						280					285			
Leu	Val	Pro	Asn	Ala	Asn	Lys	Thr	Asp	Lys	Ala	Ser	Met	Leu	Asp	Glu
	290				295						300				
Ile	Ile	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu	Gln	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser
305					310				315						320
Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Gly	Ala	Ala	Ala	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Ala	Asp
			325					330						335	
Met	Ser	Ser	Glu	Gly	Arg	Gly	Glu	Gly	Asn	Val	Gly	Arg	Gly	Gly	Asn
		340					345					350			
Gly	Thr	Ala	Ser	Ser	Ser	Asn	Lys	Glu	Thr	Met	Thr	Val	Thr	Glu	
		355				360					365				
His	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu	Glu	Asp	Met	Gly	Ser	Ala	Met	Gln
	370					375					380				
Tyr	Leu	Gln	Gly	Lys	Gly	Leu	Cys	Leu	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Thr
385					390				395						400
Ala	Ile	Ser	Thr	Ser	Thr	Arg	Ile	Pro	Leu	Leu	Ser	Pro	Glu	Ala	Gly
			405					410						415	
Arg	Pro	Ala	Ser	Pro	Thr	Leu	Ser	Ala	Leu	Thr	Val	Gln	Ser	Ala	Thr
				420				425					430		
				Ile	Gly	Asn	Ala	Ala	Gly	Lys	Asp	Ala	Thr	Ser	Leu
				435				440						Phe	Glu
														Ala	

<210> 319

<211> 382

5

<212> PRT

<213> *Solanum tuberosum*

<400> 319

Met	Gln	Ala	Met	Asn	Ser	Phe	Gln	Ser	Thr	Gly	Glu	Asn	Gly	Ala	Ser
1				5					10					15	
Ser	Gly	Glu	His	Ile	Ser	His	Ser	His	Phe	Asp	Pro	Ser	Ser	Ser	His
			20					25					30		
Asp	Asp	Phe	Leu	Gln	Gln	Ile	Leu	Ser	Ser	Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Pro
		35					40					45			
Trp	Pro	Glu	Ile	Ser	Gly	Asp	Gly	His	Pro	Tyr	Asn	Phe	Asp	Asp	His
	50					55					60				
Gln	Ser	Thr	Leu	Leu	Ala	Ser	Lys	Leu	Arg	Gln	His	Gln	Ile	Asn	Gly
65					70					75					80
Gly	Ser	Ser	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Lys	Ala	Leu	Met	Leu	Gln	Gln	Gln
			85						90					95	
Leu	Leu	Leu	Ser	Arg	Gly	Ile	Ala	Gly	Asn	Gly	Gly	Asp	Gln	Asn	Asp
			100					105					110		
Asp	Gly	Leu	Asn	Pro	Gly	Asn	Asp	Ile	Ser	Val	Gln	Ala	Leu	Tyr	Asn
		115					120					125			
Gly	Phe	Ala	Gly	Ser	Leu	Gly	Gln	Thr	Ser	Asn	Gln	Ser	Gln	His	Phe
	130					135					140				
His	His	Ser	Gln	Ala	Gln	Ser	Phe	Gly	Ala	Pro	Ala	Ala	Ser	Leu	Thr
145					150					155					160
Met	Asn	Gln	Thr	Pro	Ala	Ala	Ser	Gly	Ser	Ala	Gly	Gly	Ala	Gln	Pro
				165					170					175	
Lys	Gln	Gln	Lys	Val	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His
			180					185					190		
Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Arg	Ile	Ala	Glu	Arg	Met	Lys
		195					200					205			
Ser	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Asn	Ala	Asn	Lys	Thr	Asp	Lys	Ala	Ser
	210					215					220				
Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Ile	Asp	Tyr	Val	Arg	Phe	Leu	Gln	Leu	Gln	Val
225					230					235					240
Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Gly	Ala	Ala	Ala	Val	Ala	Pro
				245					250					255	
Leu	Val	Ala	Asp	Arg	Ser	Ser	Glu	Gly	Gly	Gly	Asp	Cys	Val	Gln	Gly
			260					265					270		
Asn	Gly	Gly	Arg	Gly	Gly	Ser	Asn	Gly	Thr	Thr	Ser	Ser	Ala	Asn	Asn
		275					280					285			
Asp	Ser	Ser	Met	Thr	Met	Thr	Glu	His	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Met	Glu
	290					295					300				
Glu	Asp	Met	Gly	Ser	Ala	Met	Gln	Tyr	Leu	Gln	Gly	Lys	Gly	Leu	Ser
305					310					315					320
Leu	Met	Pro	Ile	Ser	Leu	Ala	Thr	Ala	Ile	Ser	Thr	Ser	Thr	Cys	His
				325					330					335	
Ser	Met	Lys	Pro	Asn	Asn	Pro	Leu	Leu	Leu	Gly	Gly	Gly	Ser	Ala	Ile
			340					345					350		
Asn	Gly	Gly	Gly	Glu	Thr	Gly	Gly	Gly	Pro	Ser	Ser	Pro	Thr	Leu	Ser
		355					360					365			
Ala	Ser	Thr	Val	Gln	Ser	Ala	Thr	Met	Gly	Asn	Gly	Gly	Thr		
	370					375					380				

<210> 320

<211> 290

5

<212> PRT

<213> *Triticum aestivum*

<400> 320

Met	Leu	Leu	Cys	Ser	Thr	Ile	Gln	Val	Ile	Gln	Met	Gly	Asn	Leu	Ser
1				5					10				15		
Val	Phe	Asp	Glu	Ala	Thr	Met	Ala	Ser	Leu	His	Asp	Ser	Lys	Glu	Phe
		20					25						30		
Leu	Ser	Gly	Ser	Ile	Ser	Ser	Phe	Gly	Thr	Ala	Glu	Gln	Ser	Gln	Leu
		35					40					45			
Ala	Gly	Ser	Gly	Leu	Lys	Ala	Glu	Gln	Gln	Glu	Gln	Asn	Ala	Met	Cys
	50					55					60				
Asn	Ile	Pro	Leu	Pro	Phe	Ala	Ser	Gly	Ser	Gln	Met	Ala	Val	Ser	Glu
65					70					75					80
Ala	Gln	Gly	Ala	Met	Ile	Pro	Ser	Lys	Ile	Ser	Ser	Thr	Ile	His	Asn
			85						90					95	
Asn	Lys	Ser	Glu	Tyr	Pro	Val	Pro	Ile	Ser	His	Ser	Ala	Asp	Ala	Gln
		100						105					110		
Asn	Lys	Ala	Asn	Ser	Ala	Asn	Gly	Asn	Ser	Ala	Ser	Ala	Lys	Pro	Arg
		115					120					125			
Ala	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu
	130					135						140			
Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Lys	Ile	Ser	Glu	Arg	Met	Lys	Asn	Leu	Gln	Asp
145					150					155					160
Leu	Val	Pro	Asn	Ser	Asn	Lys	Ala	Asp	Lys	Ser	Ser	Met	Leu	Asp	Glu
			165						170					175	
Ile	Ile	Asp	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu	Gln	Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser
		180						185					190		
Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Ala	Pro	Gly	Ala	Val	Leu	Pro	Leu	Leu	Ala	Glu
		195					200					205			
Ser	Gln	Thr	Glu	Gly	Arg	Ser	Asn	Ser	Pro	Leu	Ser	Ser	Pro	Thr	Ala
	210					215					220				
Ser	Gln	Gly	Leu	Leu	Asp	Ala	Ala	Gly	Pro	Glu	Asp	Ser	Leu	Val	Phe
225					230					235					240
Glu	Gln	Glu	Val	Ile	Lys	Leu	Met	Glu	Thr	Ser	Ile	Thr	Asn	Ala	Met
			245						250					255	
Gln	Tyr	Leu	Gln	Asn	Lys	Gly	Leu	Cys	Leu	Met	Pro	Ile	Ala	Leu	Ala
		260						265					270		
Ser	Ala	Ile	Ser	Asn	Gln	Lys	Gly	Thr	Ser	Ala	Ala	Ala	Ile	Pro	Pro
		275					280					285			
Glu	Arg														
	290														

<210> 321

<211> 485

<212> PRT

5

<213> *Vitis vinifera*

<400> 321

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

ES 2 539 530 T3

Asp	Leu	Gln	Asn	Thr	Glu	Gly	Asn	Ser	Ser	Leu	Asn	Gly	Ala	Val	Asn	
			100					105					110			
Gly	Ser	Ser	Glu	Val	Gly	Tyr	Val	Gly	Leu	Gln	Leu	Asn	Thr	Pro	Thr	
		115					120					125				
Ser	Thr	Pro	Cys	Ser	Leu	Asp	Leu	Gly	Ser	Pro	Lys	Gln	Leu	Ser	Leu	
	130					135					140					
Ile	Gly	Gly	Met	Ser	Arg	Ser	Ser	Arg	Pro	Phe	Thr	Glu	Leu	Asp	His	
145					150					155					160	
Val	Gly	Cys	Asn	Gly	Asn	Glu	Pro	Ser	Asp	Phe	Gln	Arg	Ser	Val	Gly	
			165						170					175		
Asn	Phe	Gln	Ala	Leu	Pro	Pro	Ile	Pro	Gln	Leu	Trp	Ser	Gln	Pro	Ser	
			180					185					190			
Tyr	Gly	Gly	Gly	Ser	Ser	Leu	Ser	Pro	Val	Met	Gly	Glu	Tyr	Lys	Met	
	195						200					205				
Gln	Gly	Phe	Gly	Leu	Gln	Gly	Glu	Tyr	Val	Asp	Asn	Glu	Met	Asp	Ile	
	210					215					220					
Met	Arg	Asn	Arg	Tyr	Val	Gly	Asp	Glu	Ile	Leu	Gln	Leu	Asp	Asn	Ile	
225					230					235					240	
Ser	Ser	Ala	Ile	Pro	Ile	Lys	Gly	Lys	Glu	Glu	Gln	His	Thr	His	Pro	
			245						250					255		
Phe	Ser	Pro	Ser	Ala	Val	Gly	Pro	His	Met	Thr	Met	Thr	Ala	Ser	Gly	
			260					265					270			
Leu	Gln	Ser	Leu	Pro	Gln	Thr	Thr	Val	Gly	Thr	Ala	Ser	Gly	Gly	Cys	
	275						280					285				
Asn	Gly	Thr	Gly	Lys	Pro	Arg	Val	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gln	Ala	Thr	
	290					295					300					
Asp	Pro	His	Ser	Ile	Ala	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Lys	Ile	Ala	Glu	
305					310					315					320	
Arg	Met	Lys	Asn	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Pro	Asn	Ser	Asn	Lys	Thr	Asp	
			325						330					335		
Lys	Ala	Ser	Met	Leu	Asp	Glu	Ile	Ile	Glu	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu	Gln	
			340					345					350			
Leu	Gln	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Met	Ser	Arg	Leu	Gly	Ala	Ala	Glu	Ala	
	355						360					365				
Val	Val	Pro	Leu	Ile	Thr	Asp	Gly	Gln	Ala	Glu	Gly	Ser	Lys	Gly	Leu	
	370					375					380					
Ser	Leu	Ser	Pro	Ser	Ala	Gly	Gln	Ala	Glu	Asp	Ile	Cys	Gln	Ser	Pro	
385					390					395					400	
Asp	Gln	Ile	Ala	Phe	Glu	Gln	Glu	Val	Val	Lys	Leu	Met	Glu	Ser	Asn	
			405						410					415		
Val	Thr	Met	Ala	Met	Gln	Tyr	Leu	Gln	Ser	Lys	Gly	Leu	Cys	Leu	Met	
			420					425					430			
Pro	Ile	Ala	Leu	Ala	Thr	Ala	Ile	Ser	Ser	Gly	Lys	Ala	Ala	Ser	Ser	
	435						440					445				
Gly	Thr	Gly	Ser	Asp	Glu	Gly	Lys	Asn	Ala	Ala	Thr	Pro	Val	Ala	Ala	
	450					455					460					
Thr	Pro	Val	Ala	Thr	Ala	Tyr	Leu	Ala	Leu	Gly	His	Ile	Ile	His	Leu	
465					470					475					480	
Leu	Met	Ala	Met	Phe												
				485												

<210> 322

<211> 418

<212> PRT

5 <213> *Vitis vinifera*

<400> 322

Met	Leu	Ser	Thr	Leu	Pro	Ser	Trp	Ser	Asp	Leu	Pro	Ala	Asn	Pro	Lys	
1				5				10					15			
Ser	Pro	Trp	Glu	Leu	Asn	Ala	Ser	Asn	Pro	Ile	Ser	Met	Pro	Ser	Asn	
			20					25					30			

ES 2 539 530 T3

Lys Ser Arg Asp Leu Ser Asp Asp Thr Thr Pro Ser Asn Pro Asp Asn
 35 40 45
 Val Gln Phe Ala Phe Asp Glu Ser Ala Met Leu Ala Ser Lys Leu Arg
 50 55 60
 Gln His Gln Ile Ser Gly Asn Ser Ser Ala Ala Lys Ser Ala Leu Met
 65 70 75 80
 Leu Gln Gln Gln Leu Leu Ser Arg Gly Val Ala Met Gly Arg Ser
 85 90 95
 Pro Ser Asn Gly Ser Gly Ala Gly Glu Ser Gly Leu Leu Gln Leu Pro
 100 105 110
 Leu Ser Leu Ser Asn Gly Asp Ser Cys Leu Val Asp Arg Ser Gln Asn
 115 120 125
 Asp Val Val Asp Gly Ser Ser Ser Phe Lys Ser Pro Asn Gln Gly Gly
 130 135 140
 Asp Gly Ser Val Gln Ala Leu Tyr Asn Gly Phe Ala Gly Ala Leu His
 145 150 155 160
 Gly Ser Gly Gln Ala Ser Asn Gln Ala Gln Asn Phe His His Pro Gln
 165 170 175
 Gly Gly Ser Met Gln Ala Gln Asn Tyr Gly Ala Pro Ala Thr Arg Val
 180 185 190
 Arg Ala Arg Arg Gly Gln Ala Thr Asp Pro His Ser Ile Ala Glu Arg
 195 200 205
 Leu Arg Arg Glu Arg Ile Ala Glu Arg Met Lys Ala Leu Gln Glu Leu
 210 215 220
 Val Pro Asn Ala Asn Lys Thr Asp Lys Ala Ser Met Leu Asp Glu Ile
 225 230 235 240
 Ile Asp Tyr Val Lys Phe Leu Gln Leu Gln Val Lys Val Leu Ser Met
 245 250 255
 Ser Arg Leu Gly Gly Ala Ala Ala Val Ala Pro Leu Val Ala Asp Met
 260 265 270
 Ser Ser Glu Gly Gly Gly Asp Cys Ile Gln Ala Ser Gly Thr Ser Gly
 275 280 285
 Pro Thr Gly Gly Arg Ala Thr Asn Gly Thr Gln Thr Thr Thr Ser Asn
 290 295 300
 Asp Ser Leu Thr Val Thr Glu His Gln Val Ala Lys Leu Met Glu Glu
 305 310 315 320
 Asp Met Gly Ser Ala Met Gln Tyr Leu Gln Gly Lys Gly Leu Cys Leu
 325 330 335
 Met Pro Ile Ser Leu Ala Thr Ala Ile Ser Thr Thr Thr Cys His Ser
 340 345 350
 Arg Asn Pro Met Val Ala Ala Ala Ala Val Ala Ala Ser Asn Ile Asn
 355 360 365
 Asn Gly Ser His Thr His Pro Leu Leu Pro Asn Ser Asn Ala Asp Gly
 370 375 380
 Pro Ser Ser Pro Ser Met Ser Val Leu Thr Val Gln Ser Ala Thr Met
 385 390 395 400
 Gly Asn Gly Leu Ala Asp Ala Pro Val Lys Asp Ala Ala Ser Val Ser
 405 410 415
 Lys Pro

<210> 323

<211> 289

<212> PRT

5 <213> *Vitis vinifera*

<400> 323

Met Ala Ser Asn Pro Ser Glu Ala Pro Ala Asp Asp Phe Leu Glu Gln
 1 5 10 15
 Ile Leu Gly Ile Pro Thr Tyr Pro Ala Ala Asp Pro Asn Leu Ala Ala
 20 25 30

ES 2 539 530 T3

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

<210> 324

<211> 313

<212> PRT

5

<213> *Vitis vinifera*

<400> 324

ES 2 539 530 T3

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

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

<210> 325

<211> 285

5

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 325

ES 2 539 530 T3

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

<210> 326

<211> 285

5

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 326

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

<210> 327

<211> 922

<212> ADN

5 <213> *Allium cepa*

<400> 327

cacttcactt ccccttttctt cattttcttca atacctacaa accctagctt cacttttacta 60
 tttaaaaatg gcgctctaata acaaccgcga acctccttcc gatggactca acgacgactt 120
 ctctgaccaa atttttttcca tgccttccgc ctctgcgcgc tcttcagcct ctactgacgc 180
 caccgaagct ctcaactatg ctgattcctc caccactggg gttacccoga tgttctcact 240
 tggcctcagc ttggatcagc agcctaagtc tgattcgtcc caatcggaaa gagagcatcc 300
 ggttcagttt gcttgcttgt ttccacagta tgggcacaaat aatcaagttc atcaaaccgc 360
 gcctaattctt tctctctctc aagttcttca tggacaagca atgcagagca gtatggctgc 420
 aacaccacaa octacaggtc cacggccaag ggtaggggtc aggagaggcc aagctaccga 480
 .
 tctcatagat atagctgagc gattgaggag ggaaagaata gcagaaagga ttagagcttt 540
 gcaggaattg gtgcccagca ctaataagac cgatagagct gtgatgctgg atgaaattgt 600
 agagtatgtg aaattcttga ggcttcaagt aaagggtacta agcatgagta gactagggtg 660
 tgttggtgct gttgcacagc tggtagcoga tatccctatg tcttcttcag ttgagggtga 720
 ttcaagtga agtggaaga caagctacca aggggtgggaa aaatgggtcaa ccgacggcac 780
 cgagcgtcag gtggcaaaac taatggaaga agatgtaggg gctgcaatgc aatttctcca 840
 atcaaaagcc ctctgcatca tgcccatatc ttttagcagct gcaatttgtc aaacgaatcc 900
 ctcaaccoga atctctttca tg 922

<210> 328

<211> 1456

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 328

gtctgtgtct	cttcgtctct	attagcttaa	gcatacatat	tctctcacct	aacaactcca	60
cacaagattc	ttcgcatgga	aagttgttt	tgcattcttc	ttctctaact	cgctatcttt	120
taactcacc	agctccactg	agtcgaaaat	ttcaaacctt	tactcgtttc	cttcattggt	180
aataacaaca	acatcccaca	tgatagcatc	tcgatcccat	ctcctaccga	cgattttctt	240
gagcagatcc	tcgggctttc	caacttctcc	ggttcttcag	gttctggtct	ctctggaatc	300
ggcggcggtg	gtccacctcc	gatgatgctt	cagcttggtt	caggcaacga	agggaatcat	360
aatcatatgg	gtgccattgg	aggaggtgga	cctgtagggg	ttcataatca	gatgtttccg	420
ttgggattaa	gtctcgatca	agggaaggga	catggctttc	ttaaacctga	tgaaactggg	480
aaacgtttcc	aagacgatgt	tottgataat	cgatgttctt	ctatgaaacc	tattttccat	540
gggcagccaa	tgtcacagcc	agctccacca	atgccgcctc	aacagtctac	tattcggcct	600
agagttaggg	ctaggcgagg	tcaagctacc	gatccacata	gcctcgctga	gaggctccga	660
agggaagaa	tagcagaacg	gatacaggtc	ttgcaggaa	ttgtacctac	cgtaacaag	720
acagataggg	ctgctatgat	cgacgagatt	gtcgattatg	ttaaagttct	caggctccaa	780
gttaagggtc	tgagcatgag	cgtcttggt	ggagccgggt	ctgtcgacc	actagtact	840
gaaatgccat	tatcttcac	agttgaggat	gagacgcagg	cgtgtggga	gaaatggtca	900
aacgatggga	cagagaggca	agtggctaag	ctgatggaag	aaaacgttgg	agcagcgatg	960
caacttttgc	aatcaaaggc	tctttgcata	atgccgatct	cattggcaat	ggcgatttac	1020
cattctcagc	caccagacac	atcttcttca	atcgtcaaac	cagagatgaa	tcctccaccg	1080
tagatttttg	ttcatccaac	ggccccagc	tgatgattga	cattttgctc	tgtttccac	1140
tactagactt	ttgtgactca	tgaaaggtaa	gtaaaaaggc	attggagatg	gaatctaagt	1200
aggatttggt	cagtaaagaa	gtaaaacggg	atctgtcaaa	agaaggaaaa	agctctcgt	1260
tgcttggtta	gtatttatca	ttttgatgaa	agtaactctt	ttttgttcaa	agactttagt	1320
gtgattttca	ggaccaaggg	ctttgagggt	agtgcctagc	gtagtaatag	taatgaaggt	1380
gtgggatcgt	gtttctgaat	tatgtaaaaa	aggaagaaaa	aacaaatgtt	ggtattatat	1440
tatggttttg	cctctc					1456

5

<210> 329

<211> 1588

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 329

gtccctttct	cgtctctgtc	ttcttcgtcc	tcattcggtt	taaagcatca	aaatttctac	60
aaacccaaa	agattaaaaa	aatctgtagc	tttcgcatgt	aaatctctct	ttgaagggtc	120
ctaactcgtt	aatcgtaact	cacagtga	cgttcgagtc	aaagtctctg	tcttttagctc	180
aaaccatggc	tagtaacaac	cctcacgaca	acctttctga	ccaaactcct	tctgatgatt	240
tcttcgagca	aatcctcggc	cttcttaact	tctcagcttc	ttctgcgcgc	ggtttatctg	300
gagttgacgg	aggattaggt	ggtggagcac	cgcctatgat	gctgcagttg	ggttccggag	360
aagaaggga	tcacatgggt	ggcttaggag	gaagtggacc	aactgggttt	cacaatcaga	420
tgtttctctt	gggggttaagt	cttgatcaag	ggaaaggacc	tggttttctt	agacctgaag	480
gaggacatgg	aagtgggaaa	agattctcag	atgatgttgt	tgataatcga	tgttcttcta	540
tgaaacctgt	tttccacggg	cagcctatgc	aacagccacc	tcctcgggcc	ccacatcagc	600
ctacttcaat	cctgtcccag	gttcgagcta	ggcgtggta	ggctactgat	ccacatagca	660
tcgctgagcg	gctacgtaga	gaaagaatag	cagaacggat	cagggcgctg	caggaacttg	720
tacctactgt	gaacaagacc	gatagagctg	ctatgatcga	tgagattgtc	gattatgtaa	780

10

agttttctcag	gctccaagtc	aagggttttga	goatgagccg	acttggtgga	gccggtgcgg	840
ttgctccact	tggtactgat	atgcctcttt	catcatcagt	tgaggatgaa	acgggtgagg	900
gtggaaggac	tccgcaacca	gcgtgggaga	aatggtctaa	cgatgggact	gaacgtcaag	960
tggctaaact	gatggaagag	aacgttggag	ccgcgatgca	gcttcttcaa	tcaaaggctc	1020
tttgtatgat	gccaatctca	ttggcaatgg	caattttacca	ttctcaacct	ccggatacat	1080
cttcagtggg	caagcctgag	aacaatcctc	cacagttaga	tttctgcaat	aaagagtttg	1140
tacagctaatt	ccaactgtcc	aacatggggt	tttcttctgc	tctaattgact	ctggtttctt	1200
ctctcctctc	tcacccactt	gaaaggtaaa	aaagtgaaaa	aggctttgta	gatggaatca	1260
atgtaggatt	tgcagtagag	ggaaaaaaa	tgtcaaaaag	ctcaattgat	caagtattat	1320
tgtaatcatt	gtacctttat	tttaggtgga	ctttgatgaa	agcaactttt	tgttttcaag	1380
acttttagtg	gaggttgagg	aaggagcttg	aagggtgtta	tttattagta	gtagtagtag	1440
tgggaagttg	tgggaccttg	ttgagttgtg	ttcaaatgga	agaaaaaaca	agtatttgta	1500
atgtgtcacc	ccttgtatta	ttattttatt	tgtatgactt	tggagtagta	taattaatta	1560
tcaataata	ttattagttt	gatctagt				1588

<210> 330

<211> 1407

<212> ADN

5

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 330

tcttcccaaa	aaaaagtgtg	gaagcagaag	aaacccatca	tcatcatgat	gaactcttct	60
cttctaaact	cttcttcttc	atcttcttcc	catatccaaa	ctccatcaac	aactttcgac	120
cacgaagact	tcttcgatac	aatcttttcc	tccgccccgt	ggccctccgt	cgctcgatgat	180
gctcatcctc	ttccctccga	tggcttccac	ggccacgatg	tcgactcaag	gaatcagccg	240
atcatgatga	tgcttttgaa	tgatggctcc	tccgtccacg	ctctttataa	tggcttctcc	300
gtcgcgggat	ctcttcttaa	ctttcaaatc	cctcagggat	cgggaggagg	attgatgaac	360
caacaaggac	aaacgcaaac	gcaaacgcaa	cctcaggcga	gcgcgtctac	agctactggt	420
ggtacgggtg	cggctccgcc	gcagagtagg	actaaaatcc	gagctaggag	aggtaacgca	480
actgatcctc	atagtatcgc	cgaaggttta	cgaagagaga	gaattgcgga	aagaatgaaa	540
gctcttcaag	aactcgttcc	taacggcaat	aagacagaca	aggcatcgat	gctcgatgag	600
atcatagatt	atgtcaagtt	tttacaactc	caagtcaagg	tactgagcat	gagcagattg	660
ggaggtgctg	cttccgtttc	ttctcaaatc	tccgaggctg	gtggatccca	cgggaacgca	720
tcctccgcca	tggctcggcg	tagccagacg	gccggaaaact	ccaacgacag	cgttacaatg	780
acggaacatc	aagtggccaa	actaatggaa	gaagacatgg	gctcggccat	gcaatatctt	840
caagggaag	gtctttgtct	catgccaatc	tcttttagcca	ccgccatctc	aaccgccacg	900
tgtaactccc	gtaacccctt	gatccctgga	gctggtgccc	acgtcggagg	tcttctccct	960
cccaatcttt	ctggcatgac	catacagtcg	acgagtaaca	aaatgggtag	cggtaatggg	1020
aaattaaacg	gtaacggcgt	gaccgagagg	togtcttcta	tgcgcgttaa	agaggccgta	1080
tccgttttga	aagcgtgata	acggccgttt	acttttgggg	ttaggcagag	agataccaaa	1140
aacaaagaga	aagtgggggtg	aagtgggaga	taaagtcaaa	gtctacgaag	aatgaggttg	1200
aggttggttg	atgtgttctc	tgaacgaagc	catatttttc	gtagagtttt	ggttctttta	1260
cctacgcact	acaaaaccat	tcaagggaca	tttctttttc	ttttttaaat	atatggttgc	1320
aatatgtttt	atttttatta	aataaagttg	gtatcgttga	tctgaatatt	aggctagaaa	1380
aagaaaaaaa	tagtatattg	gttttttc				1407

<210> 331

<211> 1230

10

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 331

aacatttcatt	ttcatttctca	ctccccacca	aaaaaaaaaa	aaacagaagc	catgaactcc	60
togtctcttc	taactccttc	atcatctcct	tctccacatc	ttcaatctcc	tgcaacattc	120
gaccacgatg	atttctctca	ccacatcttc	tcttccactc	cttggccctc	atccgttctc	180
gacgacactc	ctccaccaac	ttccgattgt	gcccccgctc	ctggattcca	ccaccacgac	240
gccgattcaa	gaaaccagat	cactatgatt	cctttgtcac	ataaccatcc	taatgacgct	300
ctcttcaatg	gcttctccac	cggatctctc	cctttccacc	tccctcaagg	atcgggaggt	360
caaacgcaaa	cgcagtgcga	ggcgacggcg	tcagccacca	ccggtggtgc	aacggcgcaa	420
cctcagacaa	agcctaaagt	ccgagctagg	agaggtcaag	ccactgatcc	tcacagtatc	480
gccgaacggt	tacggagaga	gaggatagcg	gaaagaatga	aatctcttca	agaacttgct	540

cctaattggtg	acaagacaga	caaagcatca	atgctcgatg	agattatcga	ttatgtcaag	600
ttcttacagc	tccaagtcaa	ggtactaagc	atgagtagac	tgggcggtgc	tgcttctgct	660
tcttctcaaa	tctctgagga	tgcoggtgga	tcccaagaaa	acacctctct	ctccggcgag	720
gcgaagatga	cggagcacca	agttgcaaa	ctaattggaag	aggacatggg	atcagccatg	780
caatatctac	aaggcaaaag	tctttgctct	atgcccctct	cgtagccac	caccatctcc	840
accgccaagt	gtccttctcg	tagccctctc	gttaaaagata	cggcggttcc	tttgtctcct	900
aacctatcca	ctacaatagt	tgctaacggt	aatggctcat	cgtaggtcac	cgtaaagac	960
gtccctccg	tttccaagcc	gtgataacgg	ccatttgtcc	atttcatttt	cccttttttg	1020
ggtgggaaag	agagaaaaaa	gtttagaaga	caaagacaag	tgggataggt	ggttttgggc	1080
aaagttaga	aagaataagg	tcgtgttttc	ggatacgaca	cgtattttgc	gtacactttg	1140
gttttctgtc	tttacctact	acaaaccacc	cataagcaca	ctcatgttat	catgtttttt	1200
tttttttggg	ttataaagtt	atatccttaa				1230

<210> 332

<211> 1019

<212> ADN

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 332

atggaaaatg	gaaatggaga	aggaaaagga	gaattcataa	acaaaaacaa	tgacttcttc	60-
cttgattcca	tgtcaatgct	ctcctctctc	cctccttggt	gggatccatc	tcttcctcct	120
cctcctcctc	cgccacaatc	tcttttccac	gctctagccg	tcgacgcgcc	cttcccgac	180
cagttccatc	atcctcagga	gtcaggaggt	ccaacaatgg	gtagccaaga	agggttacag	240
ccacaaggta	cagtgtcgac	cacgagcgca	cctgttggtc	gtcaaaagcc	aagagttcga	300
gccaggagag	gccaagccac	cgatcctcac	agtatcgctg	agaggcttag	aagggaacgc	360
atcgagagc	gtatgaagtc	tctccaagaa	ctggttccca	acaccaacaa	gacggataag	420
gcatcaatgt	tggacgagat	catcgagtat	gttaggttcc	ttcagcttca	agtcaaaagta	480
ctaagcatga	gcagattggg	aggtgcagga	tcagttgggc	cacgcctcaa	tggtctctcc	540
gcagagcgag	gaggacggct	caatgccctc	actgcaccgt	gcaatggctt	aaatgggaat	600
ggaaaagcta	caggatcgtc	caatgagagc	ctaagggtcaa	cagaacaaag	agtggcgaaa	660
ctgatggagg	aagacatggg	atcagcaatg	caataccttc	aagggaaggg	gctttgctta	720
atgccaatat	ctctcgcaac	cgcgatatca	tcatacaacta	ctcactctcg	tggtacccctc	780
tttaaccccca	tctccagtcg	tgtagcagca	gaggattcaa	atgtaacagc	aactgcagtt	840
gctgcacctg	aagcctcgtc	tactatggat	gatgtatctg	cttccaaggc	ctgaaccata	900
gaatactcat	gtgtttcggt	ttctcagttt	aagtc aaacg	ctaactctcc	tatcttttta	960
ctattttctc	tgctaagcaa	caataatata	aaacagttgc	aacaaagaa	aaaaccgac	1019

<210> 333

<211> 1763

<212> ADN

10 <213> *Aquilegia vulgaris*

<400> 333

cactttcaca	actctctctc	tctttctctt	cccgaaactc	aaaattttctc	cggtttatcg	60
ggtatcggtg	ctgtaacttg	tttcgcccgc	aaactcggtt	ttcgattttc	tctcataaac	120
ccaaaacaaa	accctttgtc	tatttctatg	tttaatgttc	ttcaaaaacc	ctaactcttc	180
aatcaaacac	gcatacactc	ttactctctt	ctttctcaca	acatggctaa	taataataat	240
cctacagaag	gattaacaga	tgatttccct	gatcagatct	tatcttatgg	tgctcacgaa	300
ggtaatttgg	cgggaaatga	tgtaatttgg	gcgggaacaa	ctacacctgg	aggttcgatg	360
gccttgcaat	tgagttcttc	tggaggtgat	attaccggta	gtggtgggta	tcatacatat	420
catcagcatc	aacatcatca	tcagttaagt	ggtggtgggt	gtggttttcc	gttaggggta	480
agtttagaac	aaagtggtaa	aggtgggttt	tttaaacacc	atgaagcttc	tggaagtggg	540
aagcggtttc	gtgacgattt	cgttgatttg	aaagctgttt	cttctactaa	caacgataac	600
aacgatagag	gagactctgt	acatttgaat	aatttgtttc	cagcatttgg	acatgtgcaa	660
caacagcaac	aggctcactc	tggtcgacct	ccttcacatc	aaaatcaa	caaccagcct	720
ttccttgggc	atccaacacc	tggggctggt	ctgttgttac	cacatccacc	tgccattcgg	780
cctagagtgc	gagcaagaag	ggggcaagcc	actgacctcc	acagtattgc	agagagggta	840
cgtagagaaa	gaatagctga	aagaatgaag	gcactacagg	aactgggttc	tagttccaac	900
aagactgata	gggcagctat	gcttgatgaa	attgttgatt	atgttaaatt	tctaaggctc	960
cagggtcaagg	ttttgagcat	gagcagactg	ggaggagctg	gtgcagtagc	acagcttggtg	1020
gctgacattc	cactttcact	agctgagggc	ggagccagtg	aaggtggcag	taatcagcca	1080

gcatgggaga	aatggtctac	agatggcaca	gaacatcaag	tagcaaagct	catggaagaa	1140
gatgttggag	ctgccatgca	attcctccaa	tctaaagcac	tttgcacat	gcccatttca	1200
cttgccctctg	caatatacca	cgaccaacca	cccgatgcct	ccacaatgat	caaaccogaa	1260
cctaattgcac	cttcataaaa	tgaaaaggat	acatgcaatt	ggacgtgccc	atgaacaact	1320
ccaaacttac	aactatccca	ccttccattt	gttcccccca	cgtcagactt	agtcaactcc	1380
cctcagcatt	gcaatcaaa	tcagatgcca	tattattcgt	tctgcctttc	atttttttcg	1440
tcaaataaggt	tgtaattgtga	tgccatagaaa	aataatcata	ggtactcctg	atgtggtgtg	1500
ggatagtgggt	ggatagccag	aacactttcc	gggtggggacc	cttctttttg	atagtggagg	1560
gtggggcatt	tttaaagggg	gaagatgggt	acatagacat	gattaatgta	ttagaaggaa	1620
actgaaaagg	gaattgaaat	ggatattgga	tagttgttgg	tcgcttaaaa	aagttgtgtt	1680
ggaagggtgc	actactcgg	tttgagtggg	ttgtgttttt	tgtaaagtgc	ttgatttatt	1740
tttctcaagt	atctctgagt	cat				1763

<210> 334

<211> 931

<212> ADN

5 <213> *Aquilegia vulgaris*

<400> 334

tcaactgctg	ttggcagttg	taatgggggt	gtgaagctcg	tgtgagagct	cgcagggggtc	60
aagcaacgga	tccacacagt	attgctgaaa	ggcttcgaag	agagaaaata	gcagagagga	120
tgaagaatct	acaagaactt	gttccaaact	ctaataagac	ggataaagca	tctatgcttg	180
atgaaatcat	tgagtatgtc	aggtttcttc	agcttcaagt	caaggttcta	agcatgagca	240
ggctgggggc	aacaggggca	gttgttcccc	tcattacaga	aaatcagcct	gagggatcta	300
ctagtcatct	tctgtcgcag	tcagctgggtc	gagatgttaa	acatattgaa	tctcctaaca	360
cccttacatt	tgagcaagaa	gtagtgaagc	tgatggaatc	caacatgacc	aaagctatgc	420
aatttctgca	gagaaaaggc	ctctgcctaa	tgctatttgc	ccttgagctt	gccatttccg	480
gtagtaaaagc	accaccgccc	tctctttcta	ctgagggaaa	gaagtctatt	ttgaccaatg	540
gctttgttca	tcataacagt	gggcaatcta	acattggggc	aggtcagata	tcattctgatg	600
gagagactag	atcagaggaa	aacataattg	ggattcacag	cagagaagac	ttttcaagca	660
acagctgcag	tgggaccagc	attaaaaaag	agggaaacaa	caccacaaac	ttcaccagag	720
aaatgaatca	agagttagaca	tagttttgct	gggtctcaatc	tttgtggctt	catacctggt	780
ctccaattct	caagtttcag	taacctagca	agtagataag	tagcagagtc	tgggactgtt	840
ttgttttttt	tttctcgctt	caaagatgag	aatgtgggtat	agattttctaa	ttatacgtta	900
taggtttcat	tgtacatgca	cacatatatg	c			931

<210> 335

<211> 838

10 <212> ADN

<213> *Brassica napus*

<400> 335

cccacgcgtc	cgaaacacct	tccgatgact	tcttcgagca	aatcctcggt	ctccccaact	60
tctcagcctc	ttcatccgac	ggcgggttag	ggcggaggag	agcaccgccg	atgatgctgc	120
agctgggctc	cggcgaggaa	ggaggtcaca	tgggtgggct	aggaggagga	agtgggtttc	180
acaaccagat	gtttcctcta	ggtttgagtc	ttgaacaagg	caaaggacaa	ggctttctta	240
gacccgaagg	tggtagtctt	ggaactggga	aacgtttctc	tgatgacgtc	atgaaaccog	300
tttttcatgg	gcagccaatg	caacaacagc	cagctccagc	ggcgccgcat	cagcctacat	360
cgatccgtcc	cagggttcga	gctaggcggtg	gtcaggctac	tgaccacat	agcatagctg	420
aaaggcttcg	tagggaaaaga	atagcggagc	ggatcagggc	gttgcaagag	cttgtacctc	480
ctgttaacaa	gacagataga	gctgctatga	ttgatgagat	tgtggattat	gtaaaagttc	540
tcaggctcca	agttaagggtt	ttgagcatga	gtcgtcttgg	tggagccggt	gcagggtgctc	600
cacttggttac	tgatatgcct	ttgtcatcat	cagttgagga	tgaatctggt	gaaggtggaa	660
gggcaccaca	acctgcgtgg	gagaaaatgg	ctaacgatgg	cactgaacgc	caagtcgcta	720
aactgatgga	agaaaacggt	ggagcagcga	tcagccttct	ttcatctaa	gcgctttgta	780
tgatgccaat	ctcattggct	atggctatct	accattctca	gcctccagat	acaacttc	838

<210> 336

15 <211> 1291

<212> ADN

<213> *Citrus clementina*

<400> 336

caaccgtgtt	acaccgaccc	atctgctgct	gcttcaaact	ccgctgatga	catacccatg	60
ttcctacagc	tgggtcccg	cgccctctct	cctggtgccg	gaggaggcgc	caccagtgt	120
gctgacataa	gaagtttggc	tatgggaatc	agcatgggaa	tgatgcctct	agggttaaat	180
ttggagcata	gcttcttaag	gcagcatgaa	gatcataata	gtaaccataa	caacaacaac	240
aacactaatg	cttcttcttc	ttctcctaata	aattctcttg	ccacttcttg	aatcaacgag	300
agagattccg	tgcacatgcc	aagtttgttt	ccagcgtttg	gacagttgca	aagtcaatca	360
gcccggccgc	cgctgccacg	tcctcctcaa	gtacagcagt	ttcagagcca	accagcagcc	420
gcaccgcagc	ctccagctgt	ccgtccaagg	gtgcgagcaa	gacgagggca	agccacggat	480
cctcacagca	ttgccgagcg	gttgcgtagg	gaaagaattg	cggatagaat	gagggtcttg	540
caagagctgg	ttcctagctg	caacaagacg	gatagggcag	ccatgcttga	tgaaatcgtg	600
gattacgtga	agtttctaa	gcttcagggtc	aagggttttga	gcatgagtag	actgggtgca	660
gctggtgccg	tggctcagct	tgtagctgat	gttctctctgt	catcagctct	tgaggagag	720
agcattgatg	gtggaagcag	tcagccagaa	tgggagaaat	ggtcaaata	cggaaactgaa	780
caacaagtag	ccaagctaata	ggaagaagac	attggagctg	ctatgcagtt	ccttcaatcc	840
aaggcacttt	gcatcatgcc	catatcaact	gccagtgcga	tctatcgac	ccgtcaaccg	900
gatgccccag	cattcgtcaa	gcctgaatcg	agcaccctct	catattgtct	aaacaacaat	960
tggagtcagc	agttggctca	caatgactca	aaatattttaa	tcacgggtac	ctattcctat	1020
agaatacttt	tggctcctct	atccaaccaa	ataattcaaaa	ttccaatgca	acgttcccat	1080
tcttctttcc	cttaattaac	ctagggcaaaa	aaagggaaat	gaaaagaagg	caatgggcaa	1140
tggcaagggg	gaaaaagggg	aatttttttc	caaagttttt	tttttttata	aaaactcccc	1200
ttttcaaaaa	aaattataaa	gggggggggg	gggtttttta	gggggggggg	aaaaaacccc	1260
caaaaaaggt	tttcgggggg	tgttttatat	g			1291

<210> 337

5

<211> 1344

<212> ADN

<213> *Curcuma longa*

<400> 337

gcacccgttg	agacctaacc	ttccccggga	aactggcggc	tgtgcctatg	caaccgagca	60
gcaaagagac	ggaaaggatg	gcgcagtcoc	acgcgcgcct	ccagctggag	ctccagaacg	120
gcggcgagg	cgccagaaac	gaagatttct	tcgagcagac	gatgtccggc	ttctccaccg	180
ccgcctgggc	accggagttg	gggaccccc	ggtcgttttt	cgggcgcgcg	tcttcggagg	240
agtcgcccga	cgacgaggga	ttgaactacg	ccccaccgta	cggtgggtcg	tctcttctcg	300
cctcgcgga	ccgatgcac	ctcggaacct	cgccggcgga	ttcgtcgatg	tttctccagc	360
tcggtgggca	gattctgtta	catcctacgg	ccggcgccct	cgggggcgag	tccgggggct	420
tcctccggtt	gccccctctc	ctcggtagcg	gaggctctgg	ggtctcgact	tctgccatct	480
tcggcgacag	atcccgagga	gaaatcgacc	cgccgttcga	atcgtccaat	cccaccgagg	540
ctgaggtgtt	gtataacgac	ggattcaccg	gatecgttcc	acggcggttg	caagcgtccc	600
ttcatcagca	actcctccga	caacccccaga	actacggagc	tgctacgctg	accggacagg	660
ctcttgcatg	aacagcaacg	gcttcaggta	ccgcggcgcg	aggtactgcg	ccacccaagc	720
cgagggtgag	ggccagaaga	ggtcaagcga	ccgatcccca	tagcattgcc	gaaagacttc	780
ggaggagag	aatcgagag	cgtatgaaag	ctctgcagga	attggtgccc	aacgctaaca	840
agacggacaa	ggcgtcgatg	ctggacgaga	tcacgacta	ccttaaattt	ctccagctcc	900
aagtcaaggt	cttgagcatg	agcagattgg	cgggagcagc	cgccgtcgcc	ccgctcgctg	960
ctgacatgtc	ttcagagagc	ggcgggcgag	cgggaaacgc	gaggagtaat	aacgatggcc	1020
tgacggcggc	ggagcagcag	gtggcggaagt	tgctggagga	ggacatgggt	tcagcgatgc	1080
agtacctgca	ggggaaaggc	ctctgcctca	tgcccatctc	cctcgccctc	gccatctcct	1140
ccgccacctg	ccgtcctcgg	cctccccccg	gtgtcaacct	ccgctacccg	gcagccggcg	1200
acgcgcctcc	gtcgccgagc	atatcgggcg	tgacagtcga	atcgtccaac	gccggcagcg	1260
ccggcgccga	cgccagctag	gatggagctg	ttcgttaaga	tcgctgtcca	aaaagtgttt	1320
ggaattggaa	tttcaatcct	tagt				1344

10

<210> 338

<211> 1235

<212> ADN

<213> híbrido de *Citrus paradisi*

<400> 338

cgacttttggc	gagtcaaaact	catggcggaac	aacccgaacg	aagcctcctc	gactgacgat	60
ttcctcgagc	aaatccctcg	aattcctaata	ttcggttctg	cggagtcggg	cttggcgggt	120
agcgatggcg	gcttggtctg	aggctcgccg	atgatgctgc	agctgagctc	cggcgacggc	180
tccagccaca	tctcggtctc	cggaggcgga	gtaagttagtg	ggtatcatgg	gcaggtgttt	240
ccgttaggct	tgagcttggg	gcaaggtaaa	ggaggatttt	tgaagcccg	ggaagcctct	300
ggaagcggaa	agcggtttcc	tgaagaacat	gctataaaaa	atgtttttca	tggccaacca	360
ctgccctcac	ctgttcctgc	agctccacat	ccaccagcaa	tgcgccccag	ggtgcgagct	420
agaagaggac	aggccactga	tccacacagc	attgctgaac	gtctacgaag	agaaagaata	480
gcagaaagaa	ttaggggcact	gcaggagctg	gtccctagtg	tcaacaagac	tgatcgagca	540
gccatgcttg	atgaaattgt	ggattatgtg	aagtttttga	ggcttcaagt	gaaggttttg	600
agtatgagta	gagtgggcgc	tcttggtgct	gtggctccac	tggtaacaac	cgacctccca	660
ctatcatcag	tgcaggatga	atctggtgaa	ggggtgaaga	accaaccagc	ctgggagaaa	720
tgggtcaaatg	atggcacaga	gogacaggta	gctaagctca	tggagaaaaa	tgttgggggt	780
gccatgcagt	tccttcaatc	aaaggctcct	tgcataatgc	cgatctcact	ggccacggca	840
atttaccatt	cgcagccacc	ggaatgaaga	ggtaggatgg	ataatgggtg	gttgtttgaa	900
aatgcttagt	gttttcccag	tccaacataa	aatgatagtg	cttgctttgt	cgaggaggcg	960
tgggctttgt	tttcaaaaag	taatttgact	tctttctcat	tttctcctga	gtcatttcatt	1020
attggaggggc	gaagggggtg	ctgacgatgg	ctgatggctg	atggcatttg	tattggtgga	1080
ctgcgttttg	tataaattac	ttacgtattt	gaacttaacc	tgattttcaa	ttctaaagtc	1140
atttactgog	gtacaaaatt	tgaaaaatct	attactgaat	ttagttgata	ataaccaact	1200
tagcgtgttc	ctttcgggga	tcatccatcc	aactc			1235

<210> 339

<211> 1916

5

<212> ADN

<213> *Citrus sinensis*

<400> 339

ggggaaacac	caaattccct	ctctccctct	ctctccctct	ctctctctct	tcttctgttt	60
ctacactatt	tagtatttta	catccatcag	aagaatgggt	tccattctct	tgaagaaact	120
cttgactctt	caaacttaaa	tttccatata	gtaaagactt	attctcaaga	aattaagatg	180
cagccctgca	gcagcggcgg	agaaatgcaa	ggaatcagct	cgctcttgag	caacggaagc	240
cacgagcagc	agtcgcagat	ccatcaaaag	gogacgtttg	atccaacttc	gcaagacgac	300
ttcttagagc	aaatgctata	ctctctccca	togtgttctt	ggactgactt	gaagctccc	360
tgggggggtt	ttgaccttaa	ccctaataac	aataataata	atattaacaa	caagcagccc	420
agagacttat	ccgacgaaac	ggcgccgtcc	actactcaag	agaataatgt	ccctgcaggg	480
tttcagttcg	acgagtccat	gatttttagct	tccaagatga	gacagcatca	gatcagcggg	540
aatactggga	gtgggaataa	taattctgct	gcagcaaagt	ttatgatgca	gcagcagcag	600
caacaaatca	tgatggctgc	tgctagaggt	ggcatcgggt	tgcttttata	acttggaaat	660
ggtggcgata	acgacatcgt	tgatgtctcg	tatttcaagt	cccaacaggg	aggagatggc	720
tcagtgcagg	cactctacaa	tggcttcaat	ggatctttgc	atggctcaac	ccagctcaa	780
catttttcata	atcttcaggg	aggatcgatg	cccgggcaga	cctttggggc	accagggccg	840
gttatgaacc	agacgcaggc	tcaggcaagt	gggtcaaccg	gtgggtgggt	tggtgggtgga	900
aacacacccg	ctcagcagcc	taaacaaagg	gttagggcta	ggagaggtoa	agctactgac	960
cctcacagca	tagctgaaag	attgcgcaga	gagagaattg	cagagagaat	gaaagctctt	1020
caagaacttg	tacctaatgc	caacaagaca	gataaggctt	cgatgctgga	tgagatcatt	1080
gactatgtca	aattcctcca	gctgcaagtg	aaggtcctga	gcatgagtag	attgggcggg	1140
gctgctgctg	tcgcacccct	tgttgctgat	atgtcctcag	agggaggagg	aggtgattgt	1200
atccaagcaa	acgggcggaa	ccctaacgga	gctcagacga	cgtcagctaa	cgacagctta	1260
actgtgacgg	aacaccaagt	ggctaagctg	atggaagaag	atatggggtc	agccatgcag	1320
tacttacaag	gcaaagggtc	ttgtctaatt	cccatctcac	ttgcaactgc	tatatcgact	1380
gccacgtgtc	actctaggaa	ccccatcata	agcaccagca	acaacaacaa	taacaacggc	1440
aatccccacc	acaatccttt	gcttcagtc	aatgggtgag	gcccagacct	acctagcatg	1500
tcagtgtgta	ctgtccagtc	agcaactatg	ggtaacgggt	gggtgacggg	ctccgtcaaa	1560
gatgtgctct	ccgtttccaa	gccttgatca	acggcgctga	ccgactttat	ctgcggctc	1620
gtccaaagtc	tacgaaaata	aggcgtcact	agatggttga	ccttcacgac	gtcgtatttg	1680
tgtagacttt	gtgactgaat	ctaacaaaca	acaaaaaagc	aagaaagaag	ccaatcccaa	1740
gaacaaaaac	cttattttat	gttattatta	ttattttaat	ttgcgggtta	ggttttgtta	1800
attttactat	tattaaattt	ttaattttct	agatgggata	tctccctctt	tttcttttat	1860
ttaatattct	ctgtcatgat	tctctattaa	ataattattt	acaaaagcct	ttaatc	1916

<210> 340

<211> 1835

<212> ADN

<213> *Eucalyptus grandis*

<400> 340

agcactttca	cttatcagag	gccgaaagca	aaacccccctg	aacacttcaa	agaaaagagg	60
ttttttcaga	caccctctcg	ccctctctct	ctctctctct	ctgagctgag	agacaatacc	120
agcttataaa	acccgagacc	cataaaaact	cccatcgga	ttcccgaatc	acgttaccgg	180
gtcatcggtt	ttcggatctg	ccacccagtt	caccaacacc	accaccacca	ccttctcttc	240
ccccctcctt	tttgggtttc	ccaatgagca	catctcacct	ccacttctc	cctccccctc	300
ccttaaaca	tctctccac	caataatttc	cacattggca	accaatttct	tattcatcat	360
ccccccccg	agtcccacca	accttagget	ctctctctct	ctctctctct	gccactcaat	420
ctttccactt	agaaagaaac	caactttttg	ctgggtttcg	catagagcag	aaaaccctc	480
gtagactttg	atctccagtt	gacacttcta	tagagaaagg	gagatagagt	ggagagagag	540
agagagagtt	tataatcacc	ggcttatggc	aggctcaaat	ccgcaggaag	gactggggga	600
tgagttcttt	gagcagatct	tggccgtgcc	gcccggagct	tactccggtg	gctccacgcc	660
catggtcttg	caactcggct	ccggcccgcg	cggcggtgga	gatggcgggc	gcagaggagg	720
cggcgggggg	ctgaggggca	tgggggtgat	gatgccccctg	gggctgaatt	tggagcaagg	780
tggattgttt	aggcacgagg	atgttgagaa	cagtactagt	gcattctcca	ccacttctgc	840
catcaatatg	gagagagaag	caggagtcca	ccacggcaac	aacatgacaa	gctgcttggt	900
tccagcattt	ggacagttcc	agactcatca	gtcagtcacg	ccacctctc	cccatccacc	960
ccctctcaca	cttcaccccg	ccttcttgaa	tcagcccgca	gtgggatcgc	cgaaccagcc	1020
ggcgatacgc	ccaagggcac	gagctagacg	agggcaagcc	acggatcctc	acagcatcgc	1080
tgagcgggtg	cgcgagaaaa	gaattaatga	aagaatgaag	gcgttgacag	agttgggtcc	1140
cagttgcaac	aagacggata	gagcagccat	gcttgatgaa	atcgtggatt	acgtgaagtt	1200
cttgagactc	caagtcaagg	tcttaagcat	gagtagattg	ggcggagctg	gtgctgtggc	1260
tcaacttgta	gctgatgtac	ccctctcacc	agctgagggc	gagatcatcg	aaggcgggaa	1320
caatcaaccg	gcgtgggaga	agtgggtgac	agacggcaca	gagcagcaag	tggctaagct	1380
gatggaagaa	gatgttgggg	ctgcaatgca	gttctctccag	tccaagacgc	tctgcatcat	1440
gcccatttctg	ctcgcctccg	caatcttccg	cacaagccaa	ccagacatgc	cccgggtccat	1500
caagcccga	tccagcgccc	cttctctga	cacccctga	aagtctctgg	cgacatcata	1560
gttgcaacaa	tgcctaggtt	tctcaggtct	gacgggttcg	aggttggtccc	caagtcgacg	1620
taactccttt	gccaaccaag	ttgcttagtg	ccctctgttc	atagttcact	gtcgtgtctc	1680
tagagtgggt	gtgaacttgt	ggttctcatg	ccttaattac	aacctaaaaa	aatgcacag	1740
tttcatgttt	tttccaattc	atccaaggaa	aagtcaaaa	caactttatt	ccaaattcag	1800
cttattaaaa	cctatcttct	atcaaaaaaa	aaaaa			1835

5

<210> 341

<211> 1765

<212> ADN

<213> *Eucalyptus grandis*

<400> 341

cctcctcgcg	tccctctgcg	ttccgccagc	taaccgaaat	tccggccacc	cccgcgggag	60
ctccgcgctg	aaacccctctc	tccgtctccg	cctccgcctc	cgctctcgte	tccgtcgttt	120
ccttccgcgg	tccgcgaccgt	agatagatgc	ccttccgcgc	cgctcatggc	gaacaacccg	180
agtgaaggcg	ccagcgacga	gttctctggag	caacctctcg	gcctccccaa	cttcgctgcc	240
gcggcgaggg	ccggcctcgc	cccgggcgac	gggacgggcc	tgctcgteac	cgcggccacc	300
ccgatgatgc	tccagctcgg	ctccggcgac	ggctccggcg	gccacggcca	cggccacggc	360
cacggccatg	gccaaaggcca	cttgctcgcc	ctcggcgggc	ggggagcggg	ggcggggggc	420
ggcgggtggc	gcgggtggcg	gggtaccat	ggggcggtgt	tcccgtggg	gctgagcttg	480
gagcagggga	agggagggtt	cctgaagccc	gaggaggcgt	ccgggagcgg	caagcgggtac	540
cccagggagg	tgcctgacgg	cagagcttct	actgtgaaaa	acctgcactc	ccggttgccc	600
aacttcccag	atgtttcgca	aatggcttct	tttaggaacc	gagatgtgtt	tcatggacaa	660
ccagtgccca	accctgttcc	tgcagcacca	catccaccag	caatgcgccc	gagagtaagg	720
gctagaacgag	gacaagctac	agatccccac	agcatcgctg	aacgattgct	gagagagaga	780
atagcagaaa	ggattcgaca	attgcaagat	ctggttccaa	gtgttaacaa	gacagataga	840
gctgccatgc	ttgatgaaat	tgtggactat	gtgaagttcc	tgaggctcca	agttaagggt	900
tttagcatga	gcagattggg	cgcagctggt	gcagtgcccc	cacttgtgac	cgacatccca	960
ctatcatcag	tcgaggaaga	aggcggtgaa	ggtggaagaa	accagccagc	gtgggaaaag	1020

10

ES 2 539 530 T3

tggtcgaatg	acggcacgga	gcggcaagtt	gctaagctca	tggaggagaa	tgttgggcgcc	1080
gcaatgcagt	tccttcaatc	caaggctctc	tgcacatgc	caatctctct	agccaccgag	1140
atctaccaaa	ctcaaccgcc	cgacacctcc	tcctttgtca	agtctgaaag	caatccacca	1200
tcctagacca	gccacaacac	aggcacctcc	cctttttcca	ggteccacca	aaggctcaag	1260
acttaaagtc	tccttggtcc	ccgctttagt	ttgtcccggt	tctacacctt	caaaaaccag	1320
ttgatggccc	ttcttctctc	ctcaaattgc	aatcaaagtc	agatgccata	gcccttgctt	1380
ttctgccttc	ttcttaagct	tttcgcccgg	acaggttcaa	tgtcaatgcc	taataaaaata	1440
ctagcaggcc	cttcatgtct	tgccaagtcc	aactaaagga	gagatattca	aaccctcact	1500
tgatatgctc	tctctctctc	tctctctctc	tctctctctc	tctctctctc	tctctctctc	1560
tctctctctc	taccaataga	atatgcttag	tggagaatga	tgtgagcgac	tttatagtgg	1620
gtgggggctc	ttgtttttct	tggtagtggg	togtgggacc	ttgtaaaagg	gattgggtgt	1680
gtaaaagtacc	atttgatataa	tgtaatgcgt	aatgtgttcg	atgaggggga	atggattgct	1740
tggtagaaaa	ttgagaaaaa	aaaaa				1765

<210> 342

<211> 796

<212> ADN

5 <213> *Gossypium hirsutum*

<400> 342

cgatagtggg	gggtgggtggg	ttagaggaat	aggcatgatg	ccttttaggg	tgaatttgga	60
acatggattc	ttaagacatg	aagatggagt	tgtagttgac	aacaacaaca	acaatgcttc	120
ttgttcagct	gcttctgctg	tttctggaat	cagtggagaga	gattctatgc	atatggtaag	180
cttgtttcca	ccttttggac	aaatgcaaac	tcagcaaatc	cgcgcttcac	cgccacctcc	240
tcagcctcca	ccgcagctcc	accagccatt	tcacagccag	ccaacatcag	gtccagttgc	300
tgctgcaccg	cacccacctg	ccgtccgtcc	aagggtacgg	gctaggcgag	gacaggcaac	360
ggatccccac	agtattgctg	agcggttgcg	tagagaaaga	atagctgaaa	gaatgaaggc	420
tttgcaagag	ttggttccta	gctgcaataa	gacggatag	gccgctatgc	ttgatgaaat	480
tgtggattat	gtgaagtttc	ttagacttca	agttaaaggt	ctgagcatga	gcagactcgg	540
tgacgaggt	gggttggttc	agcttgttgc	cgatgtaccc	ctactatccg	ttgaggggtga	600
tggtgcagga	gggtggaacc	agcctccttg	ggagaaatgg	tcaaaccgat	gcactgaaca	660
gcaagtgcgt	aagctgatgg	aagaagacat	cggagctgcc	atgcagtttc	ttcagtccca	720
ggcactttgc	atcgtgccga	tatcactggc	atctgcgata	ttccctgcac	atcaacctga	780
tgcaccaaca	atcgtc					796

<210> 343

<211> 918

10 <212> ADN

<213> *Gossypium hirsutum*

<400> 343

atgataagca	atggagggtga	atcttctgag	tttcggagat	catttacagg	cttggaact	60
ctttctccaa	ttccacaatt	atggcatcta	caaccttatg	actctgtttc	ttcccttccc	120
actttggtgg	gacaaacat	agtagatgat	gaaggcaata	ttaacagatt	tattgagatt	180
gatgaaattc	tgcaacctga	gaacttatct	gcttccatca	attcaaaggg	acaacaggac	240
atgcaaaaatt	ccttttgctc	ttcttttccc	cctgaccacc	ctataacaaa	gacctgatt	300
gggttgccat	ctctgggtgca	gggtgcacgc	cctaacctga	acaatggttc	cgaccgaact	360
gtgaagcctc	gagtaagggc	acgtcgaggt	caggctactg	atccacacag	cattgcagag	420
aggcttcgaa	gagagaagat	tgctgaaaga	atgaaaaacc	tgcaagaact	tgtacctaat	480
ttcaataaga	cagacaaagc	ctctataact	gatgaaatca	taggggtatgt	caagtttctt	540
caactccaag	tcaaggtaact	aagcatgagc	aggcttgggg	cagcagctgc	agttgttctt	600
ctcatcactg	atggtcgagc	tgaggatatct	aatggtttat	cacttgcacc	atttagcgggt	660
caagggggtg	atttttcacc	atctcctgat	caagttgttt	togaacaaga	agtggtgaag	720
ctcatggaat	ccaatatgac	aatggccatg	caatatctac	aaagtaaagg	tttctgtctt	780
atgcctgttg	cacttgcctg	tgccatatcc	aatgttaagt	catccacatc	ctcatcgtca	840
tcatcagttc	ctgcttctga	tgagagtaag	aaacttgggc	ttcaccaaca	gtactctaact	900
caacaacacc	tgcagcag					918

<210> 344

15 <211> 1530

<212> ADN

<213> *Gossypium hirsutum*

<400> 344

aaaaacccaa	cactcttttt	cattcctctg	ttttctctc	tcccactttc	cgtttctctt	60
tcagaaaaag	gaaagttcaa	gctaagctaa	aactctgaac	tttccccttc	tcagtctcct	120
cagggacaga	gaaagattaa	acgaaaggaa	aagaaaaaga	cttcttcttt	ttttccctaa	180
aagaaaagtt	gatctttttt	tggttggttc	gattctcttt	agccatttcc	tttttgcatg	240
tagatgctct	ttggtagcct	taactcgcca	cttcgactca	cttcaatcca	tggctaataa	300
ccccaacgag	tcccccgctg	atgatttcct	cgagcaaata	ctcggactct	cccactttgc	360
gcctactgag	actggcctag	cgggggccga	cggtagattg	tctggaaacg	ccacgacggc	420
tgagagcgca	atgcttctgc	agctcagctc	cggcggtggc	accggacaca	tcggcgctat	480
aggcggcggt	ggaggcggtg	cgtttcacgg	acaggttttt	ccattgggat	tgagcttgga	540
gcaaggaaaa	ggtgggtttt	tgaagcccca	ggaagcatcc	ggtagcagca	agcgcttccg	600
caacgaggtc	gttgatggca	gagctttttc	tgtaaaaaac	gttttccatg	gacaaccagt	660
gccagctact	gttgctgctg	gaccacatcc	accagcaatg	catccgaggg	tgagggctag	720
acgaggacag	gccacagatc	cacatagcat	tgctgagcgg	ttgcgcaggg	agagaattgc	780
cgaagaagtc	cgggcattgc	aggaacttgt	tcctagtgtt	aacaagactg	atagagcagc	840
catgcttgat	gaaattgtag	attatgtgaa	gttcctgagg	ctccaagtta	aggtcttgag	900
catgagtagg	ttgggcgcag	ctgggtgcagt	ggcaccactc	gtaacggacc	tcccactatc	960
gtcagttgag	gatgaaagtg	gtgagggagg	aagaagccaa	ccagcctggg	agaaatgggtc	1020
aatgatggc	acagagagac	aagtagctaa	gctgatggaa	gaagatgtcg	gagctgccat	1080
gcaattcctt	caatcaaagg	ctctttgcgt	catgccaat	tcactggcca	ccgcaattta	1140
ccatacgcaa	tctccggata	cctcctctgt	tgtaagccg	gaaacaaatc	ctccttcata	1200
gacacctcac	atgagaaaaa	gaggaaaaga	aaacggtgta	tcatatgggtg	ggggagactg	1260
tggaacaaag	cgggaagcact	tttcttgtgt	agtgatgggg	catggatttt	tggttttggt	1320
gggatgaggg	acccgcaaaa	ggagatggat	gagatgagta	tatttacata	ttataacaat	1380
aaaatattac	aatattgata	gtgttagtgt	aagtaacagt	gtaatttcac	aggaaagggc	1440
taaagtagaa	gaagggataa	tggttggtctg	attttataaa	atgctgattc	aataaaatag	1500
atggattggt	tcacgtttca	aaaaaacct				1530

5

<210> 345

<211> 1561

<212> ADN

<213> *Gossypium hirsutum*

<400> 345

aaaaaaagaa	gaggaaagcc	aaaactccaa	actttctatt	ttgcttttat	attatatttt	60
tttttggttc	aattcagttt	cgccatttcc	tttgcatgta	gatgctcttt	ggttagttcc	120
taacgcgcgt	acttggaact	actttccgct	gctatctttt	ttccggcttt	ctcatggcta	180
ataacaccaa	cgaggccccc	gocgcgatg	atttctctga	gcaaactctc	ggcctcccta	240
actttgcgcc	ctccgaaacg	ggcttagctg	gatccgacgc	tggtattggt	gcaaccgctg	300
ctggagctgg	agctccaatg	tttttgacg	tcagctccgg	tgatggcgcc	gctcatatcg	360
gtggaatcgg	cgggcggtga	ggcggtgcgt	ttcatgggca	ggttttcccc	ttgggcttga	420
gcttgagaca	agggaaaggc	gggtttttga	aacccgagga	agcttccggg	agtgggaagc	480
ggtttcggaa	cggggtcggt	gatgaccgag	cttctctctg	aaaaaatgtt	ttccatggcc	540
aacccatgca	agcaactggt	tctgcagcac	cacatccacc	gacaatgcgt	ccaaggggtg	600
gcgctagacg	aggacaggcc	acggatcctc	acagcattgc	tgaaagggtg	cgcaggggaga	660
gaattactga	aagaatcagg	gcattgcagg	aacttggtcc	tagtggttaac	aagactgata	720
gggcagctcat	gcttgatgaa	attgtagatt	atgtcaagtt	cctgaggctt	caagttaagg	780
ttttgagcat	gagtaggttg	ggcgagctg	gtgcagtggc	accgcttgta	acagacattc	840
cactatcatc	agtagagtat	gaaagcggtg	agggtggaag	aagccagcca	gcattgggaga	900
agtggtaaaa	tgatggcaca	gagcaacagg	tagctaagct	gatggaagaa	aacgttgagg	960
ctgccatgca	attcctccaa	tcaaagtctc	tttgcatatt	gcctatctca	ctagccactg	1020
caatttaacca	cacacaggta	ccagatacct	cctctgttgt	taagccagaa	acaaatcctc	1080
ctgcattagac	ctgaggggaa	aaaaagggtg	ggcatccac	agtcctcctc	tcctcccgcc	1140
ttttatttgt	cctattctaa	cacaccactc	ccctccctct	ctggcttgaa	aatgccatca	1200
aagtcagatg	ccatagctct	tgttttttgc	cttcccttcc	agctcttttt	cgatttttca	1260
aaacaggggtt	tgatgtcaat	gccttaaaaa	aatcagagac	aggcaattga	tgtctcgaca	1320
agttcgagta	aaggggaaga	attgtcaaat	ttcacttgat	atgctcttct	tttttgtatc	1380
aaaatgggat	agtggacaat	gatgggagca	cttttgtagt	ggggctctga	ttttgtgggt	1440
agtggattgt	gggacctgca	aaaaaaaaaa	aaaggataga	gatgatccag	ggtataatat	1500
tgttatttga	acaatgtatt	ttgaagataa	aatcgaatgc	aaaagtagaa	gaattgatatt	1560
t						1561

<210> 346

<211> 1411

<212> ADN

5 <213> *Gossypium hirsutum*

<400> 346

aaaaaatccc	tttgaaaaaa	aaaattccct	cttttccctt	ctgttacttt	cacagagctg	60
aaagtacaga	acagaaaaga	aaccccaaac	ctcaaaattt	tctctttctc	acgttgatag	120
aaggatttaa	gctagaacgg	caaagatatg	aaataatatc	gtgttttttg	tctataaata	180
ttttgttggg	ttttcaattc	ttttttcgcc	atttcttttg	catgttgatg	atctttgggtg	240
gctttaactc	ggtacttgga	ctcacttccg	ctactacttc	ttcgggtttc	acatggctaa	300
taaccccaac	gaggcttccg	ctgatgattt	cctcgagcaa	atcctcggat	tccttaactt	360
cgcgccttct	gagacgggtt	tggcgggacc	cgcgggtgga	ctgacaggaa	caactgctgg	420
tgccgggaacg	ccaatgtttc	tacagctcag	ctctgggtgat	ggagccagtc	atctcggcgg	480
aatcggcgccg	ggtggaggcg	gcgcgtttcc	cggacaggtt	tttccgttgg	ggttgagott	540
agaccaaggg	aaaagcggcg	ggttcttgaa	gccggaggaa	ggttctgggtg	gtagcagcag	600
gcgggtttcgc	gatgaagtcg	ttgatggcag	ggcttccctca	gttaaaaacg	ttttccatgg	660
ttcaccaatg	cgggctaccg	ttgctccatc	acgcgatcca	ccaacaatgc	gtccaagggt	720
gcgggctaga	cgaggacagg	ccacggaccc	gcatagcatt	gctgaacggg	tgccggaggga	780
aagaattgoc	gaaagaatcc	gagcattaca	ggaacttggt	cctagtgtta	acaagactga	840
tagagcgggtc	atgcttgatg	aaattgtaga	ttatgtcaag	ttcctgaggc	tccaagttaa	900
ggttttgagt	atgagttagt	taggcggggc	gggggcagtg	gcaccgcttg	ttacagacat	960
cccattatca	tcggtcgagg	acgaaagcgg	cgcgggtgga	aggaaccaac	cggcatggga	1020
gaaatggtca	aacgacggca	cgcagcgaca	agtagccaag	ctcatggaag	aaaacgtagg	1080
agctgccatg	caattcctta	aatcaaaagc	tctttgcatt	atgccaatct	cactagccac	1140
cgccatctac	cactcgcaac	cactggatac	ctctctctatc	gtcaagcccg	aaacagatcc	1200
cccaccataa	ctctaacaaa	caaaaaataa	gggtatgcatt	cccacacagc	ccatcctata	1260
tgtccaacac	tatgaggaaa	aaaaaaggaa	gggggggcct	tcatgtccgg	atttgtcaat	1320
ggtgatctct	tttgtagtca	atgggtgggg	taggggataa	tgatggaaga	agaggggcac	1380
tctcatagtg	ggggctttaa	atttttttgt	t			1411

<210> 347

<211> 1526

<212> ADN

<213> *Gossypium hirsutum*

<400> 347

caaaaagaaa	aaaagagaaa	ctcgtccctt	catcttcaat	ctcattcatc	atcaaagcaa	60
aaaaaaaaacc	ctaattatgc	agccttgtag	tctgtaaag	caagcaatga	actctctctt	120
aaacccgacc	caacaaatcc	ctctccaaga	ccttcaaate	aacggtaaca	gacaccacca	180
tcaacagatc	cacgtcccat	catcatcgca	gttccagtat	cccacacca	cttcaacaac	240
ccaccatgac	gacagcttct	tagaacagat	actctcctcc	accacgtcct	tcccgtggtc	300
cgacgaaacg	ggtcctccca	accccgagga	taacaataac	gcgggcttca	actacgatga	360
gatgggttcta	gcttccaagc	ttcgacagca	tcaaataaac	ggcggagctg	ctggtaaccc	420
ttttgcccgt	atgaagatga	tgttgatgat	gcaacaacaa	caacagcaac	agcagatgat	480
gttagcgagg	agacccacgg	ttgcctccgc	cgccgcggga	ggcggaaatca	ccaccaatca	540
tcaggggtgga	gaggggttcca	tgcaagcttt	gtataatgtt	tttggcgatg	gatcttttga	600
tggaactatg	cagcgcaaaa	gctttgtggg	ggctaattca	gcaacagaga	tgacccaaag	660
tcaggggaagt	gggtccgacgg	ccggagaagc	gggtgacggcg	ccggaaaagc	ctaaacaaag	720
agtttagggca	aggaggggtc	aagctactga	ccccacagct	atcgcggaag	gactacgtag	780
agttagaatt	gcagagagaa	tgaaagctct	tcaagaactg	gttcccaacg	ccaacaagac	840
agataaagct	tcaatgcttg	atgagatcat	cgactatgtc	aaattcctcc	agctccaagt	900
gaaggttctg	agtatgagca	gattgggtgg	tgtgtgtgt	gttgtctccc	ttgtttctga	960
gggaggtggc	gattgtattc	aaacaagtgc	caatgggtgg	tcccatccac	gaaattccaa	1020
cggcgaccaa	acgcccgtcg	ccaacgacag	actgacgatg	acggagcacc	aagtggccaa	1080
gcttatggaa	gaggacatgg	gctccgccat	gcagtatctg	caagagaagg	gtctgtgctt	1140
catgcogate	tctctcgcca	ccgccatctc	aagcgccacg	tctcgttcaa	ggaaccccat	1200
gatcaaccat	gaaaaccogg	ccaacggcag	ccaccttttg	attcaatcaa	gcggcgccga	1260
tggaaccttc	tgcctagca	tgtccgtgtt	gacagtccag	tcagccacca	tgggtaacgg	1320
tggccttgaa	ggtggcgacg	cctcggtttc	caagccctga	taacggcggt	gactgacata	1380
cgtagagagg	aattgaaggg	aaacagcttt	tagtctatga	gaataaggcg	gtcttcttcc	1440
caagtatttt	cttaaaagta	cgaacgacg	ccgtatttga	cgtagactta	taagctaacc	1500
cctaagactg	acctcatcca	atcaac				1526

<210> 348

<211> 1052

<212> ADN

<213> Max glicina

<400> 348

ggattcatga	agcccgacga	agcctccgct	agcggaaagc	gcttttcgca	cgacgtcggt	60
gataatagag	ctaagcatgt	ttttcatggg	caacccatgc	ctactactat	gcctgctgct	120
cctcatcctc	cagcaatacg	tcctaggggtg	cggggccataa	gaggacaggc	tacagatcca	180
cacagcatag	ctgaacgatt	gcgcagagaa	agaatagcag	aaagaatcag	ggcattgcaa	240
gaactgggtc	caagtgtcaa	caagacagat	agagctgcca	tgtagatga	aattgtggat	300
tatgtcaagt	tcttaaggct	tcaagtgaag	gttttgagca	tgagtagact	gggtggagcc	360
gggtcagtg	gaccactgg	aactgacatc	ccattatcat	cagtcgagga	agaagggtgt	420
gaaggtgcgc	gaaaaccggc	agcatgggac	aaagtgtcaa	atgatggcac	agaaagacag	480
gtagctaagc	ttatggaaga	aaacgttggg	gctgccatgc	agtttcttca	atcaaaggct	540
ctctgcatca	tgccaatctc	actggcatcg	gcaatatacc	agtcacaacc	accggacact	600
tctagcatag	tcaagcctga	aactaatcct	ccttcataga	cctaattcac	atgttgacac	660
atctattatt	attgggtcca	tcccaggctc	acctaatact	tgttgggacc	cacacctaac	720
gcgttatattg	tctgttccaa	atccccccc	ataaaataag	tcattggcaa	gcatcaagtt	780
gcaatcaaaag	tcagatgcca	taattcttcc	tttttttgcc	tttctttcag	ctttgttcaa	840
tacaggggtc	gatatcaatg	ccttggaaaa	gacaagcaaa	cccttatatc	atgtcttgcc	900
gtattttcaag	tagagaggaa	gacattgtca	aaagttcaat	tgatatgcgc	ttcttttcta	960
gtgtcaaatg	ggtgggggta	gtggaccatg	atgtaggcgc	ttttatagtg	gggcttagtt	1020
tttgtagtg	gctgtgggac	cttctaaaaa	gt			1052

<210> 349

<211> 1490

<212> ADN

<213> Max glicina

<400> 349

gtccaacaac	aacaacgaag	ctactactaa	tgtcgcatct	ttttcctcct	togatgagca	60
ctccacctta	gctccaaagt	tccgcaacca	ccagatcagc	tccaataaca	acgggcccaa	120
aaacgccgcg	gcggcggtct	tcatgctcca	acaccaactc	ctcagagact	ctgggtcttct	180
caacatgcct	ctttccttgc	cgggaaacga	cgctcgtggt	gacgcttcta	ccttcgaatc	240
ccccaatccg	agtggtaaag	cttcagtcca	aactctctac	aaagggttcg	ccggtatctct	300
gcatggcgta	ggccaatcct	cgaaccagac	tcaacatctt	caacaccctc	aggggaagttc	360
gaatccgatg	caaggggcaa	atctttggggc	ggtgccagct	ggtggtggta	gcgcgacgaa	420
tcaggctcca	gcgagtggcg	ctgccgcggg	tggcgcgccg	gctcagccga	ggcagaggggt	480
tcgagcgagg	agaggtcaag	ccacggaccc	acacagcatc	gctgaaaggt	tacgtaggga	540
gagaatcgcc	gagagaatga	aggccctaca	agaactgggt	cccaatgcca	acaagacaga	600
caaggcatcc	atgctagatg	agatcatcga	ttacgtgaag	ttcctgcagc	tccaagtcaa	660
ggtttctgagc	atgagcagat	tgggcgggtgc	tgtctgtgtc	gctccccttg	ttgctgatat	720
gtcctctgag	ggaggcggag	actgcattca	agccaacggc	aagagtaacg	gcgggtggggc	780
ccaggcttca	accaccaaca	ccaacaccaa	ccaaaacgaca	gcgacaacaa	cctcaaacga	840
tagcctaacg	atgacggagc	accaggctcg	gaaactaatg	gaagaagaca	tgggttcggc	900
tatgcagtat	cttcaaggaa	aaggctcttg	cctcatgcca	atttcacttg	ccactgcaat	960
ctccactgcc	acgtgtccca	ccaggaacgt	taacgttaac	cccttgatca	acgcgcgcgc	1020
cggagccacc	cattttccga	ccgcagccaa	ccccgcgggc	gaagggccgt	cgtctccgag	1080
catgtccgta	ctgacgggtg	agtcggccat	cgcaggcaac	gacggcgccg	cctccgtttc	1140
gaagccgtga	tgacgggtgt	tgagtgactt	tataggaaaa	agaagaaaaa	aacaaagtga	1200
acaaaggaca	gaaaatgacg	tgtgtttttt	tttcttaaaa	aaaaaggagc	cgttaaagtc	1260
tacgaaaata	aggcgtcagg	gatacggagg	actcgacgac	gocgtattta	cctagacttt	1320
gtttggctga	tgctaaactt	caaccaacca	attacaaaact	ccaccatgcc	aattaactac	1380
ttcttcgtct	tctttttctt	tattattatt	gttaatttgt	aactgtcgtc	ttgggtttct	1440
tctgttcatt	gttttttaaaa	atctggagtg	gaattttctct	ttttgggtgt		1490

<210> 350

<211> 1850

<212> ADN

<213> Max glicina

<400> 350

ES 2 539 530 T3

tttttttttt	cctttttcgtg	ctctctctca	aattcaaacac	gagagacaca	aaacaaaaaca	60
ttctcgggaa	gcgtaaccgc	ccagaattcc	gaccattttc	acagaccttg	ttttctgctc	120
ttgatgtttt	tcacccccca	aatgtggcaa	taaaaaacgg	gtggcttaat	ttgacacaat	180
cgggtggtat	tgcaaagttg	agatggcagg	taatagtggg	tcagaggggt	tgggcgatga	240
tttcttcgaa	cagatccttag	cagtgcctga	agccggcaca	gtgggaatgt	tgcaattggg	300
gtccacaact	ggtgctttca	gaggagcttc	tgggttaatg	cctctgggct	tgaatttgga	360
acaagctgcc	ttcctaagac	accaagtlaa	cgttgacgac	gacgttggtc	atgttaatgt	420
tgatgatgcc	accatccacc	aacatcacct	cactctccat	aacaacaaca	actcctcatc	480
acctctttcc	actgcaccaa	tcaccgatag	ggattctatg	catatgaggg	gtttattttc	540
cgcgttttga	caactgcata	ctcctatccg	ccccacgctg	ccattgcctc	caccacctcg	600
tcagcccaag	ctccacctcc	accatcataa	ccaatttcag	ggccaggcag	ctgcagctcc	660
agcgtcaatg	gctgctatgc	cacaaccacc	tgggatccgc	cctcgtgtga	gagcaagaag	720
agggcaagct	acagatcctc	acagtattgc	tgagcgggtg	cgtcgtgaaa	gaatcgctga	780
aagaatgaag	gcattgcagg	aattagtcc	cagcatcaat	aagacggaca	gagcggcgat	840
gcttgatgaa	attgtggact	atgtgaagtt	ccttaggctt	caggttaagg	tcctgagcat	900
gagtagactg	ggtggagctg	gtgotgttgc	tcagcttgtg	gctgatgttc	ccctttctgc	960
agtggagggg	gatcaggaca	tagaagggtg	agccaatgag	caagcctggg	acaagtggtc	1020
caatgatggc	acagaacaac	agggtggctaa	gcttatggaa	gaagatgtgg	gagcagctat	1080
gcaattttct	cagtccaagg	cactttgtat	catgcccata	tctctagcct	cagccatttt	1140
tcgtatgcct	caatcagaag	catcaacagg	catcaagcct	gaatctaaca	gtcactgata	1200
ttagcgatag	aaccgaaaca	aaaagtatca	tgacagacac	tagataatta	aattttcttca	1260
tccttaattt	atgacaaggg	taatatctca	ctttcttgta	taatttaatt	ttcctgattg	1320
gatggagaag	gtcagcagc	gtgcagcagc	tggttctact	ttctcaagtt	ttgtcaaga	1380
aggagtaatt	gttatctcta	ttaagtaaaa	tgggaggagc	caagcaaatg	tccttttcat	1440
ggtgaagatt	aatattttca	atggccttat	tcaagttttt	cttgcaaata	tctgtggtgg	1500
ggttggtggt	ggatgaccac	aatattttgt	gtggaacctc	ttttcttggt	ttagtatttt	1560
tagtcagtg	ggagtgggac	catttataaag	gaaaggatgg	ttacgaatga	tgatcgggga	1620
gaaaacttta	atacaagttg	aattataata	tgggttagtta	ccttgtaaag	atgttttgga	1680
agcatctgac	cattggaaaa	gctaaagata	ttttaaaata	atcacacatt	ttgagctttg	1740
tttgcttcta	aaacaagtga	tttccagcac	aaaattaggt	gagagtactg	aaccgactgc	1800
ttgctgagaa	agtggaaaat	gacagtttgt	taattttactg	aacaaaaaaa		1850

<210> 351

<211> 1392

<212> ADN

<213> Max glicina

<400> 351

cgcgtccgct	ccgcgcagcg	ctctccgatg	atgcttcagc	tcaactccgg	cgacgcgcgc	60
accacactag	cctccttcca	cgcgcgcgcc	taccagctcg	gcctcagcct	ggaccaaggt	120
gagggaccct	tcctcagccc	tgaggacgct	tctggaagcg	gcaagcgctt	ccgcgacgac	180
gccgttgata	ccagacctaa	caacgttttt	gatgggcaac	ccatgcctac	aactgttctt	240
actgctccac	atccaccagc	agtgcgacct	agagtgcggg	ctagaagagg	acaggctaca	300
gatccacata	gtatagctga	aagggttgcg	agagagagaa	tagcagaaag	aatcagggct	360
ttgcaagaac	tggtccctag	tgtcaacaag	acagatagag	ctgccatgct	ggacgaaatt	420
gtggattatg	tcaagttctt	gaggcttcaa	gtgaagggtt	tgagcatgag	tagattgggt	480
ggagctgggt	cagtggcacc	actggtaact	gatatcccat	tatcgtcagt	cgaggaagaa	540
ggcgggtgag	gaagaaacca	gccagcctgg	gagaagtggt	caaatgatgg	cacagaaaga	600
caggtagcca	agcttatgga	agaaaatgtg	ggtgctgcca	tgcagtttct	tcaatcaaaa	660
gcactctgca	tcatgcccgt	ctcactagct	tcagcaatat	accagtcaca	acctcagggc	720
acttctagta	tagttaagcc	tgaaactaat	cctccttcat	aatcatagtc	agaactctgg	780
cacagatgca	ccatccagtg	gtcccatcaa	gggctcacct	aacactgcta	ggacccacgt	840
gtaattttgc	gttttcaaac	cccttcaacc	ttagtcattg	gttgcacatc	agttgcattc	900
aaggttggat	gcatagttct	ttcctttttg	tcgttctttc	aacttttttg	tctagacagg	960
gtttgatgtc	aatgcccttc	aaaacacaa	caaaccocat	cttgataaat	ttcatgtaaa	1020
gggaaagaaa	ttgtcgaagt	tcacttgata	tgtcttctct	ttttgtatca	attagtgggg	1080
gttagtgga	cgtgatggaa	gcgcttttat	agtggggctt	ggttttttgt	agtgggcagt	1140
gggaccttct	aaaagggttag	ggtggtgtgt	atattttatt	agtgatgtaa	ctcttagggg	1200
atttgaattg	cagagctgaa	atggataatg	attgctttta	caatgctggg	tgctgctagt	1260
ccaccagaaa	atgatattgc	tttttttttt	tttatttcag	gtgtgctcta	gttagttatt	1320
taaaagtact	ttcgacctct	ttttctctat	gcaggagagag	atggaaggag	agtatgggtg	1380
tatttttaaac	ca					1392

<210> 352

<211> 1497

<212> ADN

<213> *Gossypium raimondii*

<400> 352

ttcctttgtt	tttcttttctc	tcacttcccg	tttctcttttc	agaaaaagga	aagttcaagc	60
taagctaaaa	ctctgaactt	tccctttctc	agtctcctca	gggacagaga	aagattaaac	120
gaaaggaaaa	gaaaaagact	tcttcttttt	ttccctaaaa	gaaaagttga	tctttttttg	180
tttggttcga	ttctcttttag	ccatttccct	tttgcatgta	gatgctcttt	ggtagcctta	240
actcgccact	tcgactcact	tcaatccatg	gctaataacc	ccaacgagtc	ccccgctgac	300
gatttccctcg	agcaaatoct	cggactctcc	cactttgctg	ctactgagac	tggcttagcg	360
gggcccagcg	gtagattgtc	tggaaaacgc	acgacggctg	gagcgccaat	gcttctgcag	420
ctcagctccg	gcggtggcac	cggacacatc	ggcgctatag	gcggcgggtg	aggcgggtcg	480
tttcacggac	aggtttttcc	attgggattg	agcttggagc	aaggaaaagg	tgggtttttg	540
aagcccgagg	aagcatccgg	tagcagcaag	cgcttccgca	acgaggtcgt	tgatggcaga	600
gctttttctg	ttaaaaacgt	tttccatgga	caaccagtgc	cagctactgt	tgctgctgga	660
ccacatccac	cagcaatgcg	tccgaggggtg	agggctagac	gaggacaggc	cacagatcca	720
catagcattg	ctgagcgggt	gcgcagggag	agaattgccc	aaagaatccg	ggcattgacg	780
gaacttggtc	ctagtgttaa	caagactgat	agagcagcaa	tgcttgatga	aattgtagat	840
tatgtgaagt	tccctgaggt	ccaagttaag	gtcttgagca	tgagtaggtt	gggcgcagct	900
ggtgcagtg	caccactcgt	aacggacctc	ccactatcgt	cagttgagga	tgaagtggtc	960
gagggaggaa	gaagccaacc	agcctgggag	aaatggtcaa	atgatggcac	agagagacaa	1020
gtagctaagc	tgatggaaga	agatgtcgga	gctgccatgc	aattccttca	atcaaaggct	1080
ctttgcgtca	tgccaatttc	actggccact	gcaattttacc	acacgcaatc	tccggatacc	1140
tccctctgtg	ttaagccgga	aacaaatcct	ccttcataga	cacctcacat	gagaaaaaga	1200
ggaaaagaaa	acggtgtatc	atatggtggg	ggagactgtg	gacaaagacg	gaagcacttt	1260
tcttgtgtag	tgatggggca	tggatttttg	ggtttgggtg	gatgtgggac	ccgcaaaagg	1320
agatggatga	gatgagtata	tttacctatt	ataacaataa	aattattaca	tattgatagt	1380
gttagtgtaa	gtaacagtgt	aatttcacag	ggaagggtca	aagtagaaga	agggataatg	1440
gttggtgat	tttataaaat	gctgattgaa	taaaatagat	ggattggttc	acgtttc	1497

<210> 353

<211> 1301

<212> ADN

<213> *Helianthus petiolaris*

<400> 353

cggggatctc	atctttttcac	tcttcttccc	tctctctctc	tctcttcttt	ctctctctag	60
gttttaggat	tcgcggcgga	tacgtttctc	cggcaggcat	gtcgactgac	ccgcgggagg	120
gctacgggtga	cgaactttctc	gaacaaattc	tcgcgattcc	gtcgtacaac	atcacgggat	180
gcttacctgt	taataaccgt	gattctactg	gctctgaaac	agtttccgtt	catcatcaac	240
aacaacaacc	gcaacaacaa	ctgcaaccgc	aaaagtttcc	gttaggtttg	agtttagata	300
acggccgtga	aacaatcgga	ggagcgtttg	caggacagca	acagcaactg	cagcagcagc	360
agcagcgtga	gagaggagg	agcatgaata	tgagtgggtt	gtttcctcag	tttgagaatt	420
tgcagtcaca	ctcgtgttta	catactgttc	cacagggttt	tcaagggcag	ccaactagca	480
gtacagcagt	gactgtgcct	catccgccta	cgattcgccc	tagggtagca	gctcgacgag	540
gacaagctac	agatcctcat	agcatagctg	agcgtctacg	ccgagaaaaga	attgcagaaa	600
gaatgagggc	tttgaggag	cttgttccca	gctgcaacaa	gactgataag	gctgctatgc	660
ttgacgagat	tctggattat	gtgaagttct	tacgactcca	ggtcaagggt	cttagcatga	720
gtaggctggg	tggagctggg	gcagtggcac	agctcgtatc	tgatgtcccg	ttgcaatctg	780
ttgaggggga	cgggagtgaa	aattggatata	ataatcaaca	gcagggccag	gcagcgtggg	840
agaatttggtc	aaacgacgac	acagacgtg	aagtagcaaa	gctgatggaa	gaggatgttg	900
gggcggccat	gcaattcctg	cagtcaaaaag	cattatgcat	catgcccatt	tactttgctt	960
cactaatcta	ccctaataac	caacctgatg	ttaaacccga	gccatctgct	ccttcttaga	1020
gagcatctta	catgcttctc	tcttataaca	actactacta	ctactacctt	tttctgtcat	1080
ttggttttgt	gccccaaacc	caaccgatg	tcttctctaa	ttgatggaca	ttttgtatga	1140
ggaaagtagg	aaggaaaacag	gggatgtgta	tggccatctc	attgtgtcct	ggggatttta	1200
tttattatct	agattaaaaat	gtattctaa	aaaatctctt	cacatggaca	accctaccca	1260
acttagctgt	gtttattatt	gttaatatct	aaatgatttg	g		1301

<210> 354

<211> 713

<212> ADN

<213> *Hordeum vulgare*

<400> 354

5

cgggcaggcg	accgatcccc	acagcatcgc	agagaggcta	agaagagaga	ggatagcgga	60
aaggatgagg	gccctacagg	aattgggtccc	caatacgaac	aagactgata	gggcagttat	120
gctagatgag	atcctggatt	atgtgaaatt	ccttaggctt	caagtaaagg	ttttaagcat	180
gagcagattg	gggtgggtgctg	gtgctgttgc	acagcttggt	tctgacattc	cactttcagt	240
taagggggaa	gcaagcgata	gtgggggcaa	acagcagata	tgggaaaagt	ggtcaacgga	300
tggcacggag	aaacagggtt	cgaagctgat	ggacgaggac	atcgggtgctg	caatgcaatt	360
tctccaatcc	aaggcgctct	gcatgatgcc	agtctctctt	gccatggcta	tctatgacac	420
acaacattca	caggacggcc	aaccagtga	gcctgaaccc	aacaacactg	cctagtatag	480
taacagcagc	tgcaagccgc	atccctgcag	ctgctagtag	gcatgcatga	acctaccatc	540
aaagtgttaa	gatgaaaact	gctgggtttg	atccactaac	aacaaggagg	caggaaaaga	600
cctaaaagat	cctctccact	ggaagtgtga	tgcacgggat	atgatgtcac	ctactacccc	660
ttttccatct	tttgttcaaa	ggtgctttaa	ttttcaagga	tatggtaagc	aat	713

<210> 355

<211> 934

<212> ADN

<213> *Lactuca perennis*

10

<400> 355

tttccaccctc	ctcatacggc	cactacgctt	cttcttctta	aaccagacta	cgattctccg	60
gcatggcgac	agacccggcg	gagggctacg	gagacgactt	ccttgaacaa	attctcgcga	120
ttccttctta	caacatcgcc	ggatgcttgc	ctggtaatac	caccgatgct	aatgcttctg	180
aaacgggtgc	tgttcctcgt	caacagcaac	agcagcaacc	ggtttttccg	ttaggtttga	240
gtcttgataa	tggccgtgaa	acaatcggag	cgtttgcagg	gcagcagcag	cagagggaga	300
gaggagggag	tatgaacatg	actggattgt	ttccttcatt	tgaaaatttg	cagtcacatt	360
cgctgcttca	ttctgttctc	caggcttttc	aaggggcaatc	aactaccagt	acagctgtca	420
ctgttcccca	tccaaccttct	attcgcccta	gggtccgggc	ccgcagagga	caagccacag	480
atcctcatag	catagctgag	cgtctacgcc	gagaaagaat	tgcagaaaga	atgcgggctt	540
tgcaggaaact	tgttcctagc	tgcacaaga	cggataaggc	tgcaatgctt	gatgaaattc	600
ttgattatgt	taagttctta	cggcttcagg	tcaagggtct	tagcatgagt	aggctgggtg	660
gagctggtgc	agtggcaca	ctcgtatctg	acgtccctt	acaatccgtg	gagggggaca	720
cgagtgaana	cggatataat	caaccgcgat	gggaaaactg	gtcaaacgat	gacacagaac	780
gtgaagttagc	aaagctcatg	gaagaaagat	gtggggggcg	ctatgcaatt	tctccaatca	840
aaagctctat	gcatcatgcc	catatcactt	gcttcaactaa	tttaccgcgc	ccaaacaccc	900
gactccaatt	cccatgttaa	gcccgaact	gtcg			934

<210> 356

<211> 948

<212> ADN

15

<213> *Nicotiana benthamiana*

<400> 356

tagccggaga	taatctccgg	catggcgaca	aaccaaccgg	agggctatgc	cgacgatttc	60
ctcgagcaaa	ttctcgcgat	tccttctac	gctggcttgc	cgccggtggc	tgacgtggga	120
acttcatcag	aaacgacgtc	gttcacttcg	gcatctgctg	ctgggtctaca	gcaaccgttg	180

ttcccgcgtg	gactaagctt	ggaaaacggc	cgtgatgacg	tcagcgatgc	tggtgcttat	240
gcagtgaagc	atgaaagaga	aggaataaat	atcgggaatt	tatatgctgg	tctagaacat	300
ttgcaatctc	atgcggttcg	tcacgctgtg	cctcctgttc	accatatcca	gtctttccaa	360
ggccaaccaa	caacaagcac	aacgatgact	gtaccgcact	caccagcaat	tcgtcctagg	420
gttcgagctc	ggaggggaca	agccacagat	ccacatagca	tagctgagag	gttgagaaga	480
gagaggatat	cagaaagaat	aaaggctttg	caagaacttg	tcccagctg	caataagaca	540
gatagggctg	ctatgcttga	tgagattctg	gactatgtga	agttcctaag	gcttcaagtt	600
aaggtattga	gcatgagtag	gctgggagga	gccagtgcag	tgccacaact	tggtgctgac	660
attccgttgc	aatctatgga	gggggacagt	gctgaaagta	aatccaacca	gcatatctgg	720
gaaaagtgg	ccaatgttga	cacagaacaa	gaggttgcta	agctcatgga	ggaagatgtt	780
ggtgcagcca	tgcaatacct	tcagtccaaa	tcactctgca	tcattgccat	atcacttgct	840
gcacttatct	atcctactca	gcaaccggat	gacatgtcca	tggtcaagcc	ggaaccggca	900
gccccgtcat	agacctccaa	tttattgca	gtgcctctga	gaactcct		948

<210> 357

<211> 1792

<212> ADN

5 <213> *Nicotinana benthamiana*

<400> 357

cttctttatt	tctctcttct	ccacaaaatc	atctatttct	aaattgagtc	atataacttgc	60
acagaagtta	ctaaagatat	aatgcaagcc	atgaaccagt	acgatccgac	gtcgtctcac	120
gacgatttcc	togaocaaat	tctctcttcc	gttctcttct	cttcaactttg	ttggcctgac	180
ctttccaaat	cctgggaccc	acaccaccac	caactctctc	cggcgtgccc	tcctaaccct	240
agctccggcg	atgaccacca	gcttctctct	tctaactctc	ttcagcattt	ccaatatgac	300
gaccagtctt	cttcttttct	tgctgccaa	ctccgcagc	accagatcac	tggtgggtgt	360
ggtggcgcg	gcatgctgt	agcagctgct	aaagcacttt	tgctccagca	gcaacttttg	420
ctttctagaa	cactagccgg	aaacggcctt	aggtctccga	ctggagcctc	cggcgataac	480
ggcttcttga	acatgctcgg	taatgggtgac	caaaacgaca	gcgtcgga	tccgctaact	540
gacagttccg	ttcaagctct	tttcaacgga	ttcactggat	ctcttgggtca	aaactcaagt	600
caacctcaac	attttctcca	tctcagggga	ggaaggatgc	aagcgcagag	tttcggagct	660
ccggcaacgg	cgcggcgcat	gaatcaaaact	ccggcagcaa	gtggttcagc	tggtggaggt	720
acaacgccgg	cggcacagcc	aaagcaacag	cagtgagag	ctcgtagagg	acaagcaact	780
gacctcaca	gtattgctga	acgattacgt	agagagagaa	ttgcagagag	aatgaaggct	840
ttgcaggagc	tggtacccaa	tgccaataag	acggacaagg	cttcaatgct	ggatgagatc	900
atcgactatg	tcaaatttct	acagctccaa	gtcaaagttc	tgagtatgag	cagattgggt	960
ggtgctgcag	ctggttgcct	cctagttgct	gatattgtct	ctgagggaag	aggagaagga	1020
aatggaggaa	ggggaggaaa	cggaaacggc	tctcttccaa	acaatgacag	tatgacggta	1080
acggagcacc	aggtggctaa	actaatggag	gaggatatgg	gttcagcaat	gcaatatcta	1140
caagggaaa	gcttatgcct	aatgccaatt	tccttagcta	cagctatttc	aactgccacg	1200
tgtcaactcca	ggaatcccat	gatccctaac	ggcaacgggt	gcaacaaccc	actactaggc	1260
ggaggaggag	gcctcgccac	caacggcggt	gtggcgagg	ctggtggacc	atcctctcct	1320
aagttgtcgg	ttttgactgt	ccagtcagcc	acgattggta	acgggtggaat	tgatccctcc	1380
gttaaagacg	ctacttctgt	ttttgaagct	taagaagttt	gtttggaagt	tttttaacgg	1440
cgttaactgt	ttcactgacc	ccctttgcca	cggagaaaaa	agaaaatgtg	aaaaatagt	1500
cgtggccgtc	aaagttaagt	ctacccaaa	aagggtcttt	tagtctttat	ttttatcttt	1560
tttccagttt	catatgaaa	aaaaaaaaga	agaagtagta	accaagaacg	acgccgtatt	1620
taggtagact	tggtggaagt	aagcttaact	taagctaaca	gcaggaaatg	ccaatggaaa	1680
tgaagtactt	atgtttcttt	taatcttttc	tccataatga	tgatcctttg	atttccctgt	1740
tctacttaag	tttttcttta	atggagtatt	gtttggaag	gatatatata	ta	1792

<210> 358

<211> 1484

<212> ADN

10 <213> *Nicotinana benthamiana*

<400> 358

gatctctcat	tcattaacgg	ggaaaagaaa	tgcaagctat	gaactcacia	atgtcactac	60
aagaagaaaa	tgagagcttc	tggggccaaa	atatgagta	ctctcatttt	gaccgcagct	120
cgtctcacga	tgactttctt	caacagattc	tctcttccgt	tccttcttcc	tctccctggc	180
cggacctctc	cagcggcggt	gacggtcatt	ttgacgacca	gtcaattttc	gtagcttcca	240

agctccggca	gaatcagatc	accggcggtg	gtggcggtgg	cgcagctgct	aaagcgttga	300
tgcttcaaca	gcagcttttg	ctttctagag	gattactcgc	cggtaatggg	gacccaaatg	360
atgacgttgg	aaatccggaa	aatgagattt	cagttcaagc	tctttacaat	ggattcgctg	420
gatctcttgg	tcaaacctct	aatcaacctc	agcattttca	ccatgctcag	ggaggatcca	480
tgcaagcgca	gagtttcgga	gcaccggcgt	cgctgcacaat	gaatcaaacg	ccggcggcga	540
gtgggtgggtc	agctgggtgga	gggcagccaa	agcaacagaa	agttagggct	cggagaggac	600
aagcaactga	ccctcacagc	attgctgaaa	gattacggag	agaaagaatt	gctgagagaa	660
tgaagtcggt	gcaggaggtg	gtacccaatg	ctaataagac	agacaaggct	tcaatgttag	720
atgagatcat	cgactatgtc	agattcctcc	agcttcaagt	caaagtctctg	agtatgagta	780
gattgggtgg	tgctgcagct	gttgctcccc	tagttgctga	tcggctcctct	gaggggggag	840
gaggtgattg	tgcaacaagca	aatggaggag	ggagggggcag	taatggaacg	acgtcgtag	900
ctaacaatga	cagcatgacg	atgacggaac	accaggtggc	aaagctaattg	gaggaggata	960
tgggatcagc	catgcaatac	ttacaaggaa	aaggcttatg	tcttatgccca	atttcttttag	1020
ccacagctat	ttccaccgcc	acgtgtcact	ccatgaaact	caacaaccca	ctactacacg	1080
gcgggcggaag	cggaggctct	gccgccatca	acggcggtgg	tggtggacca	tcctctccta	1140
gcttctcggc	ttccactgtc	cagtcagcca	cgatgggtaa	cgggggcgct	tgagtttgtt	1200
gaaatatact	tcgtaattta	cgacgttgac	tgtttcaatt	atcttttctt	agaaaaatac	1260
cggaaaaaatg	tgaaaaaagt	ggtgaaaatt	tcgttatttt	agagctgaaa	tttcaaggcc	1320
ttttcacatg	ggacaaaaaa	gaaaaagaaa	agaaaaaagg	ggtaattgaa	atgttttagct	1380
ctaaatatta	ttggttaattt	ctgatttttag	ttcgtgtgat	attttattaa	ttgtatttaa	1440
cattgaatta	atgataatat	gggtgttttt	gtttattttac	atat		1484

<210> 359

<211> 1500

<212> ADN

5 <213> *Nicotinana benthamiana*

<400> 359

gaaatatttta	aacaattgct	tttattttggt	aaccctattg	gacaatatat	ttattaatca	60
aagcttttgg	tgacaccatt	tgcttttttat	tttcttcatc	gctctcactg	ttctatagaa	120
agtagcagca	accaaataat	aaacacatag	aaacactcaa	aacacacact	tccatttctt	180
ttcctatata	tatacacaa	tacactcgtg	agtagtactg	agtactagtt	tgtacatcta	240
atattacaca	tggttaaaaa	acacttacta	gtaattgctt	ttctgagaaa	tttaagggtggt	300
cgagaaaaaa	aatctgttac	agctatggct	aacaacccat	cagaagggtcc	tgatgatttc	360
tttgaccaa	tcttgggatt	cccagcttat	aacggagcag	aaaccaattt	ggcggaagt	420
gatgcgggag	caattccgcc	ggcgatgctg	ctgcagctaa	actccggcga	tgctgcgggt	480
cagttttccg	gaatgggtct	tggtgttgga	ctaggtgggtg	gtgggtgggtt	ccatcatcca	540
tctcagtcgg	gttcttttcc	attgggggtg	agtttagagg	gagggaaaag	tggttcatg	600
aagatggatg	atgttccggc	cgtacccgga	aggagattta	gagatgatgt	tggtgatagc	660
agagcttctt	cttctgttaa	acctggtttt	catggccaac	cgatgccttc	aatgccacat	720
ccccagcaa	taogtccaag	ggtaagagca	aggcgaggac	aagctactga	tccacacagc	780
attgcagaga	ggttacgtag	agagaggata	gcagaaagaa	ttagagcatt	gcaagagttg	840
gttcccaatg	tcaataagac	cgatagagcc	ataatgcttg	atgaaattgt	agattatgtc	900
aagttcctac	gocctgcaagt	gaagggtgtg	agtatgagta	ggttgaggag	agctgctgca	960
gtggcaccac	ttgttacaga	aattccaata	tcatcagtag	aggaagagat	cagtgaaggt	1020
ggaaataatc	aaccagcctg	ggaaaagtgg	tcaagtgtatg	gtacagaaag	gcaagtggcc	1080
aaacttatgg	aagaaaatgt	tggttctgca	atgcaatttc	ttcagtcctaa	ggcactctgt	1140
attatgccta	tttctcttgc	atcagcaatt	taccactctc	aaccaccaga	tacatcaagt	1200
cttattaagc	cagaaactaa	tcctccttct	tagagatcct	tattagaaaag	ctggctcgga	1260
catcacgttt	aatttttttt	aaaaagaaaa	agatccttat	taaaaagggtg	acaacatgca	1320
aatgaccctg	agaattttct	ttgggagtg	atggtccac	agctattttt	acttattaag	1380
tagtactatt	tagctttgtt	gaaagacacg	gttcaattgt	atgtataaag	taacctttt	1440
ttttgtgatt	gatatgatat	ataattcaag	cagaagaaga	aaaattgtca	aagttctgcc	1500

<210> 360

<211> 1451

<212> ADN

10 <213> *Nicotiana tabacum*

<400> 360

aaaacagagt	cattccattc	catttccggt	cctcaaaacc	ctttattaac	ttcttctcgc	60
cgggaaaaac	ccttttcctc	gccggagata	atctccggca	tggcgacaaa	ccaaccgggg	120
ggctatgccg	acgatttcct	cgagcaaatt	ctcgcgattc	cttccctacgc	tggcttgccg	180
ccagtagctg	acgtcggaac	ttcatcagaa	acgacgtcgt	tcacttcgtc	atctgttgct	240
gctgctggtc	tacagcaacc	gttggtcccg	ttgggactaa	gcttgataaa	cggccgtgat	300
gacgtcagcg	atgctggtgc	ttatgctgtg	aagcatgaaa	gagaaggaat	aaatatcggg	360
aattttatatg	caggtctaga	acatttgcaa	tctcatgcag	ttcgtcacgc	tgtgcctcct	420
gttcaccata	tccagccttt	ccaaggccaa	ccaacaacaa	gcacaacagt	aactgtaccg	480
caccaccag	caattcgtcc	tagggttcga	gctcggaggg	gacaagccac	agatccacat	540
agcatagctg	agaggttgag	aagagagagg	atatcagaaa	gaataaaggc	tttgcaagaa	600
cttgtcccca	gctgcaataa	gaccgatagg	gccgcaatgc	ttgatgagat	tctggactat	660
gtgaagtctc	taaggcttca	agttaaggta	ttgagcatga	gtaggctggg	aggagccagt	720
gcagtggcac	aactggttgc	tgacattccg	ttgcaatctg	tggaggggga	cagtgccgaa	780
agtagatcca	accagcatat	ctgggaaaag	tgggtccaatg	tcgacacaga	acaagaggtc	840
gctaagctca	tggaggaaga	tgttgagaca	gccatgcaat	accttcagtc	caaatacctc	900
tgcattcatgc	ccatattcact	tgcctgcactt	atctatccta	ctcagcaacc	ggatgacccg	960
tcaatgggtca	agccggaacc	ggcagccccc	tcatagacct	ccaatttggt	gcacgtgcct	1020
ctgagaactc	ctaatagcct	tgtgtcttac	cctcctttgt	atccttacct	actatcactt	1080
gtatttttct	ctgcaattgg	tggcaatgca	atcaatgtca	gatgccacaa	tttttgcttt	1140
tagcccaacc	attggccctt	tttattacct	ttccggagtt	ttcgtcaaac	aaggcatgat	1200
gtcatacctt	gggcaaaggt	aaacgtctga	aagcacccaa	tccattatca	tcattttgga	1260
tgaggtgagc	agctttttca	aagttatcta	tgatttagctg	ctcttctgcc	attttgtttg	1320
tgggatagtg	gggaactcct	tatcttttgc	atagttgatt	ggtggggcga	tgtaaaagta	1380
atcaactggt	tgttgtaaag	tgtaatgtaa	tttaagtata	ttattgcaat	ggatagttga	1440
tgtggtcttc	c					1451

<210> 361

<211> 2056

5

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 361

gacgcgagtc gagagacggg agagcagtc agtgacgtgc agtgccgcct cgtcttctt 60

ccctccctcc	tcatactctc	tctcctcccg	gtcttctcct	ccccgcgcca	aagcggagcg	120
cggcgggttat	atatatatat	atatatacag	cacttctctc	tccttctctg	cgcacgctcg	180
ccctccgact	tcgctcgtc	agccgtcgtc	acgcgcccc	cccggtgatt	gcaccggaga	240
tcggaatggg	cggcttcgcc	tacccttcca	cgcctcgcgc	ggcgtggctg	cgggacgccg	300
tgttcgctgg	ctcgccgtgg	gccgcaggcg	gcgtctcctc	cctcgccgac	gctttggtga	360
gctacgggtgc	cgtcgacgac	gaggaggccg	cgttctcctg	caagaccgcc	gcgtcgtctc	420
ccagtaacggc	gaggctgcac	gagcagcagc	agctgctgct	ggaggetgag	ctgctgcgcc	480
acggcgacgg	cctcggtctc	gccgcgatgg	acgacgacgg	cggcgccgcg	atgctcggeg	540
cgtcgagacc	gtgcgccatg	cgcctcaccg	acagcggcgg	ccccccggte	atctgcagca	600
gcagctccaa	cgacagcagc	gggagcagc	actccgcgc	catgcctgca	ggaggcggct	660
tcctcgtcgg	agagcagcag	cagcacgtgc	cgcggcgccg	ctacgcgcgc	ggaggtgtac	720
tcccgctccat	ggccgcggga	gaagaaacgc	cgcagagctt	cggctttggc	agcctcttca	780
atggcgatct	cctgcaggag	gcgaccgtga	gcaagtatca	tcattcatcag	cagcagcagc	840
agctgggcgt	tgtgccttcg	tcgcagccgc	atcatctgaa	tgatgacatc	gatttcaaca	900
ctggaaaatt	gatgtctttt	gcttctggac	agcagcacgt	tacccccagc	attgacagcc	960
tgcagatcga	ccagaaggaa	ttcagcagtg	gcctgcacca	cctcaatctc	tcctcgtctga	1020
tttctggacc	actcgcatca	ttcaatgcaa	cacagagcca	tagacagcct	gctgaagctt	1080
gcgggtggcaa	aaatggcggc	gccgctccat	ttgtgaacct	atctgaggtg	ctaccaaagg	1140
gcaatgggag	tggtagtgtc	gggaatggag	cacccaagcc	tcgtgtcagg	gctcgccgag	1200
gccaggccac	cgatccccac	agcatcgcat	agaggctccg	gaggggagaag	atctctgaca	1260
ggatgaagga	tttacaggag	cttgtcccaa	actcaaacaa	gactaacaag	gcattccatgc	1320
tcgatgagat	catcgactat	gtgaaatttc	tccaattaca	agtcaaggtc	cttagcatga	1380
gcaggcttgg	agcggccgaa	gccgttgtcc	ctcttctgac	agaaacacaa	accgagagcc	1440
ccgggtttct	cctgtcccca	agatcatcat	caggagaaag	gcaggcagga	gcaggagcag	1500
taacaggagg	gctccccggc	gatcagccgg	agctcctgga	cggcgccgcc	atgttcgagc	1560
aggaggtgg	gaagctgatg	gaggacaaca	tgacgacggc	gatgcagtag	ctgcagagca	1620
aggggctctg	cctcatgccc	gtggcgctgg	cgtcgccgat	atcgccacag	aaggggacgt	1680
cctcggccgc	cgtccgaccg	gagaagaaga	agaacgggtga	tggcgatggc	ggcggcgacg	1740

ES 2 539 530 T3

aggaggacgt	gaagggagag	tttgacgcac	cgaggaggcc	tcctgtcggc	cgcccgaaag	1800
agatgaggtc	cagagtctaa	gctagaacct	ctgctttgtt	caggagagat	ggagcttaat	1860
ttagatccta	acactttgct	acttatatgt	ttattattat	gaaattttta	ttgcaagttg	1920
caactggtga	tctcgaacta	catttttgcc	gtgattagaa	aattgttata	tggaggttag	1980
ttattaaatc	atatataatt	atatttttga	ttgttgccgt	ccttgccggc	aatgccattc	2040
agtaccttga	tatttg					2056

<210> 362

<211> 1326

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 362

atgcaaccca	acgcccgcga	aatgcgcggc	ggcggcggcg	gcggcggcgg	cgggcaggac	60
gacttcttcg	accagatgct	gtccacgctg	ccggcgggtg	ggtccgagct	cggctccggc	120
aagcccgcct	gggacctcac	ggccggcgcc	gtaggaggag	gaggaggagc	ctccgatgac	180
cactccgcgc	cggcgttcga	cgactccgcg	ctcctcgcc	cccgcctccg	ccagcaccag	240
atcgacgggt	gaggcgacaa	gcccacatg	ctccaaactca	gcgacctcca	ccgtcatcac	300
ggcctcgccg	ccggcgatga	cagcggcgcc	gctgcggggt	tccttccct	gtcgtgttc	360
gotgacgggt	cgcaggacga	catcgacgcc	gccttcaagt	cccccaatgg	cgctagaggt	420
gacccatgcgc	tgtacaatgg	gttcggggcc	gccgggaatgc	atggcgccgc	cgccatgcag	480
ccgcgcgcgt	tcgggcaggg	aggatcaatg	ccggcgacga	gcttcgggtg	cggagcggcc	540
gcgagcggcg	gcggcgccgc	cggttcggcg	tcggcgccag	cgccggctgg	ggcatcgctg	600
ggcggagggg	cggcggcgcc	gccgcggcag	cggcagcggg	cgaggagagg	gcaagccact	660
gacccacaca	gcacgcgcga	acgtctccgc	agggagaggga	tagctgagag	gatgaaggcg	720
ttgcaggagc	tggtcccaaa	tgccaacaag	accgacaagg	catcgatgct	cgacgagatc	780
attgattatg	tgaagttcct	ccagctccaa	gtcaagggttc	tcagcatgag	cagattgggg	840
ggagcttctg	cagtcgcgc	tctagtggct	aacatgtcat	cagagagtaa	tgggaatggc	900
aatgccacca	gcagcagcgg	gaacggcgag	gcggccaatg	gcagcagcaa	cgccgacaa	960
aatggtggcg	gcacactgcg	ggtgacggag	cagcaggtgg	cgaaagctgat	ggaggaggac	1020
atgggctccg	ccatgcagta	cctgcagggg	aaggggctat	gcctgatgcc	gatctctctc	1080
gcaacggcca	tctcctccgc	cacctcctcg	tgcctcctcc	cccgcactgg	gggagcgct	1140
ggagggtccc	tacatgaagg	tggtaatggt	acatcaccac	cattgggtgaa	tggcaccgcc	1200
accggatgtg	acgacgcggg	agtattcttt	tctgttaaat	ttgtcgtgga	gctgtcgttt	1260
ctcctgctga	atgaagactg	tagaggtaag	gagggaatcga	aattattggt	ccagaaggga	1320
ccctga						1326

<210> 363

<211> 1831

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 363

acctcgttcc	acactagccg	aggagacggc	agcgcgagct	gctctcctct	cctcccgcgc	60
cgcgtcgcgc	acgtcgaggc	ggcggtcgac	gtcgacgtcg	ccggggatgg	ccgggcagca	120
gccgcagcag	cagggcccac	cggaggacga	ctttttcgac	cagttcttct	ccctgaccag	180
ctccttccct	ggcgccgcgc	cgggcgccgc	cgccgcgggt	gaccagccct	tctcctcgc	240
gctcagcctc	gacgccgcgc	cgccggccga	ggcgtccggg	agcgggaaga	ggctcggggg	300
cggcgatgac	gccgagggtg	gcggcagcaa	ggcggatcgg	gagaccgtgc	agctcaccgg	360
actcttcccg	ccggtgttcg	gcggcgccgc	cgtgcagccg	ccgaacctcc	gccccacccc	420
gcctacccag	gtgttcaccc	cgcagcagtc	gaagcagggc	ggagcagccg	tcgggcgcga	480
gccgcggcg	ccgaggccga	aggtgcgagc	gcggcggtgg	caggcgaccg	acccccacag	540
catcgcgag	aggctaagaa	gagagagaat	agcagaaagg	atgaggggcc	tacaggaatt	600
ggtccccaat	acaaacaaga	cagatagggc	agctatgcta	gatgagatcc	ttgattatgt	660
gaaattcctg	aggctgcaag	taaaggtttt	aagcatgagc	aggtgggtg	gcgcgggtgc	720
tggtgcacag	ctggttgctg	atattccact	ttcagtttaag	ggggaagcaa	gcgatagtgg	780
gggcaaccag	cagatttggt	aaaagtggtc	aacggatggc	acagaaagac	aggtagcgaa	840
gctgatggaa	gaagacatcg	gggcagcgat	gcaatttctc	caatccaaag	cactctgcat	900
gatgccaatc	tcgctcgcca	tggcaatcta	tgacacacaa	caaacacagg	atggacaacc	960
agtgaagcac	gaacccaaca	ctccttccca	gtatagtaat	agcaactgta	agtctgtaac	1020

ES 2 539 530 T3

atgaatcggt	acaaccccta	gtagacatca	acatatcaaa	gtgtaagata	aaacagctcg	1080
ttttgattca	ctaacaagga	ggcaggaaaa	gacctaaagag	atcctctcca	cttgaagttg	1140
taccaatggt	atatgatgtc	acctttcggt	atcatctttt	gttcaaaggt	gctttgattg	1200
caaggatatg	gtaagcaata	gcctgctcat	cctcctacac	ctttcaatgc	ccctatgagc	1260
gcgggtgatt	gagagagcta	ctaaagagtc	tggcatgctc	tcacattgtc	tcttttcgag	1320
tctgtagtgc	accaaccata	cactttgtgg	tggggactgc	ttttttggta	gtgggtgttt	1380
ggactaatca	aaagggattg	atgtatgoot	gtgtctgcag	cctgcacaat	ggttgaogga	1440
atttgaacac	aagatgaaat	ggaagatgat	tttgatgggtg	atgttcattt	atctccattt	1500
ttccaaagtg	gaggcggagg	ctttgggtcaa	tggaggctga	gcgtgcgcta	agctgatcgc	1560
tagtgggtct	gctatctaca	tctacatgca	ctactgttgt	atctattgtg	acatactctt	1620
gataagaaac	tgcggtataa	agtttaatat	ttctattggc	gattaatcca	tagaattact	1680
ttgtattttc	tgccatgagt	tctcaactac	ccacattatt	tgtgaagaac	agctgttctt	1740
gtactgttca	ctgccctcta	ccacaggggt	tcctgagttt	gtggacaaat	tgtgagaatc	1800
tacagcaagg	actattgagt	ttttttttgt	c			1831

<210> 364

<211> 1104

<212> ADN

5

<213> *Oryza sativa*

<400> 364

atgcagccga	gcagccgcga	cacggtcgcc	ggcggcgggc	gcgaggggac	gcaggatgac	60
ttcttcgacc	agatgtcttc	cacgtctgcc	tggcggtggg	ccgacctggg	gggcggcggc	120
ggcggcgcg	cggggaagtc	gcgtggggag	gtcgatccgg	cagcggcggc	ggcggcggtc	180
caggtgttcg	acgagtcggc	gctgctcgcg	tcccgctcc	ggcatcacca	gatcggtggg	240
gctggcgcg	gcgggggaga	gaagccgggt	atgctgcagc	tgagcgagct	gcaccggcag	300
gcggcgggc	gcgaggagga	cgggagcggc	gcgttctcgc	cgctgccgct	gttcacggac	360
cggacgaacg	tgcgcgcgcg	ggaggagatg	gagggcggtc	tcaagtcgcc	caatgccgcc	420
gcgggagggc	agcacgcgct	gttcaacggg	tccggcggtc	acggcggcag	cggcggcgcc	480
gggcagccgc	cgttcggcca	gottcggagg	gagaggatag	cggagcggat	gaaatcgctg	540
caggagctag	tcccaaacgc	caacaagacg	gacaaggcgt	cgatgctgga	cgagatcatc	600
gactacgtca	agttccctga	gctccaagtc	aaggttctca	gcattgagccg	gctcggcggc	660
gccgcgcgca	tggcgccgct	ggtggcgagc	atgtcgtcgg	aggggaacag	caacgggagc	720
agcaatggcg	gcggtggcaa	ggcgagcaag	ggcggcaccc	gcggcgaggg	cggcggcggc	780
ggcggaggag	gaggaggagg	tggcaccggg	ggtgggatgc	gggtgacgga	gcagcagggt	840
gcgaagatga	tggaggagga	catgggcacg	gcgatgcagt	acctgcaggg	gaaggggctc	900
tgtctgatgc	cgatctccct	cgcctccgcc	atctcgtcgg	cgacctcatc	ggcgtcgtc	960
ctctcccgcc	cgtccatccg	ccacgcgcgg	gcgcgcgcgc	agacgatgct	cgatgccgcc	1020
ggcccgacct	cgcgggcggc	gatgtctaac	ggcgatgacc	cacggcacgc	aaaggcggac	1080
ggcggcgccg	gcgggacgca	atga				1104

<210> 365

<211> 2221

10

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 365

agaaggggtg	tactagtaaa	caaaacaaaa	agaatagggt	gagactttcc	tgtatcgtc	60
agcattttca	gccccctcc	cctgggctgg	ctctgcatca	tcattcatca	tcagcagcag	120
tcagtcocat	caacgogtct	tcagtcctca	cccgcagcaa	gaaagccaca	cttttcctcc	180
tcctcctcct	cctcctcctc	cgccctcttc	tcttctctcc	ccttcgttct	ccacacccac	240
tctcgggctg	cggtctctcc	ggcttcggcg	cctcttctcc	tgtcgggtta	acaaagtta	300
tttcagcgtc	agaggggtatt	tcgtacaaaa	aggaaactgt	gttggtacag	gattatcagc	360
tgtgaacact	ttctgtttct	agaggccatt	ctctgtaaca	ctttggagca	tcaattttgt	420
agcgtgctat	catggactac	tctgctgggt	cctacatgtg	gcctggcaat	tcaggttctg	480
agaactataa	ttttgttgac	ggttcgtcgg	aatcatatgc	agaagaagga	agcctaccac	540
cttcaggcta	tttcatggga	gctggatcag	atcgagttt	aaagatcacg	gagaatgaaa	600
ggaacccac	tatgcttgca	aatggatgct	tgccatacaa	cacccaggct	catccattat	660
ctggccagat	tctacctaag	ggtgagctcc	ctaacaatct	tctggatctt	caacagctac	720
agaacagcag	caatctgcga	agcaattcaa	ttccccagg	ggttcttcag	tgcaattcaa	780
catctggaac	atttgatgcg	aaattggata	cacctgggtct	tgacagaactg	cctcatgctt	840

tgtccagttc	aattgatagc	aatggtagtg	acattttctgc	ttttcttgct	gatgtgcattg	900
ccgtttcttc	agccccgaag	ttgtgttcag	cattccaaaa	cgtttcctcc	ttcatggaac	960
cagtaaatct	agatgctttc	ggtttccaag	gggcacaaaa	tggtgctatg	ttgaacaaaa	1020

caagtcttcc	aaatgggaat	ccctcgctgt	ttgataatgc	tgccatagca	tcactacatg	1080
atagcaaaga	gtttctcaat	ggtgggtcca	tcccttcggt	tggtactgtc	ctgcaggcac	1140
taggagcggg	tggtttgaag	gctgctcaac	aggagcaaaa	tatccggaat	atacctctcc	1200
ctacattcac	atctggtagt	catttggcag	ttactgatgc	acaagggcc	ccacttctct	1260
caaagatacc	accattgata	catgaccata	atagttagta	ccctattaac	cattcttctg	1320
atgtggaacc	ccaagcaa	tcagctcctg	gaaatagtgc	caatgcgaag	ccacgtacaa	1380
gggctcgccg	tggacaggca	actgatcctc	acagtattgc	tgaacggctt	cgccgagaga	1440
aaatttcaga	aaggatgaaa	aatctccaag	tccttgtccc	aaactccaat	aaggcagata	1500
aggcatcaat	gcttgatgaa	ataattgatt	atgtgaaatt	tcttcagctt	caggtcaagg	1560
tattgagcat	gagcaggcta	ggagctcctg	gagcagttct	tccccctctt	agggaaatctc	1620
aaaccgagtg	ccatagtaat	ccatctctat	cagcttcaac	catttcacaa	gggccaccag	1680
acatgccaga	ctcagaagac	agctctgcct	ttgagcaaga	ggtagtgaag	ctgatggaaa	1740
cgagcatcat	cagcgcgatg	cagtatcttc	agaacaagg	tctctgcctg	atgccatttg	1800
ctctcgcttc	ggccatatcc	aaccagaaag	gcattggctgc	tgtgtctgca	atccctcctg	1860
aaaaatgaaa	aaaaaaatga	aatcggaaaa	atatgggggg	aacaactgca	gaagacataa	1920
taactcaacg	gctgcagaaa	tgtgctggac	actgcaggtt	ttgtgaatga	agtgaatcc	1980
aatccagggg	gtcataaaa	ataggaagtt	atctgactaa	ttcaggctta	tgacacaatc	2040
tactctatag	tctatagcta	ttgtgtgcct	gttgacacac	agttgatgtg	tattcttttg	2100
ttttttttgt	attgcatccg	gatgctaatt	aggtagtagt	gtttcctttg	atgtacatga	2160
gtattatcta	tgcggtttta	tctaattgtgc	atataaagta	aaatctggta	tgttgctgct	2220
a						2221

<210> 366

<211> 1500

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 366

```

atggctgcgg cgccggcgcc gggccagatc tccctggacg acctccgcaa cggcggcggg 60
gtccgcgccca atgcggcgcc cgccggcgcc gtccacgacg acttccctga ccagatgctc 120
agcagcctgc cgccctcgcc gtggcccgac ctccgcgcgc ggaaggcgcc cgaggacgac 180
gccgagggga tgcataccca ccaccaccag cagcagcagc agtttggtgg gccgtacgac 240
gagtcggcga tgctggcgtc ggcgtccggc cagcaccaga tcagcggcgcc cggaggagga 300
ggcggcggtg gcgcggcgcc cgtgaagcag atggtgctgc agcagctcgc cgatctgagg 360
caggggcacc acatgatgct ccagggttg gggggacggt cgcggcgccg ggcggcgccg 420
ggcggcgccg acgggggccc tctccctccg ctccaccctc gcagcggcgcc atcggcgccg 480
gacgtgcagg cgttgctcaa ggccgcgcgc gcccaattcc cggaggagga agacgcggcc 540
ggcgtctacg gcggcgccgt gcgcggctgc ctccatcaac agcagcaaca tttccagcca 600
catccacaga cgcgcgcgac gattccgacg cagagcttcg gcggcgccgc cggcgaggga 660
ggaggaggaa ccgcgtcagg cggcgggggc gcgcagcctc aggcggcgcc ggctggagga 720
ggcgcgcggc cgcgcgcgcg gcagcgggtg cgggcacgcc gaggccaggc caccgacccc 780
cacagcatcg ccgagcggtc tcggagggag aggatcgccg agaggatgaa ggcactgcaa 840
gaactggttc ccaacgccaa caagttgatg cagacggaca aggcttccat gctggacgag 900
atcatcgact acgtcaagtt cctacaactc caagtcaagg caagcacgta cactaaatta 960
ctaatacatg ttttgagcat gagccggtta ggtggcgccg cagccgtcgc gccgctcgtg 1020
gccgacatgt cctcggaggg gcgaggcgcc ggcgcggcga accgcggggc accggcgggc 1080
gcggggagcg atagcctgac ggtgacggag cagcaggttg ccaagctgat ggaggaggac 1140
atgggcaccg ccattgcagta cctgcagggg aagggcctct gcctcatgcc gatctccctc 1200
gcgtccgcca tctcctcgcc cgcgcgcgct gccgcgcgcg accaccacca actgagcgcg 1260
cagttcccgg ccgggctcgg cgcgcgcgct gccgcgcgcg accaccacca actgagcgcg 1320
gcggcgccgc cgggcgccat gcgcggacac ctgcccggcc tgaacgccga cggctccgtg 1380
ccggcctcgc cgagcatgtc ggtgctcacg gcgcagtcgg ccatggccaa cggcgcgggg 1440
ggcgcgcgcc acggcgaggg gtcgcagctc aaggacgcgc cctccgtctc caagccgtga 1500

```

<210> 367

<211> 411

<212> ADN

5

<213> *Oryza sativa*

<400> 367

```

atgagggccc tgcaggactt ggtccccaac acaaacaaga cagacagggc agctatgcta 60
gacgaaatcc ttgattatgt gaagtttctt cggcttcaag taaaggttct gagtatgagc 120
aggctgggtg gtgctgggtc agttgcgcag ctggttgctg atattccaat ctcatgtaag 180
ggggaggcaa gtgacagtgg gagcaacaaa cagatttggg aaaagtggtc aaccgatggc 240
acagaaaagc aggtagcgaa gctgatggaa gaagacatcg gagcagcaat gcaattcctc 300
caatccaaag cactatgcat gatgccaatc tctcttgcca tggcgatcta tgacacacag 360
cattcgcagg acggacactc agtgaagcct gaaccaaca ctcttcata g 411

```

<210> 368

<211> 913

10

<212> ADN

<213> *Picea abies*

<220>

<221> misc_feature

<222> (804)..(809)

15

<223> n es a, c, g o t

<220>

<221> misc_feature

<222> (858)..(862)

<223> n es a, c, g o t

20

<220>

<221> misc_feature

<222> (875)..(882)

<223> n e s a, c, g o t

<220>

5 <221> misc_feature

<222> (886)..(893)

<223> n e s a, c, g o t

<400> 368

cacaggaggc	agctgtaacg	gcagcgacgg	aggaatgctt	cctcttctct	tcagtcttgg	60
tcaggctgga	aagtccggcg	acatgaacga	gcccggatcg	cggaagaaa	ttgaagcttc	120
tttcaagtcg	gtaaataatg	cccagatctc	gaacctcgga	gggtatttcc	agccgttcgc	180
cgtatcaccc	cggggcgttc	gaccgaccgg	tcaaaacttc	catgcgcagc	ccggacaagt	240
gccattgcaa	gggtatggtg	gaatgcccc	acctcagcat	cagaatccac	ctccgaccgg	300
agttggtgct	gcaccacctg	ttcgacctag	agtaagggca	cgccgtggac	aggctacaga	360
tccccacagt	attgcagaac	gattgcgtag	ggagaggatt	gcagagagaa	tgaaggctct	420
gcaagaactg	gttcctaatt	ccaataagac	ggataaggct	tctatgctgg	atgaaataat	480
tgattacgtc	aagtttcttc	agctgcaagt	gaagggttcta	agcatgagtc	gactgggagg	540
tgcaggagca	gttgctcccc	ttgtggctga	tatacctgct	gagggtgcca	acgccccaca	600
aggcacaaga	accaacggta	gccagaactc	ttctccggac	ggtctagcat	taacagaacg	660
ccaagtagca	aagctaattg	aagaagacat	gggaacggcc	atgcagtatc	ttcagggaaa	720
aggctctctg	ctgatgccta	tatctctggc	ctctgccatt	aataactccg	gttcgagacc	780
ccaggctcct	tccacccctt	ctcnnnnnng	actattggca	tctaattgta	acgacaggca	840
ggtactcgaa	ccctcctnnn	nntcggcact	atctnnnnnn	nnctcnnnnn	nnnatgacat	900
acagccatcc	atc					913

10 <210> 369

<211> 1266

<212> ADN

<213> *Populus deltoides*

<400> 369

15 attäcggccg ggggggtactc ctactagtc actggctacc tgtgctcgta ttagaaagca 60

aaccaaagca	aagcgaaaag	ctgaaacctt	gaaagccgaa	gtacttagct	ataaagaaaa	120
agagaaaaag	aaagaaagaa	gaaggtaacc	caacagtcct	taactctctc	aattaaaacg	180
attttgcatg	taaattgatg	ctattttgta	tccccaactc	tctatctcaa	ctcacttcga	240
ctcctccgag	tccaactcca	aatggccaat	aatccaaccg	aacctccagc	cgaogatttc	300
ctccaggaaa	tcctcgggat	gcctaacttt	gcttcggctg	aagccggggt	ggttgagacc	360
gatgctggcc	tggctggcgc	cgctgctgct	caagcttcta	tgatgcttca	gcttagctct	420
ggtgatgggt	ccggccacat	ctccgacctt	ggcgggtgct	ctggaggagg	aagcgccggg	480
tttcacggct	ttcccttggg	gcttagcttg	gagcaaggga	agggagggtt	tctgaagccc	540
gaggaggcgt	ctgggagtg	aaaaagggtc	cgtgatgaga	ttgttgatgg	tagagcgaaa	600
aatgtttttc	atggtcaacc	aatgccgaca	acggttgcta	tagcaccgca	tccaccagca	660
atgcgcccac	gggtacgggc	tagacgaggt	caagccacag	atccacacag	tattgctgaa	720
cggttgcgca	gagaaagaat	agccgaaaga	atcagggcct	tgcaggagct	ggttcctagt	780
gtcaacaaga	cggatcgagc	caccatgctt	gatgaaattg	tggattatgt	gaagttttta	840
aggcttcaag	taaagggtatt	aagcatgagt	agactgggcg	gagctggtgc	tgtcgaccca	900
cttgtaacag	acatcccaact	atcatcagtt	gaggatgaaa	ctggcgaaag	aggaagaaac	960
cagccagctt	gggagaagtg	gtcgaatgat	ggcactgaac	ggcaggtagc	taagctaattg	1020
gaggaaaatg	ttggcgctgc	catgcaattt	cttcaatcga	aggtcttttg	catcatgccc	1080
atctcactag	cgaaggccat	ttaccatata	caaccaccag	ataccactag	tattgtcaag	1140
ccagaaacaa	atccccaatc	atagaaccgt	tgaaggtggg	gggagcatcc	catggctctg	1200
tctaaaagag	taaagtccaa	atgcttaggg	tcccacgtct	tatttgtcac	gtttcacccc	1260
cacaat						1266

<210> 370

<211> 1853

<212> ADN

<213> *Pinus radiata*

<400> 370

g tt g c a a a g c	a a t a c c c a g a	a a t t a t t c a c	a a t g t c a t t g	c t g c c t c c c g	g g a t a g g a g g	60
c c a g g g c t t g	a a c t c t c a g g	a g a a c g a c c c	g t a t c c g t a c	g a c g a t t c c c	a g t t c c t a g c	120
t a a c a g g c t a	a g g c a g c a t c	a a c t g a g c g g	t a a t t c t t c g	a t g a a t c a g a	c g c c a a a c c a	180
g g c c t c g c a a	g g g a t t a a t g	a a a c c a a t a c	g t c t c c g g g c	c g a t c c a t g g	t t t t g c a g c t	240
a a g c a c a g g a	a g t g c a a g c g	c t t c a c a g c t	g c t g g c c t c c	a t g g g a a a t t	c g c c t c g c g g	300
c a c c g c g g t a	a t g a c g c a g t	c g c c c a g t a c	a g g a g g c a g c	t g t a a t g g c a	g c g a c g g a g g	360
a a t g c t t c c t	c t t c c t c t c a	g t c t c g g c c a	g g c g g g t a a a	t c a g g c g a c a	t c a a c g a g t c	420
c c g c t c g c g g	g a t g a a a t t g	a a g c t t c c t t	c a a g t c g g c a	a a t c a t g c c c	g a g a t t c g a a	480
c c t c g g a g g g	c t a t t t c c g c	c g t t c g c c g c	a t c a c c a c g g	g g c g t t c g a c	c g a c a g g c c a	540
a a a c t t c c a t	a c g c a g t c c g	g a c a a g t g c c	a a t g c a a g t g	t a t g g t g g a a	t g c c c c a a c c	600
t c a g c a t c a g	a a t c c a t c t c	c g a c c g g a g t	t g g t g c t g c a	c c a c c t g t t c	g a c c t c g a g t	660
a a g g g c a c g c	c g t g g a c a g g	c t a c a g a t c c	c c a c a g t a t t	g c a g a a a g a t	t g c g t c g g g a	720
g a g g a t t g c a	g a g a g a a t g a	a g g c t c t g c a	a g a a c t g g t t	c c t a a t t c c a	a t a a g a c g g a	780
t a a g g c t t c g	a t g c t g g a t g	a g a t a a t t g a	t t a c g t c a a g	t t t c t t c a g c	t g c a a g t t a a	840
g g t t c t a a g c	a t g a g t c g a c	t g g g a g g t g c	a g g a g c a g t t	g c t c c c c t t g	t g g c t g a t a t	900
a c c t g c t g a g	g g t g c c a a c g	c c c c a c a a g g	t a c a a g a a c c	a a c a g t a g c c	a g a a c t c t t c	960
t c c a g a c g g t	c t a g c a t t a a	c a g a a c g c c a	a g t a g c a a a g	c t a a t g g a g g	a a g a c a t g g g	1020
a t c a g c c a t g	c a g t a t c t t c	a a g g c a a a g g	t c t c t g t c t g	a t g c c c a t a t	c t c t g g c c t c	1080
a g c c a t t a a t	a a c t c g g t g	c g a g a c c c c a	g g c a c c a t c c	a c c c c t t c t c	t t c a a g g g c t	1140
a t t g c c a c c t	a a t g c c a a c g	a c a g g c a g a t	a c t g g a a c c c	t c g a a c t c g g	c a c t c t c t g c	1200
c c t c a c g t c c	a c c t c c a t g a	c c a t a c a g t c	t t c c a t c a g c	t c g c c t g g g a	g c g g a a t a a c	1260
g g a g c a a g g t	g a t a a t g c a c	a c a a g g c a g t	g a a c g g a a c a	a g g a a t c c a a	a g g a t t c c a g	1320
a g a a g c c a a t	t c c g t t a c g a	a g t c c a a c g g	g a t a g g a g g c	c c a g c t c t t t	c c a a g a a c g c	1380
c g t t a a a g g a	g a g g a c g a a c	c t c a a a g g a g	g a c g g g c c a g	t a a a c a g c a c	c a c c t t g c t a	1440
a c g g a a a c t g	t a c c a t a c t t	c t a t t a a c g c	c a g a t t g c a t	g a a a t t g t t c	a a g c a t a c g a	1500
a a t t t a c t t t	t c a c a t g c t t	c a a c a a t t t c	t a a a t a g t c g	t a g t c g c a g t	c g c a g t c g c t	1560
c t a t g g g a g a	g c a t t c a t t c	a a a a a t c c c a	a a a a c a c a c t	t c a a a t t t t c	c t t t c t c c t g	1620
a a g t t t g g t g	t t t a t t t t t a	t t g a a t g g g t	a a a a g a a t c g	a g c a a g t c t a	t c a a a a t a a g	1680
g c a c g c g c c c	c a c t t t g a t g	a t g c c t t a t t	t a a a t a g a c t	t g c a t a a a t a	t g a c a t t a t g	1740
t a t g g t t g a c	c c a a g c g c t t	t g t t a a t c a c	t a c g t a a g t t	a t a t c t t a a g	t t g g a t a a t a	1800
a t t a t t g c t c	a t g t c a g c t a	c a c t a c g a a a	t t c t t g t t t a	t t t a a a a a a a	a a a	1853

5

<210> 371

<211> 1877

<212> ADN

<213> *Picea sitchensis*

<400> 371

10

caggtaaaaa	gaaactttct	ttttgattcg	gaataaaaatt	cacacaatgt	gtgaaaattc	60
caaaactctc	acggtaaacg	ttttagaatg	taacattgac	ttgcatggga	aggatgtgaa	120
taattaaaaa	tccttcccac	actaaaacc	acttgatctt	tatatgctta	ataactaatcc	180
cggaagctct	taaaccagaa	gattgtacaa	ttgaatcttc	atactcgaat	aaaaacaact	240
atctctgggt	aaacaaaaat	cgagaaaaga	cggacggcca	tggtacaacc	acggcagttt	300
ctctctctcg	gttcttggtt	gaaagtggtc	aattattatg	ctatttgcag	agaactaaga	360
ttgccaacaa	acagctagtt	cattgtagct	gggagatttc	agtttaagat	gacaggcaaa	420
atcaacattg	caaaaaactc	cataagagat	ggctcctaac	ccacgtcttt	tcgtatgtga	480
gccaccagta	tactttccat	atattcgaga	atccttgaag	ttagaagcaa	ccttttttgg	540
cctcgatata	cttccctatt	cctttttcct	aagtttcggc	aagctagata	ttatcccaaa	600
ttctgctcca	tttgactcag	cggtgggaa	taattctctt	cctctctttt	caactgtgtt	660
ttccttttaa	aggaaatcac	tgccaaatcc	agcagatccc	attccaagag	cacctgagca	720
actatcgaca	gttaatgaag	caggctgatt	gcctgagctt	tgctgtcac	tagtactgtc	780
aacagaattt	gttaccocag	aacccaacag	tggctttcca	gttgaactcg	atatagcagt	840
tgccagtgca	attggcatca	aacaaagccc	tttattttgc	aaatactgca	tggtgtcagt	900
catatccttc	tccatgagct	tcacaacatt	ttgctcgaag	gctagaccat	cctgcgatat	960
tgagccgcca	gcttgaccca	gagccgctga	tgccaggctg	ccagatccct	cagctggaac	1020
atcagcaatt	agaggcgcaa	ctgcgcctgc	accaccaagc	ctactcatac	tcaaaacctt	1080
tacttgacgt	tgtagaaatt	tgacatagtc	aatgatttca	tccagcatgg	acgctttgtc	1140
tgtcttatta	gcgttttgaa	caagctcctg	caaggatttc	aaattttttg	caatcctttc	1200
cctgcgttcc	cgctcagcta	tactgtgtgg	atcagtagct	tgactacaaa	ctaatagctc	1260
cttcaaaaga	tacgggtgtg	tttcgccagc	aatgacacta	gaagaactat	tctgaacatc	1320
attattttga	gcctggcctt	ctaagttcgg	actcatatga	cttgacgggtg	ttactgacat	1380
tgttgagact	cttgagctcg	cttgaagtgt	tcccatagaa	tcaccaggca	agcaatttgt	1440
tggtcctcca	gcactactat	ccaaagatga	tctgtcggca	ccattttatgt	cttcccatga	1500
agatgatagt	aattgatcaa	aaatgtcatc	tcttacagaa	ctcaagagct	ccactcactt	1560
gcaaaacaat	tgctatgaaa	ttgccctttg	tccagcaata	aactagctga	aacagcctta	1620
gctgatagat	tgtatttctt	gttgctctca	aaaatccaaa	atcaggcttt	cccctcagca	1680
cctacattaa	ccgctagcag	cagccatgtc	cgctataaaa	atagcagaat	ttaaccaaa	1740
aacgatttct	ccgtttccaa	tttagccttc	tttaatgtcg	cggcttggca	aaactgcaac	1800
caacatgtgc	cggcattgaa	cgtaaacagg	agagcagagc	agagcagcca	cattagcata	1860
acgttatcag	aatttca					1877

<210> 372

<211> 1548

<212> ADN

<213> *Pinus taeda*

<400> 372

ttttgggcaa	aggtctcact	ctgaagacaa	aatgctagcc	agagaaaata	gatctggaga	60
tactgagcat	gatgatcttc	aagggaccct	tttgacatct	tatacaggac	cacaaggagg	120
tcagacagtg	ctacctagaa	ctccaggggc	acaatcccat	caacagaatc	ttagcacaca	180
aactatacaa	tcagggtgaag	gaacttctct	acagcagtat	ggaaaccatt	cagctgtttc	240
tcagctgcag	tctggggctg	gtgggtggcaa	tgctgcaaat	ggagctgcaa	ggccacgtgt	300
cagggcacgt	cgagggtcaag	ctaccgatcc	acacagtatt	gctgagcggc	ttcgcaggga	360
gaggattgca	gaaaggatga	aatctttaca	agaacttggt	ccaaactcta	acaagacaga	420
caaagcatcc	atgcttgatg	agatcataga	gtatgtcaag	tttttgcagc	tgcaagtga	480
ggttttgagc	atgagtaggc	ttgggggtgc	tggtgcagtt	gcacctctga	ttgctgatgt	540
tccatctcag	ggatcagggtg	gtgtcatgtc	aacagccttg	ggccaagcaa	gtgggcccct	600
gactctgtca	caggatggtc	ttgcttttga	acaggaagtt	gcaagactca	tggaatcgaa	660
catgacctca	gctatgcaat	atttacaaaa	taaaggactt	tgtttgatgt	ccattgcact	720
tgcaacagct	atatcaagtt	caagtggaaa	gcctgtactg	gctactgtgc	caggaacagg	780
tgttgatagt	agtgagaagc	aaaattctga	catgcaatcc	attgtcttac	cttttagtag	840
cagttcaaca	accatgggac	tcagagctac	tgcatctggc	agtgacgccc	ctataaatga	900
gaattcaata	aataaagcta	gcatagaaaa	agttgtggca	gaaaaatcaa	atggcatttc	960
acctgggcta	tcatctgatg	tgcccaaggt	tggatcacag	agcagggaag	aactcttgaa	1020

gcgagcacia	tgattttctat	ctgcaagtgt	gtctgatttc	ggatttcagg	agtgagcctc	1080
aatgctaagg	cgggttggtga	gatttttctag	tacgcaattt	tttaacagat	agggttatata	1140
ccactgatta	tgggttcacac	atctgggatac	gtgtgagatt	tcaataggag	caaaatgtgt	1200
aatgtataag	tgaacccctg	ttttaatgag	aaatattggt	ggaactctgt	tgggtgcaagg	1260
ttgccaacct	ttttattttcc	acttttccctt	taggcaaat	taagggttacc	aagtattttat	1320
tctaacttga	acatgactgg	tgctgacct	actaggggtcc	tgctactgag	ataccaagat	1380
ggctcaggca	tccatttttcc	tgtttccctt	agttttgatt	tgtggataag	tggtatattta	1440
tccaaacttt	aaacaattgg	atgatcttat	ttcaatttgc	ttcaacaaat	gttaaattgca	1500
atgttctcaa	taccaaggta	agtattacca	ctgggttggt	ttctgttt		1548

<210> 373

<211> 1013

<212> ADN

5 <213> *Populus trichocarpa*

<400> 373

tcactttgac	tcttcccaga	cctactccaa	atggccaata	acccaaccga	acctccaacc	60
gatgatttcc	tgcaggaaat	tcttgggatg	cctaattttg	cttcagctga	agctggcttg	120
gttgagctg	acgctggctt	ggctggcact	gcttctgttc	aagctcctat	gatgcttcag	180
cttagctccg	gtgatggttc	cggccacatc	tcogcactcg	gcgggtgctcc	tggaggcggga	240
ggcgcgggat	ttcacgggtt	tccgctgggg	cttagcttgg	agcaggggaa	gggagggttt	300
ctgaagcccg	aggaggcgtc	cgggagtggt	aatcgggtcc	gtgatgatat	tggtgatggt	360
agagtttagaa	atgtttttca	tggccaacca	atgccacaa	cagtcactgc	agctacacat	420
ccaccagcaa	tgcgccccaa	ggtaacgggt	aggcgaggcc	aggccacaga	tcttcacagt	480
attgctgaac	ggttgccgag	agaaagaata	gccgaaagaa	tcagggcatt	gcaggagctg	540
gttcctagcg	tgaacaagac	ggatcgagcc	gccatgcttg	atgaaattgt	ggattatgtg	600
aagtttttaa	ggcttcaagt	aaagatatata	agcatgagta	gactgggcgg	agctgggtgt	660
gttgccgccc	ttgtaacgga	catcccacta	tcaccagttg	aggatgaaac	tggcgaaggc	720
ggaagaaaacc	aactggcgtg	ggagaagtgg	tcaaattgatg	gcactgaaaag	acaggtagct	780
aagctaattg	aggaaaatgt	tgggtgctgc	atgcagtttc	tccaatcaaa	ggctctttgc	840
atcatgccc	tcacactagc	cactgcaatt	taccacacac	aaccaccaga	taccactact	900
attgtgaaac	cagaaactaa	ccccccgtca	tagaaccgtg	gaaagggggg	agcatcccg	960
ggtcccgttt	aaaagtcacc	aaatgcttag	ggtcccactc	cttatttgtc	ccg	1013

<210> 374

<211> 1106

<212> ADN

10 <213> *Populus trichocarpa*

<400> 374

agtagtattt	tgtgtcatat	atttgcatgc	atggcaggaa	atccccccacc	tgaagggtta	60
ggagatgatt	tctttgagca	gatcttggca	gggcagccac	ctgggttatgg	tggtgaggct	120
gtggggtcca	ccagcctgcc	catgatgggg	ttgcagttag	ggtctagtgc	tgctaattgtt	180
ggattaatga	ggagtagtgc	taataataat	atgggaatga	tgccttttagg	gttaaacttg	240
gagcatcatg	ggtttttaag	gcaacaacaa	gatgatggca	gtagttcttt	agataccaac	300
aacagcaata	atatcaataa	tgcttctcct	ttttctatca	cttctgctgg	attcttgggg	360
agagattctg	tacacatgac	tagcttgttc	ccaacgtttg	gacaattgca	gattcattca	420
tcaatccggt	ctgcaccacc	accacttgga	ccacctcaga	ttcaccagtt	taatagccag	480
ccaacatcag	gagcagtttc	agctgtacca	caaccacctg	gcattcgacc	aagggtgcga	540
gcaagacggg	gccaaagctac	agatccgcac	agtattgctg	agaggttgcg	aagagtaaga	600
atcacggaga	gggtgaaggc	gttgacggaa	ttggttccca	cttgcaacaa	gcagatagg	660
gcagccatgc	tggtgaaat	tgtggattat	gtgaagtttc	ttagactcca	agtcaagggt	720
ttgagtatga	gcagactcgg	tgcggcgggc	gctgtggctc	agcttgtagc	tgatgtacca	780
ctgtcatcag	ttcaggggaga	aggcattgaa	ggaggggcca	atcagcaagc	ttggggagaat	840
tgggtcaaacg	atggcactga	acaggaagta	gctaagttga	tggagaaga	tggttgagct	900
gccatgcagc	tccttcagtc	caaggcactc	tgcattcatgc	ctgtatcact	tgcttcagca	960
atcttccgag	cacgcccacc	gaatgctcca	acactgggtca	agcccgaatc	gaaccccccc	1020
tcataaacct	aagcaagaac	gtgcaagctt	tgcatacaca	tcgatcattc	cagggggcat	1080
ctgtttccca	aattaaaaac	tgtctct				1106

<210> 375

<211> 1115

<212> ADN

<213> *Populus trichocarpa*

5

<400> 375

gtagtatttt	ggtgtcatat	atcttgcattg	atggcaggaa	atcctccacc	tgaaggggtg	60
ggagatgatt	tctctgagca	gatcttggca	gcgcagccac	ctgggttacg	tggtgggtgg	120
gaggttatgg	ggtccactag	cctgcccattg	atggggctgc	agttagggtc	ttgtgctggt	180
aattgttgat	tactgaggag	taattgcta	aataacatgg	gaatgatgcc	tttagggctg	240
aacttgagc	atcatgggtt	tttaaggcaa	cagcaagatg	atagtggtag	ttccttagat	300
accaacaaca	gcaataatat	caataacact	cctccttcta	taaaatctgc	togaatcttg	360
gggagagatt	cgggtgcacat	gacaagcttg	tttccaacat	ttggacatct	gcagattcat	420
tcatcaatcc	ggcctacacc	acctcctcct	ggaccacctc	aaattcacca	gattaatagc	480
catccaaacc	caggagcagt	ttcagctgta	ccacaaccgc	ctggcatacg	gccaagggtg	540
cgagcaagac	ggggccaagc	cacggatcca	cacagtattg	ctgagaggct	gcgaagagta	600
aggaacacgg	agaggggtgaa	ggcgttgcaa	gaattgggtc	ccacttgcaa	caagacagat	660
agggcagcca	tgcttgatga	aattgtggac	tatgtgaagt	ttctaagact	ccaaatcaag	720
gttctgagca	tgagcagact	aggtgcagca	ggcgtgtgtg	ctcagcttgt	agccgatgta	780
ccattgtcat	cagttcagat	taagggagag	ggcaatgaag	gaggagccaa	tcagcaatct	840
tgggaaaatt	ggtcaaatga	tgacactgaa	caagaagtag	ctaagttaat	ggaagaagac	900
gttggagctg	ccatgcaatt	ccttcagtcg	aaggcactct	gcacatgccc	catatcactt	960
gcttcagcaa	tcttcagagc	acgcccacct	aacgcaccaa	cactcatcaa	caccgaatcg	1020
aacacccctt	cataaaccta	agcaagaaag	tgcatacttc	gtgtgctcgt	cgatcattcc	1080
agcaggcatc	tgggtcccaa	atcttgttct	tgtcc			1115

<210> 376

<211> 1481

<212> ADN

<213> *Populus trichocarpa*

10

<400> 376

caagacgaca	aaaaaaaaattc	acctgtaagc	atgataagtt	caaatcaaag	tgtggagtcc	60
ttggccactc	aagacacttc	atctgtagtt	cttggcagtg	agtcagatta	tgtgttgat	120
aaagtcttaa	ttcttgaaca	agctcgattg	caaaatgatt	gccagaattg	caatggaaac	180
ccctcccttg	atggaatggc	acgtggaaac	ttaaaatttg	gaaacacagg	cctgcaatgc	240
aatggaattc	ttcctaccct	gagttctctg	aactatccaa	atcagcttcc	aatagttggt	300
gatttgacat	cgtatctctc	tttttctgag	gcaagcaatg	ctggatgcaa	tgggaaggaa	360
caatctgagt	acctgagatc	cttaaaaaat	ctgcaaaaact	tatcatcaat	cccacaattg	420
tggccttcac	aatcttatga	gggtgtttct	tctctccctc	ctttgatggg	acaagacaga	480
atagagggat	ctggtcttctg	aggagggaac	ttggatgatg	atatgcatat	tatggggaag	540
ggatacatgg	gcatggatga	aattctccga	cttgataagt	tatctgcata	acctactaca	600
gaggggaaag	aagatttgca	aagttgtcct	ttctcatctg	gcataagctg	gcccattgta	660
aacatgtcaa	tgaatcaatt	atcatctatg	cctcagacta	catcagctgc	tccagtagaa	720
ggctgcaatg	gaactggaaa	aactcgtgta	agagcacgac	gtggccatgc	cactgaccca	780
catagtatat	ctgaaaggct	tcgaagagag	aaaattgctg	aaaggatgaa	gaatctgcaa	840
gaacttgta	ctaattccaa	taaggttgac	aaggcatcta	tgcttgatga	gatcatagag	900
tatgtcaaat	ttcttcagct	ccaagtcaag	gtgctaagca	tgagcagggt	aggggcagcc	960
ggagcagtc	ttcctctcct	cacagatggg	caacctgagg	gtcataatag	tttgtcgctc	1020
tctccatcag	ctggtctagg	aattgatatt	tctccatctg	ctgatcagat	tgcctttgag	1080
caagaagtac	ttaagctact	ggaatccgat	gtgaccatgg	ccatgcaata	tcttcaaagc	1140
aaaggctctc	gcctcatgcc	cattgtctct	gctgctgcca	tatccagtgt	taaggcatcg	1200
ttatcaggta	caacttctga	ggagaggaag	aacaattggc	acaccagtgg	tcttggttagc	1260
agcagcagca	gcataactgg	cattgacacc	catccaatgt	ccaatgataa	caatattgca	1320
accggtacac	ttagcagcaa	aggcatgatt	gtcaatggct	gcaatgaggt	tgtcaagcaa	1380
gaagtgtctg	agaacacttg	atgcatttct	agagcacgga	aagtaaagat	gtaatttcat	1440
tatttttagat	gggggtttcat	ttttcaagct	gaggcagata	a		1481

<210> 377

<211> 1711

<212> ADN

<213> *Populus trichocarpa*

<400> 377

gggtctctcc	gctctcagta	ctcctcacta	gtcactggct	acctgtgcta	gtattagaaa	60
gcaaaccaaa	gcaaagcgaa	aagctgaaac	cttgaaagcc	gaagtactta	gctataaaga	120
aaaagaggaa	aaagaaagaa	agaagaaggt	aaccaaacag	tccttaactc	cctcaattaa	180
aacgattttg	catgtaaatt	gatgctatct	tgtatcccca	actcgtatc	tcaactcact	240
tcgactcctc	cgagtcacac	tccaaatggc	caataatcca	accgaacctc	caaccgacga	300
tttctctccg	gaaatcctcg	ggatgcctaa	ctttgcttcg	gctgaagccg	gtttggttgg	360
agccgatgct	ggcctggctg	gcgcgcctgc	tgtctcaagc	tctatgatgc	tgcagcttag	420
ctccggtgat	ggttccggcc	acatctccga	ccttggcggt	gctcctggag	gaggaagcgc	480
cgggtttcac	ggctttccct	tggggcttag	cttgagacaa	gggaagggag	ggtttctgaa	540
gcccagaggag	gcgtctggga	gtggaaaaag	gttccgtgat	gagattgttg	atggcagagc	600
gaaaaatggt	tttcatggtc	aaccaatgcc	cacaaccgtt	gctatagcac	cgcatccacc	660
agcaatgcgc	ccaagggtac	gggctagacg	aggtcaagcc	acagatccac	acagtattgc	720
tgaacggttg	cgcagagaaa	gaatagccga	aagaatcagg	gcattgcagg	agctggttcc	780
tagtgtcacc	aagacggatc	gagccaccat	gcttgatgaa	atcgtggatt	atgtgaagtt	840
tttaaggctt	caagtaaagg	tattaagcat	gagtagactg	ggcggagctg	gtgctgtcgc	900
accacttgta	acagacatcc	cactatcctc	agttgaggat	gaaactggcg	aaggaggaag	960
aaaccaacca	gcttgggaga	agtggtcgaa	tgatggcact	gaacggcagg	tagctaagct	1020
aatggaggaa	aatgtttggc	ctgccatgca	atttcttcaa	tccaaggctc	tttgcattcat	1080
gcccatctca	ctagccacgg	ccatttaacca	tacacaacca	ccagatacca	ctactattgt	1140
caagccagaa	acaaatcccc	catcatagaa	ccgttgaaag	gggggggagc	atcccatggt	1200
cctgtctaaa	agagtaaagt	caccaaattgc	ttaggggtccc	acgtcttatt	tgtcacgttt	1260
caacccccac	aatcaaatgt	tcccctagtt	tcaaattgca	atcaaagtca	gatgccatag	1320
ttcttgcttt	tgccttttct	ttccagcctt	ttttttttca	aacgggggtc	gatgtcaatg	1380
cctaaaaaaa	tgcaggcagg	ccttgggtgt	cctgccaaagt	ccaagtgaga	ggagaatttt	1440
caaagcttac	tgcgatatgct	cttcttttgg	aatcagtggt	ggggaagtgg	aaaatgatgg	1500
aagcgctttt	gtaatggggc	tctaattttt	cgtagtgggt	tgtgggacct	tgtaaaagag	1560
gcaagactga	cgggttatat	aaatatatca	ttattgtaat	agtgtattca	gcgtaaatgg	1620
aatgcaaaag	tagaattgaa	taatggctgg	ttgtttcaat	atgctgggtg	tttcaagtcc	1680
aacagaaaat	gatagcagtg	ctactttgtt	c			1711

5

<210> 378

<211> 1890

<212> ADN

<213> *Poncirus trifoliata*

<400> 378

ctctctctct	tcttctctgt	ctcacctatt	tagtatattaa	catccatcag	aagaatgggt	60
tccattctct	tgaagaaatt	cttgactctt	caaattttaa	tttccatata	tcataaagac	120
ttgtttctca	gaaattaaga	tgcagccttg	cagcagcggc	ggtgaaatgc	aaggaatcag	180
ctcgtctctg	agcaacggaa	gccacgagca	gcagtcgcag	atccatcaaa	gcgcgacgtt	240
tgatccaact	tgcgaagacg	acttcttaga	gcaaattgcta	tcctctctcc	catcgtgttc	300
ttggactgac	ttgaagtctc	cctggggggg	tgttgacctt	aaccctaata	acaataataa	360
taatattaac	aacaagcagc	ccagagactt	atctgacgaa	acggcgccgt	ccactactca	420
agagaataat	gtccctgcag	ggtttcagtt	cgatgagtc	atgatcttag	cttccaagat	480
gagacagcat	cagatcagcg	ggaatactgg	gagtggaat	aataattctg	ctgcagcaaa	540
gtttatgatg	cagcagcagc	agcaacaaca	aatcatgatg	gctgctgcta	gaggtggcat	600
cgggttgcc	ttatcacttg	gaaatgggtg	cgataacgac	atcgttgatg	cctcatcatt	660
caagtcccaa	cagggaggag	atggctcagt	gcaagcactc	tacaatggct	tactggatc	720
tttgcatggc	tcaacccagc	ctcaacattt	tcatcatctt	cagggaggat	cgatgcccg	780
gcagaccttt	ggggcaccag	ggccggtgat	gaaccagacg	caggctcagg	caagtgggtc	840
aaccgggtgt	ggtggaaaca	caccgcctca	gcagcctaaa	caaagggtta	gggctaggag	900
aggtcaagct	actgaccctc	acagcatagc	tgaaagattg	cgcagagaga	gaattgcaga	960
gagaatgaaa	gctcttcaag	aacttggttc	caatgccaac	aagacagata	aggcttcgat	1020
gctggatgag	atcattgact	atgtcaaatt	cctccagctg	caagtgaagg	tcctgagcat	1080
gagtagattg	ggcgggtgct	ctgctgtcgc	accccttggt	gctgatatgt	cctcagaggg	1140
ggcaggaggga	ggtgattgta	tccaagcaaa	cgggcgggaa	cctaaccggag	ctcagacgac	1200
gtcagctaac	gacagcttaa	ctgtgacgga	acaccaagtg	gctaagctga	tggagaaga	1260
tatgggggtca	gccatgcagt	acttacaagg	caaagggtct	tgtctaagtc	ccatctcact	1320

10

ES 2 539 530 T3

tgcaactgct	atatcgtctg	ccacgtgtca	ctctaggaac	cccatcatca	gcaccagcaa	1380
caacaacaat	aacaacggca	atccccacca	caatcctttg	tttcagtcca	atggggaagg	1440
cccgacctca	cctagcatgt	cagtgtctgac	tgtccagtc	gcaactatgg	gtaacggtgg	1500
ggctgacggc	tccgtcaaag	atgctgtctc	cgtttccaag	ccctgatcaa	cggacgtcga	1560
ctgactttat	gatgaggctc	gtccaaagtc	tacgaaaata	aggcgtcact	agatgttgga	1620
ccttcacgac	gtcgtatttg	tgtagacttt	gtgactgaat	ctaacaaca	acaagaaagc	1680
aagaaagaag	ccaatcccaa	gaacaaaaac	cttattttat	gttggtatta	ttattttaat	1740
ttgcggttta	ggttttggtt	attttactat	tattaaaatt	ttaattttct	tgatgggata	1800
tctccctctt	tttcttttat	ttaatatctt	ctgtcatgat	tctctattaa	ataattatit	1860
ataaaagcct	ttaataatta	gattataaatt				1890

<210> 379

<211> 1870

<212> ADN

5

<213> *Ricinus communis*

<400> 379

cccaacgctg	cattttcagg	atttctctct	ctacactaca	agaacttgaa	gccagtaccc	60
ataaaaccat	ataccatctt	ggattccaca	acccctttcc	tggttattgg	gctgtggatc	120
tgccacccaa	ttcaccaaca	ctttcttttt	ctcgggtttc	gcatacttca	attccctctt	180
tctctcgtct	cttctatttg	tctctctaaa	aacataactc	ctccctctct	ctctctctct	240
ctctctctcc	tcagctaat	gaaacatcaa	aaaggaaaaa	gcattaccat	attttttaca	300
ctctaaaaa	tcaaaactta	tcaactaatc	tacgactgct	actgctactc	taaaaactact	360
tttgcaatat	tattgcatgg	cgggaaatcc	cccacctgag	ggattaggag	atgatttctt	420
tgagcagatc	ttggcagtg	agccagggtg	tggaggcggt	gatgggtggg	gcggtggaga	480
cgtgggtggg	tccaccatgc	ctatgatggg	tctacagttg	gggtctgcca	gtagtgggtg	540
tggtggattg	agaactaata	atatgggcat	gatgccttta	gggttaaaact	tagagttctt	600
gaggcaacaa	gaagatggta	gtgggtgctt	agataaaca	acacatacca	ataacaacaa	660
taataatgtt	tcatcttcta	caacttctgt	tatcaatgat	agagattctg	ttcacatggc	720
gagtttgttc	ccaacgtttg	gacagttgca	aaccacagag	ctccggcctc	caccaccacc	780
tcacctccac	cagccatttc	atgggtcagcc	aacaccagga	gtggtttctg	ctgcatcaca	840
gccacctgcc	attcgcccaa	gggtgcgagc	aagacgagga	caagccactg	atcctcacag	900
cattgctgaa	cggctgcgta	gagagaggat	tgcagagaga	atgaaggctt	tgcaggagtt	960
ggttcctaca	aagcctgaat	cggacagggc	agccatgatt	gatgagattg	tggactatgt	1020
taagtttcta	aggcttcaag	tgaagggtatt	gagcatgagt	agactgggag	cagcaggtgc	1080
agtggctcag	cttgtagctg	atgtaccgct	agcatcagtt	gagggagaga	gcattgacgg	1140
agcagcagca	aatcagcaga	cttggggagaa	gtgggtcaaat	gatggtactg	agcaacaagt	1200
agctaagttg	atggaagaag	acataggagc	tgctatgcaa	ttcctccagt	ccaaggcact	1260
ttgcatcatg	cctatatcac	ttgcttcagc	atcctctoga	acacaccccc	ctgatgcacc	1320
atcaattatc	aagcctgaat	caaacacccc	atcataaacc	taaccaagaa	attaatctcc	1380
tttcacgtgc	agatgaattg	ctaccagcag	acatctgggc	ccaagtgtct	ggtatagtcc	1440
catataactc	atttctaactc	ctcattataa	atatatatat	atatataata	aagaaacaat	1500
atccagttgg	tgcagctgtt	cattttcttt	aggaggagtc	attttcatgt	caagtaagaa	1560
gaatcacggg	gcacttgatg	tttataatgc	tatgggtcaag	gcaaatccaa	aatattcaaa	1620
aagctccatt	gatgtgcttc	tatttcttgt	atctgtgggt	gggttagtgg	agaatgacca	1680
aaaaattaat	agatagtgct	aagaaactct	tctgtttcat	ttctcttttg	gatagtggaa	1740
gtgtagggcc	atcaaaaagg	gggttgatag	gcagtggtgca	tgatgtattt	gaaaaatttg	1800
tgtggaagtt	gaatcggata	aatgtaggtt	tgtcgtgtaa	atccatgttg	gaaacttcat	1860
gcttgacaat						1870

<210> 380

<211> 1008

<212> ADN

10

<213> *Ricinus communis*

<400> 380

ctcctctcag	gccgactcct	gcaaatggca	aacaatccca	cagaacctcc	agccgacgat	60
ttcctccaag	aaatactcgg	cctacctaac	ttcgtctcgg	ctgacgcagc	cggcttggtc	120
ggagccgacg	gtgccttggc	tactccgatg	atgctgcagc	ttagctctgg	agacggctcc	180
aaccacatca	ctgccttagg	tggaggggga	ggaggaggag	gaggcgctgg	atttcacggg	240
tttcggttgg	ggctaagcct	ggagcaagga	aaaggagggt	ttttaagacc	tgagggaagct	300

tcgggaagtg	gaaagaggtt	tcgtgatgac	gttgtcgatg	gcagagctaa	tactgttaag	360
aacgtttttc	atgggtcaacc	aatgcccaca	actatggctg	cagccccaca	tcctcccaca	420
atgcgccccca	gggtgcgggc	tagacgagga	caagccacag	atccacacag	cattgctgag	480
cggttgcgca	gagaaagaat	agctgaaaga	attagggcat	tgcaggagct	ggttcctagt	540
gtcaacaaga	cagatagagc	tgccatgctt	gatgaaattg	tggattatgt	gaagtttcta	600
aggctccaag	tgaaggtatt	aagcatgagt	agattgggcg	gagctgggtg	agtcgcacca	660
cttgtaacgg	acatcccact	atcatcagtt	gaggatgaaa	ctggggaagg	tgggagaaac	720
caaccagcat	gggagaagtg	gtcgaacgat	ggcacagaac	gacaagtggc	taaactgatg	780
gaagaaaatg	tgggtgctgc	catgcagttt	ctgcaatcaa	aggctctttg	catcatgccc	840
atctcactgg	ccacagcaat	ttaccataca	caagcaccgg	atacctcaac	tattgtaaaa	900
ccagaaacaa	atcccccatc	atagaccgta	caaacgggta	agcatcccat	ggtcccatct	960
aaaaaggtcg	cctaagtgtc	tggggtccca	cattttgttt	gtcccggt		1008

<210> 381

<211> 1141

<212> ADN

5

<213> *Sorghum bicolor*

<400> 381

tactggactt	ccccctcccc	agcagagcag	agcagacca	ccgcttgctg	cgagccgcgc	60
gaagcttcgg	gcccctgaagc	gtgggccccg	accgcgcccc	cccccgcccc	cgcgtcgccg	120
ggcatggcgg	ggcagccgcc	gcccgcgggg	ggctccgagg	acgacttcct	cgagcacttc	180
ttcgccctcc	cctccgcggc	ctccgcggcc	gcccgggggac	acgcgggcgc	cgggtccggc	240
ggggaccacc	ccttccccct	cgcctcagc	ctcgacggcg	ccgcggagcc	caagccggac	300
cgtgaccccg	tgcagctcgc	cggcctcttc	ccgcgggtgt	tgcgtggcgc	cggcgggcgtg	360
cagcaaccgc	acctccgcg	cccaccgct	ccgcagatgt	tccaggcgca	gccgaagccg	420
ggcgaggagg	gcatggcgcc	gcagccgcca	gccccacggc	ccaaggtgcg	cgcgcggcgg	480
gggcaggcca	cagatcccca	cagtatcgcg	gagaggctaa	ggagagagag	aattgcagaa	540
aggatgaggg	cattgcagga	attggtcccc	aacacaaaaca	agacagatag	ggcagctatg	600
ctagatgaga	tccttgatta	cgtgaagttt	cttaggcttc	aagtaaagggt	tttgagtatg	660
agcagacttg	gtgggtgctgg	tgcagttgca	cagctgggtg	ctgatattcc	actctcagtt	720
aagggtgagg	caagcgacag	tgggagcaca	cagcacatat	gggaaaagtg	gtcaactgat	780
ggcacagaaa	agcaggtagc	gaagctgatg	gaagaagaca	tccggggcagc	gatgcagttc	840
cttcaatcca	aagcgctatg	catgatgcgg	atctcgcttg	caatggcaat	ctacgacacc	900
caacattccc	aggatggcca	ctcactgatg	aagcctgagc	ccaacacatc	ctcgtagtat	960
agtaacatca	accctagcgt	gcatttcaac	cccctaatac	tattaggcac	cgatatatcc	1020
aaaaaaaaaa	agtgtatgat	atacggagcg	ttccaatgtg	ctaaccgtga	gataggaaag	1080
gaccttaaat	tggatatatga	tgtagccctc	cctttcccta	ttttatttca	aatcagagca	1140
g						1141

<210> 382

<211> 1409

10

<212> ADN

<213> *Solanum lycopersicum*

<400> 382

agcaaagctt	taggtgactc	cctttccttt	attttcttca	tggctctcac	tgctcttttag	60
aaagtagcaa	aacacacaca	caaacaaccc	aaaacacaca	cttccatttc	cattttttgc	120
ctatatatat	atatatatat	gtaacaagta	cttggttagag	tactaatttg	tacaccctct	180
tatcaatttc	gttgtaaaga	acactttttt	aactagtatt	tgttcaattg	aatgcttttc	240
tgaggaatta	aggtggtcga	aaacagctcc	gatccaagaa	agattgaatc	tttatagttt	300
ctgctatggc	taacaaccc	tctgagggac	cttctgatga	tttctttgac	caaattcttg	360
gatttctctg	ttacaatgga	gcagaacctc	atttggcggg	aaatgatgcc	ggagctatac	420
cgcgggcgat	gatgctccag	cttaactctg	gtgatgggtc	aagtacgttt	actggagtgg	480
gtcttggggg	tgggttaggt	ggtggggggg	tccatgggtc	tgggtggggg	ggttcttttc	540
cttttaggggt	gagtttagaa	caagggaag	gtgggttctt	gaagatggat	gatgtttcag	600
cacctggaag	gaggtttaga	gatgatgttg	ttgatagcag	agcttcttct	tctgtcaaac	660
ctgggttttc	tggacaaccg	atgccttcaa	tgcgcgcatc	ccctgcaata	cgtccaaggg	720
tgagagctag	gcgaggacaa	gctactgac	cacatagcat	agcggagagg	ttacgtagag	780
agaggatagc	agaaagaatt	agagcattgc	aagagttggg	tccagtgctc	aataagactg	840
atagagctgt	aatgcttgat	gaaattgtag	attatatcaa	attcctacgg	ctgcaagtga	900

ES 2 539 530 T3

aggtgttgag	catgagtagg	ttaggaggag	ctggtgcagt	agcaccactt	gttacagaca	960
ttccaatatc	atcagtagag	gaagagagca	gtgaagggtg	aaataataac	caaccagctt	1020
gggaaaagtg	gtcaagtgat	ggcacagaaa	ggcaagtggc	taaactcatg	gaagaaaatg	1080
ttggtgctgc	aatgcaattt	cttcagtcta	aagcactatg	tataatgcct	atttctcttg	1140
catcagcaat	ttatcactct	cagccaccag	atacatcaag	tcttggttaag	ccagaaacaa	1200
atcctccttc	atagatgaac	acccttatag	aaaaagggtga	cataacatgc	taatgacctt	1260
aaagaatttt	cttgcaagtgg	atggttccta	cttttatcta	ttcaagtaat	atttagcttt	1320
ttgttgaaaa	aacagggttc	ttttttaaaa	atatttatgt	ataaagtaaa	ccattttcta	1380
tcatttatat	atttgagtag	ttttgttct				1409

<210> 383

<211> 1632

<212> ADN

5 <213> *Solanum lycopersicum*

<400> 383

gctcattttc	cgttccctct	aaagctcaat	aaacctatac	gccggcaaac	tccggcatgg	60
cggacaaccc	accggaggta	tatgotgcog	atgattttct	cgagcaaatt	ctggcgattc	120
cctcttatgc	tagcctgcog	gtaactgatt	taaccgcogg	tgccctcatg	gagaattcaa	180
catctggtgt	ctctcagcto	cagcagcagc	cgttggtccc	attgggggta	agtttggtata	240
atggctttgc	tgacgccaac	aaacttgagg	gttttcaagt	gaagactgaa	agagaagcaa	300
tgaacatggg	gaatttgtat	ccagggtctag	aacatttgca	atctcatgct	gtttgcctaa	360
gtgttccctc	agttcaccaa	gtccagcctt	ttcaaggcca	ccctacatca	agcgcataag	420
taacaatacc	acaccaacct	gcaattcgct	ctaggggtcg	ggcacaaga	ggacaggcca	480
ctgatccaca	tagtattgct	gagcgggtta	ggagagaaag	gatatacaga	cgaataaagg	540
ctttacagga	acttggtccc	agctgcaata	agaccgacag	ggcagcaatg	cttgatgaga	600
ttctggacta	tgtgaagtgc	ttaaggcttc	aagttaagggt	actgagcatg	agtaggttgg	660
gaggaactag	cgcggcggca	caagttgttg	ctgatattcc	attgcagctc	gttgaggggag	720
acacctgtga	aagtcattcc	aaccagcagc	tctggggagaa	gtgggtctgat	tctgaaacag	780
agcaagaggt	agcaaagctc	atggaggaag	atggttggaac	agccatgcag	taccttcaat	840
ccaaatcact	ctgcatcatg	cctatttccac	ttgctgcact	tatctatccg	actcagcaaa	900
gtgacaacca	atcaatggct	aagccagaac	aagcggcccc	attgtagact	tctaaattac	960
tgcagggtgca	atcaagaact	cctaattttct	tttagggcca	tccgtctata	tatccttacc	1020
tattttctct	tgaatcacc	tctgaaatcc	ttggtaatgc	aatcaaaactc	agatgacaca	1080
atttttgctt	ttagctcaat	cattggcccc	tttatcaact	ttcttgagtt	cagtcacacc	1140
ttgaacaatg	gcaacactta	agaaagcaac	caatccatct	atctatatca	ttgtagggag	1200
gagtgtatat	ttttttttcc	aaactctctg	ttattagctg	cttggttccc	cctcactctt	1260
gtgggttggg	tgtgactcct	tgtatctttt	ttatagtggg	tagctagcga	tgtattataa	1320
aagaaaattg	tcccagcttg	catttggttg	actgtgcggg	gagaaagaaa	ccaagtttgt	1380
ttgaagacaa	agccattagt	atacagaaac	ttaaagatgga	atgtttaggg	cttttctttt	1440
tttggtgtaa	ccatagctta	atggatgatt	tagaatcaac	ttatgatgta	ctagattcct	1500
tgtgagaaga	ttaaggatta	ggagcttctt	catttcttta	tttctgttct	tttgctcatc	1560
tggatgtata	tatgggggat	tacacacctt	ttgtgtagtt	tgttattaat	acacaaaaat	1620
gttacctgtt	cc					1632

<210> 384

<211> 1135

<212> ADN

10 <213> *Solanum lycopersicum*

<400> 384

ttccatttca	gttcctcaaa	acccttaact	tcttctcgcc	gggaaaaaaa	ttaatttgcg	60
cggataaate	tccggcatgg	cagcaaacca	accggaaggc	tatgccgacg	atttcctcga	120
gcaaattctc	gctattcctc	cctactctgg	cttgccgggt	gctgatgttg	gcactccatc	180
agagaegacg	tcgtttacct	cggcgtctgc	cgtatctcat	cttaactctg	ccgctgctgc	240
tggcctacag	caacccttgt	ttccgctggg	attaagcttg	gataacggcc	gtgatgacgt	300
cggcgatgca	ggtccttatg	cagtgaagca	tgaaagagat	ggaatgaata	toggaaatct	360
atatgcagg	ctagaacact	tgcaatctca	tgcagttcgt	cactctgtgc	cttctgttca	420
ccatgtccag	ccttttcaag	gcccaccaac	aacgagcaca	acagtaactg	tgccacaccc	480
accttcaatt	cgtcctaggg	ttcgagctcg	gaggggacaa	gccacagatc	cacatagcat	540
tgctgagagg	ctgagaagag	agaggatata	agaaagaata	aaggctttgc	aggaactgg	600

accagctgc	aataagacag	ataggccgc	aatgcttgat	gagattctgg	actatgtgaa	660
gttcttaagg	cttcaagtta	aggtagtgag	catgagtagg	ctgggaggag	ccagtgcagt	720
ggcacaactt	gttgctgaca	ttccattaca	atctgtggga	gggggacagt	ggtgaaagta	780
gatccaacca	gcataatagg	gataagtgg	ccaatgttga	cacagaacga	gaggttgcta	840
agctcatgga	ggaagacgtc	ggtgcagcca	tgcaatacct	tcagtctaaa	tcactctgca	900
tcatgcccat	atcacttggc	gcactcatct	atcctactca	acaaccggat	gaccagtccc	960
tggtcaagcc	tgaagcagca	gccccatcat	agaccttcaa	ttcgttgcac	gtgcctctaa	1020
gaactcccaa	tagccttggt	tccccctcc	tttgtatcct	tacctaccat	ccatttgat	1080
tttctgtgt	aattgggtggc	aatgcaatca	atgtcagatg	ccacaacttt	tgctt	1135

<210> 385

<211> 1348

5

<212> ADN

<213> *Solanum tuberosum*

<400> 385

ttagaagta	gcaacacaca	caaacaccca	aaacacacac	ttccatttcc	atTTTTttgc	60
ctatatatat	atatatatgt	aacaagtact	tgtgagagta	ctaatttgta	caccatctta	120
tcattttact	tgtaaagaac	acttttttaa	gtagtatttg	ttcaattgaa	tgcttttctg	180
agaaattaag	gtggctgaaa	acagctccga	tccaagaaag	attgaatctt	tatagttctg	240
ctatggctaa	caacccttct	gagggacctt	ctgatgattt	ctttgaccaa	atcatgggat	300
ttcctgctta	caatggagca	gaaactaatt	tggcgggaaa	tgatgccgga	gctataccgc	360
cggcgatgat	gctccagctt	aactccgggt	atgggtcggg	tcaatttact	ggagtgggtc	420
ttgggggttg	gttaggtgg	gggggggttc	atggctcatg	tgggggtgct	tcttttctct	480
taggggttag	tttagaacia	gggaaagggt	gggtcttgaa	gatggatgat	gtttcagcac	540
ctggaaggag	gtttagagat	gatgttggtg	atagcagagc	ttcttcttct	gtcaaacctg	600
gttttcatgg	acaacccatg	ccttcaatgc	cgcaccccc	tgcaatacgt	ccaagggtga	660
gagctaggcg	aggacaagct	actgatccac	acagcattgc	ggagagggtta	cgtagagaga	720
ggatagcaga	aagaattaga	gcattgcaag	agttgggttc	cagtgtcaat	aagactgata	780
gagctgtaat	gctcgatgaa	attgttagatt	atgtcaaatt	cctacggctg	caagtgaagg	840
tggtgagcat	gagtaggtta	ggaggagctg	gtgcagtagc	accacttggt	accagacattc	900
caatatcatc	tgtagaggaa	gagagcagtg	aagggtgaaa	taataaccaa	ccagcttggg	960
aaaagtggtc	aagtgatggc	acagaaaggc	aagtggctaa	acttatggaa	gaaaatggtg	1020
gtgctgcaat	gcaatttctt	cagtctaagg	cactatgtat	aatgcctatt	tctcttgcat	1080
cagcaattta	tcactctcaa	ccaccagata	catcaagctt	tgtaaagcca	gaaacaaatc	1140
ctccttcata	gatgacaccc	ttatagaaaa	aggtgacata	acatgctaata	gaccttaaga	1200
atTTtcttga	agtggatgg	tctacttttt	atctatttaa	gtaattttta	gctttttgtt	1260
gaaagaaaca	gggttttttt	tttttatggt	tatgtataaa	ttaaaccatt	ttctatcatt	1320
gatataattca	agtagttttg	ttttcagc				1348

<210> 386

10

<211> 1469

<212> ADN

<213> *Solanum tuberosum*

<400> 386

ES 2 539 530 T3

gatttcagtt	cctcaaaacc	cttaactttct	tctcgccgga	aatttttttt	aatttcgccg	60
ggtaaattctc	cggcatggca	gcaaaccaac	cgggaagccta	tgccgatgat	ttcctcgagc	120
aaattctcgc	tattccttcc	tactctggct	tgccggtagc	tgatgttggc	actccatcag	180
agacgacgtc	gtttacctcg	gcgtctgcog	tatctcatct	taactctgcc	gctgctgctg	240
gcctacagca	acctttgttc	ccgttgggat	tgagcttggg	taacggccgt	gatgacgtca	300
gcgaagctgg	tgcttatgca	gtgaagcatg	aaagagatgg	aatgaatatc	ggaaatttat	360
atgcaggtct	agaacacttg	caatctcatg	cagttogtca	ctctgtgcct	tctattcacc	420
atgtccagcc	ttttcaaggc	ccaccaacaa	cgagcacaa	agtaactgta	cctcaccac	480
cttcaattcg	tcctagggtt	cgagctcgga	ggggacaagc	cacagatcca	catagcattg	540
ctgagaggct	gagaagagag	aggatatctg	aaagaataaa	ggctttgcag	gaactggtag	600
ccagctgcaa	taagacagat	agggcagcaa	tgcttgatga	gattctggac	tatgtgaagt	660
tcttaaggct	tcaagttaag	gtactgagca	tgagtaggct	gggaggagcc	agtgcagtgg	720
cacaacttgt	tgctgacatt	ccattgcaat	ctgtggaggg	ggacagtggg	gaaagtagat	780
ccaaccagca	tatatgggat	aaatgggtcca	atgtagacac	agaacaagag	gttgctaagc	840
tcattggagga	agacgtcggg	gcagccatgc	aataccttca	gtctaaatca	ctctgcatca	900

tgcccatatc	acttgctgca	ctcatctatc	ctactcagca	accggatgac	cagtcactgg	960
tcaagcctga	agcggcagcc	ccatcataga	ccttcaattc	gttgcaagtg	cctctgagaa	1020
ctcctaatag	ccttggtgct	cccctccttt	gtatccttac	ctaccatcca	tttgatattt	1080
cctgtgtaat	tggtggcaat	gcaatcaatg	tcagatgcc	caacttttgc	ttttatccca	1140
accattggcc	cttttttttt	aattaccttt	ctggagtttc	gtcaaacaag	gcatgatgtc	1200
atcatacctt	ggagaaaggt	aaacgtatga	aagcacccaa	tcaattagca	tcattttcgg	1260
atgaggtgag	cttctttttc	aaagtatatc	atgattagct	gctcttcttc	caccattttg	1320
ttgtgggatt	gtggggactc	cctttatcct	ttgcatagtg	gatgggtggg	ctttgtaaaa	1380
gtaaccaact	ggttgttggg	aagtatatgt	taatttttagt	atattattgt	aatgggtagt	1440
tgaagttgct	ctccctccaa	aaagttttg				1469

<210> 387

<211> 772

5

<212> ADN

<213> *Solanum tuberosum*

<400> 387

cttctatctt	tctctcttct	ccttttagaa	ccaaactttc	acacacaaag	ctactgaaga	60
aaaaattttc	ctctgcaaaa	tctcagagag	gaaaaaaaaa	atgcaagcca	tgaattcact	120
tctaagtcaa	caacagcagt	cacagatgtc	actgcaagac	cttcaaaatg	gcggaaatgg	180
cggttctacc	ggtggtgttg	gtggttttag	tcaacacaa	atgggtcact	ttcactttga	240
tcogacgtcg	tctcacgacg	attttctcga	acagattctc	tcttctgttc	cttctcttct	300
tccttgacct	gacctttcca	aatcctggga	cccacatcac	catctctcat	cgcgcgcgca	360
taaccctagc	tccggcgaag	atcaacctcc	ttctaatacca	cttcaactcac	agttccatta	420
cgacgaccag	gcttcttctc	tactagcctc	aaagctccgt	cagcatcaga	tcactggcgg	480
cggcgcggtc	gcagctgcta	aagcaattat	gctacaacag	cagcttttgc	tttctagaac	540
actcgccgga	aacggactca	ggtctcctaa	tggagcttcc	ggcgataacg	gcctcctttc	600
cctacctcta	aacctcagta	ataatgggtg	ccaaaacgat	ggcgctcgta	acccggctaa	660
tgacaattcc	gttcaagctc	ttttcaatgg	atcacccgga	tctcttggtc	aaacctccaa	720
tcaacctcaa	cattttcatc	atcctcaggg	aggatcgatg	caatcgca	gt	772

<210> 388

10

<211> 1290

<212> ADN

<213> *Solanum tuberosum*

<400> 388

ES 2 539 530 T3

gaaagaaaaa	aacaatgcaa	gctatgaact	catttcaaag	caccggcgaa	aatgggtgctt	60
cgteccggcga	acacatcagt	cattcccat	tcgatccgtc	gtcgtcacac	gacgacttcc	120
tccaacagat	tctctcttcc	gttccttctt	cttctccctg	gcctgaaatc	tccggcgacg	180
gtcaccccta	caatttcgac	gaccatcagt	caactctctt	ggcttccaag	ctccggcagc	240
atcagatcaa	cggcggcagc	tctgctgccc	cagctgctaa	agcgttgatg	cttcagcagc	300
agcttctgct	ttctagagga	atcgccggta	atggcggcga	tcaaaacgac	gacggtttaa	360
atccggggaa	tgatatttca	gttcaagctc	tttacaatgg	attcgctgga	tctcttggtc	420
aaacctcaaa	tcaatctcag	cattttcacc	attctcaggc	gcagagtttc	ggagctccgg	480
cggcgctcgtt	gacgatgaat	caaacgcggg	cggcgagtgg	ttcagctggt	ggagcgcagc	540
caaagcaaca	gaaagttagg	gctcgaagag	gacaagcaac	tgatcctcac	agcattgctg	600
aaagattacg	gagagagaga	attgcagaga	gaatgaagtc	tttgcaggag	ctggtacctc	660
atgccaaataa	gacagacaag	gcttcaatgt	tagatgagat	catcgactat	gtcaggttcc	720
tccagctcca	agtcaaagtt	ctgagtatga	gcagattggg	tggtgctgca	gctggtgctc	780
ccctagtgtgc	tgatagatcc	tctgagggag	gaggtgattg	tgtacaagga	aatggaggtc	840
ggggtggcag	taatggaacg	acgtcgtctg	caaacaatga	cagcagcatg	acgatgacgg	900
agcaccaggt	agctaagcta	atggaagaag	atatgggata	agcaatgcag	tatcttcaag	960
gaaaaggctt	atcccttatg	ccaatttcct	tagccactgc	tatttccacc	tccacgtgtc	1020
actccatgaa	acccaacaac	ccactactac	tcggcggagg	ctccgctatc	aacggcggtg	1080
gtgagaccgg	cgggtggaccg	tcttctccta	ccttgtcagc	ttccactgtt	cagtcagcta	1140
cgatggggcaa	tggcgggact	tgagttagtc	ctcctatccc	aatgtgactc	actgttttta	1200
tttagaatca	atgtgatttt	atatttctcg	ttttatacta	ttatggaatt	atttatagtc	1260
atattaatat	tgatgacttg	tttttagaaa				1290

<210> 389

<211> 2210

<212> ADN

5

<213> *Triticum aestivum*

<400> 389

cacgagggca	agccaaagcc	tccgcctctc	tctctctttt	ccgccccaac	aaaccgcccc	60
ctccccctcc	gtcgccctca	cctccgcctc	cgccggcagt	agtatacgcc	cgccaccagc	120
tccgacgacc	cgcgcccttc	ccccgcctcg	cccgccgctg	tctccccctg	ccgctccccc	180
gtccctccgc	cgcggggttg	ttctagaggg	tgtatctgaa	gttctctcag	catccgagtg	240
cgcagctttg	tacaaaagga	accattcagg	ccatctcaga	ttgtcttcat	ggatgaatga	300
taggatcacc	agttgctgtc	actttaagta	tctacaagtc	actcttttca	taatatctct	360
gagcagaggt	tggggagtca	agttgtaagg	gtgtaaagat	ggactactct	aatggttctt	420
tctttccttc	atggcctggc	aattccgctt	ccgagaatta	tagcttttgt	gatgggtcag	480
tggaaatcata	tgcagaagaa	ggaagtatgc	cacctacagg	ctatttcaga	gctagatcaa	540
atcagaattt	aacatttgat	gagcatgaac	agaaccctgc	tatgcttgca	aatgggtgct	600
tgcgtacaaa	caccagagct	gatctattat	ctggtgagat	tctgtcagag	gacaaacatt	660
ccaacagcct	tatggagctt	tccacaactt	cagaacaatg	gcagtctgca	aagtaattta	720
atcccaccag	ggactcttca	gtgcacttca	acacctggaa	catttgaccc	gcagttggat	780
acccctggcc	ttctagaact	tctcatgccc	ttgtccagtt	caattgaaag	caatggtagt	840
gaagtttcag	cttttcttgc	tgatgtacat	gctgtttctt	cagcctcaac	tctctgttcg	900
acattccaaa	atgttccttc	ctacatggag	ccagtaagcc	tagaagcttt	cagttttcaa	960
gggatacaaaa	atgctcctat	gttcaacaat	acaagtcatt	caaatgggaa	acctgtcagt	1020
atltgatgag	gcaaccatgg	catcactaca	tgatagcaaa	gaattttctca	gtggtagcat	1080
ctcatctttt	ggtacggcgg	agcagtcaca	actagctggg	agtggtttga	aggctgaaca	1140
acaggaacaa	aatgcgatgt	gcaatattcc	actccctttc	gcttctggta	gtcagatggc	1200
agtgaagtga	gcacaagggg	caatgattcc	ttcaaagata	agctcaacga	tccataacaa	1260
taaaagtga	taccctgtcc	ctatcagcca	ttctgctgat	gcgcagaaca	aggcaaattc	1320
agctaattga	aacagtgcc	gtgctaagcc	acgagcaagg	gctcgtcgtg	gacaggcaac	1380
tgaacctcat	agtattgctg	aacggcttcg	cagagagaag	atctcagaga	ggatgaaaaa	1440
tctccaagac	cttgtaccac	actcaaataa	ggcagataaa	tcatcaatgc	tcatgaaat	1500
aattgattat	gtgaaatttc	ttcagcttca	ggggaaggtc	ttaagcatga	gtaggctagg	1560
agctcccggg	gcagttcttc	ccctccttgc	agaatctcaa	actgagggcc	gtagcaattc	1620
acctctatca	tctccaaccg	cttcacaagg	gcttctggat	gcagcaggcc	cagaagacag	1680
cttggtcttt	gagcaagaag	ttataaagct	gatggaaaca	agcatcaca	atgcaatgca	1740
gtaccttcag	aacaaggggc	tctgctgat	gcctatcgct	cttgcttcag	ccatatccaa	1800
ccagaaagcg	acttctgcag	ctgcaatccc	tctgaaagg	tgaaaacaga	aagcacatca	1860
tgtcctctcc	atcgcccgcc	ggaaacaact	gtcgaaatgt	gctagagttc	atagaagttg	1920
tgagaaaaca	aaaatccgag	gctgaaggat	aggaagttat	gcgactaata	gtacaagctt	1980
atggtataat	ctagtagctt	actccaagaa	acctatactt	tttctcttct	ctgttgca	2040
tcggttggtg	tgtattcttt	tggttttttg	acggcattct	aactgggtac	aagtgtctgg	2100
caccttggtg	tgtacatgga	tctatgaggg	ttattaccga	ctgttcatga	tgttatatga	2160
tgatcaaaagc	agacctagga	aaactcggtt	gctttgggtt	tcacttggtt		2210

<210> 390

<211> 1458

<212> ADN

<213> *Vitis vinifera*

<400> 390

atggatgagt	atctggatca	cttggttttca	tccacatcat	ggtcagatgt	gaatgtgaag	60
gagggatcat	cttggtattg	tggtagacct	agccaaacaa	atgggatgct	ttcagattca	120
attggaatat	atgaagggtga	taaaaaaac	tccctgttg	gcatgactaa	ttcaaaccct	180
atgatcgagg	gcttggttac	tcaagatact	tcatctattg	ttcttggtgg	agagtctgat	240
catggtcttg	gcaagggtct	acttttggaa	gaagctccac	ggcagcaaga	ccttcaaaaac	300
actgaaggca	attcctcctt	gaatggagca	gtgaatggca	gctcagaagt	tggatactgt	360
ggcctgcaac	taaatactcc	tacttcaacc	ccatgctcac	tggatcttgg	ctctcccaag	420
cagctttcgc	tgattgggtg	catgtctagg	tcatctcgtc	ctttcactga	gctggatcat	480
gttgggtgca	atggtaatat	gccatctgat	tttcagagat	cagttggaaa	ttttcaagca	540
ttgcttccaa	tccacagtt	gtggtctcaa	ccattctaac	ggggtggttc	ctccttctct	600
cctgttatgg	gagaatacaa	gatgcagggc	tttgggtctgc	aaggagaata	tgtggataat	660

gaaatggata	tcattgaggaa	cagatacgtt	ggggatgaaa	ttctgcaact	tgataacatt	720
tcttcagcaa	tccccataaa	ggggaaagaa	gagcagcaca	ctcatccttt	ctctcctttt	780
gcggttgggc	cccacatgac	aatgacagca	tctggattac	agtcttttgc	acagactacg	840
gtaggactg	cttctggtgg	ctgtaatgga	actggaaagc	cgcgtgtaag	ggctcgtcga	900
ggccaggcca	ctgatcctca	cagtattgct	gaaaggcttc	ggagagagaa	aattgctgaa	960
aggatgaaga	acctgcaaga	acttgttccc	aattccaata	agacggacaa	agcatctatg	1020
ctcgacgaaa	tcattgagta	cgtcaaattt	cttcagctcc	aggccaaggt	actaagcatg	1080
agtaggctgg	gggcagcaga	ggcagttggt	cctctcatca	cagatggcca	agctgagggc	1140
tctaagggtc	tgtcactttc	accctcggct	ggtcaagctg	aagatatttg	tcaatctcct	1200
gatcaaattg	cctttgagca	agaagttagt	aagttgatgg	agtccaacgt	gaccatggcc	1260
atgcaatatc	ttcaaagcaa	aggtctctgc	cttatgccaa	ttgctcttgc	tacagccata	1320
tccagtggaa	aggcagcatc	atcaggtact	gggtccgatg	agggaaagaa	cgcagcaaca	1380
ccagtagcag	caacaccagt	agcaacagct	taoctggcat	tgggacacat	catacatctt	1440
ctgatggcaa	tgttctga					1458

<210> 391

<211> 1257

<212> ADN

5 <213> *Vitis vinifera*

<400> 391

atgctctcta	ctctcccttc	ttggtctgac	ctccccgcaa	accctaaato	tccctgggaa	60
ctcaatgctt	ccaaccctat	ctccatgcct	tccaacaagt	ctagggattt	gtccgacgat	120
accacgccgt	ctaataccgga	caacgttcag	ttcgctttcg	acgagtcggc	catggttgcc	180
tccaagctcc	gccagcacca	gatcagcggg	aactcgtcgg	cggccaagtc	ggcgttgatg	240
cttcagcagc	agttgctttt	gtcacgaggg	gtcgccatgg	gtaggtcccc	gtcgaatggg	300
tccggcgccg	gtgagtcggg	ccttcttcaa	ctgcctttgt	cacttagcaa	cggggattct	360
tgcctcgttg	accgatcaca	aaacgaagtc	gttgatgggt	cctcctcctt	caaatacccc	420
aatcaggagg	gagacgggtc	agttcaagct	ctctacaatg	gcttcggcgg	agctcttcac	480
ggctccggtc	aagcctccaa	ccaagctcag	aatttccacc	atcctcaggg	tggatcaatg	540
caggcacaga	actacggagc	tccggcgact	agggtagagg	caagaagggg	tcaggcaact	600
gacccacaca	gcatcgctga	gagattacgt	agagagagaa	ttgcagagag	aatgaaggca	660
ctgcaggaa	tggttcccaa	tgccaaaca	acggacaagg	cttcaatgct	ggatgagatc	720
attgactatg	tcaaattcct	gcagctccaa	gtgaagggtac	tcagcatgag	caggttgggc	780
ggtgccgcag	ctggttgctc	cctcgttgct	gatatgtcct	ctgagggagg	tgggtgactgt	840
atacaggcta	gtgggacaag	cggccctaca	ggaggaaggg	caacgaacgg	aacacaaaca	900
accacatcaa	acgacagcct	cacagtgcag	gagcaccagg	tggccaaaact	catggaggag	960
gacatgggtt	cgcgcattga	gtatcttcaa	ggcaaaggct	tatgccttat	gcccattctc	1020
ctcgccactg	ccatctccac	cactacctgc	cactccagga	accccatggt	ggctgctgcc	1080
gccgtcgccg	cctccaacat	caacaacggc	agccacactc	acccactcct	acctaattcc	1140
aacgccgatg	gccccctctc	ccccagcatg	tccgtcctga	ccgtgcagtc	agccaccatg	1200
gggaacggcc	tggccgacgc	gcccgtaaaa	gacgtgtgct	ccgtttccaa	gccttga	1257

<210> 392

<211> 1010

10 <212> ADN

<213> *Vitis vinifera*

<400> 392

tcttctctct	cacggaagct	gagaggccga	gagctgagac	ttcactccaa	tcaaggccat	60
ctcttccatc	tccgaaaccc	taaccacact	tccgtacggg	tccgactcgt	ccgagtttga	120
gtgatggcga	gcaatccctc	ggaagctcca	gcggacgatt	ttctcgagca	aatcctcgga	180
atttccacct	accccgagc	tgacccta	ttggtgcta	atgacgtgaa	tttggccgct	240
cctatgggtg	ttcagctcgg	ctccggcgaa	ggctctggcc	acatcgccgg	cgggtaccag	300
ggaaccatgt	ttcggttagg	gttgagggtg	gagcagggaa	agagcagctt	totgaagccc	360
gaagacgcgt	ctggcagtg	caagcgcttt	cgtgaggagg	ttattgatgg	tagagcttct	420
accgtgaaaa	atgctttcca	tggtaacca	atgcaggcta	ccgttgctgc	agcaccacat	480
cctcctgcaa	ttcgcccaag	ggtgcggggc	agacgtggac	aggccacaga	tccacacagc	540
attgctgagc	ggttacgcag	agaaagaata	gcagagagaa	ttagagcact	gcaggaaacta	600
gttctctagt	tcaacaagac	ggatagagct	gcaatgcttg	atgaaattgt	ggattatgtg	660
aaattcctaa	ggctccaagt	aaaggctctg	agcatgagta	gattgggcgg	agctggtgca	720

gttgaccac	ttgtaacaga	cattccatta	gcatacagtcg	aggaagaagc	aagtgaaggg	780
ggaagaaatg	aaccggcatg	ggagaaatgg	tcaaatacag	gtacagaacg	acaagttgct	840
aagctcatgg	aagagaatgt	tggggctgca	atgcagttcc	ttcagttcaa	ggcactctgc	900
atcatgcccc	tctctctcgc	atcagccatt	taccactctc	agcagccgga	cacaactcca	960
ctgatcaagc	cccagacaaa	tcccccatcg	taaaacctct	ccccactccc		1010

<210> 393

<211> 1599

<212> ADN

5 <213> *Vitis vinifera*

<400> 393

gggagcaagg	aaaccgaagc	agggcatttc	ccaaacatct	cttaccgatt	tatcggacga	60
cctctctgtg	acctctttct	ccaacaattt	gacctttttg	ctaaacccga	aaacaatcct	120
catctcttct	ttgcttctcg	ctggaaaatc	tattttccgt	tcccgcccat	tctctagcca	180
tggccaccaa	cccgcccga	ggttacgcgc	atgatttcc	ggaacaaatc	ctcgcaattc	240
ctcctatcc	tggacacgac	cctaataatg	tgggaacggg	ttctaccatg	gtgctgcagc	300
tgagttcagg	cgacggctca	ggccacgctc	ccggagggtg	cttccagggg	ccggtctttc	360
cggttaggtct	gagcttgagg	agcgggattc	cggcgacaca	ggtggcgcca	ggaagtggcg	420
agcggtttctg	agatgacgtt	gatgccagag	gttcttcagg	gaggagcgag	agagagtcgg	480
tgcatttggga	tggtttgttt	ccggcgtatg	gacatgtaca	gtctctctcc	gtccgacccg	540
ccgttctctca	agttcaccag	gcttttcatg	gccagccaac	ccctgtccca	attactgctg	600
cgccacaccc	gccagctatc	cgcccaaagg	tgcgtgctcg	gcgcggacaa	gccactgac	660
ctcacagcat	tgctgagcgg	ctacgtagag	agaggatagc	agaaagaatg	aaggctttgc	720
aagaacttgt	ccctagctcc	aacaagacgg	atagggctgc	aatgcttgat	gaaattgtgg	780
actatgtgaa	gttcctaagg	ctccaagtca	aggttttgag	catgagtaga	ctgggaggtg	840
ctggtgcagt	ggcacaactc	gtggctgaca	tcccattgcc	agcagttgag	ggagaaacgg	900
gtgaaggtgg	aagcaaccag	caagcctggg	ataaatggtc	aaatgatggc	acagaacgag	960
aagtagcaaa	gctcatggaa	gaagatgttg	gagctgctat	gcagttctct	caatccaaag	1020
cactgtgcat	catgcccata	tcaattgccc	cagcaatata	ccctgcacac	caaactgata	1080
ccccacgct	catcaagcct	gagccaaatg	ctccatctca	gacccctcga	aaatgcacgt	1140
gcctgttgac	aactcccatt	gacccctagt	tggctaatac	caaattcctt	agtatcctga	1200
atccatatcc	taaagtgttc	ctcactatcc	cttttggcaa	tgcaatcata	gtcagaagcc	1260
atagttcttgc	ttttgcctct	ttttattctg	agttttgtca	aagaaagagt	gaatcatgct	1320
ttgggaaaaa	agaaaaggca	ctttcatcac	ttcttgccat	gctcgagtga	aggggaaaaa	1380
ttttcaaagc	tatatgtata	tgctactcct	tttcatttgt	gctgcttgct	ggatggccag	1440
aacacttgtg	gtggggactc	tctttgggtg	atgctgtggt	cttgtaaagc	ggatgggatg	1500
actacgattc	catgtaatca	aaatgaattt	gaagaaagct	gaaatggata	atggaaagtc	1560
aattttcaatg	ttatatgtgca	ttattttccag	tcttggagg			1599

<210> 394

<211> 1604

10 <212> ADN

<213> *Zea mays*

<400> 394

gtcggcgcca	gctggagagc	gaggccgagc	gaccagttac	agttgcccgc	gggcaaagtg	60
ggccaacttg	tgccaggaca	tggccgggca	accgccacgc	caggggcccg	aagacgattt	120
cttcgaccag	ttctttctcca	tgacggcccg	cggtctctac	cccggcgcaa	ccgcgggcgg	180
cggcgcgcga	ccgggtgacc	agcggtttct	ccttgcgcct	agcctcgacg	ccgcggccgc	240
tgaggcttcc	ggaaagcgga	agcacgcgga	cggtggcaag	gcggaccggg	aggtatataca	300
gctccctggg	ctcttccgcg	cggcgttcgg	cggcgggtgt	cagccacccc	acctccgcgc	360
caccccgct	acacaggtgt	tccacgcgca	gcagccgaag	caaggcggtg	cggcagtcgg	420
gccacaaccg	ccggcaccga	ggccaaagg	gcgggcgcgg	cgtgggcagg	cgaccgaccc	480
ccacagcatc	gcgagagggc	taagaagaga	gagaatagca	gaaaggatga	gggccctaca	540
ggaattgggtg	cccaatacaa	acaagacaga	tagagcagct	atgctagatg	agatcctaga	600
ttatgtgaag	ttcttgaggc	ttcaagtcac	ggttctaagc	atgagcaggc	tgggtgggtg	660
tgggtgctgtg	gtcacgctgg	ttgctgatct	ccacttttca	gttaaggggg	aagcaagtga	720
tagtgggagc	aaacagcaga	tttgggagaa	gtggtcaacg	gacggcacag	aaagacaggt	780
cgcaaagctg	atggaagaag	acattggggc	agcgatgcaa	ttcctccagt	ccaaagcact	840
ctgcatgatg	cccatctcgc	tgcctatggc	aatctatgac	acgcaacatt	cgaggagcgg	900

acaaccagta	aaaccagaac	ccaacactcc	ttcctagtat	agtggcagca	agcgtaaactt	960
gcatacctttc	ggggctgtta	gcaggcggtta	acctaaccaat	caaagcgtaa	gatagaaatg	1020
ccggcttcga	ttcactaaca	aggaggaggc	agggaaaaaa	gacctaaaag	atcctctcca	1080
cttgaagttg	taccaaattg	tatatgatata	cgcctttccc	tttccgatct	tttgttcaaa	1140
ggtgcttta	ttgcaaggat	atggttaagca	ataacctgct	catgctcctc	catctttcaa	1200
tgccccctat	gagtgtgagt	gatggagaga	gggagctgct	aaaagagtct	ggcatgctct	1260
cataatgttt	ctttccgggt	ctgtagtcca	ctagctagcc	atacactttg	tggtgggggg	1320
gctgctgctt	ttctggtagt	gggtgtatat	ggactaatca	aaagggactg	atgtatgagt	1380
gtgtctgcgg	cctgcgcaaa	tggttgacaa	agtttagata	caggatgaaa	tggaagatga	1440
tggtgatagc	gatgttcttc	cttctccatt	tttccaaaagt	ggaggtcoga	ggcaggcttt	1500
ggtcaatgga	ggctgagcgt	gcgtttcagc	gttgctagt	gatctgctat	ctgcgttgaa	1560
tactttatit	atatatggat	ccacactctt	gataagaaca	ttcg		1604

<210> 395

<211> 1260

<212> ADN

5 <213> *Zea mays*

<400> 395

gcttcacact	tccccagcag	agcaggcaaa	ccgctcccag	tcccagtctc	tcacctgagg	60
tgactggcgt	ctcttgtcgc	aagccgccag	aagettcggc	ccctgacgcg	tggggggccc	120
gtccgcccc	gcccccgctc	ccacgttgcc	ggccatggcg	gggcagccac	cgcgctccgg	180
ggcctccgag	gacgaacttc	tcgagcaett	cttcgccttc	ccctccgcgg	cctccgcggg	240
cgtgcgcggg	ggccacgcgg	gcgcgggtgt	tggcgggggac	caccccttcc	ccctcgccct	300
cagcctcgac	gcccgcgcgg	aggccaagcc	ggaccgtgat	cccgctgcagc	tcgcgcgcct	360
cttcccgccg	gtgttcgctg	gcgcggcgcg	cgtgcaccag	ccgcacctcc	gcggcccacc	420
gcctccgcag	atgtttccagg	cgcagccgaa	gocggggcgag	ggaggcatgg	cgcgcgcagcc	480
gccagccccg	cggcccaagg	tgccgcgcgg	gcggggggcag	gccaccgate	cccacagtat	540
tgcggagagg	ctaaggagag	agagaattgc	agaaaggatg	agggcattgc	aggaattagt	600
ccccaacaca	aacaagacag	atagggcagc	catgctagat	gagatccttg	attatgtgaa	660
gtttcttagg	cttcaagtaa	aggtttctgag	tatgagcaga	ctgggcgggtg	ctggcgcggt	720
tgcgcagctg	gttgctgata	ttccactctc	agttaagggc	gaggcaggcg	acggcggggg	780
ggcgccgcag	cagcagcagc	agcagcacgt	gtgggagaag	tggtcgacgg	acggcacgga	840
gaagcaggtg	gcgaagctga	tggaggagga	catcgggggc	gcaatgcagt	tcctccagtc	900
caaggcgctg	tgcattgatgc	cggctctcgt	cgcgatggcg	atttaacgaca	cccagcaccc	960
cctggacggc	cacggccact	cgtgaagcc	cgagcccaac	gcgtcatcct	agtacagtaa	1020
cgtcgctcct	agcgtgcctt	ccaattccaa	cacccacccc	ccttctccct	aaaaagtact	1080
gttaggcgcc	gatattatcc	ggaagaaaaa	aagaagtgtg	tgatataccg	agcgtgcggt	1140
tccagtgtgc	tgaccgcgtg	gataggaaag	gaccgaaaat	tggttggtata	tgatgattat	1200
gtagcctcct	gtttgcctgt	tctgtttcaa	atcaaagcaa	tgctcatgca	tccagggtttc	1260

<210> 396

<211> 417

10 <212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 396

atggcgagg	agaagcacca	ccaccacctg	ttccaccaca	agaaggacga	cgagccggcc	60
accggagtag	actcctacgg	cgaggggcgtc	tacacgtcgg	agacgggtgac	caccgaggtg	120
gtcgccggcg	gccaggacga	gtacgagagg	tacaagaagg	aggagaagca	gcacaagcac	180
aagcagcacc	tcggcgaggc	cggcgccctc	gccgcggcg	ccttcgccct	gtatgagaag	240
cacgaggcga	agaaggaccc	ggagaacgcg	cacaggcaca	agatcacgga	ggagatcgcg	300
ggcacggcg	cggtcggcgc	cggcggtac	gccttcacag	agcaccacga	gaagaagaag	360
gaccacaaga	gcgcgcgagg	gtccaccggc	gagaagaagc	accacctctt	cggctga	417

<210> 397

15 <211> 138

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 397

```

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

```

<210> 398

5

<211> 3246

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 398

ES 2 539 530 T3

aatccgaaaa	gtttctgcac	cgttttcacc	ccctaactaa	caatataggg	aacgtgtgct	60
aaataaaaa	tgagacctta	tatatgtagc	gctgataact	agaactatgc	aagaaaaact	120
catccaccta	cttttagtggc	aatcgggcta	aataaaaaag	agtcgctaca	ctagtttcgt	180
tttcottagt	aattaagtgg	gaaaaatgaaa	tcattattgc	ttagaatata	cgttcacatc	240
tctgtcatga	agttaaatta	ttcgaggtag	ccataattgt	catcaaactc	ttcttgaata	300
aaaaaatctt	tctagctgaa	ctcaatgggt	aaagagagag	atTTTTTTT	aaaaaataga	360
atgaagatat	tctgaacgta	ttggcaaaga	tttaaacata	taattatata	atTTTTatag	420
ttgtgcattc	gtcatatcgc	acatcattaa	ggacatgtct	tactccatcc	caatTTTTat	480
ttagtaatta	aagacaattg	acttattttt	attattttatc	TTTTTtcgat	tagatgcaag	540
gtacttacgc	acacactttg	tgctcatgtg	catgtgtgag	tgcacctcct	caatacacgt	600
tcaactagca	acacatctct	aatatcactc	gcctatttta	tacatttagg	tagcaatate	660
tgaattcaag	cactccacca	tcaccagacc	acttttaata	atatctaaaa	tacaaaaaat	720
aattttacag	aatagcatga	aaagtatgaa	acgaactatt	taggtttttc	acatacaaaa	780
aaaaaaagaa	ttttgctcgt	gcgcgagcgc	caatctccca	tattgggcac	acaggcaaca	840
acagagtggc	tgccacaga	acaaccacaa	aaaaacgatg	atctaacgga	ggacagcaag	900
tccgcaacaa	ctttttaaca	gcaggctttg	cggccaggag	agaggaggag	aggcaaagaa	960
aaccaagcat	cctccttctc	coatctataa	attcctcccc	ccttttcccc	tctctatata	1020
ggaggcatcc	aagccaagaa	gagggagagc	accaaggaca	cgcgactagc	agaagccgag	1080
cgaccgcctt	ctcgatccat	atcttccggt	caggttcttg	gtcgatctct	tcctctctcc	1140
acctcctcct	cacaggggat	gtgcctccct	tcggttggtc	ttggatttat	tggtctagggt	1200
tgtgtagtac	ggcggttgat	gttaggaaaag	gggatctgta	tctgtgatga	ttcctgttct	1260
tggatttggg	atagaggggt	tcttgatggt	gcatgttata	ggttcgggtt	gattagtagt	1320
atggttttca	atcgtctgga	gagctctatg	gaaatgaaat	ggtttaggga	tccgaatctt	1380
gcgattttgt	gagtaccttt	tggttgagggt	aaaatcagag	caccgggtgat	tttgcttggt	1440
gtaataaagt	acggttggtt	ggtcctcgat	tctggtagtg	atgcttctcg	atttgacgaa	1500
gctatccctt	gtttattccc	tattgaacaa	aaataatcca	actttgaaga	cggctccggt	1560
gatgagattg	aatgattgat	tcttaagcct	gtccaaaatt	tgcgagctgg	cttggttaga	1620
tacagttagtc	cccatcacga	aattcatgga	aacagttata	atcctcagga	acaggggatt	1680
ccctgttctt	ccgatttgct	ttagtccag	aattttttt	cccaaatac	ttaaaaagtc	1740
actttctggt	tcagttcaat	gaattgattg	ctacaaataa	tggtgcaaat	caggtctata	1800
tgattgattt	tgggctggcc	aagaagtata	gagactcatc	aactcatcag	catattccgt	1860
atagagaaaa	caaaaatttg	acaggaactg	ctagatacgc	aagcatgaat	actcatcttg	1920
gcattgaaca	aagtcgaagg	gatgatttgg	aatcgctggg	ttatgtttta	atgtacttct	1980
taagaggaag	tctcccttgg	caggggctga	aagcaggcac	taagaaacag	aagtatgaga	2040
agatcagtg	gaagaaagta	tcaacatcaa	tagagacctt	gtgtagggga	tatcctgcag	2100
agtttgcata	atattttcat	tactgtcgat	cactaagatt	tgatgataaa	ccagattatg	2160
cttatctgaa	gagaattttc	cgtgatcttt	tcattcgtga	agggtttcaa	tttgattata	2220
tatttgactg	gaccattttg	aaatatcagc	aatcacagct	tgccaatcct	ccatctcgtg	2280
ctcttggtgg	tactgctggg	ccaagctcag	ggatgcctca	tgctcttggt	aatggttgaga	2340
ggcaatcagg	tggagatgaa	ggtcgaccaa	ctggttggtc	ttcatcaaat	cttacacgta	2400
ataagagcac	ggggctgcat	ttcaattctg	gaagcttatt	gaagcaaaaa	ggcacagttg	2460
ctaattgattt	atccatgggt	aaagagttaa	ccagttctaa	TTTTTccgg	tcaagtggac	2520
cattgaggcg	tccagttgtc	tctagcatcc	gagaccaggt	gattgcaggg	ggtgaacctg	2580
acccctccgg	cactctgaca	aaagatgcaa	gcccgggacc	attgcgtaaa	gtatccagtg	2640
ctgcacggag	gagttcacca	gttgtgtcct	cagatcacaa	gcgcagctcc	tctatcaaaa	2700
atgccaaacat	aaagaattta	gagtcaccgg	tcaagggaat	agagggttta	agttttcgat	2760
gatgagggac	tgcattagta	gctgtgcttt	gtctcagttc	tccgttcaact	gtaaattttg	2820
gcacaccaac	ttggggagta	agagttctga	tattagttgc	tgtcaggaag	taccataaag	2880
ctgaattata	caattaaaaat	ttgggatcca	atcgcaaaag	cacattaagg	atatgatggg	2940
gttgacagatc	caaaactcaca	gattccagtt	tatgctcgtc	catacagtta	taggcacttt	3000
ccatattctt	ttctttaatc	tctgtctctt	gcttggtatt	gttatgtcgt	ggtattcttg	3060
ttgaggtcat	gtttgtgaat	tgcgaagatg	gtcatgtata	attgccgaga	aatcatgtac	3120
tagtttggtt	taaacatgag	caaactgtta	ttttgttcaa	gctactttta	tatcaaaaaa	3180
aaaaaaaaaa	gggcgggcgc	tctagagtat	ccctcgaggg	gcccagctt	acgcgtaccc	3240
agcttt						3246

<210> 399

<211> 52

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> cebador: prm06442

ES 2 539 530 T3

<400> 399
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt aaacaatggc ggaggagaag ca 52
 <210> 400
 <211> 46
 5 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> cebador: prm06443
 <400> 400
 10 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc ggcgacgttg tgatga 46
 <210> 401
 <211> 546
 <212> ADN
 <213> *Zea mays*
 15 <400> 401
 atggccgact actaccacgg cggcagggcc atgtactcca aactgacga gtgctatgac 60
 gccggcaggc acggcggcag cgtgagggcg tactcgcgca ccgacgagta ctacgacaac 120
 gtggacgacc gcatgaggag gcccgcgtag ggccgccgacg actgcggcta cggcggcagg 180
 cagaccgccc tgtacgccga cgagtactcc cgcggcggcc gctacgaagg ctacggcgtc 240
 gagcaggagc acttcaagag ggaggagaag gagcataagc acaaggagcg cctcggcgag 300
 gtgggcgccc tcgcggggcg cgcctttgct ctgtacgagg ggcaccgtgc gaagaaggac 360
 ccggcgaacg cgcagaggca caagatcgag gccggcgtgg caacggcggc ggcgctgggc 420
 gccggcggct acgcgtacca cgagcaccgc gagcagaagg aggccacta cgagagcagg 480
 cagcaggagc acagggtgcc gcacgggcac gggcacgggc acggctactc ctactactgc 540
 gactga 546
 <210> 402
 <211> 181
 <212> PRT
 20 <213> *Zea mays*
 <400> 402

```

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

```

<210> 403

<211> 468

<212> ADN

5 <213> *Zea mays*

<400> 403

```

tagataaatac gacgggtcggg gcatatatat gagcaagact gccaggcgcg cccggtaaca      60
aatgagaatg gaagccgtca gtaactagtgt gtgatgggtgt ccacgggtggc ggtgcttctt      120
ggcggtcttcc ttctgggtgat gctcgtggaa ggcaaagccg gcgctgcccc cggcggcgccg      180
ggcggcgacc ccttccttga tcttggtgca gtgcgcgtgc tccgggtcct tcttcgcctt      240
ctgcttctcg tgcatagcgt aggcctcctgc agcgacggcg ccgagctggc cgagctgctc      300
catgtgcttg tgggtgcttct cctccttgcg ccagtcgggc accttggccg cctctcctcc      360
atggtgcttg ttgccagga agtggtgcgc cattgtttca gtcgttgag atgcgctagt      420
cgaaggcgcg ttgtgtcttg gggttcggtc gatctgcttg atgatgat      468

```

<210> 404

<211> 102

10 <212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 404

```

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

```

<210> 405

<211> 434

<212> ADN

<213> *Zea mays*

5

<400> 405

```

atggagcagc tgggccagct cggcgccatc gccgcccggc cgtacgctct ggtgagacca      60
aaaaaaccca acctccatcc ctttggtcgc ctgatcgatg catgccatgg tocagctctt      120
gatctgtgtg tgtctgtgcg tgtgcatcga cgtgtggctg cagcacgaga agcacaaggc      180
caagaaggac cgggagaacg agcacggcca cggggtcaag gaggagggtg ccgccgtcgc      240
cgccgtgggc tccgccgggt tcgccttcca cgagcatcac gagaagaagg acgccaagaa      300
gcacgcccac aactgatccg tcgcaggtcg cctcagccga agcagcagca catcgtcgcg      360
gttctgtttt catctgtttt cccagcctcg tcttcgtcta ctgtgtgccg ggcaggcctt      420
gatttgaggc ttg                                     434

```

<210> 406

<211> 144

<212> PRT

10

<213> *Zea mays*

<400> 406

```

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

```

<210> 407

<211> 417

15

<212> ADN

<213> *Zea mays*

<400> 407

```

atggcggagg agaagcacca ccaccaccac ctgttccacc acaagaagga cgaggagcag      60
ctcgccgccg gcgggtacgg cgagtcgcgc gagtacacgg aggcacggg gacggagggt      120
gtgtccacgg gcgagaacga gtacgacgag tacaagaagg aggagaagga gcacaagcac      180
aagcagcacc tcggcgaggc cggcgccatc gccgcccggc ccttcgcact ctacgagaag      240
cacgaggcga agaaggaccc ggagcacgcg caccgccaca agatcgagga ggaggtcgcg      300
gcgcgggcgg ccgtcggctc cggcggttc gccttccacg agcaccacga gaagaagaag      360
gaccacaagg aggccgagga ggccggcggc gagaagaagc accacttctt cggctga      417

```

<210> 408

20

<211> 138

ES 2 539 530 T3

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 408

```

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

```

5

<210> 409

<211> 396

<212> ADN

<213> *Zea mays*

<400> 409

```

atgtcggagg agaagcacca ccacttcttc aaccaccaca agaaggacga ggagcagccc      60
gccggcgagt acgggtactc cgagaccgag gtgggtcaccg ccaccggcga gggcgagtag      120
gagaggtaca agaaggagga gaaggagcac aagcacaagc agcacctcgg cgaggccggc      180
gccatcgccg ccggcgcttc cgcaactctac gagaagcacg aggcgaagaa ggaccccgag      240
cacgcgcaca ggcacaagat cacggaggag gtcgctgccg cggcggccgt cggcgccggc      300
ggctacgtat tccacgagca ccacgagaag aagaaggacc acaaggacgc cgaggaggcc      360
agcggcgaga agaagcacca ccacctcttc ggctga      396

```

10

<210> 410

<211> 130

<212> PRT

<213> *Zea mays*

15

<400> 410

ES 2 539 530 T3

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

<210> 411

<211> 204

<212> ADN

5 <213> *Zea mays*

<400> 411

atggagaagc tcggcgagct cggcgccatc gccgcggcg cgtacgccct gcacgagaag 60
 cacaaggcca agaaggaccc agagaacgag cacgggcacc gggtaagga ggaggtggcc 120
 gccgtcgccg ccgtgggctc cgcgggcttc gctttccacg agcaccacga gaagaaggac 180
 gccagaagc acgcccacaa ctga 204

<210> 412

<211> 67

10 <212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 412

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

<210> 413

15 <211> 1008

<212> ADN

<213> *Zea mays*

<400> 413

```

ttgtcacttg ctctccctcc aacaagctaa ttaaggccgg tcatccctct tctagctcgt      60
ttcattatcc atggcggagg agaagcacca ccaccaccac ctgttccacc acaagaagga      120
cgaggagcag ctgccgcgg gcggttacgg cgagtcggcc gactacacgg aggccacggg      180
gacggagggtg gtgtccacgg gcgagaacga gtacgacgag tacaagaagg aggagaagga      240
gcacaagcac aagcagcacc tcggcgaggc cggcgccatc gccgcggcg ccttcgcact      300
cgtagctagt ccgatcgatc cgatccctct tgagttagtat atatataac atacatgaac      360
gagaaagaat aatatatata ttaatcgaac gaactgaatg acggtcacct cgtgtgacgt      420
ggacatgcac agtacgagaa gcacgaggcg aagaaggacc cggagcacgc gcaccgccac      480
aagatcgagg aggaggtcgc ggcggcggcg gccgtcggct ccggcggctt cgccttccac      540
gagcaccacg agaagaagaa ggaccacaag gaggccgagg aggcggcgcg cgagaagaag      600
caccacttct tcggctgatt gatccctccg tatcgtcgtc cctccccgtg tgctacgcgt      660
gcgtgtgaga gtgatatcga gcgcccgcgg tgttgtgcgc gcgtacgtat gtatgcgctc      720
gtgtgatgca cgaataagcg tggctacgta atctatcgta tgtatactg tgtgtatgca      780
tgtgcttggt tatgatcgtg gtacgaggac cgaaaaaatg tatgcaactc tgatttactt      840
acatgttttag ttgtttacgt ttctccaaaa gtatttagtac ccattatggt atattttact      900
atattatatt ttattgatta ttaaactatg tatggatgaa attactattt caagctggta      960
gctagaccga gataaaaactc gtccgtgttt ttttaacgggt gtattatt      1008

```

<210> 414

<211> 88

<212> PRT

5 <213> *Zea mays*

<400> 414

```

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

```

<210> 415

10 <211> 588

<212> ADN

<213> *Zea mays*

<400> 415

```

agaaggagca taagcacaag gagcgccctcg gcgaggtggg cgccctcgcg gccggcgccct      60
ttgctctggt aatatatata atacagttac catatatata tgtgcatgca cgaatctatat      120
atgtggtgat gtgttggtga tggaaataaa tatgtggaaa ttagtacgag gggcaccgtg      180
cgaagaagga cccggcgaac gcgcagaggc acaagatcga ggccggcgtg gcaacggcgg      240
cggcgctggg cgccggcggc tacgcgtacc acgagcaccg cgagcagaag gaggccact      300
acgagagcag gcagcaggag cacagggtgc cgcacgggca cgggcacggg cacggctact      360
cctactactg cgactgaaac gactgatcat cccatcgatc gagatatgca tgcagaactc      420
gatatatata cggcccctag cgccgtacac gtgcgtgcgt gtaagtaaata aagagcaaac      480
gtcgtcacgt gtgtgttgcg cgatcactac tccatcgatc tacttattat cgtotgcaaa      540
taacgactaa gcgcatgctt ctgcagcgtg taacgatcaa aaaaaaaaa      588

```

15 <210> 416

<211> 110

<212> PRT

<213> *Zea mays*

ES 2 539 530 T3

<400> 416

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

<210> 417

<211> 939

5

<212> ADN

<213> *Zea mays*

<220>

<221> misc_feature

<222> (914)..(914)

10

<223> n e s a, c, g o t

<400> 417

ggtcgacgat	ttcgtcggcc	caacactagt	agcgtagctg	agagcctgag	acgatggccg	60
actactacca	cggcggcagg	gccatgtact	ccaacactga	cgagtgttat	gacgccggca	120
ggcacggcgg	cagcgtgagg	gcgtactcgc	gcaccgacga	gtactacgac	aacgtggacg	180
accgcatgag	gaggcccgcg	tacggcgccg	acgactgogg	ctacggcggc	aggcagaccg	240
ccgtgtacgc	cgacgagtag	tcccgcggcg	gccgtctacga	aggctacggc	gtcgagcagg	300
agcacttcaa	gagggaggag	aaggagcata	agcacaagga	gcgcctcggc	gaggtgggcg	360
ccctcgcggg	cggcgccctt	gctctgtacg	aggggcaccg	tgcgaagaag	gacccggcga	420
acgcgcagag	gcacaagatc	gaggccggcg	tggcaacggc	ggcggcgctg	ggcgccggcg	480
gctacgcgta	ccacgagcac	cgcgagcaga	aggaggccca	ctacgagagc	aggcagcagg	540
agcacagggt	gccgcacggg	cacgggcacg	ggcacggcta	ctcctactac	tgcgactgaa	600
acgactgata	atcccatcga	tgcgatatg	catgcagaac	tgcgatata	tacggcccct	660
agcgcgtac	acgtgcgtgc	gtgtaagtaa	ataagagcaa	acgtcgtcac	gtgtgtgttg	720
ctcgatcact	actccatcga	tctacttatt	atcgtctgca	aataacgact	aagcgcacgc	780
ttctgcagcg	tgtaacgata	catcactgtt	actatatcta	atgatgcacg	catgcaatta	840
agctatatat	gtaaaaaact	atgcgtgtaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	900
aaaaaaaaaa	aaanccaacc	taaaaaaaaa	aaaaaaaaaa			939

<210> 418

<211> 181

15

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 418

ES 2 539 530 T3

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

<210> 419

<211> 348

<212> ADN

5 <213> *Lycopersicon esculentum*

<400> 419

atggaggagg	agaaacaoca	ccaccaccac	ctgttccacc	acaaggacaa	ggcggaggag	60
ggccccgtcg	actacgaaaa	agaaatcaaa	caccataaac	atctcgagca	aatcggtaaa	120
cttggcactg	ttgctgccgg	tgccatcgcc	ttgcatgaga	aacatgaggc	aaagaaagat	180
ccagaacatg	cacacaaaaca	caagatagag	gaagagatag	cagcagctgc	tcagttggg	240
gcaggtggat	ttgcattcca	tgagcatcat	gagaaaaaag	atgccaagaa	agaagaaaaa	300
aaaaagctga	gggggggacac	caccatctct	tctaaattgt	tatttttag		348

<210> 420

<211> 115

10 <212> PRT

<213> *Lycopersicon esculentum*

<400> 420

ES 2 539 530 T3

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

<210> 421

<211> 429

<212> ADN

5 <213> *Lilium longiflorum*

<400> 421

atggccgagg	agcaccacaa	gcaccacctc	ttccatcaca	acaaggagag	caaccoggag	60
gtggctcgtct	ccgagaccaa	ctacatcacc	gacggcttaa	actccaccta	cagcacatcc	120
agcgatgtat	acgggtggcaa	ccagtcacag	gccaactacg	aggactacga	gaaagagaag	180
aagcacatca	agcataagga	gcatctcggc	gagatggcca	cggccggcgc	cgggtgctttt	240
gccctttacg	agaagcacga	ggcaaagaag	gaccccgagc	acgcccacag	gcacaaattg	300
gaggaggaga	ttgccgcagc	tgcagctgcg	ggggctggag	ggtacacctt	ccatgagcac	360
cacgagaaga	aaaccttgaa	gaaggagaat	gaggaagtcg	aggggaagaa	gcaccacttc	420
ttcgggttaa						429

<210> 422

<211> 142

10 <212> PRT

<213> *Lilium longiflorum*

<400> 422

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

15 <210> 423

<211> 429

<212> ADN

<213> *Saccharum officinarum*

<400> 423

```

atggcggagg agaagcacca ccaccacctg ttccaccaca agaaggacga ggaggagcag      60
gtggagcagc ccgccggcgg cggcgggtac ggcgaggcgg ccgagtacac ggagaccacg      120
gtgacggagg tgggtgtccac gggcgaggac gagtacgaca agtacaagaa ggaggagaag      180
gagcacaagc acaagcagca cctcggcgag gccggcgcca tcgccgcggg cgccttcgca      240
ctctacgaga agcacgaggc gaagaaggac ccggagcacg cgcaccgcca caagatcgag      300
gaggaggtcg cggcccgggc ggccgtggga tccggcgggt tcgctgtcca cgagcaccac      360
gagaagaaga aggaccacaa ggaggccgag gaggccggcg gcgagaagaa gcaccacttc      420
ttcggctga                                     429

```

5 <210> 424

<211> 142

<212> PRT

<213> *Saccharum officinarum*

<400> 424

```

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

```

10

<210> 425

<211> 777

<212> ADN

<213> *Zea mays*

15

<400> 425

```

tgtcgatcca attgtcactt gctctccctc caacaagcta attaaggccg gtggtcatcc      60
ctcttctagc tcgtttttatt atccatggcg gaggagaagc accaccacca ccacctgttc      120
caccataaga aggacgagga gcaggaggag cagctcgccg gcggcgggta cggcgagtcc      180
gccgagtaca cggaggccac ggtgacggag gtggtgtcca cggcgagaa cgagtacgac      240
gagtacaagg aggagaagca gcataagcac aagcagcacc tcggcgaggc cggcgccatc      300
gccgcggcg ccttcgcact ctacgagaag caccgagcaa agaaggaccg ggagcacgcg      360
caccgccaca agatcgagga ggaggtcgcg gcggcggcgg ccgtcggctc cggcggttc      420
gccttccacg agcaccacga gaagaagaag gaccacaagg acgccgagga ggccggcggc      480
gagaagaagc accacttctt cggctgattg atccctcccg tatcgtcgtc cctccccgtg      540
tgctacgcgt gcgtgtgtga gagtgatatc gagcgcccg cgtgttgtgc gcgcgtacgt      600
atgtatgcgc tcgtgtgatg cacgaataag cgtggctacg taatctatcg tatgtatacg      660
tgtgtgtatg catgtgcttg tgtatgatcg tggtagcagg accgaaaaaa tgtatgcaac      720
tctgatattac ttacatgttt agttgtttac gtttctccaa aaaaaaaaaa aaaaaaa      777

```

<210> 426

<211> 140

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 426

```

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

```

<210> 427

<211> 1182

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 427

```

atggactgca acatggtatc ttcggtcccag tgggattggg agcatttgat catgtccaat      60
ccgtcaagga ctgaagatga cagcaaacag ctacctactg agtgggaaat tgaaaaaggt      120
gaaggaaattg aatctatagt tccacatttc tcaggccttg agagagtcag tagtggctct      180
gccaccagct tctggcacac tgctgtatcg aaaagctcac agtcgacctc tatcaactca      240
tcatctcccg aagccaaacg atgcaagctt gcatcagaaa gttcccctgg agattcttgc      300
agcaacatag actttgtcca ggtgaaggct cccacagctc tcgaggatc cgttgcctca      360

gctgaatcag atctttgttt aaaactagga aagcggacat actctgaaga atactggggg      420
agaaacaata atgaaatttc agcggtttct atgaagttgt taactccatc tgttgctcgt      480
gggaaatcca aattgtgtgg tcagagcatg ccagtcctgc gttgccaat tgatggctgt      540
gaactggatc tctcatctgc taagggttat catcgtaagc acaaagctct cgaaaagcat      600
tcaaagtgcc caaaagttag cgtgagtggc ctggaacgtc ggttctgcca acagtgtagc      660
aggttccatg ctgtctctga atttgatgag aagaaaacgaa gctgccgaaa acgtctttct      720
catcataatg cgaggcgctg taagccacaa ggagtatttt caatgaatcc cgagagggtg      780
tatgatcgaa gacagcatac aaatatgttg tggaatgggg tgtcccttaa cgcgagatct      840
gaagaaatgt atgaatgggg taataacact tatgatacaa agcctagaca aacggaaaaa      900
agctttactc tgagcttcca gagaggtaat ggctctgagg accagctggt tgctagtagc      960
agccgtatgt tctctacatc tcaaacctca ggtgggttcc cagcaggaaa gtccaagttt      1020
caacttcatg gcgaagatgt gggagaatac tcaggagtcc tccatgaatc tcaagatatc      1080
caccgtgctc tctctcttct gtcaacctct tcggatcccc tggcccaacc acatgtgcag      1140
ccattttctc tactctgttc atatgatgtt gtaccaaaat ag                        1182

```

<210> 428

<211> 393

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 428

Met	Asp	Cys	Asn	Met	Val	Ser	Ser	Ser	Gln	Trp	Asp	Trp	Glu	His	Leu
1				5					10					15	
Ile	Met	Ser	Asn	Pro	Ser	Arg	Thr	Glu	Asp	Asp	Ser	Lys	Gln	Leu	Pro
			20					25					30		
Thr	Glu	Trp	Glu	Ile	Glu	Lys	Gly	Glu	Gly	Ile	Glu	Ser	Ile	Val	Pro
		35					40					45			
His	Phe	Ser	Gly	Leu	Glu	Arg	Val	Ser	Ser	Gly	Ser	Ala	Thr	Ser	Phe
	50					55				60					
Trp	His	Thr	Ala	Val	Ser	Lys	Ser	Ser	Gln	Ser	Thr	Ser	Ile	Asn	Ser
65				70					75					80	
Ser	Ser	Pro	Glu	Ala	Lys	Arg	Cys	Lys	Leu	Ala	Ser	Glu	Ser	Ser	Pro
			85						90				95		
Gly	Asp	Ser	Cys	Ser	Asn	Ile	Asp	Phe	Val	Gln	Val	Lys	Ala	Pro	Thr
			100					105					110		
Ala	Leu	Glu	Val	Ser	Val	Ala	Ser	Ala	Glu	Ser	Asp	Leu	Cys	Leu	Lys
			115					120				125			
Leu	Gly	Lys	Arg	Thr	Tyr	Ser	Glu	Glu	Tyr	Trp	Gly	Arg	Asn	Asn	Asn
130						135					140				
Glu	Ile	Ser	Ala	Val	Ser	Met	Lys	Leu	Leu	Thr	Pro	Ser	Val	Val	Ala
145				150						155					160
Gly	Lys	Ser	Lys	Leu	Cys	Gly	Gln	Ser	Met	Pro	Val	Pro	Arg	Cys	Gln
			165					170					175		
Ile	Asp	Gly	Cys	Glu	Leu	Asp	Leu	Ser	Ser	Ala	Lys	Gly	Tyr	His	Arg
			180					185					190		
Lys	His	Lys	Val	Cys	Glu	Lys	His	Ser	Lys	Cys	Pro	Lys	Val	Ser	Val
		195				200						205			
Ser	Gly	Leu	Glu	Arg	Arg	Phe	Cys	Gln	Gln	Cys	Ser	Arg	Phe	His	Ala
		210				215					220				
Val	Ser	Glu	Phe	Asp	Glu	Lys	Lys	Arg	Ser	Cys	Arg	Lys	Arg	Leu	Ser
225				230						235				240	
His	His	Asn	Ala	Arg	Arg	Arg	Lys	Pro	Gln	Gly	Val	Phe	Ser	Met	Asn
			245						250					255	
Pro	Glu	Arg	Val	Tyr	Asp	Arg	Arg	Gln	His	Thr	Asn	Met	Leu	Trp	Asn
			260					265					270		
Gly	Val	Ser	Leu	Asn	Ala	Arg	Ser	Glu	Glu	Met	Tyr	Glu	Trp	Gly	Asn
		275					280					285			
Asn	Thr	Tyr	Asp	Thr	Lys	Pro	Arg	Gln	Thr	Glu	Lys	Ser	Phe	Thr	Leu
290						295					300				
Ser	Phe	Gln	Arg	Gly	Asn	Gly	Ser	Glu	Asp	Gln	Leu	Val	Ala	Ser	Ser
305				310						315					320
Ser	Arg	Met	Phe	Ser	Thr	Ser	Gln	Thr	Ser	Gly	Gly	Phe	Pro	Ala	Gly
			325						330				335		
Lys	Ser	Lys	Phe	Gln	Leu	His	Gly	Glu	Asp	Val	Gly	Glu	Tyr	Ser	Gly
			340					345					350		
Val	Leu	His	Glu	Ser	Gln	Asp	Ile	His	Arg	Ala	Leu	Ser	Leu	Leu	Ser
		355					360					365			
Thr	Ser	Ser	Asp	Pro	Leu	Ala	Gln	Pro	His	Val	Gln	Pro	Phe	Ser	Leu
370						375					380				
Leu	Cys	Ser	Tyr	Asp	Val	Val	Pro	Lys							
385					390										

<210> 429

<211> 1464

<212> ADN

5

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 429

cttagtcaat	agcatcttct	ccgatcatcg	acgtccggag	atttcttcgg	ccctctcata	60
cttgagttgt	tgtaggattt	gttgcctctg	ctctggtggt	aggtctatga	aatcaaccca	120
tatcgtgaat	ggactgcaac	atggtatctt	cgtcccagtg	ggattgggag	catttgatca	180
tgtccaatcc	gtcaaggact	gaagatgaca	gcaaacagct	acctactgag	tgggaaattg	240

ES 2 539 530 T3

aaaaagggtga	aggaattgaa	tctatagttc	cacattttctc	aggccttgag	agagtcagta	300
gtggctctgc	caccagcttc	tggcacactg	ctgtatcgaa	aagctcacag	tcgacctcta	360
tcaactcatc	atctcccga	gccaaacgat	gcaagcttgc	atcagaaagt	tcccttgagg	420
attcttgcag	caacatagac	tttgtccagg	tgaaggctcc	cacagctctc	gaggatccg	480
ttgcctcagc	tgaatcagat	ctttgtttta	aactaggaaa	gcggacatac	tctgaagaat	540
actggggtag	aaacaataat	gaaatttcag	cggtttctat	gaagttgtta	actccatctg	600
ttgtcgctgg	gaaatccaaa	ttgtgtggtc	agagcatgcc	agtcccgcgt	tgccaaattg	660
atggctgtga	actggatctc	tcactctgta	agggttatca	tcgtaagcac	aaagtctgcg	720
aaaagcattc	aaagtgccca	aaagttagcg	tgagtggcct	ggaacgtcgg	ttctgccaac	780
agtgtagcag	gttccatgct	gtctctgaat	ttgatgagaa	gaaacgaagc	tgccgaaaaac	840
gtctttctca	tcataatgcg	aggcgtcgta	agccacaagg	agtattttca	atgaatcccg	900
agaggggtga	tgatcgaaga	cagcatatac	atatgttgtg	gaatgggggtg	tcccttaacg	960
cgagatctga	agaaatgtat	gaatgggggtg	ataacactta	tgatacaaaag	cctagacaaa	1020
cggaaaaaag	ctttactctg	agcttcocaga	gaggtaatgg	ctctgaggac	cagctgggtg	1080
ctagtagcag	ccgtatgttc	tctacatctc	aaacctcagg	tgggttccca	gcaggaaaagt	1140
ccaagtttca	acttcatggc	gaagatgtgg	gagaatactc	aggagtcctc	catgaatctc	1200
aaagatatcca	ccgtgctctc	tctcttctgt	caacctcttc	ggatcccctg	gccccaccac	1260
atgtgcagcc	attttctcta	ctctgttcat	atgatgttgt	accaaaatag	atgagtaagt	1320
aatgtgtaat	ttgtaaacct	gttactcagt	tgggtggatac	ttttccaaac	ctatgataaa	1380
aacctcgtcc	tagatcccg	taaatgccaa	actttcggct	actataacta	tgttatcggt	1440
atcattatca	ttgtttaaca	ccct				1464

<210> 430

<211> 1551

<212> ADN

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 430

ctgggtgaaa	catagaaaag	tttctcttgc	tcaagttaat	gataaaagg	tgagagcaat	60
aaacgctgat	aagccttgtc	tgggtccttg	aattttgaat	tttcttttcc	tatcttactt	120
atagtattgg	tagttgaggg	tgtcgtcgat	aagttgttgt	aggatttgtt	gctctggctc	180
tgggtgtagg	tctatgaaat	caacccatct	cgtgaatgga	ctgcaacatg	gtatcttctg	240
cccagtggga	ttgggagcat	ttgatcatgt	ccaatccgtc	aaggactgaa	gatgacagca	300
aacagctacc	tactgagtgg	gaaattgaaa	aagggtgaagg	aattgaatct	atagttccac	360
atttctcagg	ccttgagaga	gtcagtagtg	gctctgccac	cagcttctgg	cacactgctg	420
tatcgaaaag	ctcacagtcg	acctctatca	actcatcatc	tcccgaagcc	aaacgatgca	480
agcttgcac	agaaagtcc	cctggagatt	cttgcagcaa	catagacttt	gtccaggtga	540
aggctccac	agctctcgag	gtatccgttg	cctcagctga	atcagatctt	tgtttaaaac	600
taggaaagcg	gacatactct	gaagaatact	ggggtagaaa	caataatgaa	atttcagcgg	660
tttctatgaa	gttggttaact	ccatctgttg	tgcgtgggaa	atccaaattg	tgtggtcaga	720
gcatgccagt	cccgcgttgc	caaattgatg	gctgtgaact	ggatctctca	tctgctaagg	780
gttatcatcg	taagcacaaa	gtctgcgaaa	agcattcaaa	gtgccccaaa	gttagcgtga	840
gtggcctgga	acgtcgggtc	tgccaacagt	gtagcagggt	ccatgctgtc	tctgaatttg	900
atgagaagaa	acgaagctgc	cgaaaacgct	tttctcatca	taatgcgagg	cgtcgtgaagc	960
cacaaggagt	attttcaatg	aatcccagga	gggtglatga	tcgaagacag	catacaaata	1020
tgttggtgaa	tgggggtgtc	cttaacgcga	gatctgaaga	aatgtatgaa	tggggtaata	1080
acacttatga	tacaaaacct	agacaaaagg	aaaaaagctt	tactctgagc	ttccagagag	1140
gtaatggctc	tgaggaccag	ctgggttgcta	gtagcagccg	tatgttctct	acatctcaaa	1200
cctcaggtgg	gttcccagca	ggaaagtcca	agtttcaact	tcattggcgaa	gatgtgggag	1260
aatactcagg	agtcctccat	gaatctcaag	atatccaccg	tgtctctctc	cttctgtcaa	1320
cctcttcgga	tcccctggcc	caaccacatg	tgcagccatt	ttctctactc	tggtcatatg	1380
atgttgtaac	aaaatagatg	agtaagtaat	gtgtaatttg	taaacctgtt	actcagttgg	1440
tggatacttt	tccaaacctc	tgataaaaac	ctcgtcctag	atcccgttaa	atgccaaact	1500
ttcggctact	ataactatgt	tatcgttatc	attatcattg	tttaacaccc	t	1551

<210> 431

<211> 1182

<212> ADN

10 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 431

atggactgca	acatggtatc	ttcgtcccag	tgggattggg	agcatttgat	catgtccaat	60
ccgtcaagga	ctgaagatga	cagcaaacag	ctacctactg	agtgggaaat	tgaaaaaggt	120
gaaggaattg	aatctatagt	tcacacatttc	tcaggccttg	agagagtcag	tagtggctct	180
gccaccagct	tctggcacac	tgtgttatcg	aaaagctcac	agtcgacctc	tatcaactca	240
tcattctccc	aagccaaacg	atgcaagctt	gcatacagaa	gttcccctgg	agattcttgc	300
agcaacatag	actttgtcca	ggtgaaggct	cccacagctc	tcgaggatc	cgttgcctca	360
gctgaatcag	atctttgttt	aaaactagga	aagcggacat	actctgaaga	atactggggt	420
agaaacaata	atgaaatttc	agcggtttct	atgaagttgt	taactccatc	tgttgtcgct	480
gggaaatcca	aattgtgtgg	tcagagcatg	ccagtcccgc	gttgccaaat	tgatggctgt	540
gaactggatc	tctcatctgc	taagggttat	catcgtaagc	acaaagtctg	cgaaaagcat	600
tcaaagtgcc	caaaagttag	cgtgagtggc	ctggaacgtc	ggttctgcca	acagtgtagc	660
aggttccatg	ctgtctctga	atttgatgag	aagaaacgaa	gctgccgaaa	acgtctttct	720
catcataatg	cgaggcgtcg	taagccacaa	ggagtatttt	caatgaatcc	cgagagggtg	780
tatgatcgaa	gacagcatat	aaatatgttg	tggaaatggg	tgccctttaa	cgcgagatct	840
gaagaaatgt	atgaatgggg	taataacact	tatgatacaa	agcctagaca	aacggaaaaa	900
agctttactc	tgagcttcca	gagaggtaat	ggctctgagg	accagctggg	tgctagttagc	960
agccgtatgt	tctctacatc	tcaaaccctca	ggtgggttcc	cagcaggaaa	gtccaagttt	1020
caacttcatg	gcgaagatgt	gggagaatac	tcaggagttc	tccatgaatc	tcaagatatac	1080
caccgcgccc	tatcgctgct	atcgacctct	tcggatcccc	tggeccaaac	acatgtgcag	1140
ccattttctc	tactctgttc	atatgatgtt	gtacccaaat	ag		1182

<210> 432

<211> 1586

<212> ADN

5

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 432

gccctttttg	ttggtctggg	tgaaacatag	caagggtttct	cttgcctgagg	ttattgataa	60
acgggtgagt	taaataaaaa	cgttgatcag	cagtgtgtgg	tgcttggaat	tcataagggtc	120
tatgaaatca	acccacatct	tgaatggact	gcaacatggt	atcttcgttc	ccgtgggact	180
gggagaattt	gatcatgtcc	aatcagtcga	agactgaaaa	tgaaaaaaaa	cagcaatcta	240
ctgagtggga	atttgaaaaa	ggtgaaggaa	ttgaatctat	agttccagat	ttcttaggct	300
ttgagaaaagt	cagtagtggc	tctgctacta	gtttctggca	cactgccgta	tcaaaaagct	360
cgcagtcgac	ctctatcaac	tcatcatctc	ccgaggacaa	acgatgcaat	cttgcatac	420
aaagttcccc	tggagattct	tcagcaaca	tagattttct	ccaggtgaaa	ccatccacag	480
ctctcgaggt	acctattgcc	tcagctgaat	cagatctttg	tttgaaacta	ggaaagcgga	540
catactctga	agaattttgg	ggtaggaaca	ataatgacct	ttcagcgggt	tctatgaatt	600
tgttgaactc	atctgttgtt	gctcggaaga	aaacccaaatc	gtgtgggtcag	agcatgcaag	660
ttccgcgttg	ccaaattgat	ggctgtgagc	tggatctctc	atcttctaag	gattatcatc	720
gcaagcatag	agtctgcgaa	acgcattcaa	agtgcccaaa	agttgttgtg	agtgccctgg	780
aacgtcgttt	ctgccaacag	tgtagcagg	tccatgctgt	ctcagaattt	gatgaaaaga	840
aacgaagctg	ccgcaaacgt	ctttctcatc	ataatgcaag	gcgtcgcaag	ccacaaggag	900
tatttccact	gaattcagag	aggggtgtcg	atcgaagaca	gcatacaagt	atgttgtgga	960
atgggttgct	ccttaacacg	agatctgaag	aaaagtatac	atgggggtacc	acttatgaga	1020
caaagcctac	acagatggaa	agcggcttta	ctctgagctt	ccagagaggt	aatggctctg	1080
aggaccaact	gtttactggg	agcaccctct	ctttctctgc	gtttcaaaca	tctgggtggg	1140
tctcagcagg	gaaatccaac	attcaacttc	cagacaaagg	tgtgggagaa	tgctcaggag	1200
gcctccatga	atctcatgat	ttctacagtg	ctctctctct	tctgtcaact	acttcggatt	1260
cacaagggat	caaacacact	cccgtyggcg	aaccaccgcc	aatatttggc	actttcccta	1320
gtcatttcat	ctgaaagagt	taaaaaatgc	gaagtctctc	cataaaaagt	cgggttgc	1380
catccgatgg	agtttgacag	tttggtttca	aataaaaataa	aatgtgcaa	catccattgc	1440
tcaagctaaa	ccagtcactc	ggttagctca	gcttttctta	tacatttcca	aacatattgt	1500
caattttcct	ctggattctg	ttggtatgac	aactttgtta	ctctgtcaaa	catgtctacg	1560
actattttta	aaccatttca	gagatt				1586

<210> 433

<211> 396

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 433

10

ES 2 539 530 T3

Met	Asp	Cys	Asn	Met	Val	Ser	Ser	Phe	Pro	Trp	Asp	Trp	Glu	Asn	Leu
1				5					10					15	
Ile	Met	Ser	Asn	Gln	Ser	Lys	Thr	Glu	Asn	Glu	Lys	Lys	Gln	Gln	Ser
			20					25					30		
Thr	Glu	Trp	Glu	Phe	Glu	Lys	Gly	Glu	Gly	Ile	Glu	Ser	Ile	Val	Pro
		35					40					45			
Asp	Phe	Leu	Gly	Phe	Glu	Lys	Val	Ser	Ser	Gly	Ser	Ala	Thr	Ser	Phe
	50					55					60				
Trp	His	Thr	Ala	Val	Ser	Lys	Ser	Ser	Gln	Ser	Thr	Ser	Ile	Asn	Ser
65				70					75					80	
Ser	Ser	Pro	Glu	Asp	Lys	Arg	Cys	Asn	Leu	Ala	Ser	Gln	Ser	Ser	Pro
				85				90					95		
Gly	Asp	Ser	Ser	Ser	Asn	Ile	Asp	Phe	Leu	Gln	Val	Lys	Pro	Ser	Thr
			100					105					110		
Ala	Leu	Glu	Val	Pro	Ile	Ala	Ser	Ala	Glu	Ser	Asp	Leu	Cys	Leu	Lys
		115					120					125			
Leu	Gly	Lys	Arg	Thr	Tyr	Ser	Glu	Glu	Phe	Trp	Gly	Arg	Asn	Asn	Asn
	130					135					140				
Asp	Leu	Ser	Ala	Val	Ser	Met	Asn	Leu	Leu	Thr	Pro	Ser	Val	Val	Ala
145				150						155					160
Arg	Lys	Lys	Thr	Lys	Ser	Cys	Gly	Gln	Ser	Met	Gln	Val	Pro	Arg	Cys
			165					170						175	
Gln	Ile	Asp	Gly	Cys	Glu	Leu	Asp	Leu	Ser	Ser	Ser	Lys	Asp	Tyr	His
		180						185					190		
Arg	Lys	His	Arg	Val	Cys	Glu	Thr	His	Ser	Lys	Cys	Pro	Lys	Val	Val
	195						200					205			
Val	Ser	Gly	Leu	Glu	Arg	Arg	Phe	Cys	Gln	Gln	Cys	Ser	Arg	Phe	His
	210					215					220				
Ala	Val	Ser	Glu	Phe	Asp	Glu	Lys	Lys	Arg	Ser	Cys	Arg	Lys	Arg	Leu
225				230						235					240
Ser	His	His	Asn	Ala	Arg	Arg	Arg	Lys	Pro	Gln	Gly	Val	Phe	Pro	Leu
			245					250						255	
Asn	Ser	Glu	Arg	Val	Phe	Asp	Arg	Arg	Gln	His	Thr	Ser	Met	Leu	Trp
		260						265					270		
Asn	Gly	Leu	Ser	Leu	Asn	Thr	Arg	Ser	Glu	Glu	Lys	Tyr	Thr	Trp	Gly
	275						280					285			
Thr	Thr	Tyr	Glu	Thr	Lys	Pro	Thr	Gln	Met	Glu	Ser	Gly	Phe	Thr	Leu
	290					295					300				
Ser	Phe	Gln	Arg	Gly	Asn	Gly	Ser	Glu	Asp	Gln	Leu	Phe	Thr	Gly	Ser
305				310						315					320
Thr	Leu	Ser	Phe	Ser	Ala	Phe	Gln	Thr	Ser	Gly	Gly	Phe	Ser	Ala	Gly
			325					330						335	
Lys	Ser	Asn	Ile	Gln	Leu	Pro	Asp	Lys	Gly	Val	Gly	Glu	Cys	Ser	Gly
			340					345					350		
Gly	Leu	His	Glu	Ser	His	Asp	Phe	Tyr	Ser	Ala	Leu	Ser	Leu	Leu	Ser
	355						360					365			
Thr	Thr	Ser	Asp	Ser	Gln	Gly	Ile	Lys	His	Thr	Pro	Val	Ala	Glu	Pro
	370					375					380				
Pro	Pro	Ile	Phe	Gly	Thr	Phe	Pro	Ser	His	Phe	Ile				
385					390					395					

<210> 434

<211> 1260

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 434

atggagtgta	atgcaaagcc	accgtttcaa	tgggaattgg	aaaacttgat	atcttttggc	60
acttctacag	ctgaagttcc	tagaaagcta	aaaccaatgg	agtgggaaat	tgatggattt	120
gattgcacct	ctctgtattc	ttcaagcttt	gcctatgctg	gtagttcagg	ttctgatata	180

ES 2 539 530 T3

```

gctcatgctt tctctaaaag ctcaaagtca acttccatta gctcttcac c agctgaagta 240
agaacacaca attttacatc cgaaactggg gaaagtcttc ctggagaatt tgcaaagggg 300
attgatactt ctccaagtct tgaactttct tttggctctg gtgatccggg tctcgggttta 360
aagcttggtt aacgaacgta ctttgaagac ttttgggaag tggagaatgc taaagggtttg 420
ggacttccag tgactctggc ttcattctct gtttctcccg tgaagaaatc gaaatccatt 480
cctcagaggt tacaaaactc tcaactgtca gttgaaggct gtaatcttga tctttcatca 540
gctaaagact atcatcggaa acataggatt tgtgaaaatc attcaaagtt tcctaaaagtc 600
gttgtagagt gcgtagagcg tcggttctgc caacaatgta gcaggttcca ctgtctctct 660
gagtttgatg agaagaaacg tagctgtcgc cgacgtctct cagatcacaa tgcaagacgt 720
cgcaagccaa atcctggaag gacatatgat gggaaaccac aggtggattt tgtatggaac 780
agatttgcac ttatccatcc aagaagtggg gaaaagttta tatggccaag ttcgaagcac 840
gtaccatcaa gagtgttaat gccgcaacct gcaaagactg agatttccga taccgagcac 900
aatagatttg gattgttgga ccccaaaacc aaaaccgcaa gagccgagtt attcagtaaa 960
gaaaaggta caatctcttc acacatgggt gcttctcaag atcttgatgg tgctctctct 1020
cttctgtcaa attcaacaac atgggtttct tcctctgacc aaccaaggcg ttttaccctt 1080
gatcaccatc cctcaagcaa cctccaaccc gtagctcacc ggtctgcggc tcaactcaat 1140
tcagtttccg gctattggca gccggaccca cccgcagttg aaggcccgac cgctctgcat 1200
agaaatgggg taggocagtt taatgaaaac tacttcagct tgaaccagtt ttataactga 1260

```

<210> 435

<211> 419

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 435

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

Gln Pro Ala Lys Thr Glu Ile Ser Asp Thr Glu His Asn Arg Phe Gly
 290 295 300
 Leu Leu Asp Pro Lys Thr Lys Thr Ala Arg Ala Glu Leu Phe Ser Lys
 305 310 315 320
 Glu Lys Val Thr Ile Ser Ser His Met Gly Ala Ser Gln Asp Leu Asp
 325 330 335
 Gly Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn Ser Thr Thr Trp Val Ser Ser Ser
 340 345 350
 Asp Gln Pro Arg Arg Phe Thr Leu Asp His His Pro Ser Ser Asn Leu
 355 360 365
 Gln Pro Val Ala His Arg Ser Ala Ala Gln Leu Asn Ser Val Ser Gly
 370 375 380
 Tyr Trp Gln Pro Asp Pro Pro Ala Val Glu Gly Pro Thr Ala Leu His
 385 390 395 400
 Arg Asn Gly Val Gly Gln Phe Asn Glu Asn Tyr Phe Ser Leu Asn Gln
 405 410 415
 Phe Tyr Asn

<210> 436

<211> 1410

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 436

ES 2 539 530 T3

```

atggggttctt ttgggatgga ctggaatcag aagagctcgg tgttgtggga ttgggagaat 60
atgccgccga taggaaatag cgcgaacgag aatcccaaga atgtgatgct ggctgaatca 120
aaactttgcag gtgttggggg tgacataaggc catgaatcag gccattcttc tgggtgggtact 180
ttctcttcta gctcagagat tgggtatggt tcatccaaga gttccatata cgcgtcgatc 240
gattctccgt ccaaagtggg gaacaccata gagctcaatt ttgcatctgc ggaagagcat 300
gataagaaca tggacaaggg taagagttaa gttgatgaca ccggaacttc tcgatcaccg 360
gtggtagcag ccaatcgtgt agagcccttg attggcctga agcttggcaa gagaacctat 420
tttgaagatg tctgtggagg gcagaatgtc aagagttctc catctgggtg gagtgtggct 480
accccatctc ctggtctggc caagaagggtg aagggtggctc agcagaacac tcagaaccca 540
cactgtcaag ttgaaggctg caatgttgat ctctcttctg ctaaacctta ccatcgaaag 600
caccgagtct gtgaacctca cagcaagact cttaaagtca tcgttgcggg tcttgagcga 660
cgcttttgcc aacagtgtag tcggtttcac ggttttagctg agttcgacca gaaaaaacga 720
agctgtcgca ggcgcctcca tgatcacaat gccgcgagac ggaagccaca accagaagca 780
atttccctaa gttcgtcgag gctctctaca ttactctatg gtgatgcaag gcaacaggca 840
agttttctat ttggtcaagc tccttatggt cagatgggaa gctgtgcaag ttcttgggat 900
aaccagtagc caggaggctt caaatttaca gcaacaaaag ctcttggtc aaggccaaca 960
atagctgccg gtgttgatgg gacgcatgta tctaatacagc aggcacgagg caatgtactg 1020
ccacatggag cacatcatag ttttgatggt ctcatggcgt tcaaagaaac caacgcgaag 1080
gtccttaacc aaggcatgga agcttctgct gtcgottccg gctccgctag aggccagac 1140
tttgagcatg ctctctctct tctgtcaatc gattcagtggt gtgctgcaaa ccttcagcca 1200
ggttctcaga ttcaccttggt tgtcaccgcc attgcccggc cctccaaccc tgtcatgatg 1260
ccatctccag caatctggca aggaggcttg tcccttgatc agcaggcgca gtttcaggct 1320
ttcgaccgcc ttggcaacga cgacgacgaa gatcatctcc agctcccaaa gccttcctat 1380
gacaactccc actatgatca gatgaactga 1410

```

<210> 437

<211> 469

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 437

```

Met Gly Ser Phe Gly Met Asp Trp Asn Gln Lys Ser Ser Val Leu Trp
1           5           10          15
Asp Trp Glu Asn Met Pro Pro Ile Gly Asn Ser Ala Asn Glu Asn Pro
          20          25          30
Lys Asn Val Met Leu Ala Glu Ser Lys Leu Ala Gly Val Gly Val Asp

```

		35					40					45				
Ile	Gly	His	Glu	Ser	Gly	His	Ser	Ser	Gly	Gly	Thr	Phe	Ser	Ser	Ser	
	50					55					60					
Ser	Glu	Ile	Gly	Tyr	Gly	Ser	Ser	Lys	Ser	Ser	Ile	Ser	Ala	Ser	Ile	
65					70					75					80	
Asp	Ser	Pro	Ser	Lys	Val	Gly	Asn	Thr	Ile	Glu	Leu	Asn	Phe	Ala	Ser	
				85					90					95		
Ala	Glu	Glu	His	Asp	Lys	Asn	Met	Asp	Lys	Gly	Lys	Ser	Lys	Val	Asp	
			100					105						110		
Asp	Thr	Gly	Thr	Ser	Arg	Ser	Pro	Val	Val	Ala	Ala	Asn	Arg	Val	Glu	
		115					120							125		
Pro	Leu	Ile	Gly	Leu	Lys	Leu	Gly	Lys	Arg	Thr	Tyr	Phe	Glu	Asp	Val	
	130					135					140					
Cys	Gly	Gly	Gln	Asn	Val	Lys	Ser	Ser	Pro	Ser	Gly	Val	Ser	Val	Ala	
145					150					155					160	
Thr	Pro	Ser	Pro	Gly	Leu	Ala	Lys	Lys	Val	Lys	Val	Ala	Gln	Gln	Asn	
				165					170						175	
Thr	Gln	Asn	Pro	His	Cys	Gln	Val	Glu	Gly	Cys	Asn	Val	Asp	Leu	Ser	
			180					185						190		
Ser	Ala	Lys	Pro	Tyr	His	Arg	Lys	His	Arg	Val	Cys	Glu	Pro	His	Ser	
		195					200					205				
Lys	Thr	Leu	Lys	Val	Ile	Val	Ala	Gly	Leu	Glu	Arg	Arg	Phe	Cys	Gln	
	210					215					220					
Gln	Cys	Ser	Arg	Phe	His	Gly	Leu	Ala	Glu	Phe	Asp	Gln	Lys	Lys	Arg	
225					230					235					240	
Ser	Cys	Arg	Arg	Arg	Leu	His	Asp	His	Asn	Ala	Arg	Arg	Arg	Lys	Pro	
				245					250					255		
Gln	Pro	Glu	Ala	Ile	Ser	Leu	Ser	Ser	Ser	Arg	Leu	Ser	Thr	Leu	Leu	
			260					265						270		
Tyr	Gly	Asp	Ala	Arg	Gln	Gln	Ala	Ser	Phe	Leu	Phe	Gly	Gln	Ala	Pro	
		275					280					285				
Tyr	Gly	Gln	Met	Gly	Ser	Cys	Ala	Ser	Ser	Trp	Asp	Asn	Pro	Val	Pro	
	290					295					300					
Gly	Gly	Phe	Lys	Phe	Thr	Ala	Thr	Lys	Ala	Pro	Trp	Ser	Arg	Pro	Thr	
305					310					315					320	
Ile	Ala	Ala	Gly	Val	Asp	Gly	Thr	His	Val	Ser	Asn	Gln	Gln	Ala	Ser	
				325					330						335	
Gly	Asn	Val	Leu	Pro	His	Gly	Ala	His	His	Ser	Phe	Asp	Gly	Leu	Met	
			340					345					350			
Ala	Phe	Lys	Glu	Thr	Asn	Ala	Lys	Val	Leu	Asn	Gln	Gly	Met	Glu	Ala	
		355														

<210> 438

<211> 1428

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 438

atggcttctt	ttgggatgaa	ctggaatcag	aagagccctg	tgttttggga	ctgggaaaat	60
ccagcgcctt	tcggtccgaa	tacaatggaa	aatcccaaga	gcataacctca	ccctgaacca	120
agaggtgtag	ttgtcgcggc	cgcaaatcat	ggatccacca	attcatccgg	tggcacgttc	180
acttctagct	cggagctagc	caatggttca	togaagagct	ccttgtcagc	gtcgttcgat	240
tcctcatcca	agctggggaa	cagcttagag	ttcagggttg	cttctgtcaa	agggcatggc	300
aagaacatgt	gcaaggatgg	cgaggccggt	agagttgaag	actcgggcac	ttctccagct	360
gtggcagtta	gccatggtga	gccggttaata	ggactcaagt	tagggaagag	aacttacttt	420
gaaaatgttt	gtggaggggca	gaatgtcaag	agctcctctg	cagcttcagg	tgtgacttgt	480
ccatctactg	tggccaagaa	gatgaagggtg	tctcagcaga	gcacacaaag	ctcatactgc	540
caagttgaag	gctgcaaaagt	cgatctgtcc	tccgcaagag	aataccatcg	caagcacaaa	600
gtttgtgaag	ctcattctaa	ggcaccaaag	gttattgttt	ctgggtctgga	gcgccgtttt	660
tgccaacagt	gtagtcggtt	tcatggttta	gctgaatttg	accagaaaaa	gaaaagttgc	720
cgcaggcgct	tatctgatca	taatgcacga	agaaggaaac	cgcaacaaga	ggcaatttca	780
tttgggtcat	caaggctcgc	cacgatgttt	tacgatgcaa	ggcagcagac	agatattttac	840
tttggccaat	ctcctttttg	ccaagtgaga	agcaatgcaa	tttcttcatg	tgacaacctg	900
ggaggcttca	aatttacaga	agcaaaactc	ccctggatga	agccaatgaa	aactataggc	960
cttgaggatc	tgaattttct	tacctgacag	atgccaggca	atgttgtgtc	gcatacgggtg	1020
catcatcatg	attttgatgg	gtcataacca	ttcaaggga	acaccccgaa	ggctcctcaac	1080
caaggtgtgg	atccagcctg	tgcgctcgtg	tctccaact	cgaatggagc	cccggtctt	1140
cggcgtgctc	tctctcttct	gtcaagcgat	tctggggcc	cggccgacgt	tcaggccggc	1200
tcccagggtgc	atcccggtgg	agtgatgccg	cccctcgccg	ttgccgcgcg	caccgtcacc	1260
gccccgacga	accctgtcag	tgtgatgcac	gctctgcacc	cgtccaccgg	aggaggagga	1320
ttctggcaag	acggcgacga	cccgctccg	ctcgatcatg	cctcgagggc	tcaggcggttc	1380
atgcattcctg	gcaatggcag	cagctccggc	tatggccatc	tgcaactga		1428

<210> 439

<211> 475

5

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 439

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

Ser Arg Phe His Gly Leu Ala Glu Phe Asp Gln Lys Lys Lys Ser Cys
 225 230 235 240
 Arg Arg Arg Leu Ser Asp His Asn Ala Arg Arg Arg Lys Pro Gln Gln
 245 250 255
 Glu Ala Ile Ser Phe Gly Ser Ser Arg Leu Ala Thr Met Phe Tyr Asp
 260 265 270
 Ala Arg Gln Gln Thr Asp Ile Tyr Phe Gly Gln Ser Pro Phe Gly Gln
 275 280 285
 Val Arg Ser Asn Ala Ile Ser Ser Cys Asp Asn Leu Gly Gly Phe Lys
 290 295 300
 Phe Thr Glu Ala Lys Leu Pro Trp Met Lys Pro Met Lys Thr Ile Gly
 305 310 315 320
 Leu Glu Asp Leu Asn Phe Ser Thr Leu Gln Met Pro Gly Asn Val Val
 325 330 335
 Ser His Thr Val His His His Asp Phe Asp Gly Leu Ile Pro Phe Lys
 340 345 350
 Gly Asn Thr Pro Lys Val Leu Asn Gln Gly Val Asp Pro Ala Cys Ala
 355 360 365
 Val Val Ser Ser Asn Ser Asn Gly Ala Pro Asp Leu Arg Arg Ala Leu
 370 375 380
 Ser Leu Leu Ser Ser Asp Ser Trp Gly Pro Ala Asp Val Gln Ala Gly
 385 390 395 400
 Ser Gln Val His Pro Gly Gly Val Met Pro Pro Leu Ala Val Ala Ala
 405 410 415
 Ala Thr Val Thr Ala Pro Thr Asn Pro Val Ser Val Met His Ala Leu
 420 425 430
 His Pro Ser Thr Gly Gly Gly Gly Phe Trp Gln Asp Gly Asp Asp Pro
 435 440 445
 Pro Pro Leu Asp His Ala Ser Gln Ala Gln Ala Phe Met His Pro Gly
 450 455 460
 Asn Gly Ser Ser Ser Gly Tyr Gly His Leu His
 465 470 475

<210> 440

<211> 1155

<212> ADN

<213> *Populus* spp.

<400> 440

atgagttctg tctcactgat ggagtggaat ggcaaaccac acttgacagt ggactgggaa 60
 aacctgataa tggtcaatgc aataacaaat gaaaattcaa agcagtttaag cctaacagat 120
 ttggaaactg atggagaaaa aggaaatgat tctgggtttt tctattcatc tgggagtgta 180
 agcagaagcc gtgatctat ctctgactta gaacttgctt ctttctcaaa gagctcgaag 240
 tcagcttcca ccaattcttc atcagctggg gaagttaaaa catccaaatt cactttgggg 300
 gcctctaaaa caaatccatc agattacaat aaggaagaac ttgtgaaggc taaggcaact 360
 gatacttctc ccacgcttga agcttcagtt gggtcaggtg accagctgct tggtttgaag 420
 cttggtaaaa gaacttactt tgaagatgct tgtgctggga gcaatgctca gtcttcatca 480
 atatctacga ttctgtgccc ttcttttact ccagcaaaaga aattgaagtc cagtaatcat 540
 agtcagcgtg ctccacgctg tcaagtagaa ggctgtaacc ttgacctctc atcagctaaa 600
 gattaccatc gcaaacatag agtttgtgaa agccattcaa agtgcccaaa ggtcattgta 660
 gctgggttgg aacgcaggtt ttgccagcag tgtagcaggt tccatgggtc gtcagagttt 720
 gatgaaaaga agaaaagctg ccgcaggcga ctttctgac acaatgcaag acgccgcaaa 780
 cagccaggat ctgtccattt gaatccttca agactttctt catcattata tgatgagagg 840
 caacagatga gtcatgtttg ggacaaggcg ccacttgctt attccaggcc caatgcaaat 900
 ttgacatggg aaagcacatc cacctccaag ttcacaataa caaaagagta tatagcaaaag 960
 cctgcagaaa tagtggttag tgataggagg ctccacttgc ctggcattga tctgacaaat 1020
 agcattgcta ttcagcacca tcataagtct aatggcttct taccatccaa ggccaagggc 1080
 actgcaggtg aggttctcaa ccaaggtttg ttttgtcttc attttgagaa acaagcctca 1140
 caattattgc attga 1155

<210> 441

<211> 384

<212> PRT

<213> *Populus* spp.

<400> 441

```

Met Ser Ser Val Ser Leu Met Glu Trp Asn Gly Lys Pro His Leu Gln
1      5      10      15
Trp Asp Trp Glu Asn Leu Ile Met Phe Asn Ala Ile Thr Asn Glu Asn
20      25      30
Ser Lys Gln Leu Ser Leu Thr Asp Leu Glu Thr Asp Gly Glu Lys Gly
35      40      45
Asn Asp Ser Gly Phe Phe Tyr Ser Ser Gly Ser Val Ser Arg Ser Arg
50      55      60
Gly Ser Ile Ser Asp Leu Glu Leu Ala Ser Phe Ser Lys Ser Ser Lys
65      70      75      80
Ser Ala Ser Thr Asn Ser Ser Ser Ala Gly Glu Val Lys Thr Ser Lys
85      90      95
Phe Thr Leu Gly Ala Ser Lys Thr Asn Pro Ser Asp Tyr Asn Lys Glu
100     105     110
Glu Leu Val Lys Ala Lys Ala Thr Asp Thr Ser Pro Thr Leu Glu Ala
115     120     125
Ser Val Gly Ser Gly Asp Gln Leu Leu Gly Leu Lys Leu Gly Lys Arg
130     135     140
Thr Tyr Phe Glu Asp Ala Cys Ala Gly Ser Asn Ala Gln Ser Ser Ser
145     150     155     160
Ile Ser Thr Ile Pro Val Pro Ser Phe Thr Pro Ala Lys Lys Leu Lys
165     170     175
Ser Ser Asn His Ser Gln Arg Ala Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly Cys
180     185     190
Asn Leu Asp Leu Ser Ser Ala Lys Asp Tyr His Arg Lys His Arg Val
195     200     205
Cys Glu Ser His Ser Lys Cys Pro Lys Val Ile Val Ala Gly Leu Glu
210     215     220
Arg Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Gly Leu Ser Glu Phe
225     230     235     240
Asp Glu Lys Lys Lys Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ser Asp His Asn Ala
245     250     255
Arg Arg Arg Lys Gln Pro Gly Ser Val His Leu Asn Pro Ser Arg Leu
260     265     270
Ser Ser Ser Leu Tyr Asp Glu Arg Gln Gln Met Ser His Val Trp Asp
275     280     285
Lys Ala Pro Leu Val His Ser Arg Pro Asn Ala Asn Leu Thr Trp Glu
290     295     300
Ser Thr Ser Thr Ser Lys Phe Thr Ile Thr Lys Glu Tyr Ile Ala Lys
305     310     315     320
Pro Ala Glu Ile Gly Gly Ser Asp Arg Arg Leu His Leu Pro Gly Ile
325     330     335
Asp Leu Thr Asn Ser Ile Ala Ile Gln His His His Lys Ser Asn Gly
340     345     350
Phe Leu Pro Ser Lys Ala Lys Gly Thr Ala Gly Glu Val Leu Asn Gln
355     360     365
Gly Leu Phe Cys Leu His Phe Glu Lys Gln Ala Ser Gln Leu Leu His
370     375     380

```

5

<210> 442

<211> 1398

<212> ADN

<213> *Populus* spp.

<400> 442

10

atgggagtgga atggcaaacc ccacttacag tgggactggg agagcctgat aatgttcaat

60

```

ggaataacaa ctgaaaattc taagcagtta agcccaacag atttggaac tgatggagaa 120
aaaggaaccg actctgggtt ttctatttca tctgggagtg caagcagaag cgggtggttct 180
agctctgatt tggaacttgc ttcttttcca aagtgtctga agtcagcttc catcaattct 240
tcatcagctg gggaagttaa aacatccaaa ttcaacttgg aggcctctaa agcaaatcca 300
tctgattaca ataagaaaga aattggaaag gctaagacag ctagtatgtc ttccacaatt 360
gaggctgcag gtggttcagg tgaccagctg cttggtttga agcttggtta acgaatatac 420
tttgaagatg cttgtgctgg caacaatggt cagtgcgtac cattttctac agttcctgtg 480
ccctctttta cttcagcaaa gaaattgaag tccactattc agagtcagcg tgctccatgc 540
tgtcaagtgg aaggctgtaa ccttgacctc tcatcagcta aagattatca tcgcaaacat 600
agagtttgtg aaagccattc aaagtgcag aaggtcattg tagctgggtt ggaaogcagg 660
ttttgccagc agtgtagcag taagattatt cctagctttt atgattgcat tgacaatttg 720
ggttttggat gtcaaagggt ccatggcctg tcagagttcg atgaaaagaa gaaaagctgt 780
cgcaggcgag tttctgatca caatgcaaga cgccgcaaac aaccaggatc ggtccattta 840
aattcaagag tgtcttcac attatatgat gaaaggcaac agatgagctt tgcttgggac 900
agggcaccac ttgttcatgc caggcctaata gcaaatttga cgtgggaagg cacatacatc 960
tccaagttca caataacaaa agattatata gcaaagcctg cagaaatagg ttgtaatgat 1020
gggcagtttc acttgccctg ctttgatctg acaaattggc ttgatattca gcaccatcat 1080
aagtctaata gctccttacc atctaaagggt aagggcactg cagctgagat tctcaaccaa 1140
ggttttgaag aatacatcat tcttccaaa gcggaagcag caccagaatc tcatcgtgct 1200
ctctctcttc tgtcaacaaa ttcattgggt tcacgtgagc cgcaatctat ttcatttgaa 1260
caaccctgtc atacaaatca caccactcag tctgtgctgc aagttatacc ccaaaactca 1320
ccacttgctt catcagagta ttggaggact gagcaaccgt caactgactc tcaagtgcac 1380
accttgacgt ctcactga 1398

```

<210> 443

<211> 465

<212> PRT

<213> *Populus* spp.

<400> 443

```

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

```


[illegible]

<210> 444

<211> 1419

<212> ADN

<213> *Populus* spp.

<400> 444

atggactgga	actccactgc	atctgagggg	aactgggaga	acatagcagg	gttaagtgcc	60
aaggctagt	acattccaaa	acaagtacca	ttggcatacc	atgagacaga	gggagatgga	120
gcaattgata	aagcaataac	ttatttgtct	gggtgtgtgt	tatcaagctc	tgatttgtgg	180
cattgctctt	catccaagag	ctcagtttca	ccctctgtcg	actcttcatt	gaaggggggg	240
atcaagactt	atagcactgc	agatggtttt	cctggagtta	tcattagaaa	ggacttgact	300
agggtagaaa	gtactgagaa	tattccatct	ctgggtgctt	ctgctagctc	tggtgaacca	360
gtaattggct	tgaagcttgg	taaacggatg	tactttgaag	acatttgtac	taccagcact	420
gccaaatcat	cgtcttcac	tattgtttcc	acttctgtga	ctgctacaac	aaagagatct	480
agggcatcat	atccaagtac	acagttctca	cgttgccaa	tggaaggatg	caaccttgat	540
ctcaagtcag	ctaaagatta	ccatgcgagg	catagaatct	gtgaaaaaca	ttccaaaagc	600
ccaaaggtta	tgttgtctgg	catggaacgc	cgattttgcc	aacagtcgag	caggttccat	660
gaattatcag	agtttgatga	caagaagcga	agctgtcgta	gacgtctctc	tgatcacaat	720
gcaaggcgac	ggaggccaca	acctgaggca	atccggttca	attcagcaag	gccatcatca	780
tcaccatcat	catttttatgg	ttgtcatttc	aatttcaaag	atggtagaca	gcagatgaat	840
gttgtattga	atagggtgcc	tttctgtgca	ggaaattcaa	cttgccaaag	cgagtgcggc	900
tttaaagtc	ctcacgccgg	agattttttt	attaggcctg	caaaagcagg	gggcatccat	960
aggcagctta	gctatccctg	caatgaaatg	ccagatgcag	cttcaacaat	accaacagac	1020
tcggataaaa	ttatctcttt	tgagagaagt	acaccccgag	tctttagtca	aggtttcgag	1080
gggtctgcat	taacttctaa	cattgaggta	gcaccagatc	ttcggcgtgc	tctctctctt	1140
ctgtcaacca	cttcttgggg	ctcgaatgag	catggatcca	cctctctgga	tcaactgatg	1200
cttgcaaacc	aaacaagcat	gacacagcca	atgataaatg	ctgaactcca	aaattgtcca	1260
gttgcttcat	cagaaaatgc	acggatggaa	caagcatccc	ttgagtctcg	ggtgcattct	1320
ttggatttac	atgacaatgg	aaacgtccag	ttgcaagagt	ttcagctgct	caaagcacc	1380
tatgctaccg	gctgctttta	ttccaatcaa	ttcagctaa			1419

<210> 445

<211> 472

<212> PRT

<213> *Populus* spp.

<400> 445

```

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

85      90      95
Lys Asp Leu Thr Arg Val Glu Ser Thr Glu Asn Ile Pro Ser Leu Gly
100      105      110
Ala Ser Ala Ser Ser Gly Glu Pro Val Ile Gly Leu Lys Leu Gly Lys
115      120      125
Arg Met Tyr Phe Glu Asp Ile Cys Thr Thr Ser Thr Ala Lys Ser Ser
130      135      140
Ser Ser Ser Ile Val Ser Thr Ser Cys Thr Ala Thr Thr Lys Arg Ser
145      150      155      160
Arg Ala Ser Tyr Pro Ser Thr Gln Ser Pro Arg Cys Gln Val Glu Gly
165      170      175
Cys Asn Leu Asp Leu Lys Ser Ala Lys Asp Tyr His Arg Arg His Arg
180      185      190
Ile Cys Glu Lys His Ser Lys Ser Pro Lys Val Ile Val Ala Gly Met
195      200      205
Glu Arg Arg Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Glu Leu Ser Glu
210      215      220
Phe Asp Asp Lys Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Ser Asp His Asn
225      230      235      240
Ala Arg Arg Arg Arg Pro Gln Pro Glu Ala Ile Arg Phe Asn Ser Ala
245      250      255
Arg Pro Ser Ser Ser Pro Ser Ser Phe Tyr Gly Cys His Phe Asn Phe
260      265      270
Lys Asp Gly Arg Gln Gln Met Asn Val Val Leu Asn Arg Val Pro Phe
275      280      285
Leu Ala Gly Asn Ser Thr Trp Gln Ser Glu Cys Gly Phe Lys Val Thr
290      295      300
His Ala Gly Asp Phe Phe Ile Arg Pro Ala Lys Ala Gly Gly Ile His
305      310      315      320
Arg Gln Leu Ser Tyr Pro Cys Asn Glu Val Pro Asp Ala Ala Ser Thr
325      330      335
Ile Pro Thr Asp Ser Asp Lys Ile Ile Ser Phe Glu Arg Ser Thr Pro
340      345      350
Gln Val Phe Ser Gln Gly Phe Glu Gly Ser Ala Leu Thr Ser Asn Ile
355      360      365
Glu Val Ala Pro Asp Leu Arg Arg Ala Leu Ser Leu Leu Ser Thr Thr
370      375      380
Ser Trp Gly Ser Asn Glu His Gly Ser Thr Ser Leu Asp Gln Leu Met
385      390      395      400
Leu Ala Asn Gln Thr Ser Met Thr Gln Pro Met Ile Asn Ala Glu Leu
405      410      415
Gln Asn Cys Pro Val Ala Ser Ser Glu Asn Ala Arg Met Glu Gln Ala
420      425      430

Ser Leu Glu Ser Arg Val His Ser Leu Asp Leu His Asp Asn Gly Asn
435      440      445
Val Gln Leu Gln Glu Phe Gln Leu Leu Lys Ala Pro Tyr Ala Thr Gly
450      455      460
Cys Phe Tyr Ser Asn Gln Phe Ser
465      470

```

<210> 446

<211> 2042

<212> ADN

<213> *Brassica rapa*

<400> 446

```

atggagtgtga atgcaaagcc atcattgcag tgggagtgagg ataatctaata atcttttgggt 60
acttcatcag ctgaaattcc taaaaagcaa cgaccaatgg attgggaaaaa tgatggggttt 120
gattgcacca ctttttactc gtccagcttt gctacagaag cagcttatgg tgggtggtagt 180
tcaggttctg atctagctca tgctttctct aaaagctcaa agtcaacttc cataagctct 240
tcatcagctg aagtggagaac atacaatttc acatcagaag ctggtgaaag tgttcctcct 300
ggagaattgg ggagcagtgga agagtttgca atgggaattg atgcttctcc aagtcttgaa 360
ctctccttcg gctctgggtga tccggttctt gggttgaaagc ttggtaagag gacatacttt 420
gaagactttt ggggaagtggga gaatgctaaa gggttcagcac ttccggtgag cctggcgctca 480
tcttctgctt ctccggtgaa gaaatccaaa acactctctc agaaattaca aactcctcac 540
tgccaagtgg aaggctgtaa cctcgatctc tcctcagcta aggactatca taggaaacac 600
aggatttggtg aaaaccattc aaagtccctt aaagtcggtg tcagtggcgt agagcgccgg 660
ttctgccaac aatgtagcag gtagaaaagc tagtcttaga gatattgggt tatacaaaag 720
ccttaatgac tttttttaat tgttttgggt cttcaaagggt ttcactgtct ctctgagttt 780
gatgagaaga aacgtagctg tccgcgccgt ctctcagatc acaatgcaag acgtcgcaag 840
ccaaatcccg ggaggacata tggtaataata ctagattcac ttctctctaa tcctatatat 900
taaatctaaa ttttttagtta tataattagt aggtttccct tttctaagat aaatatcatt 960
ctgtatgtgc agatgggaag caacagatgg attttgtatg gaacagattt gcacttatcc 1020
atccaagaag tgaagaaaat tttctgtggc caaatccgaa gcctgtatca tcaagagggt 1080
tattgcagga acctgcaaag accgagatgc ccaataagct tttcacccag cattgtggat 1140
ttggattggt ggacccccaaa acgaaaacca ccagagctga gttattcagt aaagggttgt 1200
gtttttcttt gctgtttaat atattttctc ttgttgtatt catgatcttg atgattgctt 1260
gttttatgca gatttggttag aaaaggctac aatctcttct tcacacatgg gtgottotca 1320
agacttgat ggtgctctct ctctctctgc aaattcaaca ccattgggtt cctogaacca 1380
gccaacacgg ttttccctta accaccattc cacaagcaac ctccaaccog tgggttcacgg 1440
gtctgtgact caactcagtt cagtgtccag ctactggcag ccggacccac cagcagctga 1500
gggctcaacc gctttgacta ggaatggggg aggccagttt aatgagaact acaacttgaa 1560
tcagttttat aactgaaagt gtgttgcttt taaaatcata ataagatatt ttgtgtaagg 1620
atcagggtgag cctagtggta acgttttaaat aggagctgtg aaacttgcta aagacatcaa 1680
ctcctctcgt ctttctttttg tccattgatt ttcttgggtt agggagagtt gtgacagtta 1740
agtattataa atcatcttgt caaattattt atacattaga attttcagat attgatgggt 1800
tagcaactga aaaaattgatc aaacgcatca taatatacgt atgataagggt tatttgcac 1860
tgaacttttt ttatatctgc attagtcagc attttgtgtt atactagatt tggatccgtg 1920
cgttgcaaca ggtttttatit gatattacca tccattgatt tttttttttt ttgcaaaaa 1980
aataatttgg taattccatt aaccgcccac gtcgttttct gagcaaaaacc atgttaaaat 2040
ct 2042

```

5

<210> 447

<211> 282

<212> PRT

<213> *Brassica rapa*

<400> 447

```

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

```

10

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

<210> 448

<211> 1684

<212> ADN

5

<213> *Zea mays*

<400> 448

agccgcttcg	gcaggcaagt	aggacgagga	gcagcagctc	agatttcgga	tccctggcact	60
ggcaactggc	atgggctcgt	ttgggatgga	catggactgg	aaccagaagg	cctccgtgct	120
gctgtgggac	tgggagaacc	tgcgcgccgc	agccgcaaac	gggagcgaga	gccacaggac	180
gaccgctgcc	gcgcctcagt	tcgcgggcct	tgaggccaca	gggcatgaac	cggcgccttc	240
ttccgtatcc	tcgtcaatcc	attctctgcc	cagtgcgaag	gggaacaaga	acaagaacaa	300
catggagctc	atcagtttcg	cacctgccaa	agcgcgccgc	aaggacactg	gttcggtgct	360
cagcagcgga	gagccggtgg	tgctaggcct	gaagcttggc	aagagaacgt	atttcgaaga	420
tggttgtgga	ctagggcaga	gcggcaagag	ttcggcgggc	ttaggcactg	ccagtgcagc	480
gacccctccg	ggctcctgca	agaaggcgaa	ggcggcggcg	gcggtcccaa	ccgcgcagca	540
gcagaaatcg	tactgccagg	ttgaaggctg	caggaccgat	ctgtcctctg	ctaaagacta	600
tcacgcgaag	cacagagtct	gcgagcccca	ttccaaggcg	cccaagggtg	tcgtcgctgg	660
cctggagcgg	cgcttctgcc	agcagtgcag	ccggttccat	ggactggccg	agttcgacca	720
gaagaagaag	agctgccgca	ggcgactcaa	cgaccacaac	gcgcgcaggc	ggaagcccca	780
gcccgaaagc	ctccctttcg	gctcatcgag	gctgtcggcg	atgttctatg	acacgaggcg	840
ccaggcgagc	ctcctgtttg	gtgaaggctc	ctacggtcag	atgagaagct	gtgcgagttc	900
ttggtgggat	agcccaggag	caggaggagg	aggcttcaaa	ttcgcggaga	cgagaggagc	960
tccttgggtg	aagccggcga	gagctgctgc	tgatgggctg	ctgcctttgt	caggtoagca	1020
gcagcagcag	gtgtggaatg	actcgattcc	gcattgttgc	catcaggagg	atttcgatgg	1080
gttcacgggtc	acggcgttca	aaggaatcag	tccaaagacc	cttgatcatc	aaggcgcagg	1140
cgttgaagcc	tgtgcggccg	tctccagccc	ggagcgccgc	coggaccttc	agcgtgctct	1200
ctctcttctg	tcaaacagtc	cggccggtgg	cggcggcacc	aacaccaacc	acccgcgcgc	1260
gccgcggcgg	gctgagctgc	accaccaccg	cgctgccccg	agcagctgcc	tcgccgcggg	1320
ctccgtctcc	gtgctgcagg	aggcctcgtc	gccggggctg	tggcaggacg	gcggcgggcag	1380
cgcggccctg	ggccaccacg	cgcacgcgcg	gctccaggct	ctcgacgcgc	ccatggcgac	1440

ES 2 539 530 T3

```

ggcgccaggag ctctccagc tcccaggcc gccgccatcg tacggcggct cctcgcccc 1500
ctacgacctg atgcctgat gcttccttcc ttgtggattg tggaggagaa ctggagatgg 1560
agcgggagcgc ccgcctgcc cccggttggc gcgtggaaat cagtcagacg tggcttctgt 1620
ggcgctcgtct ctgcaacgcg ggagcgggat tttgcttctg ttctgaacga acagaaaaaa 1680
aaaa 1684

```

<210> 449

<211> 482

<212> PRT

5

<213> *Zea mays*

<400> 449

```

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

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

```

Ala Gly Gly Gly Gly Thr Asn Thr Asn His Pro Pro Pro Pro Pro Ala
 385 390 395 400
 Ala Glu Leu His His His Arg Ala Ala Pro Ser Ser Cys Leu Ala Ala
 405 410 415
 Gly Ser Val Ser Val Leu Gln Glu Ala Ser Ser Pro Gly Leu Trp Gln
 420 425 430
 Asp Gly Gly Gly Ser Ala Ala Leu Gly His His Ala His Ala Arg Leu
 435 440 445
 Gln Ala Leu Asp Ala Ala Met Ala Thr Ala Gln Glu Leu Leu Gln Leu
 450 455 460
 Pro Arg Pro Pro Pro Ser Tyr Gly Gly Ser Ser Ser His Tyr Asp Leu
 465 470 475 480
 Met Arg

<210> 450

<211> 1320

<212> ADN

<213> *Zea mays*

<400> 450

atgggttctt ttgggatgaa ctggaatcag aaggacccca tgggtgtggga ttgggaacat 60
 ctagtaccgt ctgtctcaaa tgcagttaca aggcacggat ctgctaattc atctgggtggt 120
 actcttactt ctaactcaga gctagggcat ggttcatcca agagctctat ttcagcggtcc 180
 attgattcac cctctggagt aggggaacagc ttagagttca acttcgcgcg tggttgagagg 240
 catgttaaga acacgggcac gaacggcaga gtcgatgact cggggaattc tocatcgta 300
 atgatatctt tcaaccaagg agagccatta atcagcctga aacttgggaa gagggcttac 360
 ttcgaaaacg cctgcggagg acaggatgcc aaggtttctg cagcttcaga cgttacttct 420
 gcagccagcg tggtaagaa gactaagggtg tctcagcaga atgcaaagaa ctggtactgt 480
 caggttgaag ggtgcaaagt tgacctgtct tctgctaaag attacaatcg caagcacaag 540
 gtctgtgtag tccattctaa agctaccaaag gtggtgtgtg ctggtctaga gcgtcggttt 600
 tgtcaacagt gtagccgttt tcatgggtta gccggagtgt atcagaacaa acgaagctgt 660
 cgtaggcgct tgatgcatca taatgcaagg agggagaaac ctacggcaga cacaatttca 720
 ttcaattcat cgacaatggt ttatgataca aggcagcgga caaatctttt ctttagtcaa 780
 ccactttatg gccaaagtga gagcaatgca gggtcttcat gggataactt gggaggctta 840
 aaattcatgg agacgaaaca tccgccagtg catccaacaa aaacagcatc cctgatgaa 900
 ctgcatttct cagccctcca gataactagt gctgcggctc acacgggaca tcatcatgat 960
 ctcgatgggt tcatggcggt caagggaacc agcacaagg tcttaacca aggcgtggag 1020
 gcttgggcgg ccgcttccag ctggaacaac ggaggcccag aagggtggcg tgctctctct 1080
 cttctgtcag acggctcgtg gggctcagat tcagocgta tccagcagcc cacatctcac 1140
 gcggacgcgg gtgcattgtt gccgcctc gccacogttg ccgtctccaa cgcgcgcgc 1200
 gccgcggggc atctcttga cccgtcccg ggaaggttct ggccgcaaga cgatcatccc 1260
 ccgctcgtcg acggacccgc cagcagatt ccggagctgg cgcacctcg gatatggtga 1320

<210> 451

<211> 439

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 451

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

				85					90					95		
Ser	Pro	Ser	Ser	Met	Ile	Ala	Phe	Asn	Gln	Gly	Glu	Pro	Leu	Ile	Ser	
			100					105					110			
Leu	Lys	Leu	Gly	Lys	Arg	Ala	Tyr	Phe	Glu	Asn	Ala	Cys	Gly	Gly	Gln	
		115					120					125				
Asp	Ala	Lys	Val	Ser	Ala	Ala	Ser	Asp	Val	Thr	Ser	Ala	Ala	Ser	Val	
		130				135					140					
Val	Lys	Lys	Thr	Lys	Val	Ser	Gln	Gln	Asn	Ala	Lys	Asn	Trp	Tyr	Cys	
145					150					155					160	
Gln	Val	Glu	Gly	Cys	Lys	Val	Asp	Leu	Ser	Ser	Ala	Lys	Asp	Tyr	Asn	
				165					170					175		
Arg	Lys	His	Lys	Val	Cys	Val	Val	His	Ser	Lys	Ala	Thr	Lys	Val	Val	
			180					185					190			
Val	Ala	Gly	Leu	Glu	Arg	Arg	Phe	Cys	Gln	Gln	Cys	Ser	Arg	Phe	His	
		195					200					205				
Gly	Leu	Ala	Glu	Phe	Asp	Gln	Asn	Lys	Arg	Ser	Cys	Arg	Arg	Arg	Leu	
		210				215					220					
Met	His	His	Asn	Ala	Arg	Arg	Arg	Lys	Pro	Gln	Ala	Asp	Thr	Ile	Ser	
225					230					235					240	
Phe	Asn	Ser	Ser	Thr	Met	Phe	Tyr	Asp	Thr	Arg	Gln	Arg	Thr	Asn	Leu	
				245					250					255		
Phe	Phe	Ser	Gln	Pro	Leu	Tyr	Gly	Gln	Val	Arg	Ser	Asn	Ala	Gly	Ser	
			260					265					270			
Ser	Trp	Asp	Asn	Leu	Gly	Gly	Leu	Lys	Phe	Met	Glu	Thr	Lys	His	Pro	
		275					280					285				
Pro	Val	His	Pro	Thr	Lys	Thr	Ala	Ser	Pro	Asp	Glu	Leu	His	Phe	Ser	
		290				295					300					
Ala	Leu	Gln	Ile	Thr	Ser	Ala	Ala	Ala	His	Thr	Gly	His	His	His	Asp	
305					310					315					320	
Leu	Asp	Gly	Phe	Met	Ala	Phe	Lys	Gly	Thr	Ser	Thr	Lys	Val	Leu	Asn	
				325					330					335		
Gln	Gly	Val	Glu	Ala	Trp	Ala	Ala	Ala	Ser	Ser	Ser	Asn	Asn	Gly	Gly	
			340					345					350			
Pro	Glu	Gly	Gly	Arg	Ala	Leu	Ser	Leu	Leu	Ser	Asp	Gly	Ser	Trp	Gly	
		355					360					365				
Ser	Ser	Ser	Ala	Val	Ile	Gln	Gln	Pro	Thr	Ser	His	Ala	Asp	Ala	Gly	
		370				375						380				
Ala	Leu	Leu	Pro	Pro	Leu	Ala	Thr	Val	Ala	Val	Ser	Asn	Ala	Ala	Ala	
385					390					395					400	
Ala	Ala	Gly	His	Pro	Leu	Asp	Pro	Ser	Pro	Gly	Arg	Phe	Trp	Pro	Gln	
				405					410							

<210> 452

<211> 1422

<212> ADN

<213> *Triticum aestivum*

<400> 452

atgggctcgt	tccggatgga	gtggaaccag	aggagctcgg	tgctgtggga	ctgggagaat	60
ttcccgcgga	taggcgagaa	ccccagaac	gcgatgcagg	ccgatccaag	atttgcgcgc	120
gttgcggcta	ccatggggaa	tgaaccgcctc	cattcttctg	gcggtagcgg	caccttctct	180
tccagctcag	agatggggta	tggctcttcc	aagagctcca	tgtccgcgtc	gatcgattct	240
tgaacagggg	ctgggaacaa	catggagttc	agatttgccg	ctgtcaaaaa	ccctgatagg	300
aacacgtgga	agaacaccca	gctgggtaaa	gttgataaca	cgagaactgg	aacatctccg	360
tcgcctgtgc	tggcagtgag	cagtgggagag	ccggtgatcg	gcctgaagct	tggcaagaga	420
acttacttcg	aggatgtctg	tggagggcag	aatgtcaaga	gctcgccatc	gggtgctgcg	480
agcgcgccaa	acaaatctcc	tgctttgggc	aagaagqcaa	aggcggaaca	acagaagcca	540


```

cataactcgt actgtcaggt tgaaggctgc aaagtcgacc tctcttctgt taaagattac 600
catcgaaagc acagagtctg tgaacttcac tctaaggctc cgaaagtgtg tgtcgctggg 660
ctggagcgac gcttttgcca acagtgcage cggtttcatg ctttagctga gtttgaccag 720
aaaaagcgaa gctgccgtag gcgtctcaat gatcataatt cccgcaggcg gaagccacag 780
ccagaagcaa tttctttcag ttcatacaag atgtctacga tgttttatga tgcaaggcaa 840
cagccaaatt tcctatttgg tcaggctcct tatgttcaaa tgagaagctg tggaagttct 900
tcattgggatg acccaggagg cttcaaagtt acacacacaa aagctccttg gttaaaacca 960
acaactgctg caggtgttca tgggatacat ttatctagtc agcagatgtc ggacaatatt 1020
atgccacatg gtgcacatca tggtttcgat gggttcatgg cattcaaggg aacttgtaca 1080
aagttcccta atcaaggtgt ccaagcttct gctgttgctt ccgactccag tggagccccg 1140
gatcttcage atgctctctc tcttctgtca agcaaccag tgggtgctgc caacctccag 1200
ccaagtcccc agatgcactc tgggggtggc gccattgccg gcgcccccaa ccccgcgatg 1260
cacgcgtgg gatcatcgac ggggctctgg ctagacggca gccagcccct cgatgatcac 1320
ccgcggttcc aggtcttcga gcgcttgggg gaccatgaca gcgagctcca gctcccaaag 1380
ccttctacg accatgctc gcacttcgac cggatgcact ga 1422

```

<210> 453

<211> 473

<212> PRT

<213> *Triticum aestivum*

<400> 453

```

Met Gly Ser Phe Gly Met Glu Trp Asn Gln Arg Ser Ser Val Leu Trp
1      5      10      15
Asp Trp Glu Asn Phe Pro Pro Ile Gly Glu Asn Pro Lys Asn Ala Met
      20      25      30
Gln Ala Asp Pro Arg Phe Ala Ala Val Ala Ala Thr Met Gly Asn Glu
      35      40      45
Pro Leu His Ser Ser Gly Gly Ser Gly Thr Phe Ser Ser Ser Glu
      50      55      60
Met Gly Tyr Gly Ser Ser Lys Ser Ser Met Ser Ala Ser Ile Asp Ser
      65      70      75      80
Ser Asn Arg Ala Gly Asn Asn Met Glu Phe Arg Phe Ala Pro Val Lys
      85      90      95
Asn Pro Asp Arg Asn Thr Ser Lys Asn Thr Glu Leu Gly Lys Val Asp
      100      105      110
Asn Thr Arg Thr Gly Thr Ser Pro Ser Pro Val Val Ala Val Ser Ser
      115      120      125
Gly Glu Pro Val Ile Gly Leu Lys Leu Gly Lys Arg Thr Tyr Phe Glu
      130      135      140
Asp Val Cys Gly Gly Gln Asn Val Lys Ser Ser Pro Ser Gly Ala Ala
      145      150      155      160
Ser Ala Pro Asn Lys Ser Pro Ala Leu Gly Lys Lys Ala Lys Ala Glu
      165      170      175
Gln Gln Lys Pro His Asn Ser Tyr Cys Gln Val Glu Gly Cys Lys Val
      180      185      190
Asp Leu Ser Ser Val Lys Asp Tyr His Arg Lys His Arg Val Cys Glu
      195      200      205
Leu His Ser Lys Ala Pro Lys Val Val Val Ala Gly Leu Glu Arg Arg
      210      215      220
Phe Cys Gln Gln Cys Ser Arg Phe His Ala Leu Ala Glu Phe Asp Gln
      225      230      235      240
Lys Lys Arg Ser Cys Arg Arg Arg Leu Asn Asp His Asn Ser Arg Arg
      245      250      255
Arg Lys Pro Gln Pro Glu Ala Ile Ser Phe Ser Ser Ser Arg Met Ser
      260      265      270
Thr Met Phe Tyr Asp Ala Arg Gln Gln Pro Asn Phe Leu Phe Gly Gln
      275      280      285
Ala Pro Tyr Val Gln Met Arg Ser Cys Gly Ser Ser Ser Trp Asp Asp
      290      295      300
Pro Gly Gly Phe Lys Val Thr His Thr Lys Ala Pro Trp Leu Lys Pro

```

305					310					315				320
Thr	Thr	Ala	Ala	Gly	Val	His	Gly	Ile	His	Leu	Ser	Ser	Gln	Gln
				325					330					335
Ser	Asp	Asn	Ile	Met	Pro	His	Gly	Ala	His	His	Gly	Phe	Asp	Gly
				340				345					350	
Met	Ala	Phe	Lys	Gly	Thr	Cys	Thr	Lys	Phe	Pro	Asn	Gln	Gly	Val
		355					360					365		
Ala	Ser	Ala	Val	Ala	Ser	Asp	Ser	Ser	Gly	Ala	Pro	Asp	Leu	Gln
	370					375					380			
Ala	Leu	Ser	Leu	Leu	Ser	Asn	Pro	Val	Gly	Ala	Ala	Asn	Leu	Gln
385					390				395					400
Pro	Ser	Pro	Gln	Met	His	Ser	Gly	Val	Ala	Ala	Ile	Ala	Gly	Ala
				405					410					415
Asn	Pro	Ala	Met	His	Ala	Leu	Gly	Ser	Ser	Thr	Gly	Leu	Trp	Leu
			420					425					430	
Gly	Ser	Gln	Pro	Leu	Asp	Asp	His	Pro	Arg	Phe	Gln	Val	Phe	Glu
		435					440						445	
Leu	Gly	Asp	His	Asp	Ser	Glu	Leu	Gln	Leu	Pro	Lys	Pro	Ser	Tyr
	450					455					460			
His	Ala	Ser	His	Phe	Asp	Arg	Met	His						
465					470									

<210> 454

<211> 1491

<212> ADN

5 <213> *Vitis vinifera*

<400> 454

atggatgctg	ttgttttgac	aggtttggaa	gaatctgggg	taagagtaag	ggtggttaat	60
tttatacagg	gcgggcgaga	aatggcattt	ttgttggaa	ctgtgcaaga	agaggacttg	120
ggtagaaaca	tcacgggttc	tacttggtcg	acttggggaa	gaaaggacaa	tcgatatcct	180
tctctaaaag	gggataagga	atttccttct	tgtggcatgt	gggactggga	gaaccttgac	240
atthttcaatg	caaaatcaac	tgaaattcca	aaaaagttac	aatcagactg	ggaaattgaa	300
ggagaaggag	gaattgacac	tggttcttct	tattcatctg	gatgtggtgc	tggtagtggg	360
ggttctggct	ctgatttggg	acatgcata	tcacaaaga	gctcaaaatc	agcttcaatt	420
gattcttcat	caaagggtgg	aataaagaca	tcacacttca	cttttgaggc	tttccaagat	480
ttttctcaag	atthtaacaa	gaagagagat	ttggagaggg	ctgagccaac	tggaagttct	540
ccaaaccttg	aagcctcgat	tggtcttggt	gaacctttta	ttggtctaaa	gcttggtaaa	600
aggacatact	tcgaggatgt	ttctgcaggg	ggcaatgcta	agggtcagat	gttttctgtg	660
attcccatat	catctgatac	cacagcaaa	agatccaggt	tatcttgtca	gaatgcacat	720
gtctcgcgct	gccaagttga	aggatgcaac	cttgaccttt	caacagccaa	agattaccat	780
cgcaaacata	gagtttgtga	aagtcatacc	aaatgcccc	aggtcattgt	agggtggtctg	840
gagcgccgtt	tttgccaaca	gtgtagcagg	ttccatagtt	tgtcagagtt	tgatgaaaag	900
aagagaagct	gtcgcaggcg	tctttctgat	cacaatgcac	gccggcgcaa	accacaacca	960
gaagggatcc	agtcaaattc	ggcgaggctt	tcacattctt	atggtgggaa	gcagcaaatg	1020
agtcttgtgt	tgagctcggt	ccccattggt	catacaaggc	ctgctgtaaa	tccttcatgg	1080
gaaggcacat	gcagcaagtt	cacacaaaca	aaagggttag	taaggcctgg	taacacagga	1140
ggtatcgacc	ggcagctgca	tttgccctggc	agtgcagctg	agaatggcat	tagtacgctt	1200
tgatcatgatt	ccagtaggct	tttgacctct	aagggcgcaa	tagctgaggt	tctcaatcaa	1260
gtgtcccaag	gtatgtttaca	ttcaacctca	gaacactgga	ggacogagct	tcctcaact	1320
gattcccggtg	tgcatatctt	gccttcacaa	ggcgatggta	acacccactt	tcaagagttc	1380
aagctgttca	aagcgccata	cgagtctggc	ttttcttctg	gatattcaga	gtatagggaa	1440
ttgagatatc	cgatttcctag	gagtaacgcc	cgtgtcatga	agcaaacata	g	1491

<210> 455

<211> 496

10 <212> PRT

<213> *Vitis vinifera*

<400> 455

Met	Asp	Ala	Val	Val	Leu	Thr	Gly	Leu	Glu	Glu	Ser	Gly	Val	Arg	Val
1				5					10					15	
Arg	Val	Val	Asn	Phe	Ile	Gln	Gly	Gly	Arg	Glu	Met	Ala	Phe	Leu	Leu
			20					25					30		
Glu	Ser	Val	Gln	Glu	Glu	Asp	Leu	Gly	Arg	Asn	Ile	Ile	Gly	Ser	Thr
		35					40					45			
Trp	Ser	Thr	Trp	Gly	Arg	Lys	Asp	Asn	Arg	Tyr	Pro	Ser	Leu	Lys	Gly
	50					55					60				
Asp	Lys	Glu	Phe	Pro	Phe	Cys	Gly	Met	Trp	Asp	Trp	Glu	Asn	Leu	Asp
65					70					75				80	
Ile	Phe	Asn	Ala	Lys	Ser	Thr	Glu	Ile	Pro	Lys	Lys	Leu	Gln	Ser	Asp
			85						90					95	
Trp	Glu	Ile	Glu	Gly	Glu	Gly	Gly	Ile	Asp	Thr	Gly	Ser	Phe	Tyr	Ser
			100					105					110		
Ser	Gly	Cys	Gly	Ala	Gly	Ser	Gly	Gly	Ser	Gly	Ser	Asp	Leu	Gly	His
		115					120					125			
Ala	Tyr	Ser	Ser	Lys	Ser	Ser	Lys	Ser	Ala	Ser	Ile	Asp	Ser	Ser	Ser
	130					135					140				
Lys	Val	Gly	Ile	Lys	Thr	Ser	Asn	Phe	Thr	Phe	Glu	Ala	Phe	Gln	Asp
145					150					155					160
Phe	Ser	Gln	Asp	Phe	Asn	Lys	Lys	Arg	Asp	Leu	Glu	Arg	Ala	Glu	Pro
			165					170						175	
Thr	Gly	Ser	Ser	Pro	Asn	Leu	Glu	Ala	Ser	Ile	Gly	Ser	Gly	Glu	Pro
			180					185					190		
Leu	Ile	Gly	Leu	Lys	Leu	Gly	Lys	Arg	Thr	Tyr	Phe	Glu	Asp	Val	Ser
		195					200					205			
Ala	Gly	Gly	Asn	Ala	Lys	Gly	Ser	Val	Phe	Ser	Val	Ile	Pro	Ile	Ser
	210					215					220				
Ser	Asp	Thr	Thr	Ala	Lys	Arg	Ser	Arg	Leu	Ser	Cys	Gln	Asn	Ala	His
225					230					235					240
Val	Ser	Arg	Cys	Gln	Val	Glu	Gly	Cys	Asn	Leu	Asp	Leu	Ser	Thr	Ala
			245						250					255	
Lys	Asp	Tyr	His	Arg	Lys	His	Arg	Val	Cys	Glu	Ser	His	Thr	Lys	Cys
			260					265					270		
Pro	Lys	Val	Ile	Val	Gly	Gly	Leu	Glu	Arg	Arg	Phe	Cys	Gln	Gln	Cys
		275					280					285			
Ser	Arg	Phe	His	Ser	Leu	Ser	Glu	Phe	Asp	Glu	Lys	Lys	Arg	Ser	Cys
	290					295					300				
Arg	Arg	Arg	Leu	Ser	Asp	His	Asn	Ala	Arg	Arg	Arg	Lys	Pro	Gln	Pro
305					310					315					320
Glu	Gly	Ile	Gln	Ser	Asn	Ser	Ala	Arg	Leu	Ser	Ser	Phe	Tyr	Gly	Gly
			325						330					335	
Lys	Gln	Gln	Met	Ser	Leu	Val	Leu	Ser	Ser	Val	Pro	Ile	Val	His	Thr
			340					345					350		
Arg	Pro	Ala	Val	Asn	Pro	Ser	Trp	Glu	Gly	Thr	Cys	Ser	Lys	Phe	Thr
		355					360					365			
Gln	Thr	Lys	Gly	Leu	Val	Arg	Pro	Gly	Asn	Thr	Gly	Gly	Ile	Asp	Arg
	370					375					380				
Gln	Leu	His	Leu	Pro	Gly	Ser	Glu	Leu	Gln	Asn	Gly	Ile	Ser	Thr	Leu
385					390					395					400
Cys	His	Asp	Ser	Ser	Arg	Leu	Leu	His	Ser	Lys	Gly	Ala	Ile	Ala	Glu
				405					410					415	
Val	Leu	Asn	Gln	Val	Ser	Gln	Gly	Met	Leu	His	Ser	Thr	Ser	Glu	His
			420					425					430		
Trp	Arg	Thr	Glu	Leu	Pro	Ser	Thr	Asp	Ser	Arg	Val	His	Ile	Leu	Pro
		435					440					445			
Ser	Gln	Gly	Asp	Gly	Asn	Thr	His	Phe	Gln	Glu	Phe	Lys	Leu	Phe	Lys
	450					455					460				
Ala	Pro	Tyr	Glu	Ser	Gly	Phe	Ser	Ser	Gly	Tyr	Ser	Glu	Tyr	Arg	Glu
465					470					475					480
Leu	Arg	Tyr	Pro	Ile	Pro	Arg	Ser	Asn	Ala	Arg	Val	Met	Lys	Gln	Thr
				485					490					495	

<210> 456

<211> 79

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

5

<220>

<223> dominio sbp de SEC ID N°: 2

<400> 456

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

<210> 457

10

<211> 79

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> dominio sbp de SEC ID N°: 7

15

<400> 457

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

<210> 458

<211> 79

<212> PRT

20

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> dominio sbp de SEC ID N°: 9

<400> 458

ES 2 539 530 T3

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

<210> 459

<211> 79

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> dominio sbp de SEC ID N°: 11

<400> 459

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

10 <210> 460

<211> 79

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> dominio sbp de SEC ID N°: 13

<400> 460

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

<210> 461

<211> 108

20 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> dominio sbp de SEC ID N°: 15

<400> 461

```

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

      His Leu Asn Pro Ser Arg Leu Ser Ser Ser Leu Tyr
              100              105

```

5

<210> 462

<211> 98

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

10

<220>

<223> dominio sbp de SEC ID N°: 17

<400> 462

```

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

```

<210> 463

15

<211> 98

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> dominio sbp de SEC ID N°: 19

20

<400> 463

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

<210> 464

<211> 79

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> dominio sbp de SEC ID N°: 21

<400> 464

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

10 <210> 465

<211> 82

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> dominio sbp de SEC ID N°: 23

<400> 465

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

<210> 466

<211> 75

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> dominio sbp de SEC ID N°: 25

5 <400> 466

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

<210> 467

<211> 85

<212> PRT

10 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> dominio sbp de SEC ID N°: 27

<400> 467

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

15 <210> 468

<211> 81

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

20 <223> dominio sbp de SEC ID N°: 29

<400> 468

ES 2 539 530 T3

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

<210> 469

<211> 6

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> motivo 1

<400> 469

Trp Asp Trp Glu Asn Leu
 1 5

10 <210> 470

<211> 12

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

15 <223> motivo 2

<400> 470

Ser Lys Ser Ser Gln Ser Thr Ser Ile Asn Ser Ser
 1 5 10

<210> 471

<211> 7

20 <212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> motivo 3

<400> 471

Ala Leu Ser Leu Leu Ser Thr

25 1 5

<210> 472

<211> 6

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

ES 2 539 530 T3

<220>
 <223> motivo 4
 <400> 472

	Leu	Lys	Leu	Gly	Lys	Arg	
	1				5		

5 <210> 473
 <211> 56
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>

10 <223> cebador 1
 <400> 473
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt aaacaatgga ctgcaacatg gtatct 56
 <210> 474
 <211> 54

15 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>

<223> cebador 2
 <400> 474

20 ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc acattactta ctcacttatt ttgg 54
 <210> 475
 <211> 9
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

25 <220>
 <223> caja de promotor
 <220>

<221> misc_feature
 <222> (2)..(2)

30 <223> n es a, c, g o t
 <400> 475
 tncgtacaa 9
 <210> 476
 <211> 2194

35 <212> ADN
 <213> *Oryza sativa*

<400> 476

aatccgaaaa	gtttctgcac	cgttttcacc	ccctaactaa	caatataggg	aacgtgtgct	60
aaatataaaa	tgagacctta	tatatgtagc	gctgataact	agaactatgc	aagaaaaact	120
catccaccta	ctttagtggc	aatcgggcta	aataaaaaag	agtcgctaca	ctagtttcgt	180
tttccttagt	aattaaagtgg	gaaaaatgaaa	tcattattgc	ttagaatata	cgttcacatc	240
tctgtcatga	agttaaatta	ttcgaggtag	ccataattgt	catcaaactc	ttcttgaata	300
aaaaaatctt	tctagctgaa	ctcaatgggt	aaagagagag	atTTTTTTT	aaaaaataga	360
atgaagatat	tctgaacgta	ttggcaaaaga	tttaaacata	taattatata	atTTTtatagt	420
ttgtgcattc	gtcatatcgc	acatcattaa	ggacatgtct	tactccatcc	caatttttat	480
ttagttaatta	aagacaattg	acttattttt	attattttatc	ttttttcgat	tagatgcaag	540
gtacttacgc	acacactttg	tgctcatgtg	catgtgtgag	tgacacctct	caatacacgt	600
tcaactagca	acacatctct	aatatcactc	gcctatttta	tacatttagg	tagcaatatc	660
tgaattcaag	cactccacca	tcaccagacc	acttttaata	atatctaaaa	tacaaaaaat	720
aatttttacag	aatagcatga	aaagtatgaa	acgaactatt	taggtttttc	acatacaaaa	780
aaaaaaagaa	ttttgtcgt	gcgcgagcgc	caatctccca	tattgggcac	acaggcaaca	840
acagagtggc	tgccacaga	acaaccacaca	aaaaacgatg	atctaacgga	ggacagcaag	900
tcgcaacaa	ccttttaaca	gcaggctttg	cggccaggag	agaggaggag	aggcaaaaga	960
aaccaagcat	cctccttctc	ccatctataa	attcctcccc	ccttttcccc	tctctatata	1020
ggaggcatcc	aagccaagaa	gagggagagc	accaaggaca	cgcgactagc	agaagccgag	1080
cgaccgcctt	ctcgatccat	atcttccggg	cgagtctctg	gtcgatctct	tccctcctcc	1140
acctcctcct	cacagggtat	gtgcctccct	tccgttggtc	ttggatttat	tgttctaggt	1200
tgtgtagtag	ggcggttgat	gttaggaaag	gggatctgta	tctgtgatga	ttcctgttct	1260
tggtttggg	atagaggggt	tcttgatgtt	gcattgttatc	ggttcgggtt	gattagtagt	1320
atggttttca	atcgtctgga	gagctctatg	gaaatgaaat	ggtttaggga	tcggaatctt	1380
gcgattttgt	gagtaccttt	tgtttgagggt	aaaatcagag	caccgggtgat	tttgcttggt	1440
gtaataaagt	acgggttggtt	ggctcctcgat	tctggtagtg	atgcttctcg	atttgacgaa	1500
gctatccttt	gtttattccc	tattgaacaa	aaataatcca	actttgaaga	cggctccggt	1560
gatgagattg	aatgattgat	tcttaagcct	gtccaaaatt	tgcgagctgg	cttggttaga	1620
tacagttagtc	cccatcacga	aattcatgga	aacagttata	atcctcagga	acaggggatt	1680
cctgttctt	ccgatttgct	ttagtccag	aatttttttt	cccaaatac	ttaaaaagtc	1740
actttctggt	tcagttcaat	gaattgattg	ctacaaataa	tgcttttata	gcgttatcct	1800
agctgtagtt	cagttaatag	gtaatacccc	tatagtttag	tcaggagaag	aacttatccg	1860
atttctgata	tccattttta	attatatgaa	atgaactgta	gcataagcag	tattcatttg	1920
gattattttt	tttattagct	ctcaccctt	cattattctg	agctgaaagt	ctggcatgaa	1980
ctgtcctcaa	ttttgttttc	aaattcacat	cgattatcta	tgcatatatc	tcttgtatct	2040
acctgtagaa	gtttcttttt	ggttattcct	tgactgcttg	attacagaaa	gaaatttatg	2100
aagctgtaat	cgggatagtt	atactgcttg	ttcttatgat	tcatttcctt	tgtgcagttc	2160
ttggtgtagc	ttgccacttt	caccagcaaa	gttc			2194

<210> 477

<211> 1827

5

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 477

gcttgagtc	tagggagaaa	acaaatcgat	catatttgac	tcttttccct	ccatctctct	60
taccggcaaa	aaaagtagta	ctggtttata	tgtaaagtaa	gattctttta	ttatgtgaga	120
tccggcttaa	tgcttttctt	ttgtcacata	tactgcattg	caacaattgc	catatattca	180
cttctgccat	cccattatat	agcaactcaa	gaatggattg	atatacccc	tattactaat	240
ctagacatgt	taaggctgag	ttgggcagtc	catcttccca	acccaccacc	ttcgtttttc	300
gcgcacatac	ttttcaaact	actaaatggt	gtgtttttta	aaaatatttt	caatacaaaa	360
gttgctttta	aaaattatat	tgatccattt	ttttaaaaa	aatagcta	acttaattaa	420
tcacgtgtta	aaagaccgct	ccgttttgcg	tgaggaggag	ataggttcac	atcctgcatt	480
accgaacaca	gcctaaatct	tgttgtctag	attcgtagta	ctggatata	taaatacatgt	540
tctaagttac	tatatactga	gatgaataga	ataagtaaaa	ttagaccac	cttaagtctt	600
gatgaagtta	ctactagctg	cgtttgggag	gacttcccaa	aaaaaaaagt	attagccatt	660

ES 2 539 530 T3

agcacgtgat	taattaagta	ctagttttaa	aaactttaaa	aataaattaa	tatgattctc	720
ttaagtaact	ctcctataga	aaacttttac	aaaattacac	cgtttaatat	tttggaataa	780
atgtcagtaa	aaaataagag	agtagaagtt	atgaaagtta	gaaaaagaat	tgtttttagta	840
gtatacagtt	ataaactatt	ccctctgttc	taaaacataa	gggattatgg	atggattcga	900
catgtaccag	taccatgaat	cgaatccaga	caagtttttt	atgcatattt	attctactat	960
aatatatcac	atctgctcta	aatatcttat	atttcgaggt	ggagactgtc	gctatgtttt	1020
tctgcccgtt	gctaagcaca	cgccaacccc	gatgcgggga	cgctcttggc	cttcttgcca	1080
cgataattga	atggaacttc	cacattcaga	ttcgataggt	gaccgtcgac	tccaagtgtc	1140
ttgcacaaaa	caactccggc	ctcccggcca	ccagtcacac	gactcacggc	actaccaccc	1200
ctgactccct	gaggcggacc	tgccactggt	ctgcatgcga	agctatctaa	aattctgaag	1260
caaagaaaagc	acagcacatg	ctccgggaca	cgcgccaccc	ggcggaataa	ggctcgggtg	1320
ggcgatctca	cagccgcata	tcgcatttca	caagccgccc	atctccaccg	gcttcacgag	1380
gctcatcgcg	gcacgaccgc	gcacggaacg	caagcgcccg	acccgcgcgc	ctcgatgcgc	1440
gagcccatcc	gcgcgctcct	ccctttgcct	ttgcgcgtat	cctctcggtc	gtatcccgtt	1500
tctctgtctt	ttgctccccc	gcgcgcgcga	gttcggagta	ccagcgaaac	ccggacacct	1560
ggtacacctc	cgccggccac	aacgcgtgtc	ccoctacgtg	gccgcgcagc	acatgcccat	1620
gcgcgacacg	tgacctcctc	catccaaact	ctcaagtctc	aacggtccta	taaatgcacg	1680
gatagcctca	agctgctcgt	cacaaggcaa	gaggcaagag	gcaagagcat	ccgtattaac	1740
cagccttttg	agacttgaga	gtgtgtgtga	ctcgatccag	cgtagtttca	gttcgtgtgt	1800
tgggtgagtga	ttccagccaa	gtttgcg				1827

<210> 478

<211> 100

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> dominio sbp consenso de polipéptidos SPL11

<220>

<221> INCIERTO

10 <222> (26)..(26)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<220>

<221> INCIERTO

<222> (30)..(30)

15 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<220>

<221> INCIERTO

<222> (49)..(69)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural o un espacio

20 <400> 478

ES 2 539 530 T3

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

REIVINDICACIONES

1. Un procedimiento para aumentar el rendimiento de las semillas en plantas con respecto a las plantas de control, que comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11, en el que dicho polipéptido SPL11 comprende un dominio SBP que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 90 %, 95 %, 97 % o más con una cualquiera de SEC ID N°: 456 a SEC ID N°: 468 y SEC ID N°: 478, en el que dicho rendimiento de semilla aumentado comprende preferentemente aumento del peso total de semilla, del número de semillas llenas, del número de semillas o floretes por panícula, del peso de mil granos, de la tasa de llenado de la semilla y/o del índice de cosecha, con respecto a plantas de control.
2. El procedimiento de acuerdo con la reivindicación 1, en el que dicho polipéptido SPL11, además del dominio SBP, comprende uno cualquiera o más de los siguientes motivos conservados:
 - (i) Motivo 1 como se representa por la SEC ID N°: 469 en el que se permite cualquier sustitución de aminoácidos conservativa y/o 1 o 2 sustituciones no conservativas;
 - (ii) Motivo 2 como se representa por la SEC ID N°: 470 en el que se permite cualquier cambio, a condición de que al menos 4 aminoácidos tengan una cadena lateral polar, preferentemente serina o treonina, y a condición de que el dominio se localice en el extremo N terminal del dominio SBP;
 - (iii) Motivo 3 como se representa por la SEC ID N°: 471, en el que se permiten 1 o 2 emparejamientos erróneos;
 - (iv) Motivo 4 como se representa por la SEC ID N°: 472, en el que se permiten 1, 2 o 3 emparejamientos erróneos.
3. El procedimiento de acuerdo con la reivindicación 1 o 2, en el que dicha expresión aumentada se efectúa introduciendo y expresando en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 como se define en la reivindicación 1 o 2.
4. El procedimiento de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en el que dicho ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 codifica una cualquiera de las proteínas indicadas en la Tabla G1 o es una porción de dicho ácido nucleico, o un ácido nucleico capaz de hibridar con dicho ácido nucleico y/o en el que dicha secuencia de ácido nucleico codifica un ortólogo o parálogo de cualquiera de las proteínas indicadas en la Tabla G1 y/o en el que dicho ácido nucleico codifica la SEC ID N°: 428.
5. El procedimiento de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4, en el que dicho rendimiento de semilla aumentado se obtiene en condiciones de no estrés y/o en el que dicho rendimiento de semilla aumentado se obtiene en condiciones de crecimiento con estrés por sequía leve.
6. El procedimiento de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, en el que dicho ácido nucleico está unido operativamente a un promotor constitutivo, preferentemente a un promotor GOS2, más preferentemente a un promotor GOS2 de arroz y/o en el que dicho ácido nucleico está unido operativamente a un promotor específico de semilla, preferentemente a un promotor WSI18, más preferentemente a un promotor WSI18 de arroz.
7. Una molécula de ácido nucleico aislada que comprende:
 - (i) un ácido nucleico representado por la SEC ID N°: 448;
 - (ii) el complemento de un ácido nucleico representado por la SEC ID N°: 448;
 - (iii) un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más con la secuencia de aminoácidos representada por SEC ID N°: 449, y que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más con la SEC ID N°: 465:

SYCQVEGCRTDLSSAKDYHRKHRVCEPHSKAPKVVVAGLERRFCQQCSRFGHGLAEFDQKKKSCRRR
LNDHNARRRRKPQPEAL.
8. Un polipéptido de la proteína de unión al promotor squamosa aislado de tipo 11 (SPL11) que comprende:
 - (i) una secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID N°: 449;
 - (ii) una secuencia de aminoácidos que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más con la secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID N°: 449, y que tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de secuencia de al menos 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más con la SEC ID N°: 465:

SYCQVEGCRTDLSSAKDYHRKHRVCEPHSKAPKVVVAGLERRFCQQCSRFGHGLAEFDQKKKSCRRR
LNDHNARRRRKPQPEAL.
9. Una construcción que comprende:

- (i) un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 como se define en la reivindicación 1, 2 o 7;
 - (ii) una o más secuencias de control capaces de dirigir la expresión de la secuencia de ácidos nucleicos de (i); y opcionalmente
 - (iii) una secuencia de terminación de la transcripción.
- 5 10. Una construcción de acuerdo con la reivindicación 9, en la que una de dichas secuencias de control es un promotor constitutivo, preferentemente un promotor GOS2, más preferentemente un promotor GOS2 de arroz y/o en la que una de dichas secuencias de control es un promotor específico de semilla, preferentemente un promotor WSI18, más preferentemente un promotor WSI18 de arroz.
- 10 11. El uso de una construcción de acuerdo con la reivindicación 9 o 10, en un procedimiento para fabricar plantas que tienen rendimiento de semilla aumentado con respecto a plantas de control.
12. Una planta, parte de planta o célula de la planta transformada con una construcción de acuerdo con la reivindicación 9 o 10.
13. Un procedimiento para la producción de una planta transgénica que tiene rendimiento de semilla aumentado con respecto a las plantas de control, que comprende:
- 15 (i) introducir y expresar en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 como se define en la reivindicación 1, 2 o 7; y
- (ii) cultivar la célula de planta en condiciones que promuevan el crecimiento y el desarrollo de la planta.
14. Una planta transgénica que tiene rendimiento de semilla aumentado con respecto a plantas de control, resultante de la expresión aumentada de un transgén de ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 como se define en la
- 20 reivindicación 1, 2 o 7, o una célula de planta transgénica procedente de dicha planta transgénica.
15. Planta transgénica de acuerdo con la reivindicación 12 o 14, o una célula de planta transgénica procedente de la misma, en la que dicha planta es una planta de cultivo dicotiledónea tal como soja, algodón o canola o una planta de cultivo monocotiledónea o cereal, tal como arroz, maíz, trigo, centeno, mijo, cebada, triticale, sorgo y avena y en la que dicha planta o célula de la planta transgénica comprende un ácido nucleico recombinante que codifica un
- 25 polipéptido SPL11 como se define en la reivindicación 1, 2 o 7.
16. Partes cosechables de una planta de acuerdo con la reivindicación 15, en las que dichas partes cosechables son preferentemente biomasa de brotes, flores y/o semillas, y en las que las células de dichas partes cosechables comprenden un ácido recombinante que codifica un polipéptido SPL11 como se define en la reivindicación 1, 2 o 7.
17. El uso de un ácido nucleico que codifica un polipéptido SPL11 como se define en la reivindicación 1, 2 o 7, para
- 30 aumentar el rendimiento de semillas y/o la biomasa de brotes en las plantas con respecto a plantas de control.

MDCNMVSSSQ**WDWEHL**IMSNPSRTEDDSKQLPTEWEIEKGGEGIESIVPH
 FSGLERVSSGSATSFWHTAV**SKSSQSTSINSS**SPEAKRCKLASESSPGD
 SCSNIDFVQVKAPTALEVSVASAESDLC**LKLGR**TYSEEYWGRNNNEIS
 AVSMKLLTPSVVAGKSKLCGQSMFVPR**QCIDGCELDLSSAKGYHRKHKV**
CEKHSKCPKVSVSGLERRF**COOCSR**FHAVSEFDEKKR**SCRKRLSHHNAR**
RRKPOGVFSMNPERVYDRROHTNMLWNGVSLNARSEEMYEWGNNTYDTK
 PRQTEKSFTLSFQRGNGSEDQLVASSSRMFSTSQTSGGFPAGKSKFQLH
 GEDVGEYSGVLHESQDIHR**ALSLLS**STSSDPLAQPHVQPFSLLCSDVVP
 K

FIGURA 1

		1	50
SECID455	(1)	MDAVVLTGLEESGVRVRVNF	IQGGREMAFLLESVQEDDLGRNIIGSTAS
SECID453	(1)	-----	-----MGSFGMDMDWN
SECID451	(1)	-----	-----MGSFGMDMDWN
SECID449	(1)	-----	-----MGSFGMDMDWN
SECID447	(1)	-----	-----MGSFGMDMDWN
SECID445	(1)	-----	-----MGSFGMDMDWN
SECID443	(1)	-----	-----MGSFGMDMDWN
SECID441	(1)	-----	-----MGSFGMDMDWN
SECID439	(1)	-----	-----MGSFGMDMDWN
SECID437	(1)	-----	-----MGSFGMDMDWN
SECID435	(1)	-----	-----MGSFGMDMDWN
SECID433	(1)	-----	-----MGSFGMDMDWN
SECID428	(1)	-----	-----MGSFGMDMDWN
Consenso	(1)		MDWN

		51	100
SECID455	(51)	TWGRKDNRYPSLKGDK	EFPCGMWDRENLDIFNAKSTETPKKL-QSDWEI
SECID453	(10)	-----	-----QKSSVLDWENLFPPIG-----ENPKNAMQADPRF
SECID451	(10)	-----	-----QKDPVVDWENLFPSPVSNVTR-----
SECID449	(12)	-----	-----QKASVLLWDEHLPAAANGSES-----
SECID447	(5)	-----	-----AKPFFQWLENLISFGTSSAETPKKQRPMDWEN
SECID445	(5)	-----	-----STSEGNWENLHAGLSAKASDIPKQPLAYHET
SECID443	(5)	-----	-----GRPHQWDEHSLMFNGITTENSHQLSPTLET
SECID441	(11)	-----	-----GRPHQWDEHSLMFNATITENSHQLSLTLET
SECID439	(10)	-----	-----QKSPFWWENLPAPFGPNTMENPKSIPHPAPRG
SECID437	(10)	-----	-----QKSSVLDWENLFPPIGNSANENKNVLAESKL
SECID435	(5)	-----	-----AKPFFQWLENLISFGTSTAETPKKQRPMDWEN
SECID433	(5)	-----	-----MVSEFPWENLIMSNQSKTENEKKQSTWEF
SECID428	(5)	-----	-----MVSSSQWDWEHLIMSNPSRTEDDSKQLPTEWEI
Consenso	(51)	KSSV	WDWENLI E PK L D E

FIGURA 2

		101		150
SECID455	(100)	EGEGGIDTGSFYSSGCGAGSGGGGDLGHAYSSKSSKSASTDSSS-KVGI		
SECID453	(39)	AAVAATMGNEPLHSSCGG-TFSSSEEMGYSSKSSMSASTDSSNRAGNN		
SECID451	(32)	-----HGSANSSCG-----TLNNGELCHSSKSSISASTDPSGVENS		
SECID449	(35)	-----HRTTAAPQFAGLEATGHEPAPSSVSSSIHSLPSAKGN		
SECID447	(38)	DGFDCTTFYSSSFATEAYGGGSSGDLAHFSSKSSKSTSSSS--SAEV		
SECID445	(37)	EGDGAIDKAITYSE----GGGLSSDLWHCSSSKSSVSPSVDSSL-KGGI		
SECID443	(38)	DGEKGTDSGFFYSSGSAIRSGGSSDLELASFFCSKSSASTNSSS-AGEV		
SECID441	(44)	DGEKGTDSGFFYSSGSAIRSGGSSDLELASFFCSKSSASTNSSS-AGEV		
SECID439	(43)	VVVAAN-HGSTNSSCG---TFSSSELNASSSLSASFDSSSKLNS		
SECID437	(43)	AVGVGDIGHESGHSSCG---TFSSSEIEYSSKSSISASTDPSKVENT		
SECID435	(38)	DGFDCTSLYSSSFAYASS----CSDIHAFSSKSSKSTSSSS--SAEV		
SECID433	(38)	DKGEGIESIVPDLGFEKVSSGSAISFWHTAVSSSQSTSSNSS--SPED		
SECID428	(38)	DKGEGIESIVPHFGLERVSSGSAISFWHTAVSSSQSTSSNSS--SPEA		
Consenso	(101)	DG G S GS SSSS G A SKSS SASI SS AG		
		151		200
SECID455	(149)	KTSNITFEAFQDFSQDFNKKRDLEAEPGSSPNLEASTSSCG-PLGLLK		
SECID453	(88)	MEFRAPVKNPDRNTSKNTELGVNDTRIGTSPFVWASSCG-PVGLLK		
SECID451	(71)	LEFNFAAVERHVKNKTGN-----GVDDGNSPSSMTAFNOGE-PLISLK		
SECID449	(73)	KNKN-----N---MELISFAPAKAPDKDTGSVLSSEFPVVLGLK		
SECID447	(86)	RTYNTTEAGESVPPGEL-GSSEEFAMGIDASPTIELFGGCG-PVGLLK		
SECID445	(82)	KTY-----STADGFPGVIIRKDLTVESTENIPSLGASASGE-PVGLLK		
SECID443	(87)	KTSKITLEASKANPSDYN-KKEICMAKTASMSEIEAGGSGD-QLGLLK		
SECID441	(93)	KTSKITLEASKINPSDYN-KEELVAKAIDTSTIEASGSGD-QLGLLK		
SECID439	(89)	LEFRFASVKGHGCKNMCKDGE--AGFVEDSGTSP--AVAVSHGE-PVGLLK		
SECID437	(90)	IELNFASAAEHDKNMDK----GKSVDDGTERFPVVAANRVE-PLGLLK		
SECID435	(81)	ETHNITSETGESLP-----G---EFAKGIDTSPTELEFGGCG-PVGLLK		
SECID433	(86)	KRCNLASQSSPGDS-----SSNIDFLQVKPSTALEVPIASAE-SDLCCK		
SECID428	(86)	KRCNLASQSSPGDS-----CSNIDFVQVKAPTALVVSASAE-SDLCCK		
Consenso	(151)	K NF S A R T SPSLEVSVGSGE PVLG LG		
		201		250
SECID455	(198)	LGKRTYFEDVSAG-GNAGGVF-EVIPSSGDTAKE-SLSCONAHV---		
SECID453	(137)	LGKRTYFEDVCGG-QNVKSSPSGLASAPNKSPALGKAKAEQOKPHN---		
SECID451	(115)	LGKRAYFINACGG-QDAVVS---IASDVTGAASVVEKTIVSQONAKN---		
SECID449	(109)	LGKRTYFEDGCELGSCKSSAALGTASAAAPPGPAKAKAAAAPTAQOQ		
SECID447	(134)	LGKRTYFEDFWEV-ENAKGGL-PVSLASSASPVIKSKTLSPKLQT---		
SECID445	(126)	LGKRTYFEDICTIT-STASSSS-SIVSTECATTKE-KRASYPSTQS---		
SECID443	(135)	LGKRTYFEDAPAG-MNVQSSSF-STVPSPFTSAKK-LKETIQSQA---		
SECID441	(141)	LGKRTYFEDACGG-SMAQSSSI-STIPVPFTPAKK-LKGNHQSQA---		
SECID439	(134)	LGKRTYFENVCGG-QNVKSSS--ASGVTCPSIVVKRMKVQOSTQS---		
SECID437	(135)	LGKRTYFEDVCGG-QNVKSSPSGVSVATP-EPGLAKKVEVQONTQN---		
SECID435	(122)	LGKRTYFEDFWEV-ENAKGLGL-PVTLASSVSPVKSSHIPORLQT---		
SECID433	(129)	LGKRTYSEEFWGR-MINDLSAV-SMNLTPSVVARKKTKSCGAMQV---		
SECID428	(129)	LGKRTYSEEFWGR-MINEISAV-SMKLTPSVVAGE-SLCGQMPV---		
Consenso	(201)	LGKR TYFED CGG QNAKSSA S VSSS S KSKSS QS		

FIGURA 2 (continuación)

		251		300
SECID455	(242)	-SRCQVEGCHDLSSAKDYHRKHRVCE	HSK PKVIVAGLERRFCQCS-	
SECID453	(183)	-SYCOVEGCKDLSSVKKDYHRKHRVCE	LHSAKPKVIVAGLERRFCQCS-	
SECID451	(158)	-WYCOVEGCKDLSSAKDYHRKHRVCE	LHSAKPKVIVAGLERRFCQCS-	
SECID449	(159)	KSYCOVEGCHDLSSAKDYHRKHRVCE	PHSAKPKVIVAGLERRFCQCS-	
SECID447	(179)	-PHCOVEGCHDLSSAKDYHRKHRVCE	LHSAKPKVIVAGLERRFCQCS-	
SECID445	(170)	-PRCOVEGCHDLSSAKDYHRKHRVCE	LHSAKPKVIVAGLERRFCQCS-	
SECID443	(179)	-PCCOVEGCHDLSSAKDYHRKHRVCE	LHSAKPKVIVAGLERRFCQCS-	
SECID441	(185)	-PRCOVEGCHDLSSAKDYHRKHRVCE	LHSAKPKVIVAGLERRFCQCS-	
SECID439	(178)	-SYCOVEGCKDLSSAKDYHRKHRVCE	LHSAKPKVIVAGLERRFCQCS-	
SECID437	(180)	-PHCOVEGCHDLSSAKDYHRKHRVCE	LHSAKPKVIVAGLERRFCQCS-	
SECID435	(167)	-PHCOVEGCHDLSSAKDYHRKHRVCE	LHSAKPKVIVAGLERRFCQCS-	
SECID433	(174)	-PRCOVEGCHDLSSAKDYHRKHRVCE	LHSAKPKVIVAGLERRFCQCS-	
SECID428	(173)	-PRCOVEGCHDLSSAKDYHRKHRVCE	LHSAKPKVIVAGLERRFCQCS-	
Consenso	(251)	SYCOVEGCHDLSSAKDYHRKHRVCE HSK PKVIVAGLERRFCQCS-		

		301		350
SECID455	(290)	-----REHLSSEFDEKKRSCRRLSDHNARRRKPO		
SECID453	(232)	-----FHGLAEFDQKKRSCRRLSDHNARRRKPO		
SECID451	(207)	-----FHGLAEFDQKKRSCRRLSDHNARRRKPO		
SECID449	(209)	-----FHGLAEFDQKKRSCRRLSDHNARRRKPO		
SECID447	(228)	KSSRYWFIQKPLFLIVFGLQRFHCLSEFDEKKRSCRRLSDHNARRRKPO		
SECID445	(218)	-----REHLSSEFDEKKRSCRRLSDHNARRRKPO		
SECID443	(228)	KIIPSFY--DCIDNLGFGCQRFHCLSEFDEKKRSCRRLSDHNARRRKPO		
SECID441	(233)	-----REHLSSEFDEKKRSCRRLSDHNARRRKPO		
SECID439	(227)	-----FHGLAEFDQKKRSCRRLSDHNARRRKPO		
SECID437	(229)	-----FHGLAEFDQKKRSCRRLSDHNARRRKPO		
SECID435	(216)	-----FHCLSEFDEKKRSCRRLSDHNARRRKPO		
SECID433	(223)	-----FHAVSEFDEKKRSCRRLSDHNARRRKPO		
SECID428	(222)	-----FHAVSEFDEKKRSCRRLSDHNARRRKPO		
Consenso	(301)	FHGLSEFDEKKRSCRRLSDHNARRRKPO		

		351		400
SECID455	(320)	PEAIQSNSAASS-----FYGGKQMSLYLSSVRIVHTSPAVNP		
SECID453	(261)	PEAISFSSSRM-ST-----MFIYDARQOPNFLEGQAPYVQMRSCSS		
SECID451	(236)	ACTISFNS-----TMYDTRORTNLFESQPLYGQVESNAIS		
SECID449	(238)	PEAIPFGSS-----LSAMTYDTRQASLLEGEGPYGQMRSCSS		
SECID447	(277)	-----NPGRTY-----		
SECID445	(248)	PEAIRFNSARPSSSPSSFYGCHFNKDGROQMNYLNRVPFLAG----	NS	
SECID443	(275)	PGSVHLM-SPVSS-----LYDERQOMSLANDRAFLVHAPNANL		
SECID441	(262)	PGSVHLMPSKSSS-----LYDERQOMSHVADKALVHSPNANL		
SECID439	(256)	QEAISFGSS--RLA-----TMYDARQQTDYEGQSEFGQVESNAIS		
SECID437	(258)	PEAISLSSRL-ST-----LLYGDARQQASFLLEGQAPYQMGSCSS		
SECID435	(244)	-----NPGRTYDG-----NPGVDFVNRFLAIHPSEEKF		
SECID433	(252)	-GVFPLNPERVYDR-----PGHTSMNLNGLSLNTR-SEEKY		
SECID428	(251)	-GVFSMIPERYDR-----PGHTSMNLNGLVSLNAR-SEEMY		
Consenso	(351)	PEAI NSSRL	F D RQQ LLF P RS A	

FIGURA 2 (continuación)

		401		450
SECID455	(359)	SWEG--TCS--KFTQTKG--LVPRGNTGCTHROHHPGS---EQNGIST		
SECID453	(301)	EWED--PGG--FKVTHHTAPWLKPTTAAGVHG--THSSQ---QMSDNIMP		
SECID451	(273)	SWDN--LGG--LRFMETSHPPVHTTKTASPE--LHFSAL---QITS-ANA		
SECID449	(278)	WNSPGAGGGGFKFAETGAPWLKPARAAAGLPLPSGQQQQQVWDSIP		
SECID447	(283)	-----		
SECID445	(294)	TSQS--ECG--FKVTHAGDFFIRPAKAGCTHROHSYPCN---EVPDAAST		
SECID443	(314)	WLEG--TYI--SKFTITSDYIAKPAEIGGNGQFHLPGF---DTNGIDI		
SECID441	(302)	WELS--TST--SKFTITREYIAKPAEIGGSRRHHPGI---DTNSINI		
SECID439	(296)	ECEN--LGG--FKFTKALPWWKPMKTIQED--LNFSTL---QMPGNVVS		
SECID437	(299)	-WNPVPVG--FKFTATAPWSPTTAAAGVHG--THSSNQ---QASGNVLP		
SECID435	(274)	WPS--SKH--VPSRVLPQPAKTEISDTEHNRFGLDLP---KTKTARAE		
SECID433	(286)	WNG-----TITYETKPTQMESGFTLSFQRGNGSE---DQLFTGST		
SECID428	(285)	EWGN-----NTYDTKPRQTEKSFTLSFQRGNGSE---DQLVASSS		
Consenso	(401)	SWD	K T K KP AGLD L L	L S
		451		500
SECID455	(400)	LCHDSSR-----LLHSGAIAEVL-HQVSQGLHST-----		
SECID453	(343)	HGAVHG-FD--GFMAFKGTCTKFP--HQVQASAVVSDS--GAPDLQHAL		
SECID451	(314)	HTGHHHDL--GFMAFKGTSTKVL--HQVEAWAAASSN--NGGPEGGRAL		
SECID449	(328)	HVAHQEDFDGFTVTAFKGISPKTLDHQAGVEACAAVSPDGAFLQRAL		
SECID447	(283)	-----		
SECID445	(337)	IPTDSK-----IISPERSTPQVF--SQGFEGSALTENIE--VAPDLRRAL		
SECID443	(357)	QHHSKSNSS--LPSKGRATAAETL--HQLEEYIIPSKAE--AAPSHRAL		
SECID441	(345)	QHHSKSNGF--LPSKAGTAGEVLL--HQGLFCLHFEKQAS--QLLH-----		
SECID439	(338)	HTVHHHDFD--GLIPFKENTPKVL--HQGVDPACAVVSN--NGAPDLRRAL		
SECID437	(342)	HGAVHS-FD--GLMAFKETNAKVL--HQMEASAVVSGSA--RGPDFEHAL		
SECID435	(317)	LFSKEKVT---ISSHMGASQDLD--GALSLLSNSTTWVS--SDQPRFT		
SECID433	(322)	LSFSAFQT---SGGFSAGKSNLQ--LPDKGVGECGGLH--EHHDFYSAL		
SECID428	(322)	RMFSTSQT---SGGFPAGKSKFQ--LHGEDVGEYSGLVH--EQDIHPRAL		
Consenso	(451)	H	FKG VL NQG AS S APD R	AL
		501		550
SECID455	(430)	-----		
SECID453	(387)	SLSSNPVQ-----AANLQSPQMHSQVAAIAGAPNPAMHAL		
SECID451	(360)	SLSDGSGWSS-----S--AVIQOPTSHADAGALLPPLATVAVSNA		
SECID449	(378)	SLSSNPAGGGGTNTNHPPPPAELHHHRAAPSSCLAAGSVSVLQEASS		
SECID447	(283)	-----		
SECID445	(379)	SLSTTSWGSN-----EHGSTSLDQLMLANQTSMTQPMINAEQNC		
SECID443	(402)	SLLNNSWLSR-----EPQSISFEQPVHTN--HTTQSVLQVIPQNSP		
SECID441	(385)	-----		
SECID439	(385)	SLSDSDSWG-----PADVQAGSQVHPGGVMPPLAVAAATVTA		
SECID437	(386)	SLSDIDSVG-----AANLQPGSQIHGCVTAIAGTSNPVMMPS		
SECID435	(360)	LDHHPSS-----NL		
SECID433	(365)	SLHSTTS-----DS		
SECID428	(365)	SLHSTTS-----DP		
Consenso	(501)	SLLS	S G	

FIGURA 2 (continuación)

	551	600
SECID455	(430)	---SEHWRTLPSTDSRVHILPSQGDGNTHFQEFKLFKAPYESGFSSGYS
SECID453	(424)	GSSTGLWLDGSQPLDDHPRFQVFERLG--DHDSELQLPKPSYDHASHFDR
SECID451	(400)	----AAAGHPLDPSPGR--FWPQDDHPFLVDGPATQIPELAHLRIW----
SECID449	(428)	PGLWQDGGGSAALGHHAHARLQALDAAMATAQELLQLPRPPPSYGGSSSH
SECID447	(283)	-----
SECID445	(421)	VASSENARMEQASLESRVHSLDLHDNGNVQLQEFQLLKAPYATGCFYSNQ
SECID443	(442)	LASSEYWRTEQPSTDSQVHTLTSH-----
SECID441	(385)	-----
SECID439	(422)	PTNPVSVMHALHPSTGGGGFWQDGDPPPLD-HASQAQAFMHPGNGSSSG
SECID437	(423)	---PAIWQGG-LSLDQQAQFQAFDRLGNDDDEDHLQLPKPSYDNS-HYDQ
SECID435	(369)	QPVAHRSAAQLNSVSGYWQPDPPAVEGPTALHRNGVQGFNENYFSLNQFY
SECID433	(374)	QGIKHTPVAEPPPIFGTFPSHFI-----
SECID428	(374)	LAQPHVQPFSLLCSDYDVVPK-----
Consenso	(551)	

	601	620
SECID455	(477)	EYRELRYPPIPRSNARVMKQT
SECID453	(472)	MH-----
SECID451	(440)	-----
SECID449	(478)	YDLMR-----
SECID447	(283)	-----
SECID445	(471)	FS-----
SECID443	(466)	-----
SECID441	(385)	-----
SECID439	(471)	YGHLH-----
SECID437	(468)	MN-----
SECID435	(419)	N-----
SECID433	(397)	-----
SECID428	(394)	-----
Consenso	(601)	

FIGURA 2 (continuación)

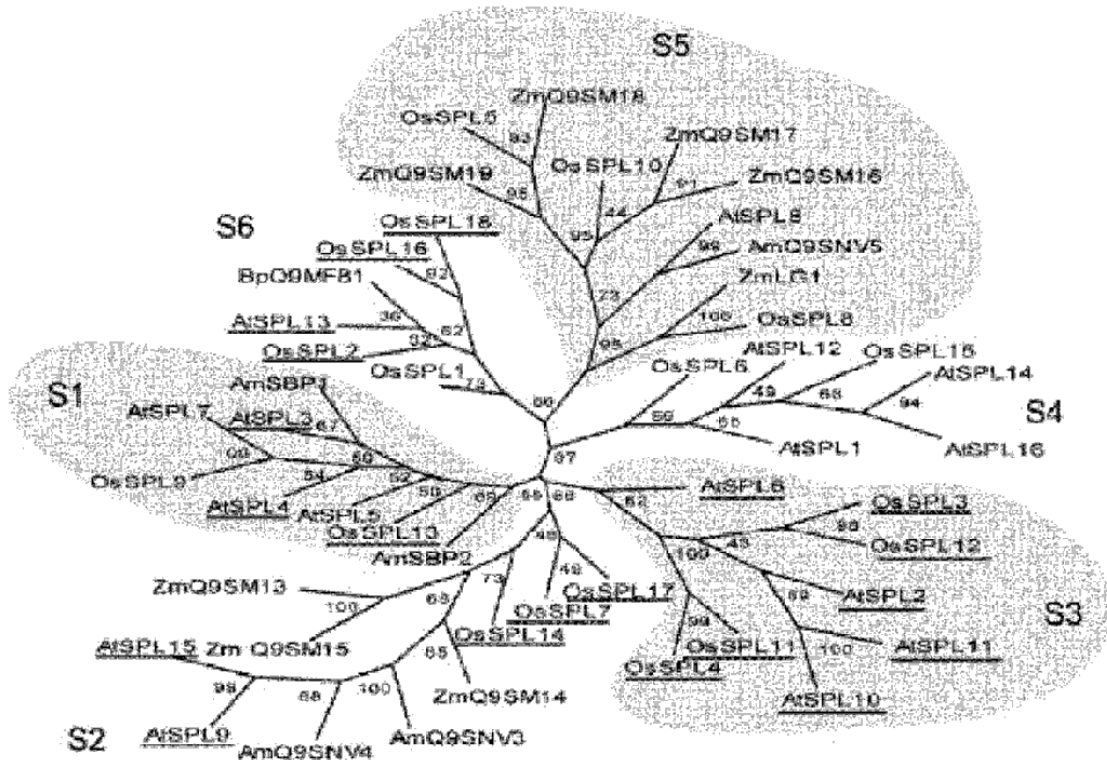


FIGURA 3

3'	aua	cga	gu	g	aga	gaa	gac	agc	5'	<i>osmiR156l</i>
3'	aca	cga	ga	g	aga	gaa	gac	agu	5'	<i>osmiR156k</i>
3'	ca	cga	gu	g	aga	gaa	gac	agu	5'	<i>osmiR156(a-j)</i>
	•		1 •							
5'	cau	geu	ccc	ucu	cuu	cug	uca	3'	<i>OsSPL13*</i>	
5'	gau	geu	ccc	ucu	cuu	cug	uca	3'	<i>OsSPL3</i>	
5'	ugu	geu	cuc	ucu	cuu	cug	uca	3'	<i>OsSPL2</i>	
5'	ugu	geu	cuc	ucu	cuu	cug	uca	3'	<i>OsSPL14</i>	
5'	ugu	geu	cuc	ucu	cuu	cug	uca	3'	<i>OsSPL16</i>	
5'	ugu	geu	cuc	ucu	cuu	cug	uca	3'	<i>OsSPL17</i>	
5'	ugu	geu	cuc	ucu	cuu	cug	uca	3'	<i>OsSPL18</i>	
5'	cgu	geu	cuc	ucu	cuu	cug	uca	3'	<i>OsSPL4*</i>	
5'	cgu	geu	cuc	ucu	cuu	cug	uca	3'	<i>OsSPL11</i>	
5'	cgu	geu	cuc	ucu	cuu	cug	uca	3'	<i>OsSPL12</i>	
5'	ggg	geu	cuc	ucu	cuu	cug	uca	3'	<i>OsSPL7</i>	
A(G/C)	A	L	S	L	L	S				aminoácido

FIGURA 4A

ES 2 539 530 T3

		1	50
SECID427	(1)	-----	-----
SECID436	(1)	-----	-----
SECID438	(1)	-----	-----
SECID440	(1)	-----	-----
SECID442	(1)	-----	-----
SECID444	(1)	-----	-----
SECID446	(1)	-----	-----
SECID448	(1)	-----	-----
SECID450	(1)	-----	-----
SECID452	(1)	-----	-----
SECID454	(1)	-----ATGGATGCTGTTGTTTGA	-----
SECID429	(1)	-----	-----
SECID430	(1)	CTGGGTGAAACATAGAAAAGTTTCTCTTGCTCAAGTTAATGATAAAAAGGG	-----
SECID431	(1)	-----	-----
SECID432	(1)	-----	-----
SECID434	(1)	-----	-----
Consenso	(1)	-----	-----
		51	100
SECID427	(1)	-----	-----
SECID436	(1)	-----	-----
SECID438	(1)	-----	-----
SECID440	(1)	-----	-----
SECID442	(1)	-----	-----
SECID444	(1)	-----	-----
SECID446	(1)	-----	-----
SECID448	(1)	-----	-----
SECID450	(1)	-----	-----
SECID452	(1)	-----	-----
SECID454	(20)	CAGGTTTGGAAGAATCTGGGGTAAGAGTAAGGGTGGTTAATTTTATACAG	-----
SECID429	(1)	-----CTTAGTCAATAGCAT	-----
SECID430	(51)	TGAGAGCAATAAACGCTGATAAGCCTTGCTGGTCCTTGGAATTTTGAAT	-----
SECID431	(1)	-----	-----
SECID432	(1)	-----GCCCTTTTGTGTTGGTCTGGGTGAAACAT	-----
SECID434	(1)	-----	-----
Consenso	(51)	-----	-----
		101	150
SECID427	(1)	-----	-----
SECID436	(1)	-----	-----
SECID438	(1)	-----	-----
SECID440	(1)	-----	-----
SECID442	(1)	-----	-----
SECID444	(1)	-----	-----
SECID446	(1)	-----	-----
SECID448	(1)	-----	-----
SECID450	(1)	-----	-----
SECID452	(1)	-----	-----
SECID454	(70)	GG--CGGGCGAGAAATGGCATTTTTGTGGAATCTGTGCAAGAAGAGGAC	-----
SECID429	(16)	CTTCTCCGATCATCGACGTCCGGAGATTCT--TCGGCCCTCTCATACTT	-----
SECID430	(101)	TTTCTTTTCTATCTTACTTATAGTATTGGTAGTTGAGGGTGTCTCGTCGAT	-----
SECID431	(1)	-----	-----
SECID432	(29)	AG-CAAGGTTTCTCTTGCTGAGGTTATTGATAAACGGGTGAGTTAAATAA	-----
SECID434	(1)	-----	-----
Consenso	(101)	-----	-----

FIGURA 4B

		151	200
SECID427	(1)	-----	-----
SECID436	(1)	-----	-----
SECID438	(1)	-----	-----
SECID440	(1)	-----	-----
SECID442	(1)	-----	-----
SECID444	(1)	-----	-----
SECID446	(1)	-----	-----
SECID448	(1)	-----	-----
SECID450	(1)	-----	-----
SECID452	(1)	-----	-----
SECID454	(118)	TTGGGTAGAAACATCATCGGTTCTACTTGGTTCGACTTGGGGAAGAAAGGA	
SECID429	(64)	GA--GTTGTTGIAGGATTTGTTGCTCTGGCTCTGGTGGT--AGGTCTATG	
SECID430	(151)	AA--GTTGTTGIAGGATTTGTTGCTCTGGCTCTGGTGGT--AGGTCTATG	
SECID431	(1)	-----	-----
SECID432	(78)	AAACGTTGATCAGCAGTGTGTGGTGCTTGGAAATTCATA--AGGTCTATG	
SECID434	(1)	-----	-----
Consenso	(151)	-----	-----
		201	250
SECID427	(1)	-----ATGGACTGCAA--CATGGTATCTTC--CTCC	
SECID436	(1)	----ATGGGTTCTTTTGGGATGGATGGGATCAGAAG--AGCTTGGTCTTG	
SECID438	(1)	----ATGGCTTCTTTTGGGATGAALGGATCAGAAG--AGCCCTGTCTTT	
SECID440	(1)	-ATGAGTTCTGTCTCACTGATGGAGTGGAA--TGGCAAACCCCA--CTTG	
SECID442	(1)	-----ATGCAGTGGGA--TGGCAAACCCCA--CTTA	
SECID444	(1)	-----ATGCACTCCA--CTCCCTGCATCTGAG--	
SECID446	(1)	-----ATGCAGTGTAA--TCCAAGCCATC--ATTG	
SECID448	(1)	---AGCCGCTTCGGCAGGCAAGTAGGACGAGGAGCAGCAGCTCAGATTC	
SECID450	(1)	---ATGGGTTCTTTTGGGATGAATGGATCAGAAG--GACCCCATCTGG	
SECID452	(1)	----ATGGGCTCGTTCGGGATGGAGTGGACCCAGAG--AGTCTGGTCTCG	
SECID454	(168)	CAATCGATATCCTTCTCTAAAAGGGGATTA--GGAATTTCCCTTCTCTGG	
SECID429	(110)	AAATCAACCCCATATCGTGAATGGAGTGCAA--CATGGTATCTTC--CTCC	
SECID430	(197)	AAATCAACCCCATATCGTGAATGGAGTGCAA--CATGGTATCTTC--CTCC	
SECID431	(1)	-----ATGGACTGCAA--CATGGTATCTTC--CTCC	
SECID432	(125)	AAATCAACCCCATATCTTGAATGGAGTGCAA--CATGGTATCTTC--CTTC	
SECID434	(1)	-----ATGGACTGTAA--TCCAAGCCATC--CTTT	
Consenso	(201)	T G ATGGACTG AA G AG A CTCC GTT	
		251	300
SECID427	(28)	CA--GTGGGATTTGGAGCAT--TTGATCATCTCCCAATCCGTCAAGGACT	
SECID436	(46)	-----TGGGATTTGGAGCAAT--ATGCCGCCATAGGAAATAGCCGCAAC	
SECID438	(46)	-----TGGGACTTGGGAAT--CCAGCGCCTTTGGTCCGAATCAATG	
SECID440	(46)	CA--GTGGGACTTGGGAATAC--CTGATAATGTTCAATGCAATACAAAT	
SECID442	(28)	CA--GTGGGACTTGGGAGAGC--CTGATATGTTCAATGGAATACAACT	
SECID444	(29)	-----GGAAGTGGGAGAAC--ATAGCAGGCTTATGTGCAAGGCTAGT	
SECID446	(28)	CA--GTGGGACTTGGGATAAT--CTAATATCTTTTGGTACTTCAATAGCT	
SECID448	(48)	GGATCCTGGCACTGGCAACTGGCATGGGCTCGTTTGGGATGGACATGGAC	
SECID450	(46)	-----TGGGATTTGGGAACAT--CTAGTACC--G-TCTC-----	
SECID452	(46)	-----TGGGACTTGGGACAAAT--TCCCGCCCATAGG-----C	
SECID454	(216)	CAT--GTGGGATTTGGGAGAAC--CTTGACATTTTCAATGCAAAATCAACT	
SECID429	(156)	CA--GTGGGATTTGGGAGCA--TTGATCATGTCGAATCCGTCAAGGACT	
SECID430	(243)	CA--GTGGGATTTGGGAGCAT--TTGATCATGTCGAATCCGTCAAGGACT	
SECID431	(28)	CA--GTGGGATTTGGGAGCA--TTGATCATGTCGAATCCGTCAAGGACT	
SECID432	(171)	CC--GTGGGACTTGGGAGAAAT--TTGATCATGTCGAATCACTCGAAGACT	
SECID434	(28)	CA--ATGGGAATTTGGGAAC--TTGATATCTTTTGGCACTTCTAAGCT	
Consenso	(251)	CA GTGGGACTTGGGAGAAAT TGAT ATGTTCAAT CG AAC ACT	

FIGURA 4B (continuación)

		301	350
SECID427	(73)	GAGATGACAGCAAC---AGCTACCTACTGAGTGGCA--AATTGANAAG	
SECID436	(88)	GAGATGACAGCAAC---GTGATGCTGGGTGATC--AAAACCTGCGGGT	
SECID438	(88)	GAGATGACAGCAAC---A-CTGACCTGATACC--AGAGGGTGTG---	
SECID440	(91)	GAGATGACAGCAAC---TAAGCCTATACAGTTTGA--AACTGATGGA	
SECID442	(73)	GAGATGACAGCAAC---TAAGCCTATACAGTTTGA--AACTGATGGA	
SECID444	(70)	GAGATGACAGCAAC---GTAGCTTTGGGATGCC--ATGAGACAGAGGG	
SECID446	(73)	GAGATGACAGCAAC---AAGCAGCAATGCAATTGGA--AAATGATGGG	
SECID448	(98)	TGGACCGAGAGGGCTCCGTCTGTGTGTGGGACTGGAGAACCTGCCGCC	
SECID450	(74)	-----TGTCAATGCA-----	
SECID452	(76)	GAGATGACAGCAAC---GCTATGAGGGGCGATCC--AAGATTTGCCGCC	
SECID454	(262)	GAGATGACAGCAAC---TACATCA--GACTGGCA--AATTGAAGGA	
SECID429	(201)	GAGATGACAGCAAC---AGCTACCTACTGAGTGGCA--AATTGANAAG	
SECID430	(288)	GAGATGACAGCAAC---AGCTACCTACTGAGTGGCA--AATTGANAAG	
SECID431	(73)	GAGATGACAGCAAC---AGCTACCTACTGAGTGGCA--AATTGANAAG	
SECID432	(216)	GAGATGACAGCAAC---AGCAATCTACTGAGTGGCA--AATTGANAAG	
SECID434	(73)	GAGATGACAGCAAC---TAAACCAATGGAGTGGCA--AATTGATGGG	
Consenso	(301)	GAAAATCCCA AA GC ACC AC GA TGGGA AATTGAAG A	
		351	400
SECID427	(118)	-GGTGAAGGAAT-TGAATCTATAGTTCCACATTTCTCAGCCCTTGAGA--	
SECID436	(133)	-CTTGGGTTTGACATAGGCCAT-GAATCAGGCCATTTCTT-CTGGTGTGA	
SECID438	(130)	-CTTGTCTCGGCCCGCAATCAT-AGATCCACCAATTCAT-CCGCTGGCA	
SECID440	(136)	-GAAAAGGAAA-TGATTTGGGTTTCTTATTCATCTGGAGTGTAA--	
SECID442	(118)	-GAAAAGGAAAC-CACTCTGGGTTTCTTATTCATCTGGAGTGTAA--	
SECID444	(114)	-AGATGAGCAA-----TTGATAAGCAATACCTATTTGGT-CTGGTGGTG	
SECID446	(118)	-TTGATTTGCCCACTTTTACTCGTCCAGCTTTGCTACAGAAGCAGCTT	
SECID448	(148)	-CCAGCCCGACACGGGAGCCAGACCCACAGGACGACG--CTGCCCGGC	
SECID450	(85)	-CTTA-----CAAGGCAC-AGATCTGCTAATTCAT-CTGGTGTGA	
SECID452	(121)	-CTTCCGGCTTCCATGGGGAT-GAAGCGCTCCATTTCT-CTGCCCGTA	
SECID454	(304)	-GAGGAGGAAT-TGACATGGGTTCTTCTATTCATCTGG-ATGTGGTG	
SECID429	(246)	-GGTGAAGGAAT-TGAATCTATAGTTCCACATTTCTCAGCCCTTGAGA--	
SECID430	(333)	-GCTGAAGGAAT-TGAATCTATAGTTCCACATTTCTCAGCCCTTGAGA--	
SECID431	(118)	-GGTGAAGGAAT-TGAATCTATAGTTCCACATTTCTCAGCCCTTGAGA--	
SECID432	(261)	-GGTGAAGGAAT-TGAATCTATAGTTCCAGATTTCTTAGGCTTTGAGA--	
SECID434	(118)	-TTGATTTGACCTTCTCTGATTTCTTCAAGCTTTGCC-----TA----	
Consenso	(351)	G TGAAGGAA TGAATCTAT GTTCCA ATT TCAGG CTTG G	
		401	450
SECID427	(164)	GAGTCAGTATGGCTCTGCAACAGC---TTCTGGCACATGTGTGTG	
SECID436	(179)	-----CTTTCTCTTCTAGCTACAG---ATTGGCTATGG---TTCTATCC	
SECID438	(176)	-----CGTTCACTTCTAGCTGGAG---CTAGCCAATGG---TTCTATCC	
SECID440	(182)	GCAGAAAGCCCTGGATCTATCTCTAC---TTAGAACTTCTCTCTTCTCA	
SECID442	(164)	GCAGAAAGCCCTGGATCTATCTCTAC---TTAGAACTTCTCTCTTCTCA	
SECID444	(158)	-----CTTTATCAAGCTCTGAT---TTGGGCTATGCTCTTCTATCC	
SECID446	(167)	ATGGTGGTGGTATGCTAGCTCTCTCA-----TCTAGCTCA-TGCTTTCTCT	
SECID448	(195)	-----CTCAGTTCCGGGCTTTGAGGCCACAGGCTATGA---ACGGGG	
SECID450	(122)	-----CTCTTACTTCTTACTCAGAG---CTAGGGCTATGG---TTCTATCC	
SECID452	(167)	GCGGCACCTTCTCTTCCAGCTCAGAG---ATGGGCTATGG---CTCTTCC	
SECID454	(350)	CTGTAGTGGTGGTCTTGGCTCTGAT---TTGGGCTATGCTATTTCTCA	
SECID429	(292)	GAGTCAGTATGGCTCTTCCAGCAGC---TTCTGGCACATGTGTGTG	
SECID430	(379)	GAGTCAGTATGGCTCTTCCAGCAGC---TTCTGGCACATGTGTGTG	
SECID431	(164)	GAGTCAGTATGGCTCTTCCAGCAGC---TTCTGGCACATGTGTGTG	
SECID432	(307)	AAGTCAGTATGGCTCTTCTACTAGT---TTCTGGCACATGTGTGTG	
SECID434	(156)	----TGCTGCTAGTTCAGCTCTCTA-----TATAGCTCA-TGCTTTCTCT	
Consenso	(401)	G AGT GTGGTCTGGCTCTGA TT TGGCATGCT CTTTATC	

FIGURA 4B (continuación)

		451		500
SECID427	(211)	AAAGCTCAGCTCGACCTCTATCACTCATCATCT---CCCGAAGCCAA		
SECID436	(217)	AAGAGTTCCATATCCGGTTCGATCGATTCGCGTCCAAAGT---GGGGAA		
SECID438	(214)	AAGAGTTCCCTTCTCGCGTTCGATTCCTCATCCAAAGCT---GGGGAA		
SECID440	(229)	AAGAGCTCGAGTCAGCTTCCGCCCTTCTTCATCAGCTGGGAAGTTAA		
SECID442	(211)	AAGTCTTCGAAGTCAGCTTCCATTCATTCCTCATCAGCTGGGAAGTTAA		
SECID444	(196)	AAGAGCTCAGTTTCCACCTCTGTGCTCTCTTCATTGAAGGG---GGGGAT		
SECID446	(211)	AAAGCTCAGAGTCAACTTCCATAAGCTCTTCTATCA---GCTGAAGTCAG		
SECID448	(236)	CCTTCTTCCGTATCTCTGTCAATCCCTCTCTGCCCAGTCCCAAGGGAA		
SECID450	(160)	AAGAGCTCTATTTCAGCGTCCATTGATTCACCTCTGTGGAT---AGGCAN		
SECID452	(211)	AAGAGCTCCATCTCCGGTTCGATCGATTCCTTGAACAGGG---TGGGAA		
SECID454	(397)	AAGAGCTCAGATTCAGCTTCAATTGATTCCTCATCAAAAGTGGGATAAA		
SECID429	(339)	AAAGCTCAGAGTCGACCTCTATCACTCATCATCT---CCCGAAGCCAA		
SECID430	(426)	AAAGCTCAGAGTCGACCTCTATCACTCATCATCT---CCCGAAGCCAA		
SECID431	(211)	AAAGCTCAGAGTCGACCTCTATCACTCATCATCT---CCCGAAGCCAA		
SECID432	(354)	AAAGCTCAGAGTCGACCTCTATCACTCATCATCT---CCCGAAGCCAA		
SECID434	(196)	AAAGCTCAGAGTCAACTTCCATTGCTCTTCTATCA---GCTGAAGTAAG		
Consenso	(451)	AAGAGCTCAAAGTCA C TC ATCAATTCTTCATC GC GAAG AA		
		501		550
SECID427	(258)	ACGATGCAAGCTTGCATCAGAA-----AGTTCCCGT---GGAGATT		
SECID436	(264)	CACCATAGAGCTCATTTTGCATCT---CCGGAAGAGCATGATAAGACCA		
SECID438	(261)	CAGCTTAGAGCTCAGGTTTCTTCT---GTCGAAGGGCATGGCAAGAACA		
SECID440	(279)	AACATCCAAATTCAGTTTGGGGGCTCTAAAGCAAATCCA---TCAAGATT		
SECID442	(261)	AACATCCAAATTCAGTTTGGAGGCTCTAAAGCAAATCCA---TCTCATTT		
SECID444	(243)	CAAGACTTATACCA-----CTGCA---GATGGTTTTCTGGAGTTATCA		
SECID446	(258)	AACATACAATTTACATCAGAAAGTGGTGAAGSTGTTCTCTCTGAGAAAT		
SECID448	(286)	CAAGAAGNAGAACA-----CAT-----CGAGCTCATCA-GTTTCCGACC		
SECID450	(207)	CAGCTTAGAGTTCACTTCCCGCT---GTTGAGAGGCATGTTAAGAACA		
SECID452	(258)	CAACATGGAGTTCAGATTTGCGCT---GTCMAAAACCTGATAAGAACCA		
SECID454	(447)	GACATCCAACTTCACTTTTGGGGCTTCCAAGAATTTTCT---CAAGATT		
SECID429	(386)	ACGATGCAAGCTTGCATCAGAA-----AGTTCCCGT---GGAGATT		
SECID430	(473)	ACGATGCAAGCTTGCATCAGAA-----AGTTCCCGT---GGAGATT		
SECID431	(258)	ACGATGCAAGCTTGCATCAGAA-----AGTTCCCGT---GGAGATT		
SECID432	(401)	ACGATGCAATCTTGCATCAGAA-----AGTTCCCGT---GGAGATT		
SECID434	(243)	AACACAAATTTTACATCCGAAAGTGGTGAAGSTCTTCT---GGAGATT		
Consenso	(501)	AA AT CAAGTTCACAT GAA C G AGT CCT GGAGATT		
		551		600
SECID427	(296)	CTTGCAGCAACATAGACTTTGTCCAGGT-----GA-----AGGCT		
SECID436	(311)	TGGACAAGGGT-AAGAG-----TAAGTTGATGACAC-----CCGAAC		
SECID438	(308)	TGTGCAAGGTGCGGAGGCGGTGAGTTGAAGACTC-----GGGCACT		
SECID440	(326)	A---CATTAAGCAAGAACTTTGAAAGGC-TAAGGCAAC-----TGATACT		
SECID442	(308)	A---CATTAAGCAAGAAATTCGAAAGGC-TAAGGCAAGC-----TAGTATG		
SECID444	(284)	TTAGAAAGGAC-TTCAAC-----TAGGCTACAAAGTAC-----TGAGAT		
SECID446	(308)	TGGGAGCAGTGAAAGATTTCATATGG-----CAT-----TGATCTT		
SECID448	(325)	TGCCAAAGCGG-CCGA-----CAG-----GACAC-----TGTTTGG		
SECID450	(254)	CGGGCAGCAAGGC-----AGAGTCGATGACTC-----CGGGGAT		
SECID452	(305)	CGAGCAAGAAACCCAGCTGGGTAAAGTTGATAACACGAGAACCTGAACA		
SECID454	(494)	TTAACAAGAAAGAGAA-TTTGGAGAGGGCTGAGCCATC-----TGAAGT		
SECID429	(424)	CTTGTAGCAACATAGACTTTGTCCAGCT-----GA-----AGGCT		
SECID430	(511)	CTTGCAGCAACATAGACTTTGTCCAGGT-----GA-----AGGCT		
SECID431	(296)	CTTGCAGCAACATAGACTTTGTCCAGGT-----GA-----AGGCT		
SECID432	(439)	CTTGCAGCAACATAGACTTTGTCCAGGT-----GA-----AATCA		
SECID434	(290)	T-----TCCAAAGGG-----GAT-----TGATACT		
Consenso	(551)	GCAA AACA AGA TTG AAGGT CAA TGA ACT		

FIGURA 4B (continuación)

		601	650
SECID427	(331)	CCACAGCTCTCGAGGTATCCCTTGCCCTAGCTGGAATCAATTTTGGTT	
SECID436	(349)	TCTGGATCAACCGTSTGAGCAACCAATCGGTAGAGCCCTTGATTGGCC	
SECID438	(352)	TCTCCAGC-----TG-TGGCASTTAAGCAAGGTGAGCCGTAATAGGACT	
SECID440	(367)	TCCTCCAGCTTTSAGCTTCAGTTGGTTTCAAGTGACCAAGCTGTTGGTTT	
SECID442	(349)	TCTTCACAATTCAGGCTGGCAAGTGGTTCAAGTGACCAAGCTGTTGGTTT	
SECID444	(322)	ATTCATCTCTGGGTCTTCTCTAGCTCTGGTGAACCAATTAATTTGGCTT	
SECID446	(346)	TCTTCAAGTCTTGAACCTCTCTTCCGCTCTCTGATCTCGTTCTTTGGTTT	
SECID448	(356)	GTGT--TCAGCACTG-AG-ACCCCTTGGTGC-----TAGCCCT	
SECID450	(289)	TCTTCATCGTCAATTAATGCTTTCAACCAAGTACAGCCATTAAATCAGCC	
SECID452	(355)	TCTTGTGGCTCTTGGTGGCAAGTGGAGAGTGAAGAGCCGTTGATCTGGCT	
SECID454	(538)	TCTCCAAACCTTTSAGCCTCGATTGGCTCTGGTGAACCTTTAATTTGGCT	
SECID429	(459)	CCACAGCTCTCGAGGTATCCCTTGCCCTAGCTGAATCAATCTTTGTTT	
SECID430	(546)	CCACAGCTCTCGAGGTATCCCTTGCCCTAGCTGAATCAATCTTTGTTT	
SECID431	(331)	CCACAGCTCTCGAGGTATCCCTTGCCCTAGCTGAATCAATCTTTGTTT	
SECID432	(474)	TCCACAGCTCTCGAGGTATCCCTTGCCCTAGCTGAATCAATCTTTGTTT	
SECID434	(310)	TCTCCAAGTCTTTSAGCTTCTTTTGGCTCTGGTATCGGTTCTCGGTT	
Consenso	(601)	TCTCCA CTCT GAGGTATC GTTGGCTCTGGTGA CC GT CTGTTT	
		651	700
SECID427	(381)	AAAGCTAGGAAGGGGACATACTCTGAAGAATACTGGGCT----AGAAAC	
SECID436	(399)	GAAGCTTGGCAAGAGAACTATTCTGAAGATCTCTGGGA---GGGCAG	
SECID438	(396)	CAAGTTAGGGAGAGAACTTACTTTGAAAATGTTTGTGGA---GGGCAG	
SECID440	(417)	GAAGCTTGGTAAAGAACTTACTTTGAAGATCTCTGGCT----GGGAGC	
SECID442	(399)	GAAGCTTGGTAAAGAACTTACTTTGAAGATCTCTGGCT----GGCAAC	
SECID444	(372)	GAAGCTTGGTAAAGAACTTACTTTGAAGATCTCTGGCT----ACCAGC	
SECID446	(396)	GAAGCTTGGTAAAGAACTTACTTTGAAGATCTCTGGCT----GTGGAG	
SECID448	(391)	GAAGCTTGGCAAGAGAACTTATTTCCGAGATGTTTGGGACTAGGGCAG	
SECID450	(339)	GAAGCTTGGCAAGAGAACTTATTTCCGAGATGTTTGGGACTAGGGCAG	
SECID452	(405)	GAAGCTTGGCAAGAGAACTTATTTCCGAGATGTTTGGGACTAGGGCAG	
SECID454	(508)	AAAGCTTGGTAAAGAACTTACTTTGAGGATGTTCTGCA---GGGGAG	
SECID429	(509)	AAAGCTAGGAAGGGGACATACTCTGAAGAATACTGGGCT----AGAAAC	
SECID430	(596)	AAAGCTAGGAAGGGGACATACTCTGAAGAATACTGGGCT----AGAAAC	
SECID431	(381)	AAAGCTAGGAAGGGGACATACTCTGAAGAATACTGGGCT----AGAAAC	
SECID432	(524)	GAAGCTAGGAAGGGGACATACTCTGAAGAATACTGGGCT----AGAAAC	
SECID434	(360)	AAAGCTTGGTAAAGAACTTATTTCCGAGATGTTTGGGACTAGGGCAG	
Consenso	(651)	GAAGCTTGG AAGCGGACATACTTTGAAGA GTTTGTGGT GG AGC	
		701	750
SECID427	(427)	AATAATGAATTTTCAGTGGTTT-----CTATGAGTTGTTAACTCCATC	
SECID436	(445)	AATGTCAGAGTTTCTCCATC--TGG---TGTTAGTCTGGCTACCCCATC	
SECID438	(442)	AATGTCAGAGTTTCTCCATC--AG---CTTCAGGTGTGACTTTGTCCA--	
SECID440	(463)	AATGTCAGTCTTCTTAAATAT-----CTACGA--TTCCTGT-GGCTTC	
SECID442	(445)	AATGTCAGTCTTCTTAAATAT-----CTACAG--TTCCTGT-GGCTTC	
SECID444	(418)	ACTGCCAATCATGCTTCTC-----ATCTATTGTTTCCCTTCTCTG	
SECID446	(442)	AATGCTAAACCTTCCGACTTC-----CGCTGAGCTGGGCTCATCTTC	
SECID448	(440)	AGCGGCAAGCTTGGGCGCTTAGGCAGTCCAGTGCAGCGAGCCG---	
SECID450	(385)	GATGCCAAG-GTT--TCTGC---AG---CTTCAGACCTTACTTTCTGCA--	
SECID452	(451)	AATGTCAGAGTTTCTCCATC---GGGTGCTGCGTCCGCTCCACAAATC	
SECID454	(634)	AATGCTAAGCTCTGCTGTTT-----CTGCTG--TTCCTAT-ATCATC	
SECID429	(555)	AATAATGAATTTTCAGTGGTTT-----CTATGACTTTTAACTCCATC	
SECID430	(642)	AATAATGAATTTTCAGTGGTTT-----CTATGACTTTTAACTCCATC	
SECID431	(427)	AATAATGAATTTTCAGTGGTTT-----CTATGACTTTTAACTCCATC	
SECID432	(570)	AATAATGACCTTTTCAGTGGTTT-----CTATGACTTTTAACTCCATC	
SECID434	(406)	AATGCTAAAGCTTTGGGACTTC-----GAGTGACTCTGGGTTTCTCTTC	
Consenso	(701)	AATG TAAGAGTTTTCAGT GTTT CT TGA TTG C ACTCCATC	

FIGURA 4B (continuación)

		751	800
SECID427	(471)	TGTTGTCGCTGGAA--ATCCAAATGCTCT-----GGTCAGAGC	
SECID436	(489)	TCCGCTCTGCGCCAGAGGGTGAAGGTGGCT-----CAGCAGAAC	
SECID438	(484)	-TCTACTGTGCTCAAGAGATGAAGGTGCTCT-----CAGCAGAGC	
SECID440	(504)	TTTACTTCCAGCAAGAGATTGAATGCCACT-----AATCATAGT	
SECID442	(486)	TTTACTTCCAGCAAGAGATTGAATGCCACT-----ATTCAGAGT	
SECID444	(459)	TACTGCTACCAACAAAGAGATCTAGGGCATCA-----TATCCAAAT	
SECID446	(486)	TGCTTCTCCGTGAAGAGATCCAAACACTC-----TCTCAGAAA	
SECID448	(487)	TCCGGGTCCTGCAAGAGGGCAAGGCGCGCGGCGGCTCCAACCCCGC	
SECID450	(424)	-GCCAGCGTGTCAAGANGACTAAGGTCTCT-----CAGCCTCAAT	
SECID452	(498)	TCCGCTCTTGGGCAAGAGGUAAGGCGGAA-----CAACAGAA--	
SECID454	(675)	TGATACCAACCAAGAGATCCAGGTTATCT-----TGTCAGAAAT	
SECID429	(599)	TGTTGTCGCTGGAA--ATCCAAATGCTCT-----GGTCAGAGC	
SECID430	(686)	TGTTGTCGCTGGAA--ATCCAAATGCTCT-----GGTCAGAGC	
SECID431	(471)	TGTTGTCGCTGGAA--ATCCAAATGCTCT-----GGTCAGAGC	
SECID432	(614)	TGTTGTTGCTCGAAGCAACCAATCCGCT-----GGTCAGAGC	
SECID434	(450)	TGTTTCTCCCTGAAGAAATGGAATCCATT-----CCTCAGAGG	
Consenso	(751)	TGTTGCT C G GAAGAAATC AAGTTGT T	TCAGAGC

		801	850
SECID427	(508)	ATG--CCAGTCCCGCTTGCCAAATGATGGCTGGAACGGATCTCTCA	
SECID436	(529)	ACT--CAGAACCGAACTGTGAAGTTGAAGGCTGCAATGTTGATCTCT	
SECID438	(523)	ACA--CAGAGCTGATACTGCCAAGTGAAGGCTGCAAGTCGATCTCT	
SECID440	(544)	CAG--CGTCTCCAGCTGTCAAGTAGAAGGCTGTAACTTTGACCTCTCA	
SECID442	(526)	CAG--CGTCTCCAGCTGTCAAGTAGAAGGCTGTAACTTTGACCTCTCA	
SECID444	(499)	ACA--CAGTCTCCAGCTTGCCAAAGTGAAGGCTGCAAGCTTGAATCTCAAG	
SECID446	(526)	TTA--CAACTCTCTCACTGCCAAGTGAAGGCTGTAACCTTCGATCTCTCC	
SECID448	(537)	AGCAGCAGAAATCGTACTGCCAGGTGGAAGGCTGCAGGACCGATCTCTCC	
SECID450	(463)	GCA--AGAAATGTACTGTCAAGTTGAAGGCTGCAAGTTGACCTGTCT	
SECID452	(536)	AGCCACATAACTGTACTGTCAAGTTGAAGGCTGCAAGTCGACCTCTCT	
SECID454	(715)	GCA--CATCTCTCGGGCTGCCAAGTGAAGGATGCAACCTTGACCTTTCA	
SECID429	(636)	ATG--CCAGTCCCGCTTGCCAAATGATGGCTGTGAAGTGGATCTCTCA	
SECID430	(723)	ATG--CCAGTCCCGCTTGCCAAATGATGGCTGTGAAGTGGATCTCTCA	
SECID431	(508)	ATG--CAACTCTCCCGCTTGCCAAATGATGGCTGTGAAGTGGATCTCTCA	
SECID432	(654)	ATG--CAACTCTCCCGCTTGCCAAATGATGGCTGTGAAGTGGATCTCTCA	
SECID434	(490)	TTA--CAACTCTCTCACTGTCAAGTTGAAGGCTGTAACTTTGATCTCTCA	
Consenso	(801)	A CAAG CCCGCGCTGCCAAGTTGAAGGCTGTAA CT GATCTCTCA	

		851	900
SECID427	(556)	TCTGCTAAGGCTTATCATCGTAAGCACAAAGTCTGCCAAGAGCATTCAAA	
SECID436	(577)	TCTGCTAAGGCTTATCATCGTAAGCACAAAGTCTGCCAAGAGCATTCAAA	
SECID438	(571)	TCCGCAAGAGATACCATCGCAAGCACAAAGTTTGTGAAGCTCATTTCAA	
SECID440	(592)	TCAGCTAAAGATTATCATCGCAAGCACAAAGTTTGTGAAGGCCATTCAAA	
SECID442	(574)	TCAGCTAAAGATTATCATCGCAAGCACAAAGTTTGTGAAGGCCATTCAAA	
SECID444	(547)	TCAGCTAAAGATTATCATCGCAAGCACAAAGTTTGTGAAGGCCATTCAAA	
SECID446	(574)	TCAGCTAAGGCTATCATAGGAACACAGGATTGTGGAAGGCCATTCAAA	
SECID448	(587)	TCTGCTAAGGCTATCATCGCAAGCACAAAGTTTGTGAAGGCCATTCAAA	
SECID450	(511)	TCTGCTAAGGCTATCAATCGCAAGCACAAAGTTTGTGTAAGTCCATTCTAA	
SECID452	(586)	TCTGCTAAGGCTATCATCGCAAGCACAAAGTTTGTGTAAGTCCATTCTAA	
SECID454	(763)	ACAGCCAAAGATTACCATCGCAAGCACAAAGTTTGTGTAAGTCCATTCTAA	
SECID429	(684)	TCTGCTAAGGCTATCATCGTAAGCACAAAGTTTGTGCCAAGAGCATTCAAA	
SECID430	(771)	TCTGCTAAGGCTATCATCGTAAGCACAAAGTTTGTGCCAAGAGCATTCAAA	
SECID431	(556)	TCTGCTAAGGCTATCATCGTAAGCACAAAGTTTGTGCCAAGAGCATTCAAA	
SECID432	(702)	TCTTCTAAGGATTATCATCGCAAGCATAGAGTCTGCCAAGAGCATTCAAA	
SECID434	(538)	TCAGCTAAGGCTATCATCGCAAGCACAAAGTTTGTGAAGTCCATTCTAA	
Consenso	(851)	TCTGCTAAGGATTATCATCGCAAGCACAGTCTGTGAAA CATTCAAA	

FIGURA 4B (continuación)

		901	950
SECID427	(606)	GTGCCCATAAGTTAGCGTGAGTGGCTTGAACGTGGTTCTGCAACAGT	
SECID436	(627)	SACTCTTAAAGTCTTCGTTGCGGCTTTGAGCGAGGCTTTTGCCAAACAGT	
SECID438	(621)	GGCACCATAAGGTTATTGTTTCTGGTGTGGAGCGCGTTTGTGCCAACAGT	
SECID440	(642)	GTGCCCATAAGGTCATTGTAGCTGGTTTGAACGCAGGTTTGTGCAGCAGT	
SECID442	(624)	GTGCCAGAGGTCATTGTAGCTGGTTTGAACGCAGGTTTGTGCAGCAGT	
SECID444	(597)	AAGCCATAAGGTTATTGTTGCTGGCATGGAACGCCGATTGTGCCAACAGT	
SECID446	(624)	CTTCCCTAAAGTCGTTGTCACTGGCGTAGAGCGCGGTTCTGCCAACCAAT	
SECID448	(637)	GGCGCCCAAGGTGGTCGTCGCTGGCTTGGAGCGGGCTTCTGTCAGCAGT	
SECID450	(561)	AGCTACCAAGGTGGTTGTTGCTGGTCTAGACCTCGGTTTGTGCACAGT	
SECID452	(636)	GGCTCTGAAAGTTGTTGTCCCTGGTCTGGAGCGAGCGTTTGTGCCAACAGT	
SECID454	(813)	ATGCCCATAAGGTCATTGTAGGTCGTTTGGAGCGCGGTTTGTGCCAACAGT	
SECID429	(734)	GTGCCCATAAGTTAGCGTGAGTGGCTTGAACGTGGTTCTGCAACAGT	
SECID430	(821)	GTGCCCATAAGTTAGCGTGAGTGGCTTGAACGTGGTTCTGCAACAGT	
SECID431	(606)	GTGCCCATAAGTTAGCGTGAGTGGCTTGAACGTGGTTCTGCAACAGT	
SECID432	(752)	GTGCCCATAAGTTGTTGTGAGTGGCTTGAACGTGGTTCTGCAACAGT	
SECID434	(588)	CTTCTCTAAAGTCGTTGTGAGTGGCTTAGAGCGTGGTTCTGCAACCAAT	
Consenso	(901)	GTGCCCATAAGTTATTGT GGTGGCTGGAGCG CGGTTTGTGCCAACAGT	
		951	1000
SECID427	(656)	GTAGCAGGT	-----
SECID436	(677)	GTAGTCGGT	-----
SECID438	(671)	GTAGTCGGT	-----
SECID440	(692)	GTAGCAG	-----
SECID442	(674)	GTAGCAGTAAGATTATTCCTAGCTTTTATGATTGCATTGACAATTTG---	
SECID444	(647)	GCAGCACCT	-----
SECID446	(674)	GTAGCAGGTAGAAAAGCTAGTCTTAGAGATATTGGTTTATACAAAAGCCT	
SECID448	(687)	GCAGCCGGT	-----
SECID450	(611)	GTAGCCGTT	-----
SECID452	(686)	GCAGCCGGT	-----
SECID454	(863)	GTAGCAGGT	-----
SECID429	(784)	GTAGCAGGT	-----
SECID430	(871)	GTAGCAGGT	-----
SECID431	(656)	GTAGCAGGT	-----
SECID432	(802)	GTAGCAGGT	-----
SECID434	(638)	GTAGCAGGT	-----
Consenso	(951)	GTAGCAGGT	
		1001	1050
SECID427	(665)	-----	TTCAATGCTGTCTC
SECID436	(686)	-----	TTCAACGTTTAGC
SECID438	(680)	-----	TTCAATGCTTAGC
SECID440	(699)	-----	GTTCATGCTGTCTC
SECID442	(721)	-----GGTTTTGGATGTCAAAGGTTTCATGCGCTGTC	
SECID444	(656)	-----	TTCAATGAATTATC
SECID446	(724)	TAATGACTTTTTTTAATTGTTTTTGGTCTTCAAAGGTTTCACTGCTCTC	
SECID448	(696)	-----	TTCAATGACTGGC
SECID450	(620)	-----	TTCAATGCTTAGC
SECID452	(695)	-----	TTCAATCTTTAGC
SECID454	(872)	-----	TTCAATGCTTTGTC
SECID429	(793)	-----	TTCAATGCTGTCTC
SECID430	(880)	-----	TTCAATCTGTCTC
SECID431	(665)	-----	TTCAATCTGTCTC
SECID432	(811)	-----	TTCAATCTGTCTC
SECID434	(647)	-----	TTCAATCTGTCTC
Consenso	(1001)		TCCATGGT T TC

FIGURA 4B (continuación)

		1051	1100
SECID427	(678)	TGAATTTGATGAGAAGAAACGAAGCTGCGGAAACGCTTTCTCATCATA	
SECID436	(699)	TGAGTTTCGACCAGAAAAACGAAGCTGTCGGCAGCGCCTCCATGATCACA	
SECID438	(693)	TGAATTTGACCAGAAAAAGAAAGTTGCGCGCAGCGCTCTATCTGATCATA	
SECID440	(714)	AGATTTTGATGAAAGAAGAAAGCTGCGCGCAGCGGACTTTCTGATCACA	
SECID442	(753)	AGAGTTTCGATGAAAGAAGAAAGCTGTCGCGCAGCGGACTTTCTGATCACA	
SECID444	(669)	AGAGTTTGATGACAGAGAGAGAGCTGTCGCGCAGCGGACTTTCTGATCACA	
SECID446	(774)	TGAGTTTGATGAGAGAGAGAGAGCTGTCGCGCAGCGGACTTTCTGATCACA	
SECID448	(709)	CGAGTTTCGACCAGAGAGAGAGAGCTGCGCGCAGCGGACTCAACGACCACA	
SECID450	(633)	CGAGTTTGATCAGAACAAACGAAGCTGTCGCGCAGCGGCTGATGCATCATA	
SECID452	(708)	TGAGTTTGACCAGAAAAAGCAAGCTGCGCTAGCGGCTCTCAATGATCATA	
SECID454	(885)	AGATTTTGATGAAAGAAGAGAGAGCTGTCGCGCAGCGCTCTTTCTGATCACA	
SECID429	(806)	TGAATTTGATGAGAAGAAACGAAGCTGCGGAAACGCTTTCTCATCATA	
SECID430	(893)	TGAATTTGATGAGAGAAACGAAGCTGCGGAAACGCTTTCTCATCATA	
SECID431	(678)	TGAATTTGATGAGAGAAACGAAGCTGCGGAAACGCTTTCTCATCATA	
SECID432	(824)	AGAATTTGATGAGAGAAACGAAGCTGCGGAAACGCTTTCTCATCATA	
SECID434	(660)	TGAGTTTGATGAGAAGAAACGAAGCTGCGCGCAGCGCTCTTTCTGATCACA	
Consenso	(1051)	TGAGTTTGATGAGAAGAAACGAAGCTGCGCGCAGCGCTCTTTCTGATCATA	

		1101	1150
SECID427	(728)	ATGCGAGGCGTGTAAGCCACA-----AGGAG-TATT-----	
SECID436	(749)	ATGCGCGCAGAGCGAAGCCACNACC-----AGAGGCAATT-----	
SECID438	(743)	ATGCGCGAAGAAAGGAAACCGGAAACA-----AGAGGCAATT-----	
SECID440	(764)	ATGCAAGAGCGCGCAACAGAGCC-----AGGATCTGTC-----	
SECID442	(803)	ATGCAAGAGCGCGCAACACANEC-----AGGATCGGTC-----	
SECID444	(719)	ATGCAAGGCGCAGGAGCCCAACCC-----TGACCGAATC-----	
SECID446	(824)	ATGCAAGAGCTGSCAAGCCCAATTCGCGGAGGACATATGGTAATATACTA	
SECID448	(759)	ACGCGCGCAGGCGCAAGCCCGAGGC-----CGAGCGCTC-----	
SECID450	(683)	ATGCGCGGAGGAGGAAACCTCGGG-----AGACACAATT-----	
SECID452	(758)	ATGCGCGCAGGCGCAAGCCAGCGGC-----AGAGGCAATT-----	
SECID454	(935)	ATGCGCGCGGCGCAACCCACACCC-----AGAGGGGATC-----	
SECID429	(856)	ATGCGAGGCGCTGTAAGCCACA-----AGGAG-TATT-----	
SECID430	(943)	ATGCGAGGCGCTGTAAGCCACA-----AGGAG-TATT-----	
SECID431	(728)	ATGCGAGGCGCTGTAAGCCACA-----AGGAG-TATT-----	
SECID432	(874)	ATGCAAGGCGCTGCAAGCCACA-----AGGAG-TATT-----	
SECID434	(710)	ATGCAAGAGCTGCAAGCCCAATTCGGAAGGACATATG-----	
Consenso	(1101)	ATGCAAG CG CG AAGCCACA CC AGGAGCTATT	

		1151	1200
SECID427	(759)	--TTCATG-----AATCCCG-----	
SECID436	(784)	--TCCATA-----AGTTCGTC-----	
SECID438	(778)	--TCATT-----GGTTCATC-----	
SECID440	(796)	--CATTTGAAT--CCATCA-----	
SECID442	(835)	--CTTTAAA-----TTCA-----	
SECID444	(754)	--CGGTT-----AATTCAGC-----	
SECID446	(874)	GATTCACCTCTCTTAATCGTATATATTAAATCTAAATTTTTAGTTATAT	
SECID448	(794)	--CGTTTC-----GGCTCATC-----	
SECID450	(718)	--TCATT-----AATTCATC-----	
SECID452	(793)	--TCTTTC-----AGTTCATC-----	
SECID454	(970)	--CAGTC-----AATTCGGC-----	
SECID454	(887)	--TTCATG-----AATCCCG-----	
SECID429	(974)	--TTCATG-----AATCCCG-----	
SECID430	(759)	--TTCATG-----AATCCCG-----	
SECID431	(905)	--TCCACTG-----AATTCAG-----	
SECID432	(749)	-----	
SECID434	(1151)	TCATT AATTCA	
Consenso			

FIGURA 4B (continuación)

		1201		1250
SECID427	(773)	---AGAGGGT-----	-----GTATG---	A
SECID436	(798)	---GAGGCTCTCTA-----	---CATTACTCTATGG---TGA	A
SECID438	(792)	---AGGCTTCGCCA-----	---CGATGTTTTACG---	A
SECID440	(811)	---AGACTTCTCTCA---TCATTA-----	---TATG---	A
SECID442	(847)	---AGACTGTCTCTCA---TCATTA-----	---TATG---	A
SECID444	(768)	---AGGCCATCAT-----	---CATCACCATCATC---ATT	A
SECID446	(924)	AATTAGTAGGTTCCCTTTTCTAAGATAAATATCATTCTGTATGTGCAG		A
SECID448	(808)	---GAGGCTGTTCGG-----	---CGATGTTCTATG---	A
SECID450	(732)	---GA-----	---CAATGTTTTATG---	A
SECID452	(807)	---AGGATGTCTA-----	---CGATGTTTTATG---	A
SECID454	(984)	---GAGGCTTCATCATTC-----	---TATG---	G
SECID429	(901)	---AGAGGGT-----	---GTATG---	A
SECID430	(988)	---AGAGGGT-----	---GTATG---	A
SECID431	(773)	---AGAGGGT-----	---GTATG---	A
SECID432	(919)	---AGAGGGT-----	---GTATG---	A
SECID434	(749)	---AGAGGGT-----	---GTATG---	A
Consenso	(1201)	AGAGG T T	TATG	A
		1251		1300
SECID427	(786)	TCCAAGACAGCATACAAATATGTGTGGAAAT---GGGGTGCCCTTAAAG		A
SECID436	(825)	TCCAAGGCAACAGGCAAGTTTTCTATTGGT---CAAGCTCTTTATGGT		A
SECID438	(816)	TCCAAGGCAACAGGCAAGTATTTACTTTGGC---CAATCTCTTTTGGCG		A
SECID440	(834)	TGAGAGGCAACAGATGAGTCAATGTTGGGAC---AAGGCGCACTGTTTC		A
SECID442	(870)	TGAAGGCAACAGATGAGTCTTGCTGGGAC---AGGCAACCACTGTTTC		A
SECID444	(795)	TATGTTTGTCTTTTCAATTTCAAAGATGGTAGACAGCAGATGAATGTTG		A
SECID446	(974)	TGGGAGGCAACAGATGGATTTTGTATGGAC---AGATTGTGCACTTATCC		A
SECID448	(832)	CACGAGGCGGCCAGGCGAGCCCTCTGTTGGT---GAAGTGCCCTACGGTC		A
SECID450	(747)	TACAAGGCAAGGCAAAATCTTTCTCTTAGT---CAACCACTTTATGGCG		A
SECID452	(831)	TCCAAGGCAACAGCAAAATTTCCATTTGGT---CAGGCTCTTTATGTTTC		A
SECID454	(1005)	TGGGAGGCAACAGATGAGTCTTGCTGGAC---TGGGTCCTCAATGTTTC		A
SECID429	(914)	TCCAAGACAGCATACAAATATGTGTGGAAAT---GGGGTGCCCTTAAAG		A
SECID430	(1001)	TCCAAGACAGCATACAAATATGTGTGGAAAT---GGGGTGCCCTTAAAG		A
SECID431	(786)	TCCAAGACAGCATACAAATATGTGTGGAAAT---GGGGTGCCCTTAAAG		A
SECID432	(932)	TCCAAGACAGCATACAAATATGTGTGGAAAT---GGGGTGCCCTTAAAG		A
SECID434	(750)	TGGGAAACCAAGGTGGATTTTGTATGGAAAT---AGATTGTGCACTTATCC		A
Consenso	(1251)	TGGAAGGCAGCAGACAAAT TT T TGGAAAT	GGGT CC CTTG CC	
		1301		1350
SECID427	(833)	---CGACATCTGAGAGAAATGATGAATCGG---TAAT-----	---A	
SECID436	(872)	AGATGGGAACTGTGCAAGTCTCTGG---GA---TAACCCAGTACCAGGA		A
SECID438	(863)	AGTGAGAGCAATGCCATTTCTCATGTGA---CAACCTGG-----	---GA	
SECID440	(881)	ATTCCAGGCCCAATGCAAAATTTGACATCGGA---AGGCATAT-----	---CCA	
SECID442	(917)	ATGCCAGGCCAATGCAAAATTTGACGTGGGA---AGGCATAT-----	---ACA	
SECID444	(845)	TATTGATATAGG-GTGCCTTTCCGGCAGCAATTCAGTTGGCAAAGCGA		A
SECID446	(1021)	ATCCAAGCACTGAGAGAAATTTCTGTGCCC---AATTC---GAA		A
SECID448	(879)	AGATGGGAACTGTGCGAGTCTCTGGTGGGA---TAGCCAGGAGCAGGA		A
SECID450	(794)	AGTGAGGAGCAATGCAGGGTCTCATGGGA---TAACCTGG-----	---GA	
SECID452	(878)	AAATGAGAACTGTGGAGTCTCTCATGGGA---TGACCCAG-----	---GA	
SECID454	(1052)	ATACAAGGCCCTCTGTAAATCCTTCATGGGA---AGGCATAT-----	---GCA	
SECID429	(961)	---CGACATCTGAGAGAAATGATGAATCGG---TAAT-----	---A	
SECID430	(1048)	---CGACATCTGAGAGAAATGATGAATCGG---TAAT-----	---A	
SECID431	(833)	---CGACATCTGAGAGAAATGATGAATCGG---TAAT-----	---A	
SECID432	(979)	---CGACATCTGAGAGAAATGATGAATCGG---TAAT-----	---A	
SECID434	(797)	ATCCAAGCACTGAGAGAAATGATGAATCGG---TAAT-----	---A	
Consenso	(1301)	A CGAGAAGTGATG AA TT T ATGGGA	TAAC C	A

FIGURA 4B (continuación)

		1351		1400
SECID427	(866)	A-----CACTT-----ATGATACAAAG-----CC		
SECID436	(916)	GG-----CTTCAAAATTACAGCAACAAAG-----CTCCTTGGTCAAGGCC		
SECID438	(904)	GG-----CTTCAAAATTACAGAGCAAAAC-----TCCCCTGGATGAAGCC		
SECID440	(923)	CC-----T---CCAAGTTCACAATAACAANAAGA-----GTATATAGCAAGGCC		
SECID442	(959)	TC-----T---CCAAGTTCACAATAACAANAAGA-----TTATATAGCAAGGCC		
SECID444	(894)	GT--GCGGCTTTAAGTCAGTCACGCCGGAG-----ATTTTTTTATTAGGCC		
SECID446	(1061)	G-----CCTGT-----ATCATCAGAGG-----GTTATTGCAGGAACC		
SECID448	(926)	GGAGGAGGCTTCAATTCGGGGAGAGGAGAGGAGCTCCTTGGTTGAGGCC		
SECID450	(835)	GG-----CTTAAATTCATGGAGACGAAC-----ATCCGCCAGTGCATCC		
SECID452	(919)	GG-----CTTCAAAAGTTACACACACAAAG-----CTCCTTGGTTAAAGCC		
SECID454	(1094)	G-----CAAGTTCACACAAACAAAGG-----GTTAGTAAGG-----CC		
SECID429	(994)	A-----CACTT-----ATGATACAAAG-----CC		
SECID430	(1081)	A-----CACTT-----ATGATACAAAG-----CC		
SECID431	(866)	A-----CACTT-----ATGATACAAAG-----CC		
SECID432	(1010)	-----CACTT-----ATGAGACAAAG-----CC		
SECID434	(837)	G-----CACGT-----ACCATCAAGAGT-----GTTAATGCCGCAAGC		
Consenso	(1351)	G	CAA TT ACA A CAAAAG	A CC
		1401		1450
SECID427	(885)	TAGCAAAACGGAAAAAGCTTTACTCTG-----AGTTTCCAGAGAG		
SECID436	(957)	AACAAATGGCTGCCGTGTTCATGGGACCATGTATCTAATCAGCAG--GC		
SECID438	(945)	ATGAAAACTATAGGCTTCAGGATGTGAATTTCTACCTTGCAG--AT		
SECID440	(963)	TGCAGAAATAGGTGTGTATGATAGGAGGCTCCACT--TGCCTGGCATTGAT		
SECID442	(999)	TGCAGAAATAGGTGTGAATGATGGGAGTTCCTACT--TGCCTGGCATTGAT		
SECID444	(939)	TGCAGAAAGCAGGGGGCATCCATAGGACGCTTAGCT--ATCCCTGCAA--		
SECID446	(1094)	TGCAGAGACCHAGATGCCCAATAGCTTTTC-----ATCGAGCATTGTG		
SECID448	(976)	GGCGAGAGCTCTCTGATCGGCTGCTCCCTTTGTCAGGTCAGCAGCAGC		
SECID450	(876)	AACAAATACAGCATCCCTCTGATGAACATGCATTTCACAGCCTCCAG--AT		
SECID452	(960)	AACAACTGCTCTCAGTGTTCATGGGATACATTTAATCTAGTCAGCAG--AT		
SECID454	(1128)	TGGTAACACAGGGGTATTCGACCGGTAAGCTGCAT--TGCCTGGCATTGAG		
SECID429	(1013)	TAGCAAAACGGAAAAAGCTTTACTCTG-----AGTTTCCAGAGAG		
SECID430	(1100)	TAGCAAAACGGAAAAAGCTTTACTCTG-----AGTTTCCAGAGAG		
SECID431	(885)	TAGCAAAACGGAAAAAGCTTTACTCTG-----AGTTTCCAGAGAG		
SECID432	(1028)	TAGCAAGATGSAAGCGGCTTTACTCTG-----AGTTTCCAGAGAG		
SECID434	(870)	TGCAAAAGACTSAGATTTCAGATA-----CCGAGCAACAATA		
Consenso	(1401)	TACAAAAAC G AGG A CGATA GCTG	T	ACCTTGCAG GA
		1451		1500
SECID427	(926)	GTAAATGGCTCTGAGG---ACC---AGCTGG-TTGCTAGTAGCAGCCGTAAT		
SECID436	(1005)	ATCGGGC---AATGTACTG---CCAGATGGAGCAGATCAT-AG---TTTT		
SECID438	(993)	ACCGGC---AATGTTGTG---TGCAATACGGTGCATCATCATGATTTT		
SECID440	(1012)	CTGACAAATAGCATTTGCTATTCAGGACCATCAAAAGTCTAATGGCTTCTT		
SECID442	(1048)	CTGACAAATGGCATTTGATATTCAGGACCATCAAAAGTCTAATGGCTCCTT		
SECID444	(984)	-TGAATGCCAGATTCAGCT-----TCAACAATAAGACAG-----ACTCG		
SECID446	(1138)	GATTTGGATTGTTGG---CCCCAAAACGA-AAACGACCAAGAGCTGAGTT		
SECID448	(1026)	AGCAGGTGTGGAAATACTCGATTCCGATGTTGCTCATAGGAGGATTC		
SECID450	(924)	---AAT---AGTCTGCG---GTCACACCGGACATCATCTGTGATCTC		
SECID452	(1008)	ATCGGAC---AATATTATG---CCAGATGGTGACATCAT--GG--TTTC		
SECID454	(1177)	CTGCAGAAATGGCAT--AGTACGTTTGTCAATGATTCCAGTAGGCTTTT		
SECID429	(1054)	GTAAATGGCTCTGAGG---ACC---AGCTGG-TTGCTAGTAGCAGCCGTAAT		
SECID430	(1141)	GTAAATGGCTCTGAGG---ACC---AGCTGG-TTGCTAGTAGCAGCCGTAAT		
SECID431	(926)	GTAAATGGCTCTGAGG---ACC---AGCTGG-TTGCTAGTAGCAGCCGTAAT		
SECID432	(1069)	GTAAATGGCTCTGAGG---ACC---AATGTT-TTACTGGTAGCAGCCCTCTC		
SECID434	(905)	GATTTGGATTGTTGG---CCCCAAAACCA-AAACGCAAGAGCGAGTT		
Consenso	(1451)	GT A G T ATG A C C	T CCA CAG AGC TTTT	

FIGURA 4B (continuación)

		1501		1550
SECID427	(969)	GTTCCTACAT-----CTCAACCTCA-----G		
SECID436	(1045)	GATGG--TC---TC-----ATGGCGTTCAAGAAACCAACGC		
SECID438	(1036)	GATGGGCTC-----ATACCAITCAAGGGAAACACCCC		
SECID440	(1062)	ACCATCCAAGGC-----CAAGGGCACTGCAGGTG		
SECID442	(1098)	ACCATCTAAGG-----TANGGGCACTGCAGCTG		
SECID444	(1024)	GATAAAATT-----ATCTCTTTTGAGAGAGTACACC		
SECID446	(1184)	ATTGAGTAAGGTTTGTGTTTTTCTTTGCTGTTAATATATTTTCTCTG		
SECID448	(1076)	GATGGGTTCCCGTC-----ACGGCGTCAAGGAATCAGTCC		
SECID450	(964)	GATGGGTTT-----ATGGCCTTCAAGGGAACCAAGCAC		
SECID452	(1048)	GATGGGTTT-----ATGGCAITCAAGGGAATCTGTAC		
SECID454	(1224)	GCACTCTAAGGGCGC-----AATAGCT-----G		
SECID429	(1097)	GTTCCTACAT-----CTCAACCTCA-----G		
SECID430	(1184)	GTTCCTACAT-----CTCAACCTCA-----G		
SECID431	(969)	GTTCCTACAT-----CTCAACCTCA-----G		
SECID432	(1112)	TTTCTCTGGT-----TTCAACCATCT-----G		
SECID434	(951)	ATTGAGTAAG-----		
Consenso	(1501)	G TCTCTACA	T AAA A G	
		1551		1600
SECID427	(992)	GTGGGTTTCCAGGAGGAA-AGTCCAACTTTCA---ACTTCATGCGGAG		
SECID436	(1077)	GAAGGTCCTTAACCA-----AGGCAT-----G---GAA-		
SECID438	(1068)	GAAGGTCCTTAACCA-----AGGCT-----G---GATC		
SECID440	(1091)	A--GGTTCT---CAA---CCAAGGTTT-----G---TT		
SECID442	(1127)	A--GATTCCT---CAA---CCAAGGTTT-----G---GA		
SECID444	(1056)	CCAGGTCCTTAGTCA-----AGGTTT-----C---TAG-		
SECID446	(1234)	TTGTATTCATGATTTTGATGATTGCTTGTCTATGCAGATTGTGTAGAA		
SECID448	(1114)	AAAGACCTTTGATCAACAA--GGGCGACGCGT-----T---GAA-		
SECID450	(996)	AAAGCTCTTAACCA-----AGGCGT-----G---GAG-		
SECID452	(1080)	AAAGTTCCTTAATCA---AGGCT-----C---CAA-		
SECID454	(1247)	A--GGTTCTCAATCAAGTG--TCCCAAGCTAAGTTACATTCAACCTCAGA		
SECID429	(1120)	GTGGGTTTCCAGGAGGAA-AGTCCAACTTTCA---ACTTCATGCGGAG		
SECID430	(1207)	GTGGGTTTCCAGGAGGAA-AGTCCAACTTTCA---ACTTCATGCGGAG		
SECID431	(992)	GTGGGTTTCCAGGAGGAA-AGTCCAACTTTCA---ACTTCATGCGGAG		
SECID432	(1135)	GTGGGTTTCCAGGAGGAA-AGTCCAACTTTCA---ACTTCATGCGGAG		
SECID434	(962)	-----		
Consenso	(1551)	GGTTCT A CA CCAAGGTTT G GAA		
		1601		1650
SECID427	(1037)	ATGTGGGAGAAATCTCAGGAGTCTCTC---CATGAATCTCAGATATCTAC		
SECID436	(1102)	--GCTTCTGCTGTCTCTCCGCTC---GCTAGAGGCCGAGACTTTGAG		
SECID438	(1094)	CAGCCTGTCCGCTGCTCTCCTCAACTCGAATCTAGCCCGGATCTTCGG		
SECID440	(1113)	TTGT--CTTCATT---TTGAGAAAC-----AAGCTCACAATTATTGGAT		
SECID442	(1149)	AGAATACATCATTC-CTTCCAAAGCG---GAAGCAGCACCAGATCTCAT		
SECID444	(1081)	--GGGTCTGCATTAACTTCTAAGATT---GAGGTAGCACCAGATCTTCGG		
SECID446	(1284)	AGGTACACATCTCTTTTACACATG---GGTCTTGTCAAGATCTTGAT		
SECID448	(1148)	--GCTTGTGCGGCGTCTCAGCCG---GACGCGGCGCGGACCTTCAG		
SECID450	(1021)	--GCTTGTGCGGCGTCTCAGCTCGAACAACGGAGGCCGAGAGGTGGG		
SECID452	(1105)	--GCTTCTCTGTGTCTTCCGACTCC---AGTGGAGCCCGGATCTTCAG		
SECID454	(1293)	CACTGGAGGACCG--AGTTCCCTC---AATGATTCGGGGTGCATAT		
SECID429	(1165)	ATGTGGGAGAAATCTCAGGAGTCTC---CATGAATCTCAGATATCTAC		
SECID430	(1252)	ATGTGGGAGAAATCTCAGGAGTCTC---CATGAATCTCAGATATCTAC		
SECID431	(1037)	ATGTGGGAGAAATCTCAGGAGTCTC---CATGAATCTCAGATATCTAC		
SECID432	(1180)	GTCTGGGAGAAATCTCAGGAGTCTC---CATGAATCTCAGATATCTAC		
SECID434	(965)	AGGTCAATATCTCT---TCACATAG---GGTCTTGTCAAGATCTTGAT		
Consenso	(1601)	A GT GAGCAT C C TCAG C TC ATG ATC CCAGAT TTCA		

FIGURA 4B (continuación)

		2651	2700
SECID427	(1084)	CGTCTCTCTCTCTCTCTCAAC-----CTCTTTCGGAT-----	
SECID436	(1147)	CATGCTCTCTCTCTCTCTCAATC---GATTCAGTGGGGG---	
SECID438	(1144)	CGTCTCTCTCTCTCTCTCTCAAGC---GATCTCTGGGGCCCG-----	
SECID440	(1153)	TGA	
SECID442	(1195)	CGTCTCTCTCTCTCTCTCTCAAC---AATTCATGGCGTTCACGTGAGCC	
SECID444	(1126)	CGTCTCTCTCTCTCTCTCTCAAC---AGTCTTGGGGCTCGAAT----	
SECID446	(1331)	GGTCTCTCTCTCTCTCTCTCAATTCAACACCATCTGCTTC---CTCGAA	
SECID448	(1193)	CGTCTCTCTCTCTCTCTCTCAAC---AGTCTGGCCGGTGGCGG-----	
SECID450	(1069)	CGTCTCTCTCTCTCTCTCTCAGAC---GGCTCTGGGGCTCGAGTT---	
SECID452	(1150)	CATGCTCTCTCTCTCTCTCTCAAGC---AATCTAGTGGGG-----	
SECID454	(1338)	CTTCTCTCAACAGGCGATGGTAA-CACCTCATTTCAAGAGTT-C----	
SECID429	(1212)	CGTCTCTCTCTCTCTCTCTCAAC-----CTCTTTCGGAT-----	
SECID430	(1299)	CGTCTCTCTCTCTCTCTCTCAAC-----CTCTTTCGGAT-----	
SECID431	(1084)	CGTCTCTCTCTCTCTCTCTCAAC-----CTCTTTCGGAT-----	
SECID432	(1227)	AGTCTCTCTCTCTCTCTCTCAAC---CTATTTCTGATTCACAAGGGAT	
SECID434	(1009)	GGTCTCTCTCTCTCTCTCTCAATTCAACAAAGATGGGTCTCTTCTCTGA	
Consenso	(1651)	CGTCTCTCTCTCTCTCTCTCAAC	C T C T G G T

		1701	1750
SECID427	(1117)	-----CCCCGGGCC--AACCAC--ATGTGCAGCCATTTTCTC	
SECID436	(1184)	-CTGGA-AAAC-----CTTC-AGGCAGGTTTCTAGATTCC	
SECID438	(1183)	---GCC-GAGGTT-----CAG--GCCGGC-TCCCAGGTGC	
SECID440	(1156)	-----	
SECID442	(1242)	GCAATCTATTTTCATTGAAACA-ACCGTGTCATCAAAATCACACCACTGAG	
SECID444	(1168)	-GAGCATGGATCCA-----CCTCTCTGG-ATCAACTSATGCTTGGAA	
SECID446	(1378)	CCAGCAACAAGGTTTTCTTAAACACCAT-TCCACAAGCAACCTCCAA	
SECID448	(1234)	-CGGCACCAACACCAACCAACC-CGCGCGCGC-CGCCGGCGGTGAGCTGC	
SECID450	(1112)	-CAGGC-GTCATC-----CAGC-AGGCCACATCTCAGCGGG	
SECID452	(1187)	-CTGEC-AAAC-----CTCC-AGCCAAGTCCGAGATGC	
SECID454	(1381)	-----AAGCTGTTC-AAGCGCCAT-ACGAGTCTGGCTTTTCTT	
SECID429	(1245)	-----CCCCGGGCC--AACCAC--ATGTGCAGCCATTTTCTC	
SECID430	(1332)	-----CCCCGGGCC--AACCAC--ATGTGCAGCCATTTTCTC	
SECID431	(1117)	-----CCCCGGGCC--AACCAC--ATGTGCAGCCATTTTCTC	
SECID432	(1271)	CAAACACACTCCCGTGGTCG-AACCACCGCAATATTTTGGCACTTTCC	
SECID434	(1059)	CCAACCAAGGCGTTTATACTTGATACCAT-CCCTCAAGCAACCTCCAA	
Consenso	(1701)	C C T CCC AACC C A C GCC C T C C	

		1751	1800
SECID427	(1151)	TACTCTGTTCAATATGATTGTGT--ACCAAAT---AG-----	
SECID436	(1214)	ACC---CTGGTGT-----CACCGCCATTGCCGGCACCACCAACCC	
SECID438	(1211)	ATC-ECGGTGAGTGATGCCGCCCCCTGC CGGTGCCGCCGCCACGGTCAC	
SECID440	(1156)	-----	
SECID442	(1291)	TCTGTGCTGGAGTTATAACCCCAAAACTCCCACTTGCCTCATCAGAGTA	
SECID444	(1208)	ACC-AAACAAGCATGACACGCCAATGATAATGCTG--AACTCCAAAAT	
SECID446	(1427)	CGGTGCTGTCACGGTCTCTGTG---ACTCACTCAGTTCACTGACAGCTA	
SECID448	(1281)	ACCACCAACGCGCTGCC-CGAGCAGTGTGCTCGCCCCGCGTCCGTCTC	
SECID450	(1145)	ACG-ECGGTGCATGCTGCCGCCCCCTGCCACCGTTCCCTCTCCAACGC	
SECID452	(1217)	ACT---CTGGGGTG---G-CAGC-CATTGCCGGGCCCCCAACCC	
SECID454	(1418)	CTGGATAATTAGAGTATAGGGA--ATTGCAAT--ATCCGATTCCTAGGA	
SECID429	(1279)	TACTCTGTTCAATATGATTGTGT--ACCAAAT---AGATGAGTAAGTAAT	
SECID430	(1366)	TACTCTGTTCAATATGATTGTGT--ACCAAAT--AGATGAGTAAGTAAT	
SECID431	(1151)	TACTCTGTTCAATATGATTGTGT--ACCAAAT--AG-----	
SECID432	(1319)	TAGTCATTTCATCTGAAGAGT-TAAAAAATGCGAAGTCACACCAATAAA	
SECID434	(1108)	CCTGATATCTCCCGTCTCGC--GGTCNCTCAATTCAATTTCGGGCTA	
Consenso	(1751)	CC C GTTCA TGAT G A C AAAT G G TCC	

FIGURA 4B (continuación)

ES 2 539 530 T3

		1801		1850
SECID427	(1183)	-----		-----
SECID436	(1251)	TGT---GATGAT---GCCA--TGTCCAGCAA--TCTGGCAAGGAGGCTT		
SECID438	(1260)	CGC---GCCCAC---G-AAGCCTGTCACTGT--GATGCATGCTCTGCAC		
SECID440	(1156)	-----		-----
SECID442	(1341)	TTGGAGGACTGAGCAACCGTCAACTGACTCTCAAGTGCATACCTTGACGT		
SECID444	(1255)	TGT---CAGTTG-----TTTATCAGAA--AATGCACGGATGGAAC		
SECID446	(1474)	CTGGCAGCCGACCCACCAGGAGGTGAGGCTCAACCGCTTTGACTAGGA		
SECID448	(1330)	CGTGCTGAGTAG---GCCTCGTGGCCGGC--TGTGGCAGGACGGCGG		
SECID450	(1194)	CGC---CGC-----CGCCGCC-CG---G---CATCCTCTGGAC		
SECID452	(1254)	CGCGATGACCGCTGGGATCATGACCGGGC--TCTGGCTAGACGGCAG		
SECID454	(1463)	GTAACGCCGTGTTCATGAAGCAACATAG-----		
SECID429	(1324)	GTGTAATTTGTAAACCTGTTACTCAGTTGGTG-GATACTTTTCCAAACCT		
SECID430	(1411)	GTGTAATTTGTAAACCTGTTACTCAGTTGGTG-GATACTTTTCCAAACCT		
SECID431	(1183)	-----		-----
SECID432	(1367)	AAGTCGGGTTTCATCATCCGATGGAGTTTCACAGTTTCTTTTCAAATAAA		
SECID434	(1155)	TTGGCAGCCGACCCACCCGAGTTGAAGCCCGACCGCTCTGCATAGAA		
Consenso	(1801)	C GA C C GG G		
		1851		1900
SECID427	(1183)	-----		-----
SECID436	(1290)	-----GTCC-CTTGATCAGCAGGCGCA-----GTTTGGGCTTTC		
SECID438	(1300)	CC-----GTCCACCGGAGGAGGAGATTCT---GGCAAGCCGCGAC		
SECID440	(1156)	-----		-----
SECID442	(1391)	CTCACTGA-----		
SECID444	(1292)	AAGC-----ATCC-CTTGAGTCTCGGGTGCAT-----TCITTGGATTTAC		
SECID446	(1524)	ATGGGGTAGGCCAGTTTAATGGAAGTAC---AACTTGAATCAGTTTAT		
SECID448	(1375)	CGGCAGCGCGGC-CGGGCCACACGCGCACGCGCGGCTCCAGGCTCTC		
SECID450	(1222)	CC-----GTCC-CCGG---GAAGGTTCT---GGCCGGA---GAC		
SECID452	(1302)	CCA-----GCC-CTCGATGATCACCCGCG-----GTTCCAGGTCTTC		
SECID454	(1492)	-----		-----
SECID429	(1373)	ATGATAAAAACCTCGTCCTAGATCCCGTT--AAATGCCAAATTTTCGGCT		
SECID430	(1460)	ATGATAAAAACCTCGTCCTAGATCCCGTT--AAATGCCAAATTTTCGGCT		
SECID431	(1183)	-----		-----
SECID432	(1417)	ATAAAAATGTGCAACATCCATTGCTCAAG--CTAAACCAGTCTCTCGGTT		
SECID434	(1205)	ATGGGGTAGGCCAGTTTAATGGAAGTACTTTCAGCTTGAACAGTTTAT		
Consenso	(1851)	C T A CA		
		1901		1950
SECID427	(1183)	-----		-----
SECID436	(1324)	GAC--CGGCTTGGAACGACGACGACGAAGATCATCTCCAGCTCCCAAAG		
SECID438	(1339)	GAC-CCGCTCCG---CTCGATCATGCCTCGCAGGCTCAGGCGTTCATG		
SECID440	(1156)	-----		-----
SECID442	(1399)	-----		-----
SECID444	(1331)	ATG--A-GAATGGAACGTCCAGTTGCAAGAGT--TTCAGCTGCTCAAA		
SECID446	(1571)	AACTGAAAGTGTGTTGCTTTTAAATCATAATAAGATATTTGTGTAAGG		
SECID448	(1424)	GACGCCGCATGG---CGACGGCGCAGGAGCTC--CTCCAGCTCCCCAGG		
SECID450	(1252)	GAT-CATCCCCCG---CTCG-----TCGACGGACCCGCCACGCA--		
SECID452	(1339)	GAG--CGTTGGG---GGACCATGACAGCGAGC--TCCAGCTCCCAAAG		
SECID454	(1492)	-----		-----
SECID429	(1421)	ACTATAAATATG-TTATCGTTATCATTATCATTTGTTTAACACCCT-----		
SECID430	(1508)	ACTATAAATATG-TTATCGTTATCATTATCATTTGTTTAACACCCT-----		
SECID431	(1183)	-----		-----
SECID432	(1465)	AGCTCAGTTTTTCTTATACATTTCCAAACATATTGTCAATTTCTTCTGG		
SECID434	(1255)	AACTGA-----		-----
Consenso	(1901)	C		

FIGURA 4B (continuación)

		1951	2000
SECID427	(1183)	-----	-----
SECID436	(1372)	CCT-----TCCTATGACAACCTCC-----CACTATGATCAGATGAACTG	
SECID438	(1384)	CATCCTGGCAATGGCAGCAGCTCC--G---GCTATGGCCATCTGCACTG	
SECID440	(1156)	-----	-----
SECID442	(1399)	-----	-----
SECID444	(1375)	GCACCCTATGCTACCGGCTGCTTTT-----ATTCCAATCAATTCAGCTA	
SECID446	(1621)	ATCAGGTGAGCCTAGTGGTAACGTTTAAATAGGAGCTGTGAAACTTGCTA	
SECID448	(1469)	CCGCCGCCATCGTACGGCGGCTCCTCGTCCCACTACGACCTGATGCGCTG	
SECID450	(1287)	GATTCCGGAGCTGGC-GCACCTCC--G---GATATGGTGA-----	
SECID452	(1381)	CCT-----TCCTACGACCATGCCTCG--CACTTCGACCGGATGCACTG	
SECID454	(1492)	-----	-----
SECID429	(1465)	-----	-----
SECID430	(1552)	-----	-----
SECID431	(1183)	-----	-----
SECID432	(1515)	ATTCTGTTGGTATGACAACCTTTGTTACTCTGTCAAACATGTCTACGACTA	
SECID434	(1261)	-----	-----
Consenso	(1951)		
		2001	2050
SECID427	(1183)	-----	-----
SECID436	(1410)	A-----	-----
SECID438	(1428)	A-----	-----
SECID440	(1156)	-----	-----
SECID442	(1399)	-----	-----
SECID444	(1419)	A-----	-----
SECID446	(1671)	AAGACATCAACTCCTCTCGTCTTTCTTTTGTCCATTGATTTCTTGGGTT	
SECID448	(1519)	ATGCTTCCTTCCTTGTGGATTGTGGTGGAGAACTGGAGATGGAGCGGGAG	
SECID450	(1321)	-----	-----
SECID452	(1422)	A-----	-----
SECID454	(1492)	-----	-----
SECID429	(1465)	-----	-----
SECID430	(1552)	-----	-----
SECID431	(1183)	-----	-----
SECID432	(1565)	TTTTAAAACCATTTTCAGAGATT-----	
SECID434	(1261)	-----	-----
Consenso	(2001)		
		2051	2100
SECID427	(1183)	-----	-----
SECID436	(1411)	-----	-----
SECID438	(1429)	-----	-----
SECID440	(1156)	-----	-----
SECID442	(1399)	-----	-----
SECID444	(1420)	-----	-----
SECID446	(1721)	AGGGAGAGTTGTGACAGTTAAGTATTATAAATCATCTTGTCAAATTATTT	
SECID448	(1569)	CGCCGCCGTGCCCCCGGTTGGCGCGTGGAAATCAGTCAGACGTGGCTTCT	
SECID450	(1321)	-----	-----
SECID452	(1423)	-----	-----
SECID454	(1492)	-----	-----
SECID429	(1465)	-----	-----
SECID430	(1552)	-----	-----
SECID431	(1183)	-----	-----
SECID432	(1587)	-----	-----
SECID434	(1261)	-----	-----
Consenso	(2051)		

FIGURA 4B (continuación)

ES 2 539 530 T3

		2101	2150
SECID427	(1183)	-----	-----
SECID436	(1411)	-----	-----
SECID438	(1429)	-----	-----
SECID440	(1156)	-----	-----
SECID442	(1399)	-----	-----
SECID444	(1420)	-----	-----
SECID446	(1771)	ATACATTAGAATTTTCAGATATTGATGGTGTAGCAACTGAAAAATTGATC	
SECID448	(1619)	GTGGCGTCGTCCTCTGCAACGCGGGAGCGGGATTTTGCTTGTGTTCTGAAC	
SECID450	(1321)	-----	-----
SECID452	(1423)	-----	-----
SECID454	(1492)	-----	-----
SECID429	(1465)	-----	-----
SECID430	(1552)	-----	-----
SECID431	(1183)	-----	-----
SECID432	(1587)	-----	-----
SECID434	(1261)	-----	-----
Consenso	(2101)		
		2151	2200
SECID427	(1183)	-----	-----
SECID436	(1411)	-----	-----
SECID438	(1429)	-----	-----
SECID440	(1156)	-----	-----
SECID442	(1399)	-----	-----
SECID444	(1420)	-----	-----
SECID446	(1821)	AAACGCATCATAATATACGTATGATAAGGTTATTTGCATCTGAACTTTTT	
SECID448	(1669)	GAACAGAAAAAAAAAAAA	
SECID450	(1321)	-----	-----
SECID452	(1423)	-----	-----
SECID454	(1492)	-----	-----
SECID429	(1465)	-----	-----
SECID430	(1552)	-----	-----
SECID431	(1183)	-----	-----
SECID432	(1587)	-----	-----
SECID434	(1261)	-----	-----
Consenso	(2151)		
		2201	2250
SECID427	(1183)	-----	-----
SECID436	(1411)	-----	-----
SECID438	(1429)	-----	-----
SECID440	(1156)	-----	-----
SECID442	(1399)	-----	-----
SECID444	(1420)	-----	-----
SECID446	(1871)	TTATATTTCGCATTAGTCAGCATTTTGTGTTATACTAGATTGGATCCGTG	
SECID448	(1685)	-----	-----
SECID450	(1321)	-----	-----
SECID452	(1423)	-----	-----
SECID454	(1492)	-----	-----
SECID429	(1465)	-----	-----
SECID430	(1552)	-----	-----
SECID431	(1183)	-----	-----
SECID432	(1587)	-----	-----
SECID434	(1261)	-----	-----
Consenso	(2201)		

FIGURA 4B (continuación)

ES 2 539 530 T3

		2251	2300
SECID427	(1183)	-----	-----
SECID436	(1411)	-----	-----
SECID438	(1429)	-----	-----
SECID440	(1156)	-----	-----
SECID442	(1399)	-----	-----
SECID444	(1420)	-----	-----
SECID446	(1921)	CGTTGCAACAGGTTTTATTTGATATTACCATCCATTGATTTTTTTTTTTT	
SECID448	(1685)	-----	-----
SECID450	(1321)	-----	-----
SECID452	(1423)	-----	-----
SECID454	(1492)	-----	-----
SECID429	(1465)	-----	-----
SECID430	(1552)	-----	-----
SECID431	(1183)	-----	-----
SECID432	(1587)	-----	-----
SECID434	(1261)	-----	-----
Consenso	(2251)		
		2301	2350
SECID427	(1183)	-----	-----
SECID436	(1411)	-----	-----
SECID438	(1429)	-----	-----
SECID440	(1156)	-----	-----
SECID442	(1399)	-----	-----
SECID444	(1420)	-----	-----
SECID446	(1971)	TTTGCAAAACAAATAATTTGGTAATTCCATTAACCGCCACAGTCGTTTCT	
SECID448	(1685)	-----	-----
SECID450	(1321)	-----	-----
SECID452	(1423)	-----	-----
SECID454	(1492)	-----	-----
SECID429	(1465)	-----	-----
SECID430	(1552)	-----	-----
SECID431	(1183)	-----	-----
SECID432	(1587)	-----	-----
SECID434	(1261)	-----	-----
Consenso	(2301)		
		2351	2372
SECID427	(1183)	-----	-----
SECID436	(1411)	-----	-----
SECID438	(1429)	-----	-----
SECID440	(1156)	-----	-----
SECID442	(1399)	-----	-----
SECID444	(1420)	-----	-----
SECID446	(2021)	GAGCAAAACCATGTTAAATCT	
SECID448	(1685)	-----	-----
SECID450	(1321)	-----	-----
SECID452	(1423)	-----	-----
SECID454	(1492)	-----	-----
SECID429	(1465)	-----	-----
SECID430	(1552)	-----	-----
SECID431	(1183)	-----	-----
SECID432	(1587)	-----	-----
SECID434	(1261)	-----	-----
Consenso	(2351)		

FIGURA 4B (continuación)

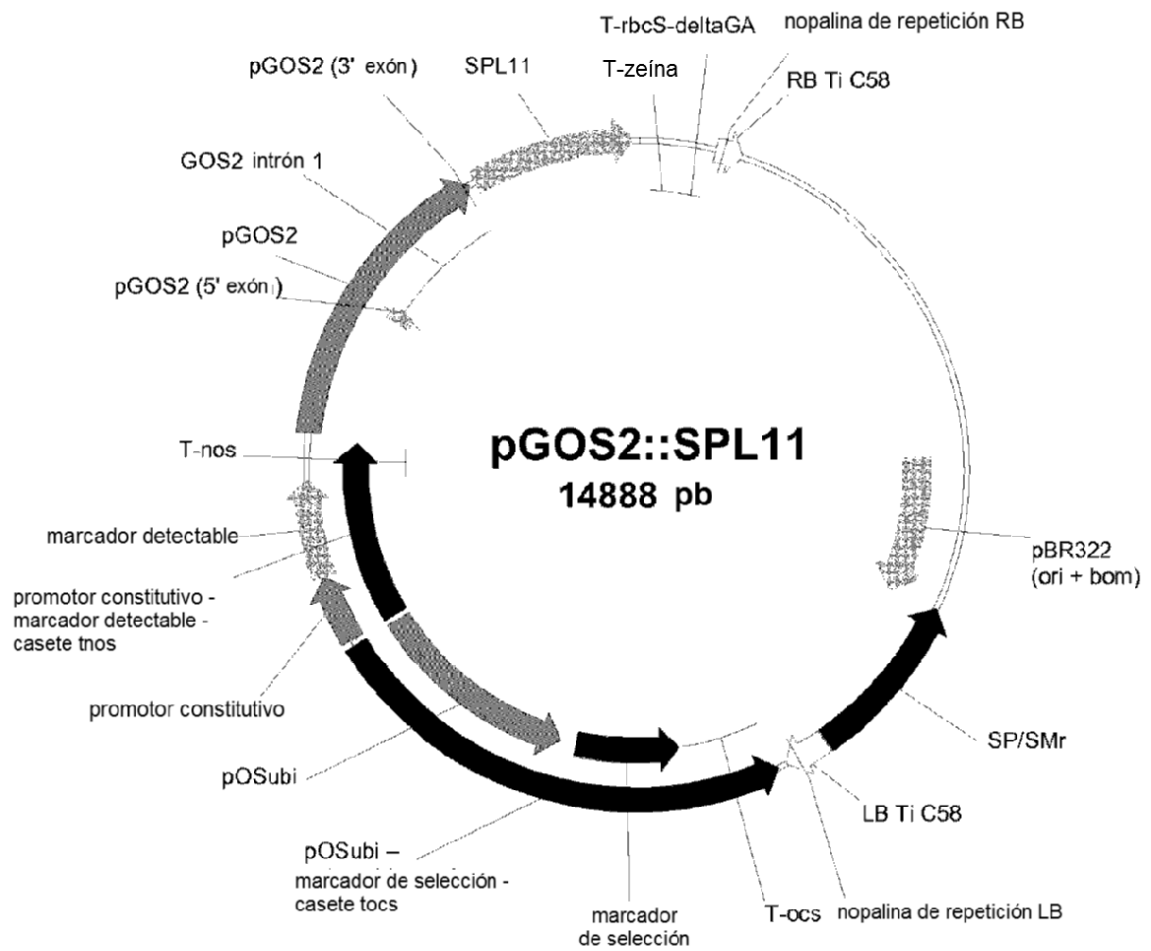


FIGURA 5A

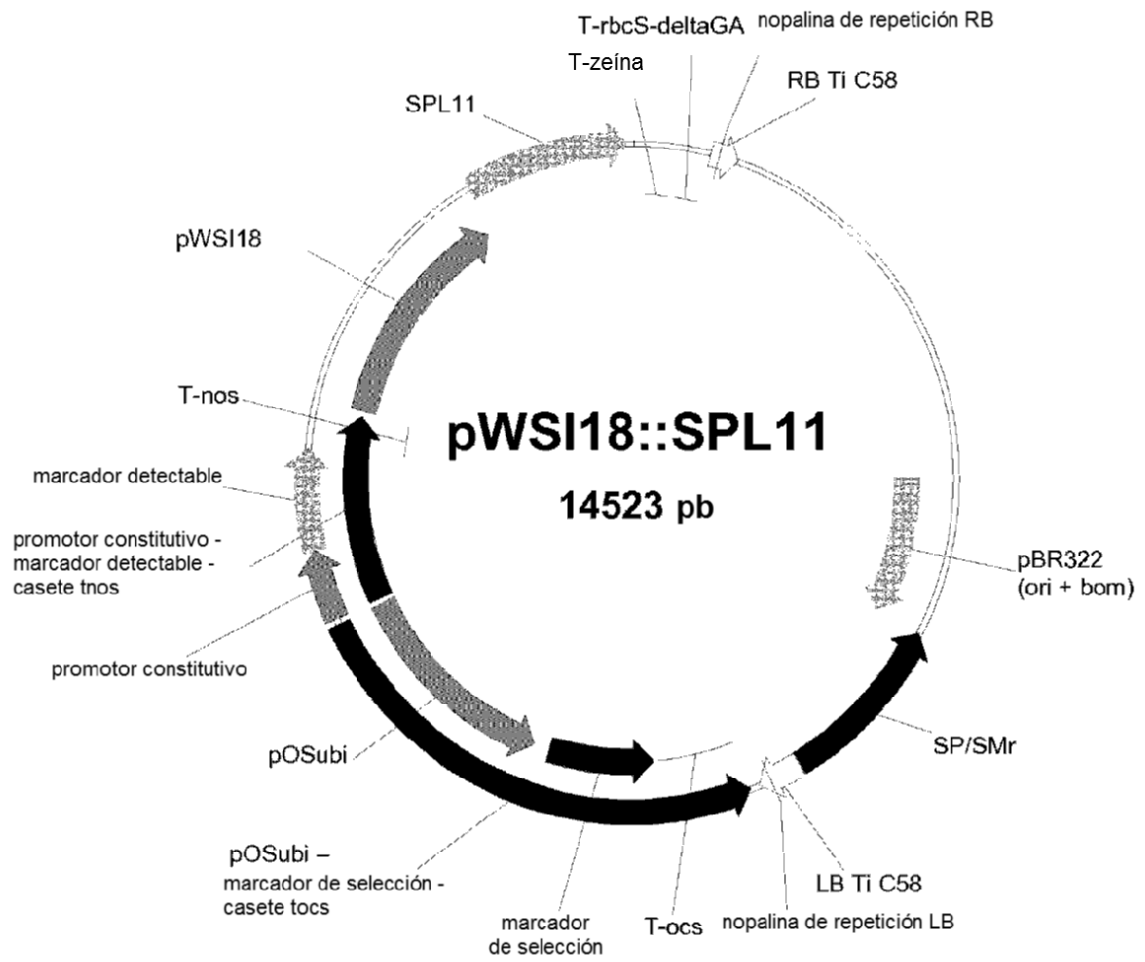


FIGURA 5B

SEC ID N°: 427, ADN - *Arabidopsis thaliana*

ATGGACTGCAACATGGTATCTTCGTCCCAGTGGGATTGGGAGCATTGATCATGTCCAATCCGTCA
AGGACTGAAGATGACAGCAAACAGCTACCTACTGAGTGGGAAATTGAAAAAGGTGAAGGAATTGAA
TCTATAGTTCCACATTTCTCAGGCCTTGAGAGAGTCAGTAGTGGCTCTGCCACCAGCTTCTGGCAC
ACTGCTGTATCGAAAAGCTCACAGTCGACCTCTATCAACTCATCATCTCCCGAAGCCAAACGATGC
AAGCTTGCATCAGAAAGTTCCCCTGGAGATTCTTGCAGCAACATAGACTTTGTCCAGGTGAAGGCT
CCCACAGCTCTCGAGGTATCCGTTGCCTCAGCTGAATCAGATCTTTGTTTAAAACTAGGAAAGCGG
ACATACTCTGAAGAATACTGGGGTAGAAACAATAATGAAATTTTCAGCGGTTTCTATGAAGTTGTTA
ACTCCATCTGTTGTCTGCTGGGAAATCCAAATTGTGTGGTCAGAGCATGCCAGTCCCGCGTTGCCAA
ATTGATGGCTGTGAAGTGGATCTCTCATCTGCTAAGGGTTATCATCGTAAGCACAAAGTCTGCGAA
AAGCATTCAAAGTGCCCAAAGTTAGCGTGAGTGGCCTGGAACGTCGGTTCTGCCAACAGTGTAGC
AGGTTCCATGCTGTCTCTGAATTTGATGAGAAGAAACGAAGCTGCCGAAAACGCTCTTCTCATCAT
AATGCGAGGCGTCGTAAGCCACAAGGAGTATTTCAATGAATCCCGAGAGGGTGTATGATCGAAGA
CAGCATACAAATATGTTGTGGAATGGGGTGTCCCTTAACGCGAGATCTGAAGAAATGTATGAATGG
GGTAATAACACTTATGATACAAAGCCTAGACAAACGGAAAAAAGCTTTACTCTGAGCTTCCAGAGA
GGTAATGGCTCTGAGGACCAGCTGGTTGCTAGTAGCAGCCGTATGTTCTCTACATCTCAAACCTCA
GGTGGGTTCCCAGCAGGAAAGTCCAAGTTTCAACTTCATGGCGAAGATGTGGGAGAATACTCAGGA
GTCCTCCATGAATCTCAAGATATCCACCGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAACCTCTTCGGATCCCCGTG
GCCCAACCACATGTGCAGCCATTTTCTCTACTCTGTTTCATATGATGTTGTACCAAAATAG

SEC ID N°: 428, proteína- *Arabidopsis thaliana*

MDCNMVSSSQWDWEHLIMSNPSRTEDDSKQLPTEWEIEKKEGIESIVPHFSGLERVSSSGSATSFWH
TAVSKSSQSTSINSSSPEAKRCKLASESSPGDSCSNIDFVQVKAPTALEVSVASAESDLCLKLGR
TYSEEWGRNNNEISAVSMKLLTPSVVAGKSKLCGQSMFVPRCQIDGCELDLSSAKGYHRKHVKCE
KHSKCPKVSVSGLERRFCQCSRFAVSEFDEKKRSCRKRLSHHNARRRKPQGVFSMNPERVYDRR
QHTNMLWNGVSLNARSEEMYEWGNNTYDTKPRQTEKSFTLSFQRGNGSEDQLVASSSRMFSTSQTS
GGFPAGKSKFQLHGEDVGEYSGVLHESQDIHRALSLLSTSSDPLAQPHVQPFSLCSYDVVPK

5 SEC ID N°: 429, ADN - *Arabidopsis thaliana*

CTTAGTCAATAGCATCTTCTCCGATCATCGACGTCCGGAGATTTCTTCGGCCCTCTCATACTTGAG
TTGTTGTAGGATTTGTTGCTCTGGCTCTGGTGGTAGGTCTATGAAATCAACCCATATCGTGAATGG
ACTGCAACATGGTATCTTCGTCCCAGTGGGATTGGGAGCATTGATCATGTCCAATCCGTCAAGGA
CTGAAGATGACAGCAAACAGCTACCTACTGAGTGGGAAATTGAAAAAGGTGAAGGAATTGAATCTA
TAGTTCCACATTTCTCAGGCCTTGAGAGAGTCAGTAGTGGCTCTGCCACCAGCTTCTGGCACACTG
CTGTATCGAAAAGCTCACAGTCGACCTCTATCAACTCATCATCTCCCGAAGCCAAACGATGCAAGC
TTGCATCAGAAAGTTCCCCTGGAGATTCTTGCAGCAACATAGACTTTGTCCAGGTGAAGGCTCCCA
CAGCTCTCGAGGTATCCGTTGCCTCAGCTGAATCAGATCTTTGTTTAAAACTAGGAAAGCGGACAT
ACTCTGAAGAATACTGGGGTAGAAACAATAATGAAATTTTCAGCGGTTTCTATGAAGTTGTAACTC
CATCTGTTGTCTGCTGGGAAATCCAAATTGTGTGGTCAGAGCATGCCAGTCCCGCGTTGCCAAATTG
ATGGCTGTGAAGTGGATCTCTCATCTGCTAAGGGTTATCATCGTAAGCACAAAGTCTGCGAAAAGC
ATTCAAAGTGCCCAAAGTTAGCGTGAGTGGCCTGGAACGTCGGTTCTGCCAACAGTGTAGCAGGT
TCCATGCTGTCTCTGAATTTGATGAGAAGAAACGAAGCTGCCGAAAACGCTCTTCTCATCATAATG
CGAGGCGTCGTAAGCCACAAGGAGTATTTTCAATGAATCCCGAGAGGGTGTATGATCGAAGACAGC
ATACAAATATGTTGTGGAATGGGGTGTCCCTTAACGCGAGATCTGAAGAAATGTATGAATGGGGTA
ATAACACTTATGATACAAAGCCTAGACAAACGGAAAAAAGCTTTACTCTGAGCTTCCAGAGAGGTA
ATGGCTCTGAGGACCAGCTGGTTGCTAGTAGCAGCCGTATGTTCTCTACATCTCAAACCTCAGGTG
GGTTCCCAGCAGGAAAGTCCAAGTTTCAACTTCATGGCGAAGATGTGGGAGAATACTCAGGAGTCC
TCCATGAATCTCAAGATATCCACCGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAACCTCTTCGGATCCCCGTGGCCC

FIGURA 6

AACCACATGTGCAGCCATTTTCTCTACTCTGTTTCATATGATGTTGTACCAAAATAGATGAGTAAGT
AATGTGTAATTTGTAAACCTGTTACTCAGTTGGTGGATACTTTTCCAAACCTATGATAAAAACCTC
GTCCTAGATCCCGTTAAATGCCAACTTTTCGGCTACTATAACTATGTTATCGTTATCATTATCATT
GTTTAAACACCTT

SEC ID N°: 430, ADN - *Arabidopsis thaliana*

CTGGGTGAAACATAGAAAAGTTTCTCTTGCTCAAGTTAATGATAAAAGGGTGAGAGCAATAAACGC
TGATAAGCCTTGCTGGTCCTTGAATTTTGAATTTTCTTTTTCTATCTTACTTATAGTATTGGTA
GTTGAGGGTGTCTCGATAAGTTGTTGTAGGATTTGTTGCTCTGGCTCTGGTGGTAGGTCTATGAA
ATCAACCCATATCGTGAATGGACTGCAACATGGTATCTTCGTCCAGTGGGATTGGGAGCATTGTA
TCATGTCCAATCCGTCAAGGACTGAAGATGACAGCAAAACAGCTACCTACTGAGTGGGAAATTGAAA
AAGGTGAAGGAATTGAATCTATAGTTCCACATTTCTCAGGCCTTGAGAGAGTCAGTAGTGGCTCTG
CCACCAGCTTCTGGCACACTGCTGTATCGAAAAGCTCACAGTCGACCTCTATCAACTCATCATCTC
CCGAAGCCAAACGATGCAAGCTTGCATCAGAAAGTTCCCCTGGAGATTCTTGCAGCAACATAGACT
TTGTCCAGGTGAAGGCTCCACAGCTCTCGAGGTATCCGTTGCCTCAGCTGAATCAGATCTTTGTT
TAAAACTAGGAAAGCGGACATACTCTGAAGAATACTGGGGTAGAAAACAATAATGAAATTTTCAGCGG
TTTCTATGAAGTTGTTAACTCCATCTGTTGTCGCTGGGAAATCCAAATTGTGTGGTCAGAGCATGC
CAGTCCCGCGTTGCCAAATTGATGGCTGTGAACTGGATCTCTCATCTGCTAAGGGTTATCATCGTA
AGCACAAAGTCTGCGAAAAGCATTCAAAGTGCCCAAAAGTTAGCGTGAGTGGCCTGGAACGTCGGT
TCTGCCAACAGTGTAGCAGGTCCATGCTGTCTCTGAATTTGATGAGAAGAAACGAAGCTGCCGAA
AACGCTTTTCTCATCATAATGCGAGGCGTCGTAAGCCACAAGGAGTATTTTCAATGAATCCCGAGA
GGGTGTATGATCGAAGACAGCATACAAATATGTTGTGGAATGGGGTGTCCCTTAACGCGAGATCTG
AAGAAATGTATGAATGGGGTAATAACACTTATGATACAAAGCCTAGACAAACGGAAAAAAGCTTTA
CTCTGAGCTTCCAGAGAGGTAATGGCTCTGAGGACCAGCTGGTTGCTAGTAGCAGCCGTATGTTCT
CTACATCTCAAACCTCAGGTGGGTTCACAGCAGGAAAGTCCAAGTTTCAACTTCATGGCGAAGATG
TGGGAGAATACTCAGGAGTCCCTCCATGAATCTCAAGATATCCACCGTGCTCTCTCTCTCTGTCAA
CCTCTTCGGATCCCCCTGGCCCAACCACATGTGCAGCCATTTTCTCTACTCTGTTTCATATGATGTTG
TACCAAAATAGATGAGTAAGTAATGTGTAATTTGTAAACCTGTTACTCAGTTGGTGGATACTTTTC
CAAACCTATGATAAAAACCTCGTCCTAGATCCCGTTAAATGCCAACTTTTCGGCTACTATAACTAT
GTTATCGTTATCATTATCATTGTTTAAACACCTT

SEC ID N°: 431, ADN - *Arabidopsis thaliana*

ATGGACTGCAACATGGTATCTTCGTCCAGTGGGATTGGGAGCATTTGATCATGTCCAATCCGTCA
AGGACTGAAGATGACAGCAAAACAGCTACCTACTGAGTGGGAAATTGAAAAAGGTGAAGGAATTGAA
TCTATAGTTCCACATTTCTCAGGCCTTGAGAGAGTCAGTAGTGGCTCTGCCACCAGCTTCTGGCAC
ACTGCTGTATCGAAAAGCTCACAGTCGACCTCTATCAACTCATCATCTCCCGAAGCCAAACGATGC
AAGCTTGCATCAGAAAGTTCCCCTGGAGATTCTTGACAGCAACATAGACTTTGTCCAGGTGAAGGCT
CCCACAGCTCTCGAGGTATCCGTTGCCTCAGCTGAATCAGATCTTTGTTTAAAACTAGGAAAGCGG
ACATACTCTGAAGAATACTGGGGTAGAAAACAATAATGAAATTTTCAGCGGTTTCTATGAAGTTGTTA
ACTCCATCTGTTGTCGCTGGGAAATCCAAATTGTGTGGTTCAGAGCATGCCAGTCCCGCGTTGCCAA
ATTGATGGCTGTGAACTGGATCTCTCATCTGCTAAGGGTTATCATCGTAAGCACAAAGTCTGCGAA
AAGCATTCAAAGTGCCCAAAAGTTAGCGTGAGTGGCCTGGAACGTCGGTTCTGCCAACAGTGTAGC
AGGTTCCATGCTGTCTCTGAATTTGATGAGAAGAAACGAAGCTGCCGAAAACGTCTTTCTCATCAT
AATGCGAGGCGTCGTAAGCCACAAGGAGTATTTTCAATGAATCCCGAGAGGGTGTATGATCGAAGA
CAGCATACAAATATGTTGTGGAATGGGGTGTCCCTTAACGCGAGATCTGAAGAAATGTATGAATGG
GGTAATAACACTTATGATACAAAGCCTAGACAAACGGAAAAAAGCTTTACTCTGAGCTTCCAGAGA
GGTAATGGCTCTGAGGACCAGCTGGTTGCTAGTAGCAGCCGTATGTTCTCTACATCTCAAACCTCA
GGTGGGTTCCAGCAGGAAAGTCCAAGTTTCAACTTCATGGCGAAGATGTGGGAGAATACTCAGGA
GTCCTCCATGAATCTCAAGATATCCACCGCGCCCTATCGCTGCTATCGACCTCTTCGGATCCCCCTG
GCCCAACCACATGTGCAGCCATTTTCTCTACTCTGTTTCATATGATGTTGTACCAAAATAG

5

FIGURA 6 (continuación)

SEC ID N°: 432, ADN *Arabidopsis thaliana*

GCCCTTTTTGTTGGTCTGGGTGAAACATAGCAAGGTTTCTCTTGCTGAGGTTATTGATAAACGGGT
GAGTTAAATAAAAAACGTTGATCAGCAGTGTGTGGTGGCTTGGGAATTCATAAGGTCTATGAAATCAAC
CCACATCTTGAATGGACTGCAACATGGTATCTTCGTTCCCGTGGGACTGGGAGAATTTGATCATGT
CCAATCAGTCGAAGACTGAAAATGAAAAAAACAGCAATCTACTGAGTGGGAATTTGAAAAAGGTG
AAGGAATTGAATCTATAGTTCCAGATTTCTTAGGCTTTGAGAAAGTCAGTAGTGGCTCTGCTACTA
GTTTCTGGCACACTGCCGTATCAAAAAGCTCGCAGTCGACCTCTATCAACTCATCATCTCCCGAGG
ACAAACGATGCAATCTTGCATCACAAAGTTCCCTGGAGATTCTTCCAGCAACATAGATTTTTCTCC
AGGTGAAACCATCCACAGCTCTCGAGGTACCTATTGCCTCAGCTGAATCAGATCTTTGTTTTGAAAC
TAGGAAAGCGGACATACTCTGAAGAATTTTGGGGTAGGAACAATAATGACCTTTCAGCGGTTTCTA
TGAATTTGTTGACTCCATCTGTTGTTGCTCGGAAGAAAACCAAATCGTGTGGTCAGAGCATGCAAG
TTCCGCGTTGCCAAATTGATGGCTGTGAGCTGGATCTCTCATCTTCTAAGGATTATCATCGCAAGC
ATAGAGTCTGCGAAACGCATTCAAAGTGCCCAAAAGTTGTTGTGAGTGGCTGGAACGTCGTTTCT
GCCAACAGTGTAGCAGGTTCCATGCTGTCTCAGAATTTGATGAAAAGAAACGAAGCTGCCGCAAC
GTCTTTCTCATCATAATGCAAGGCGTCGCAAGCCACAAGGAGTATTTCCACTGAATTCAGAGAGGG
TGTTTCGATCGAAGACAGCATAACAAGTATGTTGTGGAATGGGTGTCCCTTAACACGAGATCTGAAG
AAAAGTATACATGGGGTACCACTTATGAGACAAAGCCTACACAGATGGAAAGCGGCTTTACTCTGA
GCTTCCAGAGAGGTAATGGCTCTGAGGACCAACTGTTTACTGGTAGCACCTCTCTTTCTCTGCGT
TTCAAACATCTGGTGGGTCTCAGCAGGGAAATCCAACATTCAACTTCCAGACAAAGGTGTGGGAG
AATGCTCAGGAGGCCTCCATGAATCTCATGATTTCTACAGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAACTACTT
CGGATTCACAAGGGATCAAACACACTCCCGTGGCCGAACCACCGCCAATATTTGGCACTTTCCCTA
GTCATTTTCATCTGAAAGAGTTAAAAAATGCGAAGTCACTCCATAAAAAGTCGGGTTCATCATCCG
ATGGAGTTTGACAGTTTGTCTTCAAATAAAATAAAATGTGCAACATCCATTGCTCAAGCTAAACC
AGTCACTCGGTTAGCTCAGCTTTTCTTATACATTTCCAAACATATTGTCAATTTCTTCTGGATTC
TGTTGGTATGACAACCTTTGTTACTCTGTCAAACATGTCTACGACTATTTTAAACCATTTTCAGAGA
TT

SEC ID N°: 433, proteína - *Arabidopsis thaliana*

MDCNMVSSFPWDWENLIMSNQSKTENEEKQOSTEWEFKEGEGIESIVPDLGLFEKVSSGSATSFHW
TAVSKSSQSTSINSSSPEDKRCNLASQSSPGDSSSNIDFLQVKPSTALEVPIASAESDLCLKLGR
TYSEEFWGRNNDLSAVSMNLLTPSVVARKKTKSCGQSMQVPRCQIDGCELDLSSSKDYHRKHRVC
ETHSKCPKVVSGLERRFCQQCSRFBVSEFDEKKRSCRKRLSHHNARRRKPPQGVFPLNSERVFDR
RQHTSMLWNGLSLNTRSEEKYTWGTTYETKPTQMESGFTLSFQRNGSEDQLFTGSTLSFSAFQTS
GGFSAGKSNIQLPDKGVGECSSGLHESHDFYSALSLLSTSDSQGIKHTPVAEPPPIFGTFPSHFI

5 SEC ID N°: 434, ADN - *Arabidopsis thaliana*

ATGGAGTGTAATGCAAAGCCACCGTTTCAATGGGAATTGGAAAACCTGATATCTTTTGGCACTTCT
ACAGCTGAAGTTCCTAGAAAGCTAAAACCAATGGAGTGGGAAATTGATGGATTTGATTGCACCTCT
CTGTATTCTTCAAGCTTTGCCTATGCTGGTAGTTTCAGGTTCTGATATAGCTCATGCTTTCTCTAAA
AGCTCAAAGTCAACTTCCATTAGCTCTTCATCAGCTGAAGTAAGAACACACAATTTTACATCCGAA
ACTGGTGAAAGTCTTCCTGGAGAATTTGCAAAGGGGATTGATACTTCTCCAAGTCTTGAACCTTCT
TTTGGCTCTGGTGATCCGGTTCTCGGTTTAAAGCTTGGTAAACGAACGTACTTTGAAGACTTTTGG
GAAGTGGAGAATGCTAAAGGTTTGGGACTTCCAGTGACTCTGGCTTCATCTTCTGTTTCTCCCGTG
AAGAAATCGAAATCCATTCTCAGAGGTTACAAACTCCTCACTGTCAAGTTGAAGGCTGTAATCTT
GATCTTTTCATCAGCTAAAGACTATCATCGGAAACATAGGATTTGTGAAAATCATTCAAAGTTTCT
AAAGTCGTTGTGAGTGGCGTAGAGCGTCGGTTCTGCCAACAATGTAGCAGGTTCCACTGTCTCTCT
GAGTTTGATGAGAAGAAACGTAGCTGTGCGCCGACGTCTCTCAGATCACAATGCAAGACGTCGCAAG
CCAAATCCTGGAAGGACATATGATGGGAAACCACAGGTGGATTTTGTATGGAACAGATTTGCACTT

FIGURA 6 (continuación)

ATCCATCCAAGAAGTGAGGAAAAGTTTATATGGCCAAGTTCGAAGCACGTACCATCAAGAGTGTTA
ATGCCGCAACCTGCAAAGACTGAGATTTCCGATACCGAGCACAAATAGATTITGGATTGTTGGACCCC
AAAACCAAAACCGCAAGAGCCGAGTTATTCAGTAAAGAAAAGGTCACAATCTCTTCACACATGGGT
GCTTCTCAAGATCTTGATGGTGCTCTCTCTCTCTGTCAAATTCAACAACATGGGTTTCTTCTCTCT
GACCAACCAAGGCGTTTTACCCTTGATCACCATCCCTCAAGCAACCTCCAACCCGCTAGCTCACC GG
TCTGCGGCTCAACTCAATTCAGTTTCCGGCTATTGGCAGCCGGACCCACCCGAGTTGAAGGCCCG
ACCGCTCTGCATAGAAATGGGGTAGGCCAGTTTAATGAAACTACTTCAGCTTGAACCAGTTTTAT
AACTGA

SEC ID N°: 435, proteína - *Arabidopsis thaliana*

MECNAKPPFQWELENLISFGTSTAIEVPRKLKPMWEIDGFDCTSLYSSSFAYAGSSGSDIAHAFSK
SSKSTSISSSSAEVRTHNFTSETGESLPGEFAKGIDTSPSLELSFGSGDPVLGLKLGRITYFEDFW
EVENAKGLGLPVTLASSSVSPVKKSISIPQRLQTPHCQVEGCNLDLSSAKDYHRKHRICENHSKFP
KVVVSGVERRFCCQCSRFBCLSEFDEKKRSCRRLSDHNARRRKPNPGRITYDGKFPQVDFVWNRFA
IHRPSEEKFIWPSKXHVPSRVLMPPAKTEISDTEHNRFGLLDPKTKTARAEFSKEKVTISSHMG
ASQDLGALSLLSNSTTWVSSSDQPRRFTLDHHPSSNLQPVHRSAAQLNSVSGYWQPDPPAVEGP
TALHRNGVGQFNENYFSLNQFYN

SEC ID N°: 436, ADN - *Oryza sativa*

ATGGGTTCTTTTGGGATGGACTGGAATCAGAAGAGCTCGGTGTTGTGGGATTGGGAGAATATGCCG
CCGATAGGAAATAGCGCGAACGAGAATCCCAAGAATGTGATGCTGGCTGAATCAAACTTGCAGGT
GTTGGGGTTGACATAGGCCATGAATCAGGCCATTCTTCTGGTGGTACTTTCTCTCTAGCTCAGAG
ATTGGGTATGGTTCATCCAAGAGTTCCATATCCGCGTCGATCGATTCTCCGTCCAAAGTGGGGAAC
ACCATAGAGCTCAATTTTGCATCTGCGGAAGAGCATGATAAGAACATGGACAAGGGTAAGAGTAAA
GTTGATGACACCGGAACCTCTCGATCACCGGTGGTAGCAGCCAATCGTGTAGAGCCCTTGATTGGC
CTGAAGCTTGGCAAGAGAACCTATTTTGAAGATGTCTGTGGAGGGCAGAATGTCAAGAGTTCTCCA
TCTGGTGTGAGTGTGGCTACCCCATCTCCTGGTCTGGCCAAGAAGGTGAAGGTGGCTCAGCAGAAC
ACTCAGAACCCACACTGTCAAGTTGAAGGCTGCAATGTTGATCTCTCTTCTGTCTAAACCTTACCAT
CGAAAGCACCGAGTCTGTGAACCTCACAGCAAGACTCTTAAAGTCATCGTTGCGGGTCTTGAGCGA
CGCTTTTGCCAACAGTGTAGTCGGTTTACGGTTTAGCTGAGTTGACACAGAAAAACGAAGCTGT
CGCAGGCGCCTCCATGATCACAATGCCCGCAGACGGAAGCCACAACCAGAAGCAATTTCTTAAAGT
TCGTCGAGGCTCTCTACATTACTCTATGGTGATGCAAGGCAACAGGCAAGTTTTCTATTTGGTCAA
GCTCCTTATGGTCAGATGGGAAGCTGTGCAAGTTCTTGGGATAACCCAGTACCAGGAGGCTTCAAA
TTTACAGCAACAAAAGCTCCTTGGTCAAGGCCAACAATAGCTGCCGGTGTGATGGGACGCATGTA
TCTAATCAGCAGGCATCGGGCAATGTACTGCCACATGGAGCACATCATAGTTTTGATGGTCTCATG
GCGTTCAAAGAAACCAACGCGAAGGTCCTTAACCAAGGCATGGAAGCTTCTGCTGTGCTTCCGGC
TCCGCTAGAGGCCAGACTTTGAGCATGCTCTCTCTCTCTGTCAATCGATTGAGTGGGTGCTGCA
AACCTTCAGCCAGGTTCTCAGATTACCCCTGGTGTACCCGCCATTGCCGGCACCTCCAACCCTGTC
ATGATGCCATCTCCAGCAATCTGGCAAGGAGGCTTGTCCCTTGATCAGCAGGCGCAGTTTCAGGCT
TTCGACCGCCTTGGCAACGACGACGACGAAGATCATCTCCAGCTCCCAAAGCCTTCTTATGACAAC
TCCCACTATGATCAGATGAACTGA

5

SEC ID N°: 437, proteína - *Oryza sativa*

MGSFGMDWNQKSSVLWDWENMPPIGNSANENPKNVMLAESKLAGVVDIGHESGHSSGGTFSSSSE
IGYGSSKSSISASIDSPSKVGNTIELNFASAEHDKNMDKGKSKVDDTGTSRSPVVAANRVEPLIG
LKLGRITYFEDVCGGQNVKSSPSGVSVATFSPGLAKKVKVAQNTQNPHCQVEGCNVDLSSAKPYH
RKHRVCEPHSKTLKVIVAGLERRFCQCSRFBGLAEFDQKKRSCRRLHDHNARRRKPPQPEAISLS

FIGURA 6 (continuación)

SSRLSTLLYGDAARQQASFLFGQAPYQMGSCASSWDNPVPGGFKFTATKAPWSRPTIAAGVDGTHV
SNQQASGNVLPFGAHHSFDGLMAFKETNAKVLNQGMEASAVASGSARGPDFEHALSLLSIDSVGAA
NLQPGSQIHFGVTAIAGTSNPFVMMFSPAIIWQGGSLDQQAQFQAFDRLGNDDDEDHLQLPKPSYDN
SHYDQMN

SEC ID N°: 438, ADN - *Oryza sativa*

ATGGCTTCTTTTGGGATGAACTGGAATCAGAAGAGCCCTGTGTTTTGGGACTGGGAAAATCCAGCG
CCTTTTCGGTCCGAATACAATGGAAAATCCCAAGAGCATACCTCACCTGAACCAAGAGGTGTAGTT
GTCGCGGCCGCAAATCATGGATCCACCAATTCATCCGGTGGCACGTTCACTTCTAGCTCGGAGCTA
GCCAATGGTTCATCGAAGAGCTCCTTGTGACGCTCGTTTCGATTCTCATCCAAGCTGGGGAACAGC
TTAGAGTTTCAAGTTTGTCTTCTGTCAAAGGGCATGGCAAGAATCATGTGCAAGGATGGCGAGGCCGGT
AGAGTTGAAGACTCGGGCACTTCTCCAGCTGTGGCAGTTAGCCATGGTGAGCCGGTAATAGGACTC
AAGTTAGGGAAGAGAAGTACTTTGAAAATGTTTGTGGAGGGCAGAATGTCAAGAGCTCCTCTGCA
GCTTCAGGTGTGACTTGTCCATCTACTGTGGTCAAGAAGATGAAGGTGTCTCAGCAGAGCACACAA
AGCTCATACTGCCAAGTTGAAGGCTGCAAGTCGATCTGTCTCCGCAAGAGAATACCATCGCAAG
CACAAAGTTTGTGAAGCTCATTCTAAGGCACCAAGGTTATTGTTTCTGGTCTGGAGCGCCGTTTT
TGCCAACAGTGTAGTCGGTTTTCATGGTTTAGCTGAATTTGACCAGAAAAAGAAAAGTTGCCGCAGG
CGTCTATCTGATCATAATGCACGAAGAAGGAAACCGCAACAAGAGGCAATTTTCAATTTGGTTCATCA
AGGCTCGCCACGATGTTTTACGATGCAAGGCAGCAGACAGATATTTACTTTGGCCAATCTCCTTTT
GGCCAAGTGAGAAGCAATGCAATTTCTTCATGTGACAACCTGGGAGGCTTCAAATTTACAGAAGCA
AACTCCCCCTGGATGAAGCCAATGAAAATATAGGCCTTGAGGATCTGAATTTCTCTACCCTGCAG
ATGCCAGGCAATGTTGTGTGTCGCATACGGTGCATCATCATGATTTTGATGGGCTCATACCATTCAAG
GGAAACACCCCGAAGGTCCTCAACCAAGGTGTGGATCCAGCCTGTGCCGTCTGTCTCTCAACTCG
AATGGAGCCCCGGATCTTCGGCGTGCTCTCTCTCTCTGTCAAGCGATTCTGGGGCCCCGGCCGAC
GTTCAAGGCCGGCTCCCAGGTGCATCCCGGTGGAGTGATGCCGCCCCCTCGCCGTTGCCGCCGCCACC
GTCACCGCCCCGACGAACCCTGTCAGTGTGATGCATGCTCTGCACCCGTCACCGGAGGAGGAGGA
TTCTGGCAAGACGGCGACGACCCGCCTCCGCTCGATCATGCCTCGCAGGCTCAGGCGTTCATGCAT
CCTGGCAATGGCAGCAGCTCCGGCTATGGCCATCTGCACTGA

SEC ID N°: 439, proteína - *Oryza sativa*

MASFGMNWNQKSPVFDWENPAPFGPNTMENPKSI PHPEPRGVVVAANHGSTNSSGGTFTSSSEL
ANGSSKSSLSASFSSSKLGNLSLEFRFASVKHGKGNMCKDGEAGRVEDSGTSPAVAVSHGEPVIGL
KLGKRTYFENVCGGQNVKSSSAASGVTCPESTVVKMKVSSQSTQSSYCQVEGCKVDLSSAREYHRK
HKVCEAHSKAPKVIIVSGLERRFCQQCSRFGHLAEFDQKKKSCRRRLSDHNARRRKPQEAISFGSS
RLATMFYDARQQTDIYFGQSPFGQVRSNAISSCDNLGGFKFTEAKLPWMKPMKTIGLEDLNFSTLQ
MPGNVVSHTVHHHDFDGLIPFKGNTPKVLNQGVDPACAVVSSNSNGAPDLRRALSLLSSDSWGPAD
VQAGSQVHPGGVMPPLAVAAATVTAPTNPVSVMHALHPSTGGGGFWQDGDPPPLDHASQAQAFMH
PGNGSSSSGYGHLH

5

SEC ID N°: 440, ADN - *Populus spp.*

ATGAGTTCTGTCTCACTGATGGAGTGAATGGCAAACCCCACTTGCAGTGGGACTGGGAAAACCTG
ATAATGTTCAATGCAATAACAAATGAAAATTCAAAGCAGTTAAGCCTAACAGATTTGGAAACTGAT
GGAGAAAAAGGAAATGATTCTGGGTTTTTCTATTTCATCTGGGAGTGTAAAGCAGAAGCCGTGGATCT
ATCTCTGACTTAGAACTTGCTTCTTTCTCAAAGAGCTCGAAGTCAGCTTCCACCAATTCCTTCATCA
GCTGGGGAAGTTAAACATCCAAATTCACCTTGGGGGCCCTCTAAACAAATCCATCAGATTACAAT
AAGGAAGAACTTGTGAAGGCTAAGGCAACTGATACTTCTCCACGCTTGAAGCTTCAGTTGGTTCA
GGTGACCAGCTGCTTGGTTTGAAGCTTGGTAAAAGAACTTACTTTGAAGATGCTTGTGCTGGGAGC
AATGCTCAGTCTTCATCAATATCTACGATTCCTGTGCCTTCTTTTACTCCAGCAAAGAAATTGAAG

FIGURA 6 (continuación)

TCCAGTAATCATAGTCAGCGTGCTCCACGCTGTCAAGTAGAAGGCTGTAACCTTGACCTCTCATCA
GCTAAAGATTACCATCGCAAACATAGAGTTTGTGAAAGCCATTCAAAGTGCCCAAAGGTCATTGTA
GCTGGTTTGGAAACGCAGGTTTTTGCCAGCAGTGTAGCAGGTTCCATGGTCTGTGAGAGTTTGATGAA
AAGAAGAAAAGCTGCCGCAGGCGACTTTCTGATCACAATGCAAGACGCCGCAAACAGCCAGGATCT
GTCCATTTGAATCCTTCAAGACTTTCTTCATCATTATATGATGAGAGGCAACAGATGAGTCATGTT
TGGGACAAGGCGCCACTTGTTCATTCCAGGCCCAATGCAAATTTGACATGGGAAAGCACATCCACC
TCCAAGTTCACAATAACAAAAGAGTATATAGCAAAGCCTGCAGAAATAGGTGGTAGTGATAGGAGG
CTCCACTTGCCTGGCATTGATCTGACAAATAGCATTGCTATTTCAGCACCATCATAAGTCTAATGGC
TTCTTACCATCCAAGGCCAAGGGCACTGCAGGTGAGGTTCTCAACCAAGGTTTGTCTTCTTCAT
TTTGAGAAACAAGCCTCACAATTATTGCATTGA

SEC ID N°: 441, proteína - *Populus spp.*

MSSVSLMEWNGKPHLQWDWENLIMFNITNENSKQLSLTDLETDGEKGNDSGFFYS SSGSVSRSGS
ISDLELASFSKSSKSASTNSSSAGEVKTSKFTLGASKTNPSDYNKEELVKAKATDTSPTLEASVGS
GDQLLGLKLGKRTYFEDACAGSNAQSSSISTIPVPSFTPAKKLKSSNHSQRAPRCQVEGCNLDLSS
AKDYHRKHRVCESHSKCPKVIVAGLERRFCQQCSRFGHGLSEFDEKKKSCRRRLSDHNARRRKQPGS
VHLNPSRLSSSLYDERQQMSHVWDKAPLVHSRPNANLTWESTSTSKFTITKEYIAKPAEIGGSDRR
LHLPIDLTNSIAIQHHKSNGLFSPKAKGTAGEVLNQGLFCLHFEKQASQLLH

SEC ID N°: 442, ADN - *Populus spp.*

ATGGAGTGGAATGGCAAACCCCACTTACAGTGGGACTGGGAGAGCCTGATAATGTTCAATGGAATA
ACAACGTGAAAATTCTAAGCAGTTAAGCCCAACAGATTTGGAAGCTGATGGAGAAAAAGGAACCGAC
TCTGGGTTTTTCTATTCTGAGGAGTGCAAGCAGAAGCGGTGGTTCTAGCTCTGATTTGGAACCTT
GCTTCTTTCTCAAAGTGCTCGAAGTCAGCTCCATCAATTCTTCATCAGCTGGGGAAGTTAAACA
TCCAAATTCACCTTTGGAGGCCTCTAAAGCAAATCCATCTGATTACAATAAGAAAGAAATTGGAAG
GCTAAGACAGCTAGTATGTCTTCCACAATTGAGGCTGCAGGTGGTTTCAGGTGACCAGCTGCTTGGT
TTGAAGCTTGGTAAACGAATATACTTTGAAGATGCTTGTGCTGGCAACAATGTTTCAGTCGTCATCA
TTTTCTACAGTTCCTGTGCCCTCTTTTACTTCAGCAAAGAAATTGAAGTCCACTATTTCAGAGTCAG
CGTGCTCCATGCTGTCAAGTGGAAGGCTGTAACCTTGACCTCTCATCAGCTAAAGATTATCATCGC
AAACATAGAGTTTGTGAAAGCCATTCAAAGTGCCAGAAGGTCATTGTAGCTGGTTTGGAAACGCAGG
TTTTGCCAGCAGTGTAGCAGTAAGATTATTCCTAGCTTTTATGATTGCATTGACAATTTGGGTTTT
GGATGTCAAAGGTTCCATGGCCTGTGAGAGTTCGATGAAAAGAAGAAAAGCTGTGCGAGGCGACTT
TCTGATCACAATGCAAGACGCCGCAAACAACCAGGATCGGTCCATTTAAATTCAAGAGTGTCTTCA
TCATTATATGATGAAAGGCAACAGATGAGTCTTGCTTGGGACAGGGCACCCTGTTTCATGCCAGG
CCTAATGCAAATTTGACGTGGGAAGGCACATACATCTCCAAGTTCACAATAACAAAAGATTATATA
GCAAAGCCTGCAGAAATAGGTGGTAATGATGGGCAGTTTCACTTGCTTGGCTTTGATCTGACAAAT
GGCATTGATATTTCAGCACCATCATAAGTCTAATAGCTCCTTACCATCTAAAGGTAAGGGCACTGCA
GCTGAGATTCTCAACCAAGGTTTGGAGAATACATCATTCCTTCCAAAGCGGAAGCAGCACCAGAA
TCTCATCGTGTCTCTCTCTCTGTCAACAATTTCATGGGGTTTACGTGAGCCGCAATCTATTTC
TTTGAACAACCCGTGCATACAAATCACACCACTCAGTCTGTGCTGCAAGTTATACCCCAAACTCA
CCACTTGCTTCATCAGAGTATTGGAGGACTGAGCAACCGTCAACTGACTCTCAAGTGCATACCTTG
ACGTCTCACTGA

5

SEC ID N°: 443, proteína - *Populus spp.*

MEWNGKPHLQWDWESLIMFNIGITTENSKQLSPTDLETDGEKGTDSGFFYS SSGSASRSGGSSSDLEL
ASFSKCSKSASINSSSAGEVKTSKFTLEASKANPSDYNKEIGKAKTASMSSTIEAAGGSGDQLLG
LKLKGRIYFEDACAGNNVQSSSFSTVPVPSFTSAKKLKSTIQSQRAPCCQVEGCNLDLSSAKDYHR
KHRVCESHSKQKVIVAGLERRFCQQCSSKIIPSFYDCIDNLGFGCQRFGHGLSEFDEKKKSCRRRL

FIGURA 6 (continuación)

SDHNARRRKQPGSVHLNSRVSSSLYDERQQMSLAWDRAPLVHARPNANLTWEGTYISKFTITKDYI
AKPAEIGGNDGQFHLPGFDLTNGIDIQHHKSNSSLPSKGKGTAAEILNQGLEEYIIPSKAEAAPE
SHRALSLNSNSWGSREPOISISFEQPVHTNHTTQSVLQVIPQNSPLASSEYWRTEQFSTDSQVHTL
TSH

SEC ID N°: 444, ADN - *Populus spp.*

ATGGACTGGAACCTCACTGCATCTGAGGGGAACCTGGGAGAACATAGCAGGGTTAAGTGCCAAGGCT
AGTGACATTCCAAAACAAGTACCATTGGCATACCATGAGACAGAGGGAGATGGAGCAATTGATAAA
GCAATAACTTATTCGTCTGGTGGTGGTTTATCAAGCTCTGATTTGTGGCATTGCTCTTCATCCAAG
AGCTCAGTTTACCCTCTGTCTGACTCTTCATTGAAGGGGGGGATCAAGACTTATAGCACTGCAGAT
GGTTTTCTGGAGTTATCATTAGAAAGGACTTGACTAGGGTAGAAAGTACTGAGAATATTCCATCT
CTGGGTGCTTCTGCTAGCTCTGGTGAACAGTAATTGGCTTGAAGCTTGGTAAACGGATGTACTTT
GAAGACATTTGTACTACCAGCACTGCCAAATCATCGTCTTCATCTATTGTTTCCACTTCTGTACT
GCTACAACAAAGAGATCTAGGGCATCATATCCAAGTACACAGTCTCCACGTTGCCAAGTGGAAGGA
TGCAACCTTGATCTCAAGTCAGCTAAAGATTACCATCGCAGGCATAGAATCTGTGAAAAACATTCC
AAAAGCCCCAAAGGTTATTGTTGCTGGCATGGAACGCCGATTTTGCCAACAGTGCAGCAGGTTCCAT
GAATTATCAGAGTTTGATGACAAGAAGCGAAGCTGTCGTAGACGTCTCTCTGATCACAATGCAAGG
CGACGGAGGCCACAACCTGAGGCAATCCGTTTCAATTCAGCAAGGCCATCATCATCACCATCATCA
TTTTATGGTTGTCAATTTCAATTTCAAAGATGGTAGACAGCAGATGAATGTTGTATTGAATAGGGTG
CCTTTCTGGCAGGAAATTCAACTTGGCAAAGCGAGTGCAGGCTTTAAAGTCACTCACGCCGGAGAT
TTTTTTATTAGGCCTGCAAAAGCAGGGGGCATCCATAGGCAGCTTAGCTATCCCTGCAATGAAGTG
CCAGATGCAGCTTCAACAATACCAACAGACTCGGATAAAATTATCTCTTTTGAGAGAAGTACACCC
CAGGTCTTTAGTCAAGGTTTCGAGGGGTCTGCATTAACCTTCTAACATTGAGGTAGCACCAGATCTT
CGGCGTGCTCTCTCTCTCTGTCAACCACTTCTTGGGGCTCGAATGAGCATGGATCCACCTCTCTG
GATCAACTGATGCTTGCAAACCAACAAGCATGACACAGCCAATGATAAATGCTGAACTCCAAAAT
TGTCCAGTTGCTTCATCAGAAAATGCACGGATGGAACAAGCATCCCTTGAGTCTCGGGTGCAATCT
TTGGATTTACATGACAATGGAAACGTCCAGTTGCAAGAGTTTCAGCTGCTCAAAGCACCCATGCT
ACCGGCTGCTTTTATTCCAATCAATTCAGCTAA

SEC ID N°: 445, proteína - *Populus spp.*

MDWNSTASEGNWENIAGLSAKASDIPKQVPLAYHETEGDAIDKAITYS SGGGLSSSDLWHC SSSK
SSVSPSDSSLKGGIKTYSTADGFPVGIIRKDLTRVESTENIPSLGASASSGEPVIGLKLKGRMYF
EDICTTSTAKSSSSSIVSTSCTATTKRSRASYPSTQSPRCQVEGCNLDLKSADYHRRHRICEKHS
KSPKVIVAGMERRFCQQCSRFEHSEFDDKKRSCRRRLSDHNARRRRPQPEAIRFNSARPSSSPSS
FYGCHFNFKDGRQQMNVLNRVPFLAGNSTWQSECGFKVTHAGDFFIRPAKAGGIHRQLSYPCNEV
PDAASTIPTDSDKIISFERSTPQVFSQGFEGSALTSNIEVAPDLRRALSLSLSTSWGSNEHGSTSL
DQLMLANQTSMTQPMINAELOQNCPVASSENARMEQASLESRVHSLDLHDNGNVQLQEFQLLKAPYA
TGCFYSNQFS

5

SEC ID N°: 446, ADN - *Brassica rapa*

ATGGAGTGTAATGCAAAGCCATCATTGCAGTGGGAGTGGGATAATCTAATATCTTTTGGTACTTCA
TCAGCTGAAATTCTTAAAAAGCAACGACCAATGGATTGGGAAAATGATGGGTTTGATTGCACCACT
TTTTACTCGTCCAGCTTTGCTACAGAAGCAGCTTATGGTGGTGGTAGTTCAGGTTCTGATCTAGCT
CATGCTTTCTCTAAAAGCTCAAAGTCAACTTCCATAAGCTCTTCATCAGCTGAAGTGAGAACATAC
AATTTACATCAGAAGCTGGTGAAAGTGTTCTCTGGAGAATTGGGGAGCAGTGAAGAGTTTGCA
ATGGGAATTGATGCTTCTCCAAGTCTTGAAGTCTCCTTCGGCTCTGGTGATCCGGTTCTTGTTTG
AAGCTTGGTAAGAGGACATACTTTGAAGACTTTTGGGAAGTGGAGAATGCTAAAGGTTTCAAGCACTT
CCGGTGAGCCTGGCGTCATCTTCTGCTTCTCCGGTGAAGAAATCCAAAACACTCTCTCAGAAATTA

FIGURA 6 (continuación)

CAAACCTCCTCACTGCCAAGTTGAAGGCTGTAACCTCGATCTCTCCTCAGCTAAGGACTATCATAGG
 AAACACAGGATTTGTGAAAACCATTCAAAAGTTCCCTAAAGTCGTTGTCAGTGGCGTAGAGCGCCGG
 TTCTGCCAACAATGTAGCAGGTAGAAAAGCTAGTCTTAGAGATATTGGTTTATACAAAAGCCTTAA
 TGACTTTTTTTAATTGTTTTTGGTCTTCAAAGGTTTCACTGTCTCTCTGAGTTTGATGAGAAGAAA
 CGTAGCTGTGCGCGGCGTCTCTCAGATCACAATGCAAGACGTCGCAAGCCAAATCCCGGGAGGACA
 TATGGTAATATACTAGATTCACTTCTCTCTAATCCTATATATTAAATCTAAATTTTTTAGTTATATA
 ATTAGTAGGTTTCCCTTTTCTAAGATAAATATCATTCTGTATGTGCAGATGGGAAGCAACAGATGG
 ATTTTGTATGGAACAGATTTGCACTTATCCATCCAAGAAGTGAAGAAAATTTTCTGTGGCCAAATC
 CGAAGCCTGTATCATCAAGAGGGTTATTGCAGGAACCTGCAAAGACCGAGATGCCCAATAAGCTTT
 TCACCGAGCATTGTGGATTGTTGGATTGTTGGACCCCAAAACGAAAACCACCAGAGCTGAGTTATTCA
 GTAAAGGTTTGTGTTTTTCTTGTCTGTTAATATATTTTCTCTTGTGTATTGATGATCTTGATGA
 TTGCTTGTTTTATGCAGATTTGTTAGAAAAGGTCACAATCTCTTCTTACACATGGGTGCTTCTCA
 AGATCTTGATGGTGCTCTCTCTCTCTGTCAAATTCAACACCATGGGTTTCTCGAACCAGCCAAAC
 ACGGTTTTCCCTTAACCACCATTCACAAGCAACCTCCAACCCGTGGTTACGGGTCTGTGACTCA
 ACTCAGTTCAGTGTCCAGCTACTGGCAGCCGGACCCACCAGCAGCTGAGGGCTCAACCGCTTTGAC
 TAGGAATGGGGTAGGCCAGTTTAAATGAGAACTACAACCTGAATCAGTTTTTATACTGAAAGTGTGT
 TGCTTTTAAATCATAATAAGATATTTTGTGTAAGGATCAGGTGAGCCTAGTGGTAACGTTTAAAT
 AGGAGCTGTGAACTTGCTAAAGACATCAACTCCTCTCGTCTTTCTTTTGTCCATTGATTTTCTTG
 GGTTAGGGAGAGTTGTGACAGTTAAGTATTATAAATCATCTTGTCAAATTATTTATACATTAGAAT
 TTTGAGATATTGATGGTGTAGCAACTGAAAAATTGATCAAACGCATCATAATATACGTATGATAAG
 GTTATTTGCATCTGAACTTTTTTTATATTCGCATTAGTCAGCATTTTGTGTTATACTAGATTTGGA
 TCCGTGCGTTGCAACAGGTTTTATTTGATATTACCATCCATTGATTTTTTTTTTTTTTTTGCAAACA
 AATAATTTGGTAATTCATTAACCGCCACAGTCGTTTTCTGAGCAAACCATGTTAAATCT

SEC ID Nº: 447, proteína - *Brassica rapa*

MECNAPSLQWEWDNLISFGTSSAEIPKKQRPMDWENDGFDCTTFYSSSFATEAAYGGGSSGSDLA
 HAFSKSSKSTSISSSSAEVRTYNFTSEAGESVPPGELGSSEEFAMGIDASPSLELSFGSGDPVLGL
 KLGRKTYFEDFWEVENAKGSALPVSLASSASPVKSKTLSQKLQTPHCQVEGCNLDLSSAKDYHR
 KHRICENHSKFPKVVVSGVERRFCQQCSRKSSRYWFIQKPLFLIVFGLQRFHCLSEFDEKKRSCRR
 RLSHDNARRRKPNPGRTY

SEC ID Nº: 448, ADN - *Zea mays*

AGCCGCTTCGGCAGGCAAGTAGGACGAGGAGCAGCAGCTCAGATTTCCGGATCCTGGCACTGGCAAC
 TGGCATGGGCTCGTTTGGGATGGACATGGACTGGAACAGAAAGGCTCCGTGCTGCTGTGGGACTG
 GGAGAACCTGCCGCCCCGAGCCGCAACGGGAGCGAGAGCCACAGGACGACCGCTGCCGCGCCTCA
 GTTCGCGGGCCTTGAGGCCACAGGGCATGAACCGGCGCCTTCTTCCGTATCCTCGTCAATCCATTC
 TCTGCCCAGTGCCAAGGGGAACAAGAACAAGAACAACATGGAGCTCATCAGTTTCGCACCTGCCAA
 AGCGCCCCGACAAGGACACTGGTTCGGTGCTCAGCAGCGGAGAGCCGGTGGTGCTAGGCCTGAAGCT
 TGGCAAGAGAACGTATTTCAAGATGGTTGTGGACTAGGGCAGAGCGGCAAGAGTTCCGGCGGCGTT
 AGGCACTGCCAGTGCAGCGACCCCTCCGGGTCTGCGAAGAAGGCGAAGGCGGCGGCGGCGGCTCC
 AACC GCGCAGCAGCAGAAATCGTACTGCCAGGTTGAAGGCTGCAGGACCGATCTGTCCTCTGCTAA
 AGACTATCATCGCAAGCACAGAGTCTGCGAGCCCCATTCCAAGGCGCCCAAGGTGGTCTGCTCGCTGG
 CCTGGAGCGGCGCTTCTGCCAGCAGTGCAGCCGTTCCATGGACTGGCCGAGTTCCAGCAGAAGAA
 GAAGAGCTGCCGCGAGGCGACTCAACGACCACAACGCGCGCAGGCGGAAGCCCCAGCCCGAAGCGCT
 CCCTTTCCGGCTCATCGAGGCTGTCGGCGATGTTCTATGACACGAGGCGCCAGGCGAGCCTCCTGTT
 TGGTGAAGGTCCTACGGTCAGATGAGAAGCTGTGCGAGTTCTTGGTGGGATAGCCCAGGAGCAGG
 AGGAGGAGGCTTCAAATTCGCGGAGACGAGAGGAGCTCCTTGGTTGAAGCCGGCGAGAGCTGCTGC
 TGATGGGCTGCTGCCTTTGTGAGGTCAGCAGCAGCAGCAGGTTGGAATGACTCGATTCCGCATGT

5

FIGURA 6 (continuación)

TGCCCCATCAGGAGGATTTTCGATGGGTTACGGTCACGGCGTTCAAAGGAATCAGTCCAAAGACCCT
TGATCATCAAGGCGCAGGCGTTGAAGCCTGTGCGGCCGTCTCCAGCCCCGACGGCGCCCCGGACCT
TCAGCGTGCTCTCTCTCTTCTGTCAAACAGTCCGGCCGGTGGCGGGCACCACCAACCAACACCC
GCCGCCGCCGCCGGCGGCTGAGCTGCACCACCACCGCGCTGCCCGAGCAGCTGCCTCGCCGCCGG
CTCCGTCTCCGTGCTGCAGGAGGCCTCGTCGCCGGGGCTGTGGCAGGACGGCGGGCAGCGCGGC
CCTGGGCCACCACGCGCACGCGCGGCTCCAGGCTCTCGACGCCGCCATGGCGACGGCGCAGGAGCT
CCTCCAGCTCCCCAGGCCGCCGCCATCGTACGGCGGCTCCTCGTCCCCTACGACCTGATGCGCTG
ATGCTTCCTTCCTTGTGGATTGTGGTGGAGAACTGGAGATGGAGCGGGAGCGCCGCCGTGCCCCG
GTTGGCGCGTGGAAATCAGTCAGACGTGGCTTCTGTGGCGTCTCTCTGCAACGCGGGAGCGGGAT
TTTGCTTGTGTTCTGAACGAACAGAAAAA

SEC ID N°: 449, proteína - *Zea mays*

MGSFGMDMDWNQKASVLLWDWENLPPAAANGSESHRTTAAAPQFAGLEATGHEPAPSSVSSSIHSL
PSAKGNKNKNMELISFAPAKAPDKDTGSLSSGEPVVLGLKLKGRITYFEDGCLGQSGKSSAALG
TASAATPPGPAKKAKAAAAAPTAAQQKSYCQVEGCRDLSSAKDYHRKHRVCEPHSKAPKVVVAGL
ERRFCQQCSRFGHLAEFDQKKKSCRRRLNDHNARRRKPOPEALPFGSSRLSAMFYDTRRQASLLFG
EGPYGQMRSCASSWWDSPGAGGGGFKFAETRGAPWLKPARAADGLPLSGQQQQQVWNSIPHVA
HQEDFDGFTVTAFKGISPKTLDHQAGVEACAASVSPDGAPDLQRLSLLSNSPAGGGGTNTNHPF
PPPAELHHHRAAPSSCLAAGSVSVLQEASSPGLWQDGGGSAALGHHAHARLQALDAAMATAQELL
QLPRPPPSYGGSSSHYDLMR

SEC ID N°: 450, ADN - *Zea mays*

ATGGGTTCTTTTGGGATGAACTGGAATCAGAAGGACCCCATGGTGTGGGATTGGGAACATCTAGTA
CCGTCTGTCTCAAATGCAGTTACAAGGCACGGATCTGCTAATTCATCTGGTGGTACTCTTACTTCT
AACTCAGAGCTAGGGCATGGTTCATCCAAGAGCTCTATTTTCAGCGTCCATTGATTACCCCTCTGGA
GTAGGGAACAGCTTAGAGTTCAACTTCGCCGCTGTTGAGAGGCATGTTAAGAACACGGGCACGAAC
GGCAGAGTCGATGACTCGGGGAATTCTCCATCGTCAATGATAGCTTTCAACCAAGGAGAGCCATTA
ATCAGCCTGAACTTGGGAAGAGGGCTTACTTCGAAAACGCCTGCGGAGGACAGGATGCCAAGGTT
TCTGCAGCTTCAGACGTTACTTCTGCAGCCAGCGTGGTCAAGAAGACTAAGGTGTCTCAGCAGAAT
GCAAAGAACTGGTACTGTGAGGTTGAAGGGTGCAAAGTTGACCTGTCTTCTGCTAAAGATTACAAT
CGCAAGCACAAAGGTCTGTGTAGTCCATTCTAAAGCTACCAAGGTGGTGTGCTGGTCTAGAGCGT
CGGTTTTGTCAACAGTGTAGCCGTTTTTCATGGTTTAGCGGAGTTTGATCAGAACAAACGAAGCTGT
CGTAGGCGTCTGATGCATCATAATGCACGGAGGAGGAAACCTCAGGCAGACACAATTTTATTCAAT
TCATCGACAATGTTTTATGATACAAGGCAGCGGACAAATCTTTTCTTTAGTCAACCACTTTATGGC
CAAGTGAGGAGCAATGCAGGGTCTTCATGGGATAACTTGGGAGGCTTAAAATTCATGGAGACGAAA
CATCCGCCAGTGCATCCAACAAAAACAGCATCCCCTGATGAACGATTTCTCAGCCCTCCAGATA
ACTAGTGCTGCGGCTCACACCGGACATCATCATGATCTCGATGGGTTTCATGGCGTTCAAGGGAACC
AGCACAAAGGTCCTTAACCAAGGCGTGAGGCTTGGGCGGCCGCTTCCAGCTCGAACAACGGAGGC
CCAGAAGGTGGGCGTGCTCTCTCTCTTCTGTGACAGGCTCGTGGGGCTCGAGTTCAGCCGTCATC
CAGCAGCCCACATCTCAGCGGACGCCGGTGCATTGCTGCCGCCCTCGCCACCGTTGCCGTCTCC
AACGCCGCCGCCGCCGCCGGGCATCCTCTGGACCCGTCCCCGGGAAGGTTCTGGCCGCAAGACGAT
CATCCCCCGCTCGTCGACGGACCCGCCACGCAGATTCCGGAGCTGGCGCACCTCCGGATATGGTGA

SEC ID N°: 451, proteína - *Zea mays*

MGSFGMNWNQKDPMVWDWEHLVPSVSNAVTRHGSANSSGGTLTSNSELGHGSSKSSISASIDSPSG
VGNSLEFNFAAVERHVKNITGNRVDSDGNSPSSMIAFNQGEPLISLKLKRAYFENACGGQDAKV
SAASDVTSASVVKTKVSVQQNAKNWYCQVEGCKVDLSSAKDYNRKHKVCVVHSHKATKVVVAGLER
RFCQQCSRFGHLAEFDQNKRSRRRLMHNNARRRKPOADTISFNSSTMFYDTRQRTNLFSSQPLYG

FIGURA 6 (continuación)

QVRSNAGSSWDNLGGLKFMETKHPPVHPTKTASPELHFSALQITSAAAHTGHHHDLDGFMAFKGT
STKVLNQGVVEAWAAASSSNNGGPEGGRALSLLSDGSGSSSAVIQQPTSHADAGALLPPLATVAVS
NAAAAAGHPLDPSPGRFWPQDDHPPLVDGPATQIPELAHLRIW

SEC ID N°:452, ADN-*Triticum aestivum*

ATGGGCTCGTTTCGGGATGGAGTGGAACCAGAGGAGCTCGGTGCTGTGGGACTGGGAGAATTTCCCG
CCGATAGGCGAGAAACCCCAAGAACGCGATGCAGGCCGATCCAAGATTTGCCGCCGTTGCGGCTACC
ATGGGGAATGAACCGCTCCATTCTTCTGGCGGTAGCGGCACCTTCTCTTCCAGCTCAGAGATGGGG
TATGGCTCTTCCAAGAGCTCCATGTCCGCGTCGATCGATTCTTTCGAACAGGGCTGGGAACAACATG
GAGTTCAGATTTGCGCCTGTCAAAAACCTGTATAGGAACACGAGCAAGAACACCGAGCTGGGTAAA
GTTGATAACACGAGAACTGGAACATCTCCGTCGCTGTGGTGGCAGTGAGCAGTGGAGAGCCGGTG
ATCGGCCTGAAGCTTGGCAAGAGAACTTACTTCGAGGATGTCTGTGGAGGGCAGAATGTCAAGAGC
TCGCCATCGGGTGTCTGCGAGCGCGCCAAACAAATCTCCTGCTTTGGGCAAGAAGGCAAAGGCGGAA
CAACAGAAGCCACATAACTCGTACTGTGAGGTTGAAGGCTGCAAAGTCGACCTCTCTTCTGTAAA
GATTACCATCGAAAGCACAGAGTCTGTGAACTTCACTCTAAGGCTCCGAAAGTTGTTGTGCTGGT
CTGGAGCGACGCTTTTGCCAAAGTGCAGCCGGTTTTCATGCTTTAGCTGAGTTTGACCAGAAAAAG
CGAAGCTGCCGTAGGCGTCTCAATGATCATAATTCCCGCAGGCGGAAGCCACAGCCAGAAGCAATT
TCTTTCAGTTCATCAAGGATGTCTACGATGTTTTATGATGCAAGGCAACAGCCAAATTTCCATTT
GGTCAGGCTCCTTATGTTCAAATGAGAAGCTGTGGAAGTTCTTCATGGGATGACCCAGGAGGCTTC
AAAGTTACACACACAAAAGCTCCTTGGTTAAAACCAACAACCTGCTGCAGGTGTTTCATGGGATACAT
TTATCTAGTCAGCAGATGTCCGACAATATTATGCCACATGGTGCACATCATGGTTTCGATGGGTTTC
ATGGCATTCAAGGGAACCTTGTAACAAGTTCCCTAATCAAGGTGTCCAAGCTTCTGCTGTTGCTTCC
GACTCCAGTGGAGCCCCGGATCTTCAGCATGCTCTCTCTCTTCTGTCAAGCAACCCAGTGGGTGCT
GCCAACCTCCAGCCAAGTCCCCAGATGCACTCTGGGGTGGCAGCCATTGCCGGCGCCCCCAACCC
GCGATGCACGCGCTGGGATCATCGACGGGGCTCTGGCTAGACGGCAGCCAGCCCTCGATGATCAC
CCGCGGTTCCAGGTCTTCGAGCGCTTGGGGGACCATGACAGCGAGCTCCAGCTCCCAAAGCCTTCC
TACGACCATGCCTCGCACTTCGACCGGATGCACTGA

SEC ID N°:453, proteina - *Triticum aestivum*

MGSFGMEWNQRSSVLWDWENFPPIGENPKNAMQADPRFAAVAATMGNEPLHSSGGSGTFSSSSEM
YGSKSSMSASIDSSNRAGNNMEFRFAPVKNPDRNTSKNTELGKVDNTRTGTSPSPVAVSSGEPV
IGLKLGRITYFEDVCGGQNVKSSPSGAASAPNKSALGKKAKAEQQKPHNSYCQVEGCKVDLSSVK
DYHRKHRVCELHSAKPKVVVAGLERRFCQQCSRFFHALAEFDQKKRSCRRRLNDHNSRRRKPQPEAI
SFSSSRMSTMFYDARQQPNFLFGQAPYVQMRSCGSSSWDDPGGFKVTHTKAPWLKPTTAAGVHGIH
LSSQQMSDNIMPHGAHHGFDGFMAFKGTCTKFPNQGVQASAVASDSSGAPDLQHALLSSNPVGA
ANLQPSQPMHSGVAAIAGAPNPAMHALGSSTGLWLDGSQPLDDHPRFQVFERLGDHDSSELQLPKPS
YDHASHFDRMH

5

SEC ID N°:454, ADN - *Vitis vinifera*

ATGGATGCTGTTGTTTTGACAGGTTTGAAGAATCTGGGGTAAGAGTAAGGGTGGTTAATTTTATA
CAGGGCGGGCGAGAAATGGCATTTTTGTGGAATCTGTGCAAGAAGAGGACTTGGGTAGAAACATC
ATCGGTTCTACTTGGTCGACTTGGGGAAGAAAGGACAATCGATATCCTTCTCTAAAAGGGGATAAG
GAATTTCTTTCTGTGGCATGTGGGACTGGGAGAACCTTGACATTTTCAATGCAAAATCAACTGAA
ATTCCAAAAAAGTTACAATCAGACTGGGAAATTGAAGGAGAAGGAGGAATTGACACTGGTTCTTTC
TATTCATCTGGATGTGGTGTCTGGTAGTGGTGGTTCTGGCTCTGATTTGGGACATGCATATTCATCA
AAGAGCTCAAAATCAGCTTCAATTGATTCTTCATCAAAGGTGGGAATAAAGACATCCAACCTTCACT
TTTGAGGCTTTCCAAGATTTTTCTCAAGATTTTAAACAAGAAGAGATTTGGAGAGGGCTGAGCCA
ACTGGAAGTTCTCCAAACCTTGAAGCCTCGATTGGCTCTGGTGAACCTTTAATTGGTCTAAAGCTT

FIGURA 6 (continuación)

GGTAAAAGGACATACTTCGAGGATGTTTCTGCAGGGGGCAATGCTAAGGGGCTCAGTGTTTTCTGTG
ATTCCCATATCATCTGATACCACAGCAAAGAGATCCAGGTTATCTTGTGAGAATGCACATGTCTCG
CGCTGCCAAGTTGAAGGATGCAACCTTGACCTTTCAACAGCCAAAGATTACCATCGCAAACATAGA
GTTTGTGAAAGTCATACCAAATGCCCAAAGGTCATTGTAGGTGGTCTGGAGCGCCGTTTTTGGCAA
CAGTGTAGCAGGTTCCATAGTTTGTGAGAGTTTGATGAAAAGAAGAGAAGCTGTGCGCAGGCGTCTT
TCTGATCACAATGCACGCCGGCGCAAACCACAACCAGAAGGGATCCAGTCAAATTCGGCGAGGCTT
TCATCATTCTATGGTGGGAAGCAGCAAATGAGTCTTGTGTTGAGCTCGGTCCCCATTGTTTCATACA
AGGCCTGTGTAAATCCTTCATGGGAAGGCACATGCAGCAAGTTCACACAAACAAAAGGGTTAGTA
AGGCCTGGTAACACAGGAGGTATCGACCGGCAGCTGCATTGCTTGGCAGTGAGCTGCAGAATGGC
ATTAGTACGCTTTGTGATGATTCCAGTAGGCTTTTGCCTCTAAGGGCGCAATAGCTGAGGTTCTC
AATCAAGTGTCCCAAGGTATGTTACATTCAACCTCAGAACACTGGAGGACCGAGCTTCCCTCAACT
GATTCCCGGGTGCATATCTTGCCTTCACAAGGCGATGGTAACACCCACTTTCAAGAGTTCAAGCTG
TTCAAAGCGCCATACGAGTCTGGCTTTTCTTCTGGATATTGAGATATAGGGAATTGAGATATCCG
ATTCCTAGGAGTAACGCCCGTGTGATGAAGCAAACATAG

SEC ID N°: 455, proteína - *Vitis vinifera*

MDAVVLTGLEESGVRVRVVFNIQGGREMAFLLESVQEEDLGRNIIGSTWSTWGRKDNRYPSLKGD
EFPFCGMWDWENLDIFNAKSTEIPKKLQSDWEIEGEGGIDTGSFYSSGCGAGSGGSGDLGHAYSS
KSSKSASIDSSSKVGIKTSNFTFEAFQDFSQDFNKKRDLERAEP TGSSPNLEASIGSGEPLIGLKL
GKRTYFEDVSAGNAKGSVFSVIPISSDTAKRSRLSCQNAHVSRQVEGCNLDLSTAKDYHRKHR
VCESHTKCPKVI VGGLERRFCQQCSR FHSLSEFDEKKRSCRRLSDHNARRRKPQPEGIQNSARL
SSFYGGKQQMSLVLSVPIVHTRPAVNPSWEGTCSKFTQTKGLVRPGNTGGIDRQLHLPSELQNG
ISTLCHDSSRLHLSKGAIAEVLNQVSQGMHLSTSEHWRTELPSTDSRVHILPSQGDGNTHFQEFKL
FKAPYESGFSSGYSEYRELRYPI PRSNARVMKQT

SEC ID N°: 456, proteína - dominios sbp de SEC ID N°: 428

RCQIDGCELDLSSAKGYHRKHKVCEKHSKCPKVS VSGLERRFCQQCSR FHAVSEFDEKKRSCRRL
SHHNARRRKPQGV

SEC ID N°: 457, proteína - dominios sbp de SEC ID N°: 433

RCQIDGCELDLSSSKDYHRKHRVCETHSKCPKV VSGLERRFCQQCSR FHAVSEFDEKKRSCRRL
SHHNARRRKPQGV

SEC ID N°: 458, proteína - dominios sbp de SEC ID N°: 435

HCQVEGCNLDLSSAKDYHRKHRI CENHSKF PKVV VSGVERRFCQQCSR FHCLSEFDEKKRSCRRL
SDHNARRRKP NPG

SEC ID N°: 459, proteína - dominios sbp de SEC ID N°: 437

HCQVEGCNVDLSSAKPYHRKHRVCEPHSKTLKVIVAGLERRFCQQCSR FHGLAEFDQKKRSCRRL
HDHNARRRKPQPE

SEC ID N°: 460, proteína - dominios sbp de SEC ID N°: 439

YCQVEGCKVDLSSAREYHRKHKVCEAHSKAPKVI VSGLERRFCQQCSR FHGLAEFDQKKKSCRRL
SDHNARRRKPQQE

SEC ID N°: 461, proteína - dominios sbp de SEC ID N°: 441

TPAKKLKSSNHSQRAPRCQVEGCNLDLSSAKDYHRKHRVCESHSKCPKVI VAGLERRFCQQCSR FH
GLSEFDEKKKSCRRLSDHNARRRKPQGSVHLNPSRLSSSLY

FIGURA 6 (continuación)

SEC ID N°: 462, proteína -dominios sbp de SEC ID N°: 443

CCQVEGCNLDLSSAKDYHRKHRVCESHSKCQKVIVAGLERRFCQQCSSKIIPSFYDCIDNLGFGCQ
RFHGLSEFDEKKKSCRRRLSDHNARRRKQPGS

SEC ID N°: 463, proteína -dominios sbp de SEC ID N°: 445

DLKSAKDYHRRHRICEKHSKSPKVIVAGMERRFCQQCSRFEHSEFDDKKRSCRRRLSDHNARRRR
PQPEAIRFNSARPSSSPSSFYGCHEFNFKDGRQ

5 SEC ID N°: 464, proteína -dominios sbp de SEC ID N°: 447

TLSQKLQTPHCQVEGCNLDLSSAKDYHRKHRICENHSKFVKVVVSGVERRFCQQCSRKSSRYWFIQ
KPLFLIVFGLQRF

SEC ID N°: 465, proteína -dominios sbp de SEC ID N°: 449

SYCQVEGCRTDLSSAKDYHRKHRVCEPHSKAPKVIVAGLERRFCQQCSRFEHGLAEFDQKKKSCRRR
LNDHNARRRKPEAL

SEC ID N°: 466, proteína -dominios sbp de SEC ID N°: 451

10 CQVEGCKVDLSSAKDYNRKHKVCVVHSAKTKVVVAGLERRFCQQCSRFEHGLAEFDQNKRSRRRLM
HHNARRRKP

SEC ID N°: 467, proteína -dominios sbp de SEC ID N°: 453

YCQVEGCKVDLSSVKDYHRKHRVCELHSAKPKVVVAGLERRFCQQCSRFEHALAEFDQKKRSRRRL
NDHNSRRRKPEAISFSS

SEC ID N°: 468, proteína -dominios sbp de SEC ID N°: 455

RCQVEGCNLDLSTAKDYHRKHRVCESTKCPKVIVGGLERRFCQQCSRFEHSLSEFDEKKRSRRRL
SDHNARRRKPEGI

15 SEC ID N°: 469, proteína - motivo 1

WDWENL

SEC ID N°: 470, proteína - motivo 2

SKSSQSTSLNSS

SEC ID N°: 471, proteína - motivo 3

20 ALSLLST

SEC ID N°: 472, proteína -motivo 4

LKLGKR

SEC ID N°: 473, ADN-cebador 1

ggggacaagtttgtacaaaaaagcaggcttaaacaatggactgcaacatggtatct

25 SEC ID N°: 474, ADN-cebador 2

ggggaccactttgtacaagaaagctgggtcacattacttactcatctattttgg

SEC ID N°: 475, ADN-secuencia promotora

TNCGTACAA

FIGURA 6 (continuación)

SEC ID Nº: 476, ADN - *Oryza sativa*

AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTTCACCCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAATAT
 AAAATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAAACTCATCCACCTACT
 TTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTCGTTTTCCCTTAGTAATTAAGT
 GGGAAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTACATCTCTGTGCATGAAGTTAAATTATTCG
 AGGTAGCCATAATTGTCATCAAACCTCTTCTGAATAAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGT
 AAAGAGAGAGATTTTTTTTTAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAA
 CATATAATTATATAATTTTATAGTTTGTGCATTTCGTGCATATCGCACATCATTAAAGGACATGTCTTA
 CTCCATCCCAATTTTTATTTAGTAATTAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTTATCTTTTTTCG
 ATTAGATGCAAGGTACTTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAAT
 ACACGTTCAACTAGCAACACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATC
 TGAATTCAAGCACTCCACCATCACCAGACCCTTTTAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATTTT
 ACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGAACCTATTTAGGTTTTTTCACATACAAAAAAGAAATT
 TTGCTCGTGCAGCGAGCGCAATCTCCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCCCA
 GAACAACCCACAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTTAACAGCAG
 GCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGGCAAGAAACCAAGCATCCTCCTTCTCCCATCTATAA
 ATTCCTCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAG
 GACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCTTCTCGATCCATATCTTCCGGTTCGAGTTCTTGGT
 CGATCTCTTCCCTCCTCCACCTCCTCCTCACAGGGTATGTGCCTCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTT
 ATTGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGGAAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCC
 TGTTCTTGGATTTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCATGTTATCGGTTTCGGTTTGATTAGTAGT
 ATGGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAAATGAAATGGTTTAGGGATCGGAATCTTGCGATT
 TTGTGAGTACCTTTTGTGTTGAGGTAAAATCAGAGCACCGGTGATTTTGCTTGGTGTAAAGTAC
 GGTTGTTTGGTCTCGATTCTGGTAGTGATGCTTCTCGATTGACGAAGCTATCCTTTGTTTATTC
 CCTATTGAACAAAAATAATCCAACCTTTGAAGACGGTCCCGTTGATGAGATTGAATGATTGATTCTT
 AAGCCTGTCCAAATTTTCGAGCTGGCTTGTTTAGATACAGTAGTCCCCATCACGAAATTCATGGA
 AACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCTTCCGATTTGCTTTAGTCCCAGAATTTT
 TTTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTTCTGGTTCAGTTCAATGAATTGATTGCTACAAATAATG
 CTTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTTAGTCAGGAGA
 AGAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTTTTAATTATATGAAATGAACTGTAGCATAAGCAGTATT
 CATTTGGATTATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAA
 CTGTCCTCAATTTTGTGTTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGATCTACCTGT
 AGAAGTTTCTTTTGGTTATTCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAATCG
 GGATAGTTATACTGCTTGTTCTTATGATTCAATTCCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCACT
 TTCACCAGCAAAGTTC

SEC ID Nº: 477, ADN - *Oryza sativa*

GCTTGAGTCATAGGGAGAAAAACAAATCGATCATATTTGACTCTTTTCCCTCCATCTCTCTTACCGG
 CAAAAAAGTAGTACTGGTTTATATGTAAAGTAAGATTCTTTAATTATGTGAGATCCGGCTTAATG
 CTTTTCTTTTGTACATATACTGCATTGCAACAATTGCCATATATTTCACTTCTGCCATCCCATTTAT
 ATAGCAACTCAAGAATGGATTGATATATCCCTATTACTAATCTAGACATGTTAAGGCTGAGTTGG
 GCAGTCCATCTTCCCAACCCACCACCTTCGTTTTTTCGCGCACATACTTTTCAAACCTACTAAATGGT
 GTGTTTTTTAAAAATATTTTCAATACAAAAGTTGCTTTAAAAAATTATATTGATCCATTTTTTTAA
 AAAAAATAGCTAATACTTAATTAATCACGTGTTAAAAGACCGCTCCGTTTTGCGTGCAGGAGGGAT
 AGGTTACATCCTGCATTACCGAACACAGCCTAAATCTTGTTGTCTAGATTCTGATGACTGGATAT
 ATTAATCATGTTCTAAGTTACTATATACTGAGATGAATAGAATAAGTAAAATTAGACCCACCTTA
 AGTCTTGATGAAGTTACTACTAGCTGCGTTTGGGAGGACTTCCCAAAAAAAGTATTAGCCATT
 AGCAGTGATTAATTAAGTACTAGTTTAAAAAAGTAAAAAATAAATTAATATGATTCTCTTAAGT

AACTCTCCTATAGAAAACTTTTACAAAATTACACCGTTTAAATAGTTTGGAAAATATGTCAGTAAAA
AATAAGAGAGTAGAAGTTATGAAAGTTAGAAAAAGAATTGTTTTAGTAGTATACAGTTATAAACTA
TTCCCTCTGTTCTAAAACATAAGGGATTATGGATGGATTGACATGTACCAGTACCATGAATCGAA
TCCAGACAAGTTTTTTTATGCATATTTATTCTACTATAATATATCACATCTGCTCTAAATATCTTAT
ATTTTCGAGGTGGAGACTGTCGCTATGTTTTTCTGCCCCGTTGCTAAGCACACGCCACCCCGATGCG
GGGACGCCTCTGGCCTTCTTGCCACGATAATTGAATGGAACCTCCACATTCAGATTCGATAGGTGA
CCGTCGACTCCAAGTGCTTTGCACAAAACAACCTCCGGCCTCCCGGCCACCAGTCACACGACTCACG
GCACTACCACCCCTGACTCCCTGAGGCGGACCTGCCACTGTTCTGCATGCGAAGCTATCTAAAATT
CTGAAGCAAAGAAAGCACAGCACATGCTCCGGGACACGCGCCACCCGGCGGAAAAGGGCTCGGTGT
GGCGATCTCACAGCCGCATATCGCATTTTACAAGCCGCCCATCTCCACCGGCTTCACGAGGCTCAT
CGCGGCACGACCGCGCACGGAACGCACGCGGCCGACCCGCGCGCCTCGATGCGCGAGCCCATCCGC
CGCGTCTCTCCCTTTGCCTTTGCCGCTATCCTCTCGGTGCTATCCCGTTTCTCTGTCTTTTGTCCC
CGGCGCGCGCCAGTTCGGAGTACCAGCGAAACCCGGACACCTGGTACACCTCCGCCGGCCACAACG
CGTGTCCCCCTACGTGGCCGCGCAGCACATGCCCATGCGCGACACGTGCACCTCCTCATCCAACT
CTCAAGTCTCAACGGTCTTATAAATGCACGGATAGCCTCAAGCTGCTCGTCACAAGGCAAGAGGCA
AGAGGCAAGAGCATCCGTATTAACCAGCCTTTTGAGACTTGAGAGTGTGTGTGACTCGATCCAGCG
TAGTTTCAGTTCGTGTGTGGTGAGTGATTCCAGCCAAGTTTGCG

SEC ID N°:478, proteína-dominios sbp consenso de polipéptidos SPL11

HCQVEGCNLDLSSAKDYHRKHRVCEXHSKXPKVIVAGLERRFCQQCSRXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX
XXXFHGLSEFDEKKRSCRRRLSDHNARRRKPPQE

FIGURA 6 (continuación)