

(19)



**Евразийское
патентное
ведомство**

(21) **201791502** (13) **A2**

(12) **ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ЕВРАЗИЙСКОЙ ЗАЯВКЕ**

(43) Дата публикации заявки
2017.10.31

(22) Дата подачи заявки
2010.07.20

(51) Int. Cl. *A01H 5/00* (2006.01)
C12N 15/29 (2006.01)
C12N 15/82 (2006.01)
C07K 14/415 (2006.01)

(54) **УВЕЛИЧЕНИЕ БИОМАССЫ ТРАНСГЕННЫХ РАСТЕНИЙ**

(31) **61/226,969**

(32) **2009.07.20**

(33) **US**

(62) **201270181; 2010.07.20**

(71) Заявитель:
СЕРЕС, ИНК. (US)

(72) Изобретатель:
**У Чуань-Инь, Ким Хан-Сук,
Магпантай Джерард, Чжоу Фасун,
Соса Джулисса, Надзан Грег, Пеннелл
Роджер И., Эчирилоуи Мирсеа, Ван Уи
(US)**

(74) Представитель:
Медведев В.Н. (RU)

(57) В описании изобретения раскрываются методы и материалы для модуляции уровней биомассы у растений. Например, в описании раскрываются нуклеиновые кислоты, которые кодируют модулирующие биомассу полипептиды, а также методы использования таких нуклеиновых кислот для трансформации растительных клеток. Также в описании раскрываются растения, имеющие увеличенный уровень биомассы, и растительные продукты, полученные из растений, имеющих увеличенный уровень биомассы.

A2

201791502

201791502

A2

УВЕЛИЧЕНИЕ БИОМАССЫ ТРАНСГЕННЫХ РАСТЕНИЙ

ПЕРЕКРЕСТНЫЕ ССЫЛКИ НА РОДСТВЕННЫЕ ЗАЯВКИ

В настоящей заявке изложены преимущества предварительной заявки США, серийный номер 61/226,969, поданной 20 июля 2009 г. Раскрытие предварительной заявки включено путем ссылки в полном объеме.

ОБЛАСТЬ ТЕХНИКИ

Настоящий документ касается методов и материалов, применяемых при модуляции уровня биомассы растений. В настоящем документе приведены примеры растений, увеличивших уровень биомассы, а также материалов и методов, с помощью которых было достигнуто увеличение биомассы растений и продуктов растительного происхождения.

ПРЕДПОСЫЛКИ СОЗДАНИЯ ИЗОБРЕТЕНИЯ

Настоящее изобретение относится к методам увеличения биомассы растений и самих растений, которые получены с их помощью. Растения с увеличенной биомассой и/или биомассой повышенной ценности пригодны для использования в сельском хозяйстве, садоводстве, в качестве биомассы для преобразования энергии, производства бумаги, производства продуктов растительного происхождения и других отраслей промышленности. В частности, существует потребность в увеличении биомассы отдельных сельскохозяйственных культур, используемых в качестве источника энергии, например *Panicum virgatum* L. (просо), *Miscanthus x giganteus* (мискантус), *Sorghum* sp. и *Saccharum* sp. (сахарный тростник). На протяжении истории человечества возможность использования растительной биомассы в качестве пищи и топлива имела существенное значение для поддержания и увеличения численности популяции. Ученые непрерывно ищут пути повышения ценности биомассы сельскохозяйственных культур. Большое количество исследований, относящихся к увеличению биомассы растений, в частности отдельных сельскохозяйственных культур, используемых в качестве источника энергии, свидетельствует об огромном значении, которое придается

обеспечению населения надежными источниками энергии. Острая необходимость в создании надежных и стабильных источников растительной биомассы, используемой для получения энергии, диктуется текущими событиями, такими как рост цен на нефть. Объем биомассы, продуцируемой растениями, является количественным признаком, на который оказывает влияние ряд биохимических путей. Существует потребность в молекулярно-генетических методах более быстрого получения растений с увеличенной биомассой. Кроме того, существует необходимость в получении видов растений, которые растут более эффективно и продуцируют большее количество биомассы в различных географических и/или климатических условиях. Такие методы желательно применять к нескольким видам растений (Zhang *et al.*, *Plant Physiol.* 135: 615-621 (2004)). Несмотря на определенный прогресс в молекулярно-генетических методах, также существует необходимость в определении специфических генов и/или последовательностей, которые можно использовать для эффективного увеличения биомассы растений.

КРАТКОЕ ИЗЛОЖЕНИЕ

В настоящем документе приведены методы и материалы, относящиеся к растениям с модулированным уровнем биомассы. Например, в настоящем документе представлены трансгенные растения и растительные клетки с увеличенным уровнем биомассы, нуклеиновые кислоты, используемые для получения трансгенных растений и растительных клеток с увеличенным уровнем биомассы, методы увеличения биомассы растений и методы производства растительных клеток, которые можно использовать для получения растений с увеличенным уровнем биомассы. Такие растения и растительные клетки можно выращивать, например, для получения растений с увеличенной высотой, увеличенным количеством побегов или увеличенным сухим весом. Растения с увеличенной биомассой могут быть полезны для производства биомассы, которая может использоваться как в качестве пищи для человека, так и в качестве корма для животных. Растения с увеличенной биомассой могут быть полезны при превращении такой биомассы в жидкое топливо (например, этанол) или другие химические вещества либо

могут использоваться в качестве термохимического топлива.

В настоящем документе представлены методы получения растений с увеличенной биомассой. С одной стороны, метод включает в себя выращивание растительной клетки с экзогенной нуклеиновой кислотой. Экзогенная нуклеиновая кислота содержит регуляторную область, которая функционально связана с нуклеотидной последовательностью, кодирующей полипептид. Показатель аминокислотной последовательности полипептида по скрытой марковской модели (Hidden Markov Model, НММ) больше 130, 340, 530, 120, 635, 65, 100, 480, 145, 280 или 1000, если использовать показатели НММ, полученные из аминокислотных последовательностей, показанных, соответственно, на фиг. 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 или 11. Уровень биомассы растения отличается от соответствующего уровня биомассы контрольного растения, которое не содержит экзогенной нуклеиновой кислоты.

С другой стороны, метод включает в себя выращивание растительной клетки, содержащей экзогенную нуклеиновую кислоту. Экзогенная нуклеиновая кислота содержит регуляторную область, которая функционально связана с нуклеотидной последовательностью, кодирующей полипептид, имеющий идентичность последовательности 80% или более по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательностях SEQ ID NO:1, 2, 4, 6, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 22, 24, 25, 27, 29, 30, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 43, 45, 47, 49, 50, 51, 53, 54, 56, 58, 59, 61, 63, 64, 66, 68, 70, 71, 72, 74, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 87, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 115, 117, 118, 120, 121, 122, 123, 125, 127, 129, 131, 132, 133, 135, 137, 139, 141, 142, 144, 145, 146, 147, 149, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 166, 168, 169, 171, 173, 174, 176, 178, 180, 182, 184, 185, 186, 188, 189, 190, 191, 193, 194, 195, 196, 198, 200, 202, 203, 204, 206, 207, 209, 210, 212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238, 239, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250, 251, 253, 255, 257, 259, 261, 263, 264, 266, 268, 269, 271, 273, 275, 276, 278, 279, 281,

282, 283, 285, 287, 289, 291, 292, 294, 295, 296, 297, 298,
299, 300, 302, 304, 305, 306, 308, 310, 311, 312, 314, 315,
317, 319, 320, 321, 323, 324, 326, 327, 329, 331, 332, 334,
336, 337, 338, 340, 342, 343, 345, 347, 349, 351, 353, 354,
356, 357, 359, 361, 363, 365, 367, 369, 371, 372, 374, 376,
378, 380, 382, 384, 386, 388, 390, 391, 393, 395, 397, 399,
401, 403, 405, 406, 407, 409, 411, 413, 415, 416, 417, 418,
420, 421, 422, 424, 426, 428, 429, 430, 431, 433, 435, 436,
437, 438, 439, 440, 442, 444, 446, 447, 448, 449, 450, 452,
453, 454, 455, 456, 457, 459, 461, 463, 464, 466, 467, 468,
470, 472, 474, 476, 478, 479, 480, 482, 483, 484, 486, 488,
490, 492, 493, 495, 497, 499, 500, 501, 502, 503, 504, 506,
508, 509, 511, 513, 515, 516, 517, 518, 519, 521, 523, 525,
526, 528, 529, 531, 532, 534, 536, 537, 539, 540, 541, 543,
545, 547, 549, 550, 551, 552, 554, 556, 558, 560, 562, 563,
565, 567, 569, 571, 573, 574, 575, 577, 579, 581, 583, 585,
587, 589, 591, 593, 595, 597, 598, 600, 602, 603, 604, 605,
606, 608, 609, 610, 611, 613, 615, 616, 618, 619, 620, 622,
623, 625, 627, 629, 630, 632, 633, 634, 636, 637, 638, 639,
641, 642, 643, 645, 647, 649, 651, 652, 653, 655, 657, 659,
660, 662, 664, 666, 667, 669, 670, 671, 672, 673, 674, 675,
676, 677, 689, 691, 693, 695 или 697. Растение, полученное из
растительной клетки, может быть использовано для генерации
растения, уровень биомассы которого отличается от
соответствующего уровня биомассы контрольного растения, в
котором отсутствует экзогенная нуклеиновая кислота.

С другой стороны, метод включает в себя выращивание
растительной клетки, содержащей экзогенную нуклеиновую кислоту.
Экзогенная нуклеиновая кислота содержит регуляторную область,
которая функционально связана с нуклеотидной
последовательностью, имеющей идентичность последовательности
80% или более по отношению к нуклеотидной последовательности
(или ее фрагменту), представленной в последовательностях SEQ ID
NO: 3, 5, 7, 9, 19, 21, 23, 26, 28, 31, 35, 42, 44, 46, 48, 52,
55, 57, 60, 62, 65, 67, 69, 73, 76, 78, 80, 83, 85, 89, 91, 93,
95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 116, 119, 124,

126, 128, 130, 134, 136, 138, 140, 143, 148, 150, 157, 159, 161, 165, 167, 170, 172, 175, 177, 179, 181, 183, 187, 192, 197, 199, 201, 205, 208, 211, 213, 215, 217, 219, 221, 223, 225, 227, 229, 231, 233, 235, 237, 240, 252, 254, 256, 258, 260, 262, 265, 267, 270, 272, 274, 277, 280, 284, 286, 288, 290, 293, 301, 303, 307, 309, 313, 316, 318, 322, 325, 328, 330, 333, 335, 339, 341, 344, 346, 348, 350, 352, 355, 358, 360, 362, 364, 366, 368, 370, 373, 375, 377, 379, 381, 383, 385, 387, 389, 392, 394, 396, 398, 400, 402, 404, 408, 410, 412, 414, 419, 423, 425, 427, 432, 434, 441, 443, 445, 451, 458, 460, 462, 465, 469, 471, 473, 475, 477, 481, 485, 487, 489, 491, 494, 496, 498, 505, 507, 510, 512, 514, 520, 522, 524, 527, 530, 533, 535, 538, 542, 544, 546, 548, 553, 555, 557, 559, 561, 564, 566, 568, 570, 572, 576, 578, 580, 582, 584, 586, 588, 590, 592, 594, 596, 599, 601, 607, 612, 614, 617, 621, 624, 626, 628, 631, 635, 640, 644, 646, 648, 650, 654, 656, 658, 661, 663, 665, 668, 678, 679, 680, 681, 682, 683, 684, 685, 686, 687, 688, 690, 692, 694 или 696. Уровень биомассы растения, полученного из такой растительной клетки, отличается от соответствующего уровня биомассы контрольного растения, в котором отсутствует экзогенная нуклеиновая кислота.

В настоящем документе представлены методы модуляции уровня биомассы растения. С одной стороны, метод заключается во введении в растительную клетку экзогенной нуклеиновой кислоты, имеющей регуляторную область, которая функционально связана с нуклеотидной последовательностью, кодирующей полипептид. Показатель аминокислотной последовательности полипептида НММ больше 130, 340, 530, 120, 635, 65, 100, 480, 145, 280 или 1000, если использовать показатели НММ, полученные из аминокислотных последовательностей, показанных, соответственно, на фиг. 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 или 11. Уровень биомассы растение, полученного из такой растительной клетки, отличается от соответствующего уровня биомассы контрольного растения, в котором отсутствует экзогенная нуклеиновая кислота.

В некоторых вариантах показатель НММ аминокислотной последовательности полипептида превышает 340, если использовать

показатели НММ, полученные из аминокислотных последовательностей, показанных на фиг. 2, в которых полипептид содержит ДНК-связывающий домен «цинковые пальцы», имеющий идентичность последовательности не менее 60% (например, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 99 или 100%) по отношению к остаткам 130-192 последовательности SEQ ID NO: 263, или ДНК-связывающий домен «цинковые пальцы», обозначенный в перечне последовательностей.

В некоторых вариантах показатель НММ аминокислотной последовательности полипептида превышает 530, если использовать показатели НММ, полученные из аминокислотных последовательностей, показанных на фиг. 3, в которых полипептид содержит домен фитохелатин-синтетаза, имеющий идентичность последовательности не менее 60% (например, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 99 или 100%) по отношению к остаткам 44-208 последовательности SEQ ID NO: 117, или домены фитохелатин-синтетаза, обозначенные в перечне последовательностей.

В некоторых вариантах показатель НММ аминокислотной последовательности полипептида превышает 120, если использовать показатели НММ, полученные из аминокислотных последовательностей, показанных на фиг. 4, в которых полипептид содержит домен AP2, имеющий идентичность последовательности не менее 60% (например, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 99 или 100%) по отношению к остаткам 32-83 последовательности SEQ ID NO: 1, или домены AP2, обозначенные в перечне последовательностей.

В некоторых вариантах показатель НММ аминокислотной последовательности полипептида превышает 635, если использовать показатели НММ, полученные из аминокислотных последовательностей, показанных на фиг. 5, в которых полипептид содержит домен аминотрансфераза класса I и II, имеющий идентичность последовательности не менее 60% (например, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 99 или 100%) по отношению к остаткам 88-453 последовательности SEQ ID NO: 645, или домены аминотрансфераза класса I и II, обозначенные в перечне последовательностей.

В некоторых вариантах показатель НММ аминокислотной последовательности полипептида превышает 100, если использовать

показатели НММ, полученные из аминокислотных последовательностей, показанных на фиг. 7, в которых полипептид содержит ДНК-связывающий домен семейства Mub, имеющий идентичность последовательности не менее 60% (например, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 99 или 100%) по отношению к остаткам 13-62 последовательности SEQ ID NO: 323, или ДНК-связывающие домены семейства Mub, обозначенные в перечне последовательностей.

В некоторых вариантах показатель НММ аминокислотной последовательности полипептида превышает 480, если использовать показатели НММ, полученные из аминокислотных последовательностей, показанных на фиг. 8, в которых полипептид содержит домен альфа/бета-складки гидролазы, имеющий идентичность последовательности не менее 60% (например, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 99 или 100%) по отношению к остаткам 35-257 последовательности SEQ ID NO: № 595.

В некоторых вариантах показатель НММ аминокислотной последовательности полипептида превышает 145, если использовать показатели НММ, полученные из аминокислотных последовательностей, показанных на фиг. 9, в которых полипептид содержит домен «фактор быстрого подщелачивания» (ФБП), имеющий идентичность последовательности не менее 60% (например, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 99 или 100%) по отношению к остаткам 57-129 последовательности SEQ ID NO: 77, или домены ФБП, обозначенные в перечне последовательностей.

В некоторых вариантах показатель НММ аминокислотной последовательности полипептида превышает 280, если использовать показатели НММ, полученные из аминокислотных последовательностей, показанных на фиг. 10, в которых полипептид содержит домен белка (DUF640) с неизвестной функцией, имеющий идентичность последовательности не менее 60% (например, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 99 или 100%) по отношению к остаткам 19-152 последовательности SEQ ID NO: 209, или домены DUF640, обозначенные в перечне последовательностей.

В некоторых вариантах показатель НММ аминокислотной последовательности полипептида превышает 1000, если использовать показатели НММ, полученные из аминокислотных

последовательностей, показанных на фиг. 11, в которых полипептид содержит домен семейства POT, имеющий идентичность последовательности не менее 60% (например, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 99 или 100%) по отношению к остаткам 100–509 последовательности SEQ ID NO: 426, или домены семейства POT, обозначенные в перечне последовательностей.

С другой стороны, метод включает внедрение в растительную клетку экзогенной нуклеиновой кислоты, которая содержит регуляторную область, функционально связанную с нуклеотидной последовательностью, кодирующей полипептид, с идентичностью последовательности 80% или более по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательностях SEQ ID NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 22, 24, 25, 27, 29, 30, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 43, 45, 47, 49, 50, 51, 53, 54, 56, 58, 59, 61, 63, 64, 66, 68, 70, 71, 72, 74, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 87, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 115, 117, 118, 120, 121, 122, 123, 125, 127, 129, 131, 132, 133, 135, 137, 139, 141, 142, 144, 145, 146, 147, 149, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 166, 168, 169, 171, 173, 174, 176, 178, 180, 182, 184, 185, 186, 188, 189, 190, 191, 193, 194, 195, 196, 198, 200, 202, 203, 204, 206, 207, 209, 210, 212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238, 239, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250, 251, 253, 255, 257, 259, 261, 263, 264, 266, 268, 269, 271, 273, 275, 276, 278, 279, 281, 282, 283, 285, 287, 289, 291, 292, 294, 295, 296, 297, 298, 299, 300, 302, 304, 305, 306, 308, 310, 311, 312, 314, 315, 317, 319, 320, 321, 323, 324, 326, 327, 329, 331, 332, 334, 336, 337, 338, 340, 342, 343, 345, 347, 349, 351, 353, 354, 356, 357, 359, 361, 363, 365, 367, 369, 371, 372, 374, 376, 378, 380, 382, 384, 386, 388, 390, 391, 393, 395, 397, 399, 401, 403, 405, 406, 407, 409, 411, 413, 415, 416, 417, 418, 420, 421, 422, 424, 426, 428, 429, 430, 431, 433, 435, 436, 437, 438, 439, 440, 442, 444, 446, 447, 448, 449, 450, 452, 453, 454, 455, 456, 457, 459, 461, 463, 464, 466, 467, 468, 470, 472, 474, 476, 478,

479, 480, 482, 483, 484, 486, 488, 490, 492, 493, 495, 497,
499, 500, 501, 502, 503, 504, 506, 508, 509, 511, 513, 515,
516, 517, 518, 519, 521, 523, 525, 526, 528, 529, 531, 532,
534, 536, 537, 539, 540, 541, 543, 545, 547, 549, 550, 551,
552, 554, 556, 558, 560, 562, 563, 565, 567, 569, 571, 573,
574, 575, 577, 579, 581, 583, 585, 587, 589, 591, 593, 595,
597, 598, 600, 602, 603, 604, 605, 606, 608, 609, 610, 611,
613, 615, 616, 618, 619, 620, 622, 623, 625, 627, 629, 630,
632, 633, 634, 636, 637, 638, 639, 641, 642, 643, 645, 647,
649, 651, 652, 653, 655, 657, 659, 660, 662, 664, 666, 667,
669, 670, 671, 672, 673, 674, 675, 676, 677, 689, 691, 693, 695
или 697. Уровень биомассы растения, полученного из такой
растительной клетки, отличается от соответствующего уровня
биомассы контрольного растения, в котором отсутствует
экзогенная нуклеиновая кислота. Полипептид в любом из
вышеуказанных методов может иметь аминокислотную
последовательность, представленную в последовательностях SEQ ID
NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 22,
24, 25, 27, 29, 30, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 43, 45,
47, 49, 50, 51, 53, 54, 56, 58, 59, 61, 63, 64, 66, 68, 70, 71,
72, 74, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 87, 88, 90, 92, 94, 96, 98,
100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 115, 117, 118, 120,
121, 122, 123, 125, 127, 129, 131, 132, 133, 135, 137, 139,
141, 142, 144, 145, 146, 147, 149, 151, 152, 153, 154, 155,
156, 158, 160, 162, 163, 164, 166, 168, 169, 171, 173, 174,
176, 178, 180, 182, 184, 185, 186, 188, 189, 190, 191, 193,
194, 195, 196, 198, 200, 202, 203, 204, 206, 207, 209, 210,
212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226, 228, 230, 232, 234,
236, 238, 239, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249,
250, 251, 253, 255, 257, 259, 261, 263, 264, 266, 268, 269,
271, 273, 275, 276, 278, 279, 281, 282, 283, 285, 287, 289,
291, 292, 294, 295, 296, 297, 298, 299, 300, 302, 304, 305,
306, 308, 310, 311, 312, 314, 315, 317, 319, 320, 321, 323,
324, 326, 327, 329, 331, 332, 334, 336, 337, 338, 340, 342,
343, 345, 347, 349, 351, 353, 354, 356, 357, 359, 361, 363,
365, 367, 369, 371, 372, 374, 376, 378, 380, 382, 384, 386,

388, 390, 391, 393, 395, 397, 399, 401, 403, 405, 406, 407,
409, 411, 413, 415, 416, 417, 418, 420, 421, 422, 424, 426,
428, 429, 430, 431, 433, 435, 436, 437, 438, 439, 440, 442,
444, 446, 447, 448, 449, 450, 452, 453, 454, 455, 456, 457,
459, 461, 463, 464, 466, 467, 468, 470, 472, 474, 476, 478,
479, 480, 482, 483, 484, 486, 488, 490, 492, 493, 495, 497,
499, 500, 501, 502, 503, 504, 506, 508, 509, 511, 513, 515,
516, 517, 518, 519, 521, 523, 525, 526, 528, 529, 531, 532,
534, 536, 537, 539, 540, 541, 543, 545, 547, 549, 550, 551,
552, 554, 556, 558, 560, 562, 563, 565, 567, 569, 571, 573,
574, 575, 577, 579, 581, 583, 585, 587, 589, 591, 593, 595,
597, 598, 600, 602, 603, 604, 605, 606, 608, 609, 610, 611,
613, 615, 616, 618, 619, 620, 622, 623, 625, 627, 629, 630,
632, 633, 634, 636, 637, 638, 639, 641, 642, 643, 645, 647,
649, 651, 652, 653, 655, 657, 659, 660, 662, 664, 666, 667,
669, 670, 671, 672, 673, 674, 675, 676, 677, 689, 691, 693, 695
или 697.

С другой стороны, метод включает внедрение в растительную клетку экзогенной нуклеиновой кислоты, которая содержит регуляторную область, функционально связанную с нуклеотидной последовательностью, которая на 80% или более идентична нуклеотидной последовательности, представленной в последовательностях SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 19, 21, 23, 26, 28, 31, 35, 42, 44, 46, 48, 52, 55, 57, 60, 62, 65, 67, 69, 73, 76, 78, 80, 83, 85, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 116, 119, 124, 126, 128, 130, 134, 136, 138, 140, 143, 148, 150, 157, 159, 161, 165, 167, 170, 172, 175, 177, 179, 181, 183, 187, 192, 197, 199, 201, 205, 208, 211, 213, 215, 217, 219, 221, 223, 225, 227, 229, 231, 233, 235, 237, 240, 252, 254, 256, 258, 260, 262, 265, 267, 270, 272, 274, 277, 280, 284, 286, 288, 290, 293, 301, 303, 307, 309, 313, 316, 318, 322, 325, 328, 330, 333, 335, 339, 341, 344, 346, 348, 350, 352, 355, 358, 360, 362, 364, 366, 368, 370, 373, 375, 377, 379, 381, 383, 385, 387, 389, 392, 394, 396, 398, 400, 402, 404, 408, 410, 412, 414, 419, 423, 425, 427, 432, 434, 441, 443, 445, 451, 458, 460, 462, 465, 469, 471,

473, 475, 477, 481, 485, 487, 489, 491, 494, 496, 498, 505, 507, 510, 512, 514, 520, 522, 524, 527, 530, 533, 535, 538, 542, 544, 546, 548, 553, 555, 557, 559, 561, 564, 566, 568, 570, 572, 576, 578, 580, 582, 584, 586, 588, 590, 592, 594, 596, 599, 601, 607, 612, 614, 617, 621, 624, 626, 628, 631, 635, 640, 644, 646, 648, 650, 654, 656, 658, 661, 663, 665, 668, 678, 679, 680, 681, 682, 683, 684, 685, 686, 687, 688, 690, 692, 694 или 696, или ее фрагменту. Уровень биомассы растения, полученного из такой растительной клетки, отличается от соответствующего уровня биомассы контрольного растения, в котором отсутствует экзогенная нуклеиновая кислота.

В настоящем документе приведены данные о растительных клетках, содержащих экзогенную нуклеиновую кислоту. С одной стороны, экзогенная нуклеиновая кислота содержит регуляторную область, которая функционально связана с нуклеотидной последовательностью, кодирующей полипептид. Показатель НММ аминокислотной последовательности полипептида больше 130, 340, 530, 120, 635, 65, 100, 480, 145, 280 или 1000, если использовать показатели НММ, полученные из аминокислотных последовательностей, показанных на фиг. 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 или 11. Уровень биомассы растения отличается от соответствующего уровня биомассы контрольного растения, которое не содержит экзогенной нуклеиновой кислоты. С другой стороны, экзогенная нуклеиновая кислота содержит регуляторную область, которая функционально связана с нуклеотидной последовательностью, кодирующей полипептид, с идентичностью последовательности 80% или более по отношению к аминокислотной последовательности, выбранной из группы последовательностей SEQ ID NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 22, 24, 25, 27, 29, 30, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 43, 45, 47, 49, 50, 51, 53, 54, 56, 58, 59, 61, 63, 64, 66, 68, 70, 71, 72, 74, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 87, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 115, 117, 118, 120, 121, 122, 123, 125, 127, 129, 131, 132, 133, 135, 137, 139, 141, 142, 144, 145, 146, 147, 149, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 166, 168, 169, 171, 173, 174,

176, 178, 180, 182, 184, 185, 186, 188, 189, 190, 191, 193,
194, 195, 196, 198, 200, 202, 203, 204, 206, 207, 209, 210,
212, 214, 216, 218, 220,
222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238, 239, 241,
242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250, 251, 253, 255,
257, 259, 261, 263, 264, 266, 268, 269, 271, 273, 275, 276,
278, 279, 281, 282, 283, 285, 287, 289, 291, 292, 294, 295,
296, 297, 298, 299, 300, 302, 304, 305, 306, 308, 310, 311,
312, 314, 315, 317, 319, 320, 321, 323, 324, 326, 327, 329,
331, 332, 334, 336, 337, 338, 340, 342, 343, 345, 347, 349,
351, 353, 354, 356, 357, 359, 361, 363, 365, 367, 369, 371,
372, 374, 376, 378, 380, 382, 384, 386, 388, 390, 391, 393,
395, 397, 399, 401, 403, 405, 406, 407, 409, 411, 413, 415,
416, 417, 418, 420, 421, 422, 424, 426, 428, 429, 430, 431,
433, 435, 436, 437, 438, 439, 440, 442, 444, 446, 447, 448,
449, 450, 452, 453, 454, 455, 456, 457, 459, 461, 463, 464,
466, 467, 468, 470, 472, 474, 476, 478, 479, 480, 482, 483,
484, 486, 488, 490, 492, 493, 495, 497, 499, 500, 501, 502,
503, 504, 506, 508, 509, 511, 513, 515, 516, 517, 518, 519,
521, 523, 525, 526, 528, 529, 531, 532, 534, 536, 537, 539,
540, 541, 543, 545, 547, 549, 550, 551, 552, 554, 556, 558,
560, 562, 563, 565, 567, 569, 571, 573, 574, 575, 577, 579,
581, 583, 585, 587, 589, 591, 593, 595, 597, 598, 600, 602,
603, 604, 605, 606, 608, 609, 610, 611, 613, 615, 616, 618,
619, 620, 622, 623, 625, 627, 629, 630, 632, 633, 634, 636,
637, 638, 639, 641, 642, 643, 645, 647, 649, 651, 652, 653,
655, 657, 659, 660, 662, 664, 666, 667, 669, 670, 671, 672,
673, 674, 675, 676, 677, 689, 691, 693, 695 или 697. Уровень
биомассы растения, полученного из такой растительной клетки,
отличается от соответствующего уровня биомассы контрольного
растения, в котором отсутствует экзогенная нуклеиновая кислота.
С другой стороны, экзогенная нуклеиновая кислота содержит
регуляторную область, функционально связанную с нуклеотидной
последовательностью с идентичностью последовательности 80% или
более по отношению к нуклеотидной последовательности, выбранной
из группы последовательностей SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 19, 21,

23, 26, 28, 31, 35, 42, 44, 46, 48, 52, 55, 57, 60, 62, 65, 67, 69, 73, 76, 78, 80, 83, 85, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 116, 119, 124, 126, 128, 130, 134, 136, 138, 140, 143, 148, 150, 157, 159, 161, 165, 167, 170, 172, 175, 177, 179, 181, 183, 187, 192, 197, 199, 201, 205, 208, 211, 213, 215, 217, 219, 221, 223, 225, 227, 229, 231, 233, 235, 237, 240, 252, 254, 256, 258, 260, 262, 265, 267, 270, 272, 274, 277, 280, 284, 286, 288, 290, 293, 301, 303, 307, 309, 313, 316, 318, 322, 325, 328, 330, 333, 335, 339, 341, 344, 346, 348, 350, 352, 355, 358, 360, 362, 364, 366, 368, 370, 373, 375, 377, 379, 381, 383, 385, 387, 389, 392, 394, 396, 398, 400, 402, 404, 408, 410, 412, 414, 419, 423, 425, 427, 432, 434, 441, 443, 445, 451, 458, 460, 462, 465, 469, 471, 473, 475, 477, 481, 485, 487, 489, 491, 494, 496, 498, 505, 507, 510, 512, 514, 520, 522, 524, 527, 530, 533, 535, 538, 542, 544, 546, 548, 553, 555, 557, 559, 561, 564, 566, 568, 570, 572, 576, 578, 580, 582, 584, 586, 588, 590, 592, 594, 596, 599, 601, 607, 612, 614, 617, 621, 624, 626, 628, 631, 635, 640, 644, 646, 648, 650, 654, 656, 658, 661, 663, 665, 668, 678, 679, 680, 681, 682, 683, 684, 685, 686, 687, 688, 690, 692, 694 или 696, или ее фрагменту. Уровень биомассы растения, полученного из такой растительной клетки, отличается от соответствующего уровня биомассы контрольного растения, в котором отсутствует экзогенная нуклеиновая кислота. Также представлено трансгенное растение, содержащее такую растительную клетку. Кроме того, представлена растительная биомасса или семенная продукция. Данная продукция включает растительную или эмбриональную ткань трансгенного растения, описанного в настоящем документе.

Также представлены изолированные нуклеиновые кислоты. С одной стороны, изолированная нуклеиновая кислота включает в себя нуклеотидную последовательность, имеющую идентичность последовательности 80% или более по отношению к нуклеотидной последовательности, представленной в последовательностях SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 19, 21, 23, 26, 28, 31, 35, 42, 44, 46, 48, 52, 55, 57, 60, 62, 65, 67, 69, 73, 76, 78, 80, 83, 85, 89, 91, 93,

95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 116, 119, 124, 126, 128, 130, 134, 136, 138, 140, 143, 148, 150, 157, 159, 161, 165, 167, 170, 172, 175, 177, 179, 181, 183, 187, 192, 197, 199, 201, 205, 208, 211, 213, 215, 217, 219, 221, 223, 225, 227, 229, 231, 233, 235, 237, 240, 252, 254, 256, 258, 260, 262, 265, 267, 270, 272, 274, 277, 280, 284, 286, 288, 290, 293, 301, 303, 307, 309, 313, 316, 318, 322, 325, 328, 330, 333, 335, 339, 341, 344, 346, 348, 350, 352, 355, 358, 360, 362, 364, 366, 368, 370, 373, 375, 377, 379, 381, 383, 385, 387, 389, 392, 394, 396, 398, 400, 402, 404, 408, 410, 412, 414, 419, 423, 425, 427, 432, 434, 441, 443, 445, 451, 458, 460, 462, 465, 469, 471, 473, 475, 477, 481, 485, 487, 489, 491, 494, 496, 498, 505, 507, 510, 512, 514, 520, 522, 524, 527, 530, 533, 535, 538, 542, 544, 546, 548, 553, 555, 557, 559, 561, 564, 566, 568, 570, 572, 576, 578, 580, 582, 584, 586, 588, 590, 592, 594, 596, 599, 601, 607, 612, 614, 617, 621, 624, 626, 628, 631, 635, 640, 644, 646, 648, 650, 654, 656, 658, 661, 663, 665, 668, 678, 679, 680, 681, 682, 683, 684, 685, 686, 687, 688, 690, 692, 694 или 696. С другой стороны, изолированная нуклеиновая кислота включает в себя нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, имеющий идентичность последовательности 80% или более по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательностях SEQ ID NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 22, 24, 25, 27, 29, 30, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 43, 45, 47, 49, 50, 51, 53, 54, 56, 58, 59, 61, 63, 64, 66, 68, 70, 71, 72, 74, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 87, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 115, 117, 118, 120, 121, 122, 123, 125, 127, 129, 131, 132, 133, 135, 137, 139, 141, 142, 144, 145, 146, 147, 149, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 166, 168, 169, 171, 173, 174, 176, 178, 180, 182, 184, 185, 186, 188, 189, 190, 191, 193, 194, 195, 196, 198, 200, 202, 203, 204, 206, 207, 209, 210, 212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238, 239, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250, 251, 253, 255, 257, 259, 261,

263, 264, 266, 268, 269, 271, 273, 275, 276, 278, 279, 281,
282, 283, 285, 287, 289, 291, 292, 294, 295, 296, 297, 298,
299, 300, 302, 304, 305, 306, 308, 310, 311, 312, 314, 315,
317, 319, 320, 321, 323, 324, 326, 327, 329, 331, 332, 334,
336, 337, 338, 340, 342, 343, 345, 347, 349, 351, 353, 354,
356, 357, 359, 361, 363, 365, 367, 369, 371, 372, 374, 376,
378, 380, 382, 384, 386, 388, 390, 391, 393, 395, 397, 399,
401, 403, 405, 406, 407, 409, 411, 413, 415, 416, 417, 418,
420, 421, 422, 424, 426, 428, 429, 430, 431, 433, 435, 436,
437, 438, 439, 440, 442, 444, 446, 447, 448, 449, 450, 452,
453, 454, 455, 456, 457, 459, 461, 463, 464, 466, 467, 468,
470, 472, 474, 476, 478, 479, 480, 482, 483, 484, 486, 488,
490, 492, 493, 495, 497, 499, 500, 501, 502, 503, 504, 506,
508, 509, 511, 513, 515, 516, 517, 518, 519, 521, 523, 525,
526, 528, 529, 531, 532, 534, 536, 537, 539, 540, 541, 543,
545, 547, 549, 550, 551, 552, 554, 556, 558, 560, 562, 563,
565, 567, 569, 571, 573, 574, 575, 577, 579, 581, 583, 585,
587, 589, 591, 593, 595, 597, 598, 600, 602, 603, 604, 605,
606, 608, 609, 610, 611, 613, 615, 616, 618, 619, 620, 622,
623, 625, 627, 629, 630, 632, 633, 634, 636, 637, 638, 639,
641, 642, 643, 645, 647, 649, 651, 652, 653, 655, 657, 659,
660, 662, 664, 666, 667, 669, 670, 671, 672, 673, 674, 675,
676, 677, 689, 691, 693, 695 или 697.

С другой стороны, представлены методы идентификации генетического полиморфизма, связанного с изменением уровня биомассы. Методы включают представление популяции растений и определение того, связаны ли с генетической точки зрения один или более генетических полиморфизмов с локусом полипептида, выбранного из группы полипептидов, показанных на фиг. 1-11, и их функциональными гомологами. Производится измерение корреляции между изменением уровня биомассы в тканях растений популяции и наличием одного или более генетических полиморфизмов у растений популяции, что позволяет определить, связаны ли один или более генетических полиморфизмов с таким изменением.

С другой стороны, представлены методы создания линии

растений. Методы включают определение того, связаны ли один или более генетических полиморфизмов в популяции растений с локусом одного или нескольких полипептидов, показанных на фиг. 1-11, и функциональными гомологами таких полипептидов. В популяции определяется одно или несколько растений, у которых наличие как минимум одного генетического полиморфизма связано с изменением характеристики биомассы. Описанные выше шаги могут выполняться в любом порядке. Затем одно или несколько из определенных растений самовоспроизводятся или скрещиваются с другим растением для получения семян, как минимум одно потомственное растение, выращенное из такого семени, самовоспроизводится или скрещивается с другим растением. Шаги самоопыления и ауткроссинга повторяются у последующих поколений 0-5 для создания линии растений, у которых присутствует как минимум один полиморфизм. Характеристикой биомассы может служить выход сухого вещества, а в качестве популяции растений могут быть использованы растения проса.

В настоящем документе также описан метод изменения уровня биомассы у растения. Метод включает модификацию модулирующей биомассу эндогенной нуклеиновой кислоты, нуклеиновой кислоты, включающей нуклеотидную последовательность с открытой рамкой считывания, имеющую идентичность последовательности 80% или более по отношению к нуклеотидной последовательности, выбранной из группы последовательностей SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 19, 21, 23, 26, 28, 31, 35, 42, 44, 46, 48, 52, 55, 57, 60, 62, 65, 67, 69, 73, 76, 78, 80, 83, 85, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 116, 119, 124, 126, 128, 130, 134, 136, 138, 140, 143, 148, 150, 157, 159, 161, 165, 167, 170, 172, 175, 177, 179, 181, 183, 187, 192, 197, 199, 201, 205, 208, 211, 213, 215, 217, 219, 221, 223, 225, 227, 229, 231, 233, 235, 237, 240, 252, 254, 256, 258, 260, 262, 265, 267, 270, 272, 274, 277, 280, 284, 286, 288, 290, 293, 301, 303, 307, 309, 313, 316, 318, 322, 325, 328, 330, 333, 335, 339, 341, 344, 346, 348, 350, 352, 355, 358, 360, 362, 364, 366, 368, 370, 373, 375, 377, 379, 381, 383, 385, 387, 389, 392, 394, 396, 398, 400, 402, 404, 408, 410, 412, 414, 419, 423,

425, 427, 432, 434, 441, 443, 445, 451, 458, 460, 462, 465, 469, 471, 473, 475, 477, 481, 485, 487, 489, 491, 494, 496, 498, 505, 507, 510, 512, 514, 520, 522, 524, 527, 530, 533, 535, 538, 542, 544, 546, 548, 553, 555, 557, 559, 561, 564, 566, 568, 570, 572, 576, 578, 580, 582, 584, 586, 588, 590, 592, 594, 596, 599, 601, 607, 612, 614, 617, 621, 624, 626, 628, 631, 635, 640, 644, 646, 648, 650, 654, 656, 658, 661, 663, 665, 668, 678, 679, 680, 681, 682, 683, 684, 685, 686, 687, 688, 690, 692, 694 и 696. Уровень биомассы растения отличается от соответствующего уровня биомассы контрольного растения, в котором нуклеиновая кислота не модифицирована. Модификацию можно осуществить путем проведения генетической модификации в локусе, содержащем нуклеиновую кислоту. Далее метод может включать отбор растений с измененной биомассой.

В некоторых вариантах эндогенная нуклеиновая кислота кодирует полипептид, имеющий идентичность последовательности 80% или более по отношению к аминокислотной последовательности, выбранной из группы последовательностей SEQ ID NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 22, 24, 25, 27, 29, 30, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 43, 45, 47, 49, 50, 51, 53, 54, 56, 58, 59, 61, 63, 64, 66, 68, 70, 71, 72, 74, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 87, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 115, 117, 118, 120, 121, 122, 123, 125, 127, 129, 131, 132, 133, 135, 137, 139, 141, 142, 144, 145, 146, 147, 149, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 166, 168, 169, 171, 173, 174, 176, 178, 180, 182, 184, 185, 186, 188, 189, 190, 191, 193, 194, 195, 196, 198, 200, 202, 203, 204, 206, 207, 209, 210, 212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238, 239, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250, 251, 253, 255, 257, 259, 261, 263, 264, 266, 268, 269, 271, 273, 275, 276, 278, 279, 281, 282, 283, 285, 287, 289, 291, 292, 294, 295, 296, 297, 298, 299, 300, 302, 304, 305, 306, 308, 310, 311, 312, 314, 315, 317, 319, 320, 321, 323, 324, 326, 327, 329, 331, 332, 334, 336, 337, 338, 340, 342, 343, 345, 347, 349, 351, 353, 354, 356, 357, 359, 361, 363, 365, 367, 369,

371, 372, 374, 376, 378, 380, 382, 384, 386, 388, 390, 391,
393, 395, 397, 399, 401, 403, 405, 406, 407, 409, 411, 413,
415, 416, 417, 418, 420, 421, 422, 424, 426, 428, 429, 430,
431, 433, 435, 436, 437, 438, 439, 440, 442, 444, 446, 447,
448, 449, 450, 452, 453, 454, 455, 456, 457, 459, 461, 463,
464, 466, 467, 468, 470, 472, 474, 476, 478, 479, 480, 482,
483, 484, 486, 488, 490, 492, 493, 495, 497, 499, 500, 501,
502, 503, 504, 506, 508, 509, 511, 513, 515, 516, 517, 518,
519, 521, 523, 525, 526, 528, 529, 531, 532, 534, 536, 537,
539, 540, 541, 543, 545, 547, 549, 550, 551, 552, 554, 556,
558, 560, 562, 563, 565, 567, 569, 571, 573, 574, 575, 577,
579, 581, 583, 585, 587, 589, 591, 593, 595, 597, 598, 600,
602, 603, 604, 605, 606, 608, 609, 610, 611, 613, 615, 616,
618, 619, 620, 622, 623, 625, 627, 629, 630, 632, 633, 634,
636, 637, 638, 639, 641, 642, 643, 645, 647, 649, 651, 652,
653, 655, 657, 659, 660, 662, 664, 666, 667, 669, 670, 671,
672, 673, 674, 675, 676, 677, 689, 691, 693, 695 и 697.

В некоторых вариантах эндогенная нуклеиновая кислота включает в себя нуклеотидную последовательность с открытой рамкой считывания и идентичностью последовательности 90% или более по отношению к нуклеотидной последовательности, выбранной из группы последовательностей SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 19, 21, 23, 26, 28, 31, 35, 42, 44, 46, 48, 52, 55, 57, 60, 62, 65, 67, 69, 73, 76, 78, 80, 83, 85, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 116, 119, 124, 126, 128, 130, 134, 136, 138, 140, 143, 148, 150, 157, 159, 161, 165, 167, 170, 172, 175, 177, 179, 181, 183, 187, 192, 197, 199, 201, 205, 208, 211, 213, 215, 217, 219, 221, 223, 225, 227, 229, 231, 233, 235, 237, 240, 252, 254, 256, 258, 260, 262, 265, 267, 270, 272, 274, 277, 280, 284, 286, 288, 290, 293, 301, 303, 307, 309, 313, 316, 318, 322, 325, 328, 330, 333, 335, 339, 341, 344, 346, 348, 350, 352, 355, 358, 360, 362, 364, 366, 368, 370, 373, 375, 377, 379, 381, 383, 385, 387, 389, 392, 394, 396, 398, 400, 402, 404, 408, 410, 412, 414, 419, 423, 425, 427, 432, 434, 441, 443, 445, 451, 458, 460, 462, 465, 469, 471, 473, 475, 477, 481, 485, 487, 489, 491, 494, 496,

498, 505, 507, 510, 512, 514, 520, 522, 524, 527, 530, 533, 535, 538, 542, 544, 546, 548, 553, 555, 557, 559, 561, 564, 566, 568, 570, 572, 576, 578, 580, 582, 584, 586, 588, 590, 592, 594, 596, 599, 601, 607, 612, 614, 617, 621, 624, 626, 628, 631, 635, 640, 644, 646, 648, 650, 654, 656, 658, 661, 663, 665, 668, 678, 679, 680, 681, 682, 683, 684, 685, 686, 687, 688, 690, 692, 694 и 696.

В некоторых вариантах эндогенная нуклеиновая кислота включает в себя нуклеотидную последовательность с открытой рамкой считывания и идентичностью последовательности 95% или более по отношению к нуклеотидной последовательности, выбранной из группы последовательностей SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 19, 21, 23, 26, 28, 31, 35, 42, 44, 46, 48, 52, 55, 57, 60, 62, 65, 67, 69, 73, 76, 78, 80, 83, 85, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 116, 119, 124, 126, 128, 130, 134, 136, 138, 140, 143, 148, 150, 157, 159, 161, 165, 167, 170, 172, 175, 177, 179, 181, 183, 187, 192, 197, 199, 201, 205, 208, 211, 213, 215, 217, 219, 221, 223, 225, 227, 229, 231, 233, 235, 237, 240, 252, 254, 256, 258, 260, 262, 265, 267, 270, 272, 274, 277, 280, 284, 286, 288, 290, 293, 301, 303, 307, 309, 313, 316, 318, 322, 325, 328, 330, 333, 335, 339, 341, 344, 346, 348, 350, 352, 355, 358, 360, 362, 364, 366, 368, 370, 373, 375, 377, 379, 381, 383, 385, 387, 389, 392, 394, 396, 398, 400, 402, 404, 408, 410, 412, 414, 419, 423, 425, 427, 432, 434, 441, 443, 445, 451, 458, 460, 462, 465, 469, 471, 473, 475, 477, 481, 485, 487, 489, 491, 494, 496, 498, 505, 507, 510, 512, 514, 520, 522, 524, 527, 530, 533, 535, 538, 542, 544, 546, 548, 553, 555, 557, 559, 561, 564, 566, 568, 570, 572, 576, 578, 580, 582, 584, 586, 588, 590, 592, 594, 596, 599, 601, 607, 612, 614, 617, 621, 624, 626, 628, 631, 635, 640, 644, 646, 648, 650, 654, 656, 658, 661, 663, 665, 668, 678, 679, 680, 681, 682, 683, 684, 685, 686, 687, 688, 690, 692, 694 и 696.

В настоящем документе также описан метод получения растения. Метод включает выращивание растительной клетки, содержащей модифицированную эндогенную нуклеиновую кислоту,

кодирующую полипептид, у которого показатель НММ аминокислотной последовательности полипептида больше 65 (показатели НММ получены из аминокислотных последовательностей, показанных на фиг. 1-11), при котором уровень биомассы растения отличается от соответствующего уровня биомассы контрольного растения, в котором нуклеиновая кислота не модифицирована.

С другой стороны, в настоящем документе приведено описание растительной клетки, содержащей модифицированную эндогенную нуклеиновую кислоту, кодирующую полипептид, у которого показатель НММ аминокислотной последовательности полипептида больше 65 (показатели НММ получены из аминокислотных последовательностей, показанных на фиг. 1-11), при котором уровень биомассы растения, полученного из растительной клетки, отличается от соответствующего уровня биомассы контрольного растения, в котором нуклеиновая кислота не модифицирована.

В настоящем документе также приведено описание растительной клетки, содержащей модифицированную эндогенную нуклеиновую кислоту, модулирующую биомассу. Нуклеиновая кислота содержит нуклеотидную последовательность с открытой рамкой считывания и идентичностью последовательности 80% или более по отношению к нуклеотидной последовательности, выбранной из группы последовательностей SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 19, 21, 23, 26, 28, 31, 35, 42, 44, 46, 48, 52, 55, 57, 60, 62, 65, 67, 69, 73, 76, 78, 80, 83, 85, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 116, 119, 124, 126, 128, 130, 134, 136, 138, 140, 143, 148, 150, 157, 159, 161, 165, 167, 170, 172, 175, 177, 179, 181, 183, 187, 192, 197, 199, 201, 205, 208, 211, 213, 215, 217, 219, 221, 223, 225, 227, 229, 231, 233, 235, 237, 240, 252, 254, 256, 258, 260, 262, 265, 267, 270, 272, 274, 277, 280, 284, 286, 288, 290, 293, 301, 303, 307, 309, 313, 316, 318, 322, 325, 328, 330, 333, 335, 339, 341, 344, 346, 348, 350, 352, 355, 358, 360, 362, 364, 366, 368, 370, 373, 375, 377, 379, 381, 383, 385, 387, 389, 392, 394, 396, 398, 400, 402, 404, 408, 410, 412, 414, 419, 423, 425, 427, 432, 434, 441, 443, 445, 451, 458, 460, 462, 465, 469, 471, 473, 475, 477, 481, 485, 487, 489, 491, 494, 496, 498,

505, 507, 510, 512, 514, 520, 522, 524, 527, 530, 533, 535, 538, 542, 544, 546, 548, 553, 555, 557, 559, 561, 564, 566, 568, 570, 572, 576, 578, 580, 582, 584, 586, 588, 590, 592, 594, 596, 599, 601, 607, 612, 614, 617, 621, 624, 626, 628, 631, 635, 640, 644, 646, 648, 650, 654, 656, 658, 661, 663, 665, 668, 678, 679, 680, 681, 682, 683, 684, 685, 686, 687, 688, 690, 692, 694 и 696. Уровень биомассы растения, полученного из такой растительной клетки, отличается от соответствующего уровня биомассы контрольного растения, в котором нуклеиновая кислота не модифицирована.

У растительной клетки, описанной в настоящем документе, эндогенная нуклеиновая кислота может кодировать полипептид, имеющий идентичность последовательности 80% или более по отношению к аминокислотной последовательности, выбранной из группы последовательностей SEQ ID NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 22, 24, 25, 27, 29, 30, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 43, 45, 47, 49, 50, 51, 53, 54, 56, 58, 59, 61, 63, 64, 66, 68, 70, 71, 72, 74, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 87, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 115, 117, 118, 120, 121, 122, 123, 125, 127, 129, 131, 132, 133, 135, 137, 139, 141, 142, 144, 145, 146, 147, 149, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 166, 168, 169, 171, 173, 174, 176, 178, 180, 182, 184, 185, 186, 188, 189, 190, 191, 193, 194, 195, 196, 198, 200, 202, 203, 204, 206, 207, 209, 210, 212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238, 239, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250, 251, 253, 255, 257, 259, 261, 263, 264, 266, 268, 269, 271, 273, 275, 276, 278, 279, 281, 282, 283, 285, 287, 289, 291, 292, 294, 295, 296, 297, 298, 299, 300, 302, 304, 305, 306, 308, 310, 311, 312, 314, 315, 317, 319, 320, 321, 323, 324, 326, 327, 329, 331, 332, 334, 336, 337, 338, 340, 342, 343, 345, 347, 349, 351, 353, 354, 356, 357, 359, 361, 363, 365, 367, 369, 371, 372, 374, 376, 378, 380, 382, 384, 386, 388, 390, 391, 393, 395, 397, 399, 401, 403, 405, 406, 407, 409, 411, 413, 415, 416, 417, 418, 420, 421, 422, 424, 426, 428, 429, 430, 431, 433,

435, 436, 437, 438, 439, 440, 442, 444, 446, 447, 448, 449, 450, 452, 453, 454, 455, 456, 457, 459, 461, 463, 464, 466, 467, 468, 470, 472, 474, 476, 478, 479, 480, 482, 483, 484, 486, 488, 490, 492, 493, 495, 497, 499, 500, 501, 502, 503, 504, 506, 508, 509, 511, 513, 515, 516, 517, 518, 519, 521, 523, 525, 526, 528, 529, 531, 532, 534, 536, 537, 539, 540, 541, 543, 545, 547, 549, 550, 551, 552, 554, 556, 558, 560, 562, 563, 565, 567, 569, 571, 573, 574, 575, 577, 579, 581, 583, 585, 587, 589, 591, 593, 595, 597, 598, 600, 602, 603, 604, 605, 606, 608, 609, 610, 611, 613, 615, 616, 618, 619, 620, 622, 623, 625, 627, 629, 630, 632, 633, 634, 636, 637, 638, 639, 641, 642, 643, 645, 647, 649, 651, 652, 653, 655, 657, 659, 660, 662, 664, 666, 667, 669, 670, 671, 672, 673, 674, 675, 676, 677, 689, 691, 693, 695 и 697, и при этом уровень биомассы растения, полученного из такой растительной клетки, отличается от соответствующего уровня биомассы контрольного растения, в котором нуклеиновая кислота не модифицирована.

С другой стороны, в настоящем документе приведено описание метода модуляции уровня биомассы у растения. Метод включает интродукцию в растительную клетку экзогенной нуклеиновой кислоты, при этом экзогенная нуклеиновая кислота кодирует полипептид с активным ферментом Е.С. 2.6.1.83.

Также приведено описание растительной клетки, которая содержит экзогенную нуклеиновую кислоту, при этом экзогенная нуклеиновая кислота кодирует полипептид с активным ферментом Е.С. 2.6.1.83, в результате чего уровень биомассы растения полученного из такой растительной клетки, отличается от соответствующего уровня биомассы контрольного растения, в котором отсутствует нуклеиновая кислота.

Если не указано иное, все технические и научные термины, используемые в настоящем документе, имеют такое же значение, как его обычно понимают специалисты с обычной квалификацией, работающие в области, к которой относится данное изобретение. Несмотря на то, что при практическом использовании изобретения могут применяться методы и материалы, сходные с теми или

аналогичные тем, которые описаны в настоящем документе, ниже приведено описание подходящих методов и материалов. Все публикации, заявки на патент, патенты и прочие ссылочные материалы, приведенные в настоящем документе, включены путем ссылки в полном объеме. В случае противоречия преимущественную силу имеет настоящее описание изобретения, включая определения. Кроме того, материалы, методы и примеры носят исключительно иллюстративный характер и не устанавливают ограничений.

Детали одного или более вариантов осуществления изобретения изложены ниже в сопроводительных чертежах и описании. Другие признаки, цели и преимущества изобретения будут продемонстрированы в описании, чертежах и пунктах формулы изобретения. Слово «включающий» в пунктах формулы изобретения может быть заменено на «состоящий главным образом из» или «состоящий из» согласно общепринятой практике патентного права.

ОПИСАНИЕ ЧЕРТЕЖЕЙ

На фиг. 1 представлено выравнивание аминокислотной последовательности CW00733, соответствующей Ceres Clone: 1384304 (SEQ ID NO: 554) с гомологическими и/или ортологическими аминокислотными последовательностями. На всех фигурах с линейной последовательностью, показанных в настоящем документе, тире в построенной в линию последовательности обозначает делецию, то есть отсутствие аминокислоты в данном месте. Идентичные аминокислоты или консервативные заменители аминокислот среди выровненных последовательностей обозначены прямоугольниками. Фиг. 1 и другие фигуры с линейной последовательностью, приведенные в настоящем документе, созданы с помощью программы MUSCLE версии 3.52.

На фиг. 2 представлено выравнивание аминокислотной последовательности CW00319, соответствующей Ceres Annot: 544549 (SEQ ID NO: 263) с гомологическими и/или ортологическими последовательностями аминокислот.

На фиг. 3 представлено выравнивание аминокислотной последовательности CW00710, соответствующей Ceres Annot: 1355066 (SEQ ID NO: 117) с гомологическими и/или ортологическими аминокислотными последовательностями.

На фиг. 4 представлено выравнивание аминокислотной последовательности CW00628, соответствующей антисмысловой последовательности Os01g58420 (SEQ ID NO: 1) с гомологическими и/или ортологическими аминокислотными последовательностями.

На фиг. 5 представлено выравнивание аминокислотной последовательности CW00297, соответствующей Ceres Clone: 625057 (SEQ ID NO: 645) с гомологическими и/или ортологическими аминокислотными последовательностями.

На фиг. 6 представлено выравнивание аминокислотной последовательности CW00604, соответствующей Ceres Clone: 1356785 (SEQ ID NO: 253) с гомологическими и/или ортологическими аминокислотными последовательностями.

На фиг. 7 представлено выравнивание аминокислотной последовательности CW00564, соответствующей Ceres Clone: 638126 (SEQ ID NO: 323) с гомологическими и/или ортологическими аминокислотными последовательностями.

На фиг. 8 представлено выравнивание аминокислотной последовательности CW00010, соответствующей Ceres Clone: 26006 (SEQ ID NO: 595) с гомологическими и/или ортологическими аминокислотными последовательностями.

На фиг. 9 представлено выравнивание аминокислотной последовательности CW00469, соответствующей Ceres Clone: 4831 (SEQ ID NO: 77) с гомологическими и/или ортологическими аминокислотными последовательностями.

На фиг. 10 представлено выравнивание аминокислотной последовательности CW00536, соответствующей Ceres Annot: 847799 (SEQ ID NO: 209) с гомологическими и/или ортологическими аминокислотными последовательностями.

На фиг. 11 представлено выравнивание аминокислотной последовательности CW00191, соответствующей Ceres Annot: 878355 (SEQ ID NO: 426) с гомологическими и/или ортологическими аминокислотными последовательностями.

ПОДРОБНОЕ ОПИСАНИЕ

В изобретении приведено описание методов и материалов, относящихся к модуляции уровня биомассы растений. В некоторых вариантах растения могут также иметь модулированный уровень,

например, лигнина, модифицированную архитектуру корневой системы, модифицированную гербицидную устойчивость, модифицированный биосинтез каротеноидов или модулированный состав клеточной оболочки. Методы могут включать трансформацию растительной клетки, при которой нуклеиновая кислота кодирует модулирующий биомассу полипептид, в результате чего экспрессия полипептида приводит к модуляции уровня биомассы. Растительные клетки, продуцированные с использованием таких методов, могут выращиваться для получения растений с увеличенной или уменьшенной биомассой.

Такие растения и семена таких растений могут быть использованы, например, для производства биомассы, имеющей повышенную ценность, для использования в качестве исходного сырья для биотоплива.

I. Термины и определения

«Аминокислота» относится к одной из двадцати аминокислот, встречающихся в природе, и к синтетическим аминокислотам, в том числе оптическим изомерам D- и L-форм.

«Предпочтительный промотор клетки» или «предпочтительный промотор ткани» относится к промотору, который преимущественно стимулирует экспрессию, соответственно, в клетке-мишени или ткани-мишени, однако также может привести к определенной транскрипции в клетках или тканях других типов.

«Контрольное растение» относится к растению, которое не содержит экзогенной нуклеиновой кислоты, присутствующей в рассматриваемом трансгенном растении, однако в остальном имеет такое же или подобное генетическое окружение, что и трансгенное растение. Подходящим контрольным растением может быть нетрансгенное растение дикого типа, нетрансгенный сегрегант, полученный в результате эксперимента по трансформации, или трансгенное растение, которое содержит экзогенную нуклеиновую кислоту, отличающуюся от рассматриваемой экзогенной нуклеиновой кислоты.

«Домены» - это группы в основном заменимых аминокислот в полипептиде, которые могут быть использованы для описания семейств белков и/или частей белков. Такие домены имеют

«отпечаток пальцев» или «сигнатуру», которые могут включать в себя консервативную первичную последовательность, вторичную структуру и/или трехмерную конформацию. Как правило, домены связаны с деятельностью *in vitro* и/или *in vivo*. Длина домена может быть от 10 до 400 аминокислот, например: 10-50 аминокислот, или 25-100 аминокислот, или 35-65 аминокислот, или 35-55 аминокислот, или 45-60 аминокислот, или 200-300 аминокислот, или 300- 400 аминокислот.

«Понижающая регуляция» относится к регуляции, которая снижает продуцирование продуктов экспрессии (мРНК, полипептида или обоих) по отношению к базальному или нативному состоянию.

«Экзогенный» по отношению к нуклеиновой кислоте указывает на то, что нуклеиновая кислота является частью рекомбинантной структуры нуклеиновой кислоты или что она не находится в своей естественной среде. Например, экзогенная нуклеиновая кислота может быть последовательностью от одного вида, интродуцированной в другой вид, то есть гетерологичной нуклеиновой кислотой. В основном такую экзогенную нуклеиновую кислоту интродуцируют в другие виды через рекомбинантную конструкцию нуклеиновой кислоты. Экзогенная нуклеиновая кислота может также быть последовательностью, которая является нативной для какого-либо организма и которая реинтродуцируется в клетки этого организма. Экзогенную нуклеиновую кислоту, содержащую нативную последовательность, можно часто отличить от последовательности, образовавшейся естественным путем, по наличию неприродных последовательностей, присоединенных к экзогенной нуклеиновой кислоте, например ненативных регуляторных последовательностей, примыкающих к нативной последовательности в рекомбинантной структуре нуклеиновой кислоты. Кроме того, устойчиво трансформированные экзогенные нуклеиновые кислоты обычно интегрированы в места, которые отличаются от тех мест, где находится нативная последовательность. Следует иметь в виду, что экзогенные нуклеиновые кислоты могут быть интродуцированы в клетку-предшественник, а не в рассматриваемую клетку. Например, трансгенное растение, содержащее экзогенную нуклеиновую

кислоту, может быть потомством от скрещивания между устойчиво трансформированным растением и нетрансгенным растением. Считается, что такое потомство содержит экзогенную нуклеиновую кислоту.

«Экспрессия» относится к процессу преобразования генетической информации полинуклеотида в РНК путем транскрипции, которая катализируется ферментом полимеразой РНК, и в белок путем трансляции мРНК на рибосомах.

«Гетерологичный полипептид» для целей настоящего документа относится к полипептиду, который не является естественным для растительной клетки полипептидом, например трансгенное растение *Panicum virgatum*, трансформированное с помощью кодирующей последовательности и экспрессирующее кодирующую последовательность для полипептида, обеспечивающего транспорт азота из растения *Zea mays*.

«Изолированная нуклеиновая кислота» для целей настоящего документа включает природную нуклеиновую кислоту, при условии что одна или обе последовательности, непосредственно примыкающие к данной нуклеиновой кислоте в ее природном геноме, удалены или отсутствуют. Таким образом, изолированная нуклеиновая кислота включает, помимо прочего, нуклеиновую кислоту, которая существует в виде очищенной молекулы или молекулы нуклеиновой кислоты, включенной в вектор или вирус. Нуклеиновая кислота, существующая среди сотен и миллионов других нуклеиновых кислот, например, в библиотеках кДНК, геномных библиотеках или гелевых срезах, содержащих фрагменты рестрикции геномной ДНК, не должна рассматриваться как изолированная нуклеиновая кислота.

«Модуляция» уровня биомассы относится к изменению уровня биомассы, которое наблюдается в результате экспрессии или транскрипции экзогенной нуклеиновой кислоты в растительной клетке и/или растении. Изменение уровня измеряется относительно соответствующего уровня у контрольных растений.

«Нуклеиновая кислота» и «полинуклеотид» в настоящем документе являются взаимозаменяемыми и относятся как к РНК, так и к ДНК, в том числе кДНК, геномной ДНК, синтетической ДНК и

ДНК или РНК, содержащим аналоги нуклеиновых кислот. Нуклеиновая кислота может быть двухцепочечной или одноцепочечной (то есть кодирующей цепью или антисмысловой цепью). Неограниченные примеры полинуклеотидов включают гены, фрагменты генов, экзоны, интроны, матричную РНК (мРНК), транспортную РНК, рибосомальную РНК, синтетическую РНК, микроРНК, рибозимы, кДНК, рекомбинантные полинуклеотиды, разветвленные полинуклеотиды, зонды нуклеиновой кислоты и праймеры нуклеиновой кислоты. Полинуклеотид может содержать нестандартные или модифицированные нуклеотиды.

«Функционально связанный» относится к размещению регуляторной области и последовательности, транскрибируемой в нуклеиновой кислоте, с тем чтобы регуляторная область была эффективной для регулирования транскрипции или трансляции последовательности. Например, чтобы функционально связать кодирующую последовательность и регуляторную область, сайт инициации трансляции трансляционной рамки считывания кодирующей последовательности обычно располагают между первым и пятидесятым нуклеотидом нижележащей регуляторной области. Однако регуляторная область может быть расположена примерно на 5000 нуклеотидов выше сайта инициации трансляции или примерно на 2000 нуклеотидов выше сайта инициации транскрипции.

«Полипептид» для целей настоящего документа относится к соединению из двух или более субъединичных аминокислот, аналогов аминокислот или других пептидомиметиков, независимо от посттрансляционных модификаций, например фосфорилирования или гликозилирования. Субъединицы могут быть связаны пептидными связями или другими связями, такими как, например, сложноэфирные или простые эфирные связи. Данное определение охватывает полноразмерные полипептиды, усеченные полипептиды, точечные мутанты, инсерционные мутанты, сплайс-варианты, химерные белки и их фрагменты.

«Потомство» включает потомков определенного растения или линии растений. Потомство скороспелого растения включает семена, сформированные на растениях поколений F1, F2, F3, F4, F5, F6 и последующих поколений, или семена, сформированные на

растениях поколений BC1, BC2, BC3 и последующих поколений, или семена, сформированные на растениях поколений F1BC1, F1BC2, F1BC3 и последующих поколений. Обозначение F1 относится к потомству от скрещивания двух родительских организмов с четко выраженными генетическими признаками. Обозначения F2, F3, F4, F5 и F6 относятся к последующим поколениям потомков растения F1, полученным в результате самоопыления или переопыления.

«Регуляторная область» относится к нуклеиновой кислоте, имеющей нуклеотидные последовательности, которые оказывают влияние на инициацию и скорость транскрипции или трансляции, а также на стабильность и/или подвижность продукта транскрипции или трансляции. Регуляторные области включают, помимо прочего, последовательности промотора, последовательности генов-усилителей, ответные элементы, участки распознавания белка, индуцируемые элементы, белок-связывающие последовательности, нетранслируемые области 5' и 3', сайты инициации транскрипции, терминирующие последовательности, последовательности полиаденилирования, интроны и их сочетания. Регуляторная область обычно включает как минимум коровый (базальный) промотор. Регуляторная область также может включать как минимум один управляющий элемент, такой как последовательность генов-усилителей, вышележащий элемент или вышележащая область активации. Например, подходящим геном-усилителем является цис-действующий регуляторный элемент (от -212 до -154) от вышележащей области гена октопин-синтазы (ocs). Fromm *et al.*, *The Plant Cell*, 1:977-984 (1989).

«Повышающая регуляция» относится к регуляции, которая повышает уровень продукта экспрессии (мРНК, полипептида или обоих) по отношению к базальному или нативному состоянию.

«Вектор» относится к репликону, такому как плазмид, фаг или космида, в который может быть введен другой сегмент ДНК, чтобы добиться репликации введенного сегмента. Как правило, вектор способен к репликации, когда он связан с соответствующими управляющими элементами. Термин «вектор» включают клонирующий и экспрессионный векторы, а также вирусные векторы и интегрирующие векторы. «Экспрессионный вектор» - это

вектор, который включает регуляторную область.

II. Полипептиды

Полипептиды, описанные в настоящем документе, включают модулирующие биомассу полипептиды. Модулирующие биомассу полипептиды могут быть эффективными для модуляции уровней биомассы при экспрессировании в растении или растительной клетке. Такие полипептиды обычно содержат как минимум один домен, указывающий на модулирующие биомассу полипептиды, как подробно описано в настоящем документе. Модулирующие биомассу полипептиды обычно имеют показатель HMM более 65, как подробно описано в настоящем документе. В некоторых вариантах модулирующие биомассу полипептиды более чем на 80% идентичны последовательностям SEQ ID NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 22, 24, 25, 27, 29, 30, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 43, 45, 47, 49, 50, 51, 53, 54, 56, 58, 59, 61, 63, 64, 66, 68, 70, 71, 72, 74, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 87, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 115, 117, 118, 120, 121, 122, 123, 125, 127, 129, 131, 132, 133, 135, 137, 139, 141, 142, 144, 145, 146, 147, 149, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 166, 168, 169, 171, 173, 174, 176, 178, 180, 182, 184, 185, 186, 188, 189, 190, 191, 193, 194, 195, 196, 198, 200, 202, 203, 204, 206, 207, 209, 210, 212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238, 239, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250, 251, 253, 255, 257, 259, 261, 263, 264, 266, 268, 269, 271, 273, 275, 276, 278, 279, 281, 282, 283, 285, 287, 289, 291, 292, 294, 295, 296, 297, 298, 299, 300, 302, 304, 305, 306, 308, 310, 311, 312, 314, 315, 317, 319, 320, 321, 323, 324, 326, 327, 329, 331, 332, 334, 336, 337, 338, 340, 342, 343, 345, 347, 349, 351, 353, 354, 356, 357, 359, 361, 363, 365, 367, 369, 371, 372, 374, 376, 378, 380, 382, 384, 386, 388, 390, 391, 393, 395, 397, 399, 401, 403, 405, 406, 407, 409, 411, 413, 415, 416, 417, 418, 420, 421, 422, 424, 426, 428, 429, 430, 431, 433, 435, 436, 437, 438, 439, 440, 442, 444, 446, 447, 448, 449, 450, 452, 453, 454, 455, 456, 457, 459, 461, 463, 464, 466, 467, 468,

470, 472, 474, 476, 478, 479, 480, 482, 483, 484, 486, 488, 490, 492, 493, 495, 497, 499, 500, 501, 502, 503, 504, 506, 508, 509, 511, 513, 515, 516, 517, 518, 519, 521, 523, 525, 526, 528, 529, 531, 532, 534, 536, 537, 539, 540, 541, 543, 545, 547, 549, 550, 551, 552, 554, 556, 558, 560, 562, 563, 565, 567, 569, 571, 573, 574, 575, 577, 579, 581, 583, 585, 587, 589, 591, 593, 595, 597, 598, 600, 602, 603, 604, 605, 606, 608, 609, 610, 611, 613, 615, 616, 618, 619, 620, 622, 623, 625, 627, 629, 630, 632, 633, 634, 636, 637, 638, 639, 641, 642, 643, 645, 647, 649, 651, 652, 653, 655, 657, 659, 660, 662, 664, 666, 667, 669, 670, 671, 672, 673, 674, 675, 676, 677, 689, 691, 693, 695 или 697, как более подробно описано в настоящем документе.

А. Домены, указывающие на модулирующие биомассу полипептиды

Модулирующий биомассу полипептид может содержать ДНК-связывающий домен «цинковые пальцы» (zf-Dof), который, предположительно, характерен для модулирующего биомассу полипептида. SEQ ID NO: 263 устанавливает аминокислотную последовательность клона *Arabidopsis*, обозначенного в настоящем документе как Ceres Annot: 544549 (SEQ ID NO: 262), которая, предположительно, кодирует полипептид, содержащий ДНК-связывающий домен «цинковые пальцы». Например, модулирующий биомассу полипептид может содержать ДНК-связывающий домен «цинковые пальцы», имеющий идентичность последовательности 60% или более по отношению к остаткам 130-192 последовательности SEQ ID NO: 263. В некоторых вариантах модулирующий биомассу полипептид может содержать ДНК-связывающий домен «цинковые пальцы», имеющий идентичность последовательности 60% или более по отношению к ДНК-связывающему домену «цинковые пальцы» одного или нескольких полипептидов, представленных в последовательностях SEQ ID NO: 263, 264, 266, 268, 269, 271, 273, 275, 276, 278, 279, 281, 282, 283, 285, 287, 289, 291, 292, 294, 295, 296, 297, 298, 299, 300, 302, 304, 305, 306, 308, 310, 311, 312, 314, 315, 317, 319, 320 или 321. ДНК-связывающие домены «цинковые пальцы» таких последовательностей

приводятся в перечне последовательностей. Домены «цинковые пальцы» (Znf) представляют собой относительно небольшие белковые мотивы, которые связывают один или несколько атомов цинка и которые обычно содержат несколько пальцевидных ответвлений, которые устанавливают контакт со своей молекулой-мишенью. Ранее они обозначались как ДНК-связывающий мотив в факторе транскрипции TFIIIA из *Xenopus laevis*, однако в настоящее время определено, что они связывают ДНК, РНК, белок и/или липидные субстраты. Их связывающие свойства зависят от аминокислотной последовательности доменов «цинковые пальцы» и от линкера между «пальцами», а также от структур более высокого порядка и количества «пальцев». Домены «цинковые пальцы» (Znf) часто находятся в кластерах, у которых «пальцы» имеют различную связывающую специфику. Существует множество суперсемейств мотивов Znf, отличающихся как по последовательности, так и по структуре. Они демонстрируют многообразие режимов связывания (например, некоторые связывают ДНК, другие – белок), что указывает на то, что мотивы Znf являются стабильными структурными каркасами, которые развили специализированные функции. Например, функцию Znf-содержащих белков в транскрипции и трансляции генов, направленный перенос мРНК, формирование клеточного скелета, развитие эпителиальных тканей, клеточную адгезию, укладку белка, реконструкцию хроматина, распознавание цинка и многие другие. Цинк-связывающие мотивы являются стабильными структурами и редко подвергаются конформационным изменениям при связывании своей мишени. Ортологи DOF 1.3 могут содержать ДНК-связывающие домены «цинковые пальцы».

Модулирующий биомассу полипептид может содержать домен фитохелатин-синтетаза, который, предположительно, характерен для модулирующего биомассу полипептида. SEQ ID NO: 117 устанавливает аминокислотную последовательность клона *Arabidopsis*, обозначенного в настоящем документе как Ceres Annot: 1355066 (SEQ ID NO: 116), которая, предположительно, кодирует полипептид, содержащий домен фитохелатин-синтетаза. Например, модулирующий биомассу полипептид может содержать домен фитохелатин-синтетаза, имеющий идентичность

последовательности 60% или более по отношению к остаткам 44-208 последовательности SEQ ID NO: 117. В некоторых вариантах модулирующий биомассу полипептид может содержать область с доменом фитохелатин-синтетаза, имеющим идентичность последовательности 60% или более по отношению к области с доменом фитохелатин-синтетаза одного или нескольких полипептидов, представленных в последовательностях SEQ ID NO: 117, 118, 120, 121, 122, 123, 125, 127, 129, 131, 132, 133, 135, 137, 139, 141, 142, 144, 145, 146, 147, 149, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 166, 168, 169, 171, 173, 174, 176, 178, 180, 182, 184, 185, 186, 188, 189, 190, 191, 193, 194, 195, 196, 198, 200, 202, 203, 204, 206 или 207. Области с доменом фитохелатин-синтетаза таких последовательностей устанавливаются в перечне последовательностей. Белок фитохелатин-синтетаза может быть ферментом, ответственным за синтез связывающих тяжелые металлы пептидов (фитохелатинов) из глутатиона и родственных тиолов. Фермент обычно катализирует деглицинацию молекулы-донора глутатиона (GSH). Фермент обычно содержит каталитическую триаду остатков цистеина, гистидина и аспартата.

Модулирующий биомассу полипептид может содержать домен AP2, который, предположительно, характерен для модулирующего биомассу полипептида. SEQ ID NO: 1 устанавливает аминокислотную последовательность клона *Oryza sativa*, обозначенного в настоящем документе как Os01g58420, который, предположительно, кодирует полипептид, содержащий домен AP2. Например, модулирующий биомассу полипептид может содержать домен AP2 с идентичностью последовательности 60% или более по отношению к остаткам 32-83 последовательности SEQ ID NO: 1. В некоторых вариантах модулирующий биомассу полипептид может содержать домен AP2 с идентичностью последовательности 60% или более по отношению к домену AP2 одного или нескольких полипептидов, представленных в последовательностях SEQ ID NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 22, 24, 25, 27, 29, 30, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 43, 45, 47, 49, 50, 51, 53, 54, 56, 58, 59, 61, 63, 64, 66, 68, 70, 71, 72, 74 или 75.

Домены AP2 таких последовательностей устанавливаются в перечне последовательностей. В некоторых вариантах в растении экспрессируется антисмысловая последовательность, которая модулирует биомассу, как описано в настоящем документе. Например, для модуляции биомассы в растении может быть экспрессирована антисмысловая последовательность нуклеиновой кислоты Os01g58420, такая как последовательность SEQ ID NO: 678. Остатки аминокислоты домена AP2 могут связываться с ДНК и обычно находятся в белках-факторах транскрипции.

Модулирующий биомассу полипептид может содержать домен аминотрансферазы класса I и II, который, предположительно, характерен для модулирующего биомассу полипептида. Последовательность SEQ ID NO: 645 устанавливает аминокислотную последовательность клона *Glycine max*, обозначенного в настоящем документе как Ceres Clone: 625057 (SEQ ID NO: 644), который, предположительно, кодирует полипептид, содержащий домен аминотрансферазы класса I и II. Например, модулирующий биомассу полипептид может содержать домен аминотрансферазы класса I и II, имеющий идентичность последовательности 60% или более по отношению к остаткам 88-453 последовательности SEQ ID NO: 645. В некоторых вариантах модулирующий биомассу полипептид может содержать домен аминотрансферазы класса I и II, имеющий идентичность последовательности 60% или более по отношению к домену аминотрансферазы класса I и II одного или нескольких полипептидов, представленных в последовательностях SEQ ID NO: 645, 647, 649, 651, 652, 653, 655, 657, 659, 660, 662, 664, 666, 667, 669, 670, 671, 672, 673, 674, 675, 676, 677 или 689. Домены аминотрансферазы класса I и II таких последовательностей приведены в перечне последовательностей. Аминотрансферазы имеют определенные конструктивные особенности, общие с другими пиридоксальфосфат-зависимыми ферментами, например ковалентное связывание пиридоксальфосфатной группы с остатками лизина. На основе сходства последовательностей эти разнообразные ферменты можно сгруппировать в класс I и класс II. Примерами полипептидов, содержащих домены аминотрансферазы класса I и II, могут быть полипептиды LL-DAP (EC 2.6.1.83) (Watanabe *et al.*,

Mechanism of Substrate Recognition and PLP-induced Conformational Changes in LL-Diaminopimelate aminotransferase from *Arabidopsis thaliana*. *J. Mol. Biol.* 384, 1314-1329 (2008)). Полипептид LL-DAP катализирует взаимное превращение LL-2,6-диаминогептандиоата и 2-оксоглутарата в (S)-2,3,4,5-тетрагидропиридин-2,6-дикарбоксилат, L-глутамат и воду.

Модулирующий биомассу полипептид может содержать ДНК-связывающий домен семейства Myb, который, предположительно, характерен для модулирующего биомассу полипептида. Последовательность SEQ ID NO: 323 представляет аминокислотную последовательность клона *Glycine max*, обозначенного в настоящем документе как Ceres Clone: 638126 (SEQ ID NO: 321), который, предположительно, кодирует полипептид, содержащий ДНК-связывающий домен семейства Myb. Например, модулирующий биомассу полипептид может содержать ДНК-связывающий домен семейства Myb, имеющий идентичность последовательности 60% или более по отношению к остаткам 13-62 последовательности SEQ ID NO: 323. В некоторых вариантах модулирующий биомассу полипептид может содержать ДНК-связывающий домен семейства Myb, имеющий идентичность последовательности 60% или более по отношению к ДНК-связывающему домену семейства Myb одного или нескольких полипептидов, представленных в последовательностях SEQ ID NO: 323, 324, 326, 327, 329, 331, 332, 334, 336, 337, 338, 340, 342, 343, 345, 347, 349, 351, 353, 354, 356, 357, 359, 361, 363, 365, 367, 369, 371, 372, 374, 376, 378, 380, 382, 384, 386, 388, 390, 391, 393, 395, 397, 399, 401, 403, 405, 406, 407, 409, 411, 413, 415, 416, 417, 418, 420, 421, 422 или 424. ДНК-связывающие домены семейства Myb таких последовательностей представлены в перечне последовательностей. Семейство ДНК-связывающих доменов Myb включает в себя ДНК-связывающие домены из белков семейства Myb, а также семейство доменов SANT.

Модулирующий биомассу полипептид может содержать домен альфа/бета-складки гидролазы, который, предположительно, характерен для модулирующего биомассу полипептида. Последовательность SEQ ID NO: 595 представляет аминокислотную последовательность клона *Arabidopsis*, обозначенного в настоящем

документе как Ceres Clone: 26006 (SEQ ID NO: 594), который, предположительно, кодирует полипептид, содержащий домен альфа/бета-складки гидролазы. Например, модулирующий биомассу полипептид может содержать домен альфа/бета-складки гидролазы, имеющий идентичность последовательности 60% или более по отношению к остаткам 35-257 последовательности SEQ ID NO: 595. В некоторых вариантах модулирующий биомассу полипептид может содержать область с доменом альфа/бета-складки гидролазы, имеющий идентичность последовательности 60% или более по отношению к домену альфа/бета-складки гидролазы одного или нескольких полипептидов, представленных в последовательностях SEQ ID NO: 595, 597, 598, 600, 602, 603, 604, 605, 606, 608, 609, 610, 611, 613, 615, 616, 618, 619, 620, 622, 623, 625, 627, 629, 630, 632, 633, 634, 636, 637, 638, 639, 641, 642, 643 или 691. Домены альфа/бета-складок гидролазы таких последовательностей приведены в перечне последовательностей. Альфа/бета-складка гидролазы является общей для ряда гидролитических ферментов, имеющих самое разное филогенетическое происхождение и выполняющих каталитическую функцию. Сердцевиной каждого фермента является альфа/бета слой (нежели ствол), содержащий 8 цепей, соединенных спиралью. Считается, что ферменты произошли от общего предшественника, сохранив при этом строение каталитических остатков. Все они имеют каталитическую триаду, элементы которой зарождаются на петлях, являющихся лучшими консервативными структурными особенностями складки.

Модулирующий биомассу полипептид может содержать домен «фактор быстрого подщелачивания» (ФБП), который, предположительно, характерен для модулирующего биомассу полипептида. Последовательность SEQ ID NO: 77 представляет аминокислотную последовательность клона *Arabidopsis*, обозначенного в настоящем документе как Ceres Clone:4831 (SEQ ID NO: 76), который, предположительно, кодирует полипептид, содержащий домен ФБП. Например, модулирующий биомассу полипептид может содержать домен ФБП, имеющий идентичность последовательности 60% или более по отношению к остаткам 57-129

последовательности SEQ ID NO: 77. В некоторых вариантах модулирующий биомассу полипептид может содержать домен ФБП, имеющий идентичность последовательности 60% или более по отношению к домену ФБП одного или более полипептидов, представленных в последовательностях SEQ ID NO: 77, 79, 81, 82, 84, 86, 87, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114 или 115. Домены ФБП таких последовательностей приведены в перечне последовательностей. Домены ФБП обычно находятся в распространенных пептидах 5-kDa в растениях, которые, как сообщается, играют роль в подавлении роста и развития корня у некоторых растений.

Модулирующий биомассу полипептид может содержать домен DUF640, который, предположительно, характерен для модулирующего биомассу полипептида. Последовательность SEQ ID NO: 209 приводит аминокислотную последовательность клона *Arabidopsis*, обозначенного в настоящем документе как Ceres Annot: 847799 (SEQ ID NO: 208), который, предположительно, кодирует полипептид, содержащий домен DUF640. Например, модулирующий биомассу полипептид может содержать домен DUF640, имеющий идентичность последовательности 60% или более по отношению к остаткам 19-152 последовательности SEQ ID NO: 209. В некоторых вариантах модулирующий биомассу полипептид может содержать домен DUF640, имеющий идентичность последовательности 60% или более по отношению к домену DUF640 одного или нескольких полипептидов, приведенных в последовательностях SEQ ID NO: 209, 210, 212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238, 239, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250 или 251. Домены DUF640 таких последовательностей представлены в перечне последовательностей.

Модулирующий биомассу полипептид может содержать домен семейства PTR2 POT, который, предположительно, характерен для модулирующего биомассу полипептида. Последовательность SEQ ID NO: 426 представляет аминокислотную последовательность клона *Arabidopsis*, обозначенного в настоящем документе как Ceres Annot: 878355 (SEQ ID NO: 425), который, предположительно, кодирует полипептид, содержащий домен семейства PTR2 POT.

Например, модулирующий биомассу полипептид может содержать домен семейства PTR2 POT, имеющий идентичность последовательности 60% или более по отношению к остаткам 100-509 последовательности SEQ ID NO: 426. В некоторых вариантах модулирующий биомассу полипептид может содержать домен семейства PTR2 POT, имеющий идентичность последовательности 60% или более по отношению к домену семейства PTR2 POT одного или более полипептидов, представленных в последовательностях SEQ ID NO: 426, 428, 429, 430, 431, 433, 435, 436, 437, 438, 439, 440, 442, 444, 446, 447, 448, 449, 450, 452, 453, 454, 455, 456, 457, 459, 461, 463, 464, 466, 467, 468, 470, 472, 474, 476, 478, 479, 480, 482, 483, 484, 486, 488, 490, 492, 493, 495, 497, 499, 500, 501, 502, 503, 504, 506, 508, 509, 511, 513, 515, 516, 517, 518, 519, 521, 523, 525, 526, 528, 529, 531, 532, 534, 536, 537, 539, 540, 541, 543, 545, 547, 549, 550, 551, 552, 693, 695 или 697. Области с доменом семейства PTR2 POT таких последовательностей приведены в перечне последовательностей. Транспорт пептидов в клетки является биологическим феноменом, убедительно подтвержденным документальными доказательствами. Он осуществляется специфическими энергозависимыми переносчиками и присутствует в самых разнообразных организмах - от бактерий до человека. Семейство белков PTR отличается от ABC-транспортеров пептидов и было открыто с помощью секвенирования ряда недавно открытых транспортных белков для переноса пептидов. Представляется, что данные белки главным образом участвуют во введении небольших пептидов с сопутствующим поглощением протона. В некоторых вариантах белок POT, как описано в настоящем документе, может включать N-концевой сигнальный пептид. В некоторых вариантах сигнальный пептид может быть характерным для плазматической мембраны. В некоторых вариантах сигнальный пептид может быть характерным для мембраны эндоплазматической сети или хлоропластовой мембраны. Примеры сигнальных пептидов показаны в заявке, в перечне последовательностей. Для прогнозирования наличия и типа транзитных пептидов могут применяться методы биоинформатики. Такие методы не опираются исключительно на

сходство последовательности. Поскольку ортологические белки чаще имеют одинаковую локализацию, степень сходства последовательности, необходимая для того, чтобы сделать вывод о со-локализации, выше, чем у аналогичной трехмерной структуры, а изоформы одного и того же белка могут иметь различную локализацию. Для прогнозирования сигнальных пептидов можно использовать программу для прогнозирования внутриклеточной локализации белка WoLF PSORT (Horton et al., 2007 "WoLF PSORT: Protein Localization Predictor", *Nucleic Acids Research*, doi:10.1093/nar/gkm259, 2007; Horton et al., 2006 "Protein Subcellular Localization Prediction with WoLF PSORT", *Proceedings of the 4th Annual Asia Pacific Bioinformatics Conference APBC06, Taipei, Taiwan*. pp. 39-48, 2006). Примеры сигнальных пептидов можно получить из последовательностей, имеющихся в открытом доступе, с помощью анализа последовательности, выполненного программой WoLF PSORT, которая предоставляет данные о многочисленных ортологических сигнальных пептидах.

В эукариотных организмах присутствует несколько типов сигнальных пептидов и связанных с ними сортирующих сигналов, каждый из которых участвует в мембранной транслокации и/или инсерции. Как правило, сигнальные пептиды, специфические для эндоплазматического ретикулума (ER), являются котрансляционными, в то время как сигнальные пептиды, специфические для митохондрий или хлоропластов, являются посттрансляционными, но не развернутыми шаперонами. Например, N-концевой сигнал с гидрофобной секцией переменной длины вызывает котрансляционный переход белков через или в мембрану эндоплазматического ретикулума. N-концевые сигналы большей частью не зависят от белков-носителей. Такие сигнальные пептиды обычно являются взаимозаменяемыми с различными белками, обычно расщеплены и обычно ограничиваются первыми приблизительно 90 аминокислотными остатками. Расщепление на N-конце и котрансляционное распознавание делают сигнальные пептиды типично ортогональными по отношению к функции белка, однако это является только общим сходством. В некоторых вариантах белок

ROT, как описано в настоящем документе, может включать С-концевой сортирующий сигнал. Примеры С-концевых сортирующих сигналов включают, в числе прочего, сигнал KDEL (растворение) или KKXX (мембранный белок) для удержания ER, SKL для пероксисомального воздействия (растворение), NPIR для вакуоли и LPXTG для стенки бактериальной клетки. В некоторых вариантах белок ROT, как описано в настоящем документе, может включать внутренний сортирующий сигнал. Такие сигналы включают клеточные сигналы внутриядерной локализации, которые наблюдаются на поверхности белка со складчатой структурой, однако могут находиться в любом месте одноразмерной последовательности. В некоторых вариантах белок ROT, как описано в настоящем документе, может включать N-концевой сигнальный пептид длиной примерно 95, 90, 85, 80, 75, 70, 65, 60, 55, 50, 45, 40, 35, 30, 25, 20, 15, 10 или 5 аминокислот, начинающийся с N-конца указанного белка ROT. В некоторых вариантах в белке ROT, как описано в настоящем документе, может отсутствовать весь N-концевой сигнальный пептид или его часть. В некоторых вариантах в белке ROT, как описано в настоящем документе, N-концевой сигнальный пептид может быть удален и заменен на другой N-концевой сигнальный пептид. Например, специалист в данной области может удалить или синтезировать последовательность без 45 аминокислот с N-концом последовательности SEQ ID NO: 426 и добавить методом слияния или синтеза другой сигнальный пептид, специфичный для такой же мембраны или другой мембраны мишени.

В некоторых вариантах модулирующий биомассу полипептид отсекается в аминоконцевой или карбоксиконцевой области природного полипептида. Усеченный полипептид может удерживать определенные домены природного полипептида при отсутствии других. Таким образом, при вариантах, когда длина меньше или больше на 5 аминокислот, обычно показывают активность усеченного полипептида по модуляции биомассы. В некоторых вариантах усеченный полипептид является доминантным негативным полипептидом. Экспрессия в растении с таким усеченным полипептидом придает различие в уровне биомассы растения по сравнению с соответствующим уровнем биомассы контрольного

растения, у которого нет усеченного полипептида.

Б. Функциональные гомологи, определяемые с помощью программы Reciprocal BLAST

В некоторых вариантах один или несколько функциональных гомологов эталонного модулирующего биомассу полипептида, определенного в одном или нескольких указанных выше описаниях базы данных по семействам белков (Pfam), пригодны для использования в качестве модулирующих биомассу полипептидов. Функциональный гомолог является полипептидом, который имеет сходство последовательности с эталонным полипептидом и который выполняет одну или несколько биохимических или физиологических функций эталонного полипептида. Функциональный гомолог и эталонный полипептид могут быть природными полипептидами, а сходство последовательности может быть вызвано конвергентными или дивергентными эволюционными событиями. В силу этого функциональные гомологи иногда обозначают в литературе как гомологи, или ортологи, или паралоги. Варианты природных функциональных гомологов, таких как полипептиды, закодированные мутантами кодирующей последовательности дикого типа, могут сами быть функциональными гомологами. Функциональные гомологи могут быть также созданы сайт-направленным мутагенезом кодирующей последовательности модулирующего биомассу полипептида или путем комбинирования доменов из кодирующих последовательностей для различных природных модулирующих биомассу полипептидов («перестановка доменов»). Термин «функциональный гомолог» иногда применяется к нуклеиновой кислоте, которая кодирует функционально гомологичный полипептид.

Функциональные гомологи можно идентифицировать путем анализа выравнивания последовательностей нуклеотидов и полипептидов. Например, при выполнении поиска в базе данных последовательностей нуклеотидов и полипептидов можно определить гомологи модулирующих биомассу полипептидов. Анализ последовательностей может включать анализ всего банка данных с помощью программы BLAST, Reciprocal BLAST или PSIBLAST с использованием аминокислотной последовательности модулирующего биомассу полипептида в качестве эталонной последовательности. В

некоторых случаях аминокислотная последовательность выводится из нуклеотидной последовательности. Те полипептиды в базе данных, которые имеют идентичность последовательности более 40%, являются кандидатами для дальнейшей оценки их пригодности для использования в качестве модулирующих биомассу полипептидов. Сходство аминокислотной последовательности допускает замену консервативных аминокислот, например замену одного гидрофобного остатка на другой или замену одного полярного остатка на другой. При желании можно выполнить проверку таких кандидатов вручную, чтобы сузить их количество для дальнейшей оценки. При проверке вручную можно выбрать тех кандидатов, у которых в модулирующих биомассу полипептидах, по-видимому, присутствуют домены, например консервативные функциональные домены.

Консервативные области можно определить путем локализации области в пределах первичной аминокислотной последовательности модулирующего биомассу полипептида, то есть повторяющаяся последовательность образует некую вторичную структуру (например, спирали и складчатые бета-слои), устанавливает положительно или отрицательно заряженные домены или представляет собой белковый мотив или домен. Например, см. в Интернете веб-сайт базы данных по семействам белков (Pfam) с описанием консенсусных последовательностей для различных белковых мотивов и доменов на странице sanger.ac.uk/Software/Pfam/ и pfam.janelia.org/. Описание информации, включенной в базу данных Pfam, приведено в работах Sonnhammer *et al.*, *Nucl. Acids Res.*, 26:320-322 (1998); Sonnhammer *et al.*, *Proteins*, 28:405-420 (1997); и Bateman *et al.*, *Nucl. Acids Res.*, 27:260-262 (1999). Консервативные области также можно определить путем выравнивания последовательностей одинаковых или родственных полипептидов от близкородственных видов. Близкородственные виды преимущественно относятся к одному семейству. В некоторых вариантах будет достаточным выравнивание последовательностей от двух разных видов.

Как правило, для определения консервативных областей

пригодны полипептиды, показывающие идентичность аминокислотных последовательностей не менее 40%. Консервативные области родственных полипептидов показывают идентичность аминокислотных последовательностей не менее 45% (например, идентичность аминокислотных последовательностей не менее 50%, не менее 60%, не менее 70%, не менее 80% или не менее 90%). В некоторых вариантах консервативная область показывает идентичность аминокислотных последовательностей не менее 92%, 94%, 96%, 98% или 99%.

Примеры аминокислотных последовательностей функциональных гомологов полипептида, представленного в последовательности SEQ ID NO: 554, приведены на фиг. 1 и в перечне последовательностей. Такие функциональные гомологи содержат, например, CeresAnnot:564098 (SEQ ID NO: 556), CeresAnnot:1443290 (SEQ ID NO: 558), CeresClone:1042157 (SEQ ID NO: 560), CeresClone:1919714 (SEQ ID NO: 562), GI:157336039 (SEQ ID NO: 563), CeresAnnot:8454153 (SEQ ID NO: 565), CeresAnnot:1722302 (SEQ ID NO: 567), CeresAnnot:8733140 (SEQ ID NO: 569), CeresAnnot:1452096 (SEQ ID NO: 571), CeresClone:1645639 (SEQ ID NO: 573), GI:157344920 (SEQ ID NO: 574), GI:115440865 (SEQ ID NO: 575), CeresClone:340925 (SEQ ID NO: 577), CeresAnnot:8669404 (SEQ ID NO: 579), CeresClone:100028078 (SEQ ID NO: 581), CeresAnnot:1503869 (SEQ ID NO: 583), CeresAnnot:1525651 (SEQ ID NO: 585), CeresClone:2031281 (SEQ ID NO: 587), CeresClone:483742 (SEQ ID NO: 589), CeresClone:100802111 (SEQ ID NO: 591), CeresClone:1460255 (SEQ ID NO: 593). В некоторых случаях функциональный гомолог SEQ ID NO: 554 имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 554.

Примеры аминокислотных последовательностей функциональных гомологов полипептида, представленного в последовательности SEQ ID NO: 263, приведены на фиг. 2 и в перечне

последовательностей. Такие функциональные гомологи содержат, например, GI:157355009 (SEQ ID NO: 264), CeresAnnot:1464457 (SEQ ID NO: 266), CeresClone:1584660 (SEQ ID NO: 268), GI:115474149 (SEQ ID NO: 269), CeresAnnot:8636233 (SEQ ID NO: 271), CeresClone:1777035 (SEQ ID NO: 273), CeresClone:1990929 (SEQ ID NO: 275), GI:194692166 (SEQ ID NO: 276), CeresAnnot:1458507 (SEQ ID NO: 278), GI:147780712 (SEQ ID NO: 279), CeresAnnot:8642924 (SEQ ID NO: 281), GI:115451001 (SEQ ID NO: 282), AAF87041 (SEQ ID NO: 283), CeresClone:1573856 (SEQ ID NO: 285), CeresAnnot:1476818 (SEQ ID NO: 287), CeresAnnot:1450024 (SEQ ID NO: 289), CeresAnnot:1503065 (SEQ ID NO: 291), GI:147866358 (SEQ ID NO: 292), CeresClone:230073 (SEQ ID NO: 294), (SEQ ID NO: 295), (SEQ ID NO: 296), GI:78708599 (SEQ ID NO: 297), GI:15451553 (SEQ ID NO: 298), GI:125542572 (SEQ ID NO: 299), GI:157342426 (SEQ ID NO: 300), CeresAnnot:538622 (SEQ ID NO: 302), CeresAnnot:8460661 (SEQ ID NO: 304), GI:15983797 (SEQ ID NO: 305), GI:115435804 (SEQ ID NO: 306), CeresClone:1599579 (SEQ ID NO: 308), CeresAnnot:1469831 (SEQ ID NO: 310), GI:9758342 (SEQ ID NO: 311), GI:21536859 (SEQ ID NO: 312), CeresClone:113639 (SEQ ID NO: 314), GI:15232818 (SEQ ID NO: 315), CeresClone:1571328 (SEQ ID NO: 317), CeresClone:1868988 (SEQ ID NO: 319), GI:1669341 (SEQ ID NO: 320) или GI:157359317 (SEQ ID NO: 321). В некоторых случаях функциональный гомолог SEQ ID NO: 263 имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 263.

Примеры аминокислотных последовательностей функциональных гомологов полипептида, представленного в последовательности SEQ ID NO: 117, приведены на фиг. 3 и в перечне последовательностей. Такие функциональные гомологи включают, например, GI:90657534 (SEQ ID NO: 118), CeresClone:1237946 (SEQ ID NO: 120), GI:118488472 (SEQ ID NO: 121), GI:38194917 (SEQ ID

NO: 122), GI:157341292 (SEQ ID NO: 123), CeresClone:1957107 (SEQ ID NO: 125), CeresAnnot:8640603 (SEQ ID NO: 127), CeresClone:829440 (SEQ ID NO: 129), CeresClone:285169 (SEQ ID NO: 131), GI:116790012 (SEQ ID NO: 132), GI:157356290 (SEQ ID NO: 133), CeresAnnot:1450186 (SEQ ID NO: 135), CeresClone:1804732 (SEQ ID NO: 137), CeresClone:1781794 (SEQ ID NO: 139), CeresAnnot:8656625 (SEQ ID NO: 141), GI:162462515 (SEQ ID NO: 142), CeresClone:570485 (SEQ ID NO: 144), GI:125586664 (SEQ ID NO: 145), GI:116788824 (SEQ ID NO: 146), GI:115453531 (SEQ ID NO: 147), CeresClone:17250 (SEQ ID NO: 149), CeresAnnot:1363625 (SEQ ID NO: 151), GI:75133694 (SEQ ID NO: 152), GI:147780878 (SEQ ID NO: 153), GI:157341291 (SEQ ID NO: 154), GI:38194916 (SEQ ID NO: 155), GI:157356291 (SEQ ID NO: 156), CeresClone:1883580 (SEQ ID NO: 158), CeresClone:1848658 (SEQ ID NO: 160), CeresAnnot:1450185 (SEQ ID NO: 162), GI:13477083 (SEQ ID NO: 163), GI:115463639 (SEQ ID NO: 164), CeresClone:98007 (SEQ ID NO: 166), CeresAnnot:1326475 (SEQ ID NO: 168), GI:115473243 (SEQ ID NO: 169), CeresAnnot:870466 (SEQ ID NO: 171), CeresClone:1806851 (SEQ ID NO: 173), GI:75133695 (SEQ ID NO: 174), CeresClone:1788775 (SEQ ID NO: 176), CeresClone:1546455 (SEQ ID NO: 178), CeresClone:1902642 (SEQ ID NO: 180), CeresAnnot:8632643 (SEQ ID NO: 182), CeresClone:236876 (SEQ ID NO: 184), GI:90657629 (SEQ ID NO: 185), GI:30090032 (SEQ ID NO: 186), CeresAnnot:8640602 (SEQ ID NO: 188), GI:115453533 (SEQ ID NO: 189), GI:162462330 (SEQ ID NO: 190), GI:38230578 (SEQ ID NO: 191), CeresAnnot:8632641 (SEQ ID NO: 193), GI:168016456 (SEQ ID NO: 194), GI:125532513 (SEQ ID NO: 195), GI:157354382 (SEQ ID NO: 196), CeresAnnot:1481980 (SEQ ID NO: 198), CeresAnnot:1535466 (SEQ ID NO: 200), CeresAnnot:1297618 (SEQ ID NO: 202), GI:119040466 (SEQ ID NO: 203), GI:116310381 (SEQ ID NO: 204), CeresAnnot:8702104 (SEQ ID NO: 206) или GI:157340500 (SEQ ID NO: 207). В некоторых случаях функциональный гомолог SEQ ID NO: 117 имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%,

85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 117.

Примеры аминокислотных последовательностей функциональных гомологов полипептида, представленного в последовательности SEQ ID NO: 1, приведены на фиг. 4 и в перечне последовательностей. Такие функциональные гомологи включают, например, GI:84795244 (SEQ ID NO: 2), CeresClone:1725396 (SEQ ID NO: 4), CeresAnnot:8669118 (SEQ ID NO: 6), CeresClone:280241 (SEQ ID NO: 8), CeresClone:1712594 (SEQ ID NO: 10), GI:190361125 (SEQ ID NO: 11), GI:4099921 (SEQ ID NO: 12), GI:147844573 (SEQ ID NO: 13), GI:67906426 (SEQ ID NO: 14), GI:57012757 (SEQ ID NO: 15), GI:56567583 (SEQ ID NO: 16), GI:84795246 (SEQ ID NO: 17), GI:84795248 (SEQ ID NO: 18), CeresClone:1805203 (SEQ ID NO: 20), CeresClone:101497672 (SEQ ID NO: 22), CeresClone:224845 (SEQ ID NO: 24), GI:115464685 (SEQ ID NO: 25), CeresClone:1287030 (SEQ ID NO: 27), CeresAnnot:8733383 (SEQ ID NO: 29), GI:84795240 (SEQ ID NO: 30), CeresClone:1806017 (SEQ ID NO: 32), GI:84795242 (SEQ ID NO: 33), GI:84795238 (SEQ ID NO: 34), CeresClone:1733772 (SEQ ID NO: 36), GI:37625037 (SEQ ID NO: 37), GI:37625035 (SEQ ID NO: 38), GI:147805535 (SEQ ID NO: 39), GI:157358724 (SEQ ID NO: 40), GI:4099914 (SEQ ID NO: 41), CeresAnnot:1520029 (SEQ ID NO: 43), CeresClone:1065091 (SEQ ID NO: 45), CeresClone:1793792 (SEQ ID NO: 47), CeresClone:1619220 (SEQ ID NO: 49), GI:57012875 (SEQ ID NO: 50), GI:147811787 (SEQ ID NO: 51), CeresClone:1842925 (SEQ ID NO: 53), GI:20340233 (SEQ ID NO: 54), CeresClone:1657843 (SEQ ID NO: 56), CeresAnnot:1455887 (SEQ ID NO: 58), GI:118490009 (SEQ ID NO: 59), CeresClone:1381515 (SEQ ID NO: 61), CeresClone:22775 (SEQ ID NO: 63), GI:60459377 (SEQ ID NO: 64), CeresAnnot:1488231 (SEQ ID NO: 66), CeresClone:1884969 (SEQ ID NO: 68), CeresClone:1802100 (SEQ ID NO: 70), GI:156145802 (SEQ ID NO: 71), GI:28274832 (SEQ ID NO: 72), CeresClone:568399 (SEQ ID NO: 74) или GI:115460458 (SEQ ID NO: 75). В некоторых случаях функциональный гомолог SEQ ID NO: 1 имеет аминокислотную последовательность с идентичностью

последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 1.

Примеры аминокислотных последовательностей функциональных гомологов полипептида, представленного в последовательности SEQ ID NO: 645, приведены на фиг. 5 и в перечне последовательностей. Такие функциональные гомологи включают, например, CeresClone:1925947 (SEQ ID NO: 647), CeresAnnot:1514501 (SEQ ID NO: 649), CeresAnnot:849672 (SEQ ID NO: 651), GI:157355942 (SEQ ID NO: 652), GI:115452503 (SEQ ID NO: 653), CeresClone:1790933 (SEQ ID NO: 655), CeresAnnot:8641620 (SEQ ID NO: 657), CeresClone:281497 (SEQ ID NO: 659), GI:168013851 (SEQ ID NO: 660), CeresClone:143214 (SEQ ID NO: 662), CeresClone:1781022 (SEQ ID NO: 664), CeresClone:618639 (SEQ ID NO: 666), GI:118483001 (SEQ ID NO: 667), CeresClone:38404 (SEQ ID NO: 669), GI:3549670 (SEQ ID NO: 670), GI:37703720 (SEQ ID NO: 671), GI:152149571 (SEQ ID NO: 672), GI:125603687 (SEQ ID NO: 673), GI:108707679 (SEQ ID NO: 674), GI:157352390 (SEQ ID NO: 675), GI:159469820 (SEQ ID NO: 676), GI:145344081 (SEQ ID NO: 677) или Ceres Annot ID no. 1461228 (SEQ ID NO: 689). В некоторых случаях функциональный гомолог SEQ ID NO: 645 имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 645.

Примеры аминокислотных последовательностей функциональных гомологов полипептида, представленного в последовательности SEQ ID NO: 253, приведены на фиг. 6 и в перечне последовательностей. Такие функциональные гомологи включают, например, CeresClone:951785 (SEQ ID NO: 255), CeresAnnot:1440346 (SEQ ID NO: 257), CeresClone:1085177 (SEQ ID NO: 259) или CeresClone:157151 (SEQ ID NO: 261). В некоторых

случаях функциональный гомолог с SEQ ID NO: 253 имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 253.

Примеры аминокислотных последовательностей функциональных гомологов полипептида, представленного в последовательности SEQ ID NO: 323, приведены на фиг. 7 и в перечне последовательностей. Такие функциональные гомологи включают, например, GI:157340812 (SEQ ID NO: 324), CeresAnnot:1460824 (SEQ ID NO: 326), GI:145356202 (SEQ ID NO: 327), CeresClone:477814 (SEQ ID NO: 329), CeresClone:1914387 (SEQ ID NO: 331), GI:7981380 (SEQ ID NO: 332), CeresClone:1910072 (SEQ ID NO: 334), CeresClone:331755 (SEQ ID NO: 336), GI:124360540 (SEQ ID NO: 337), GI:157335318 (SEQ ID NO: 338), CeresAnnot:1503394 (SEQ ID NO: 340), CeresAnnot:1442707 (SEQ ID NO: 342), GI:147784500 (SEQ ID NO: 343), CeresAnnot:1514100 (SEQ ID NO: 345), CeresAnnot:850366 (SEQ ID NO: 347), CeresAnnot:543794 (SEQ ID NO: 349), CeresAnnot:1495620 (SEQ ID NO: 351), CeresClone:1653552 (SEQ ID NO: 353), GI:147767321 (SEQ ID NO: 354), CeresAnnot:1510450 (SEQ ID NO: 356), GI:110931736 (SEQ ID NO: 357), CeresClone:1916884 (SEQ ID NO: 359), CeresClone:1847251 (SEQ ID NO: 361), CeresAnnot:1457249 (SEQ ID NO: 363), CeresClone:1113584 (SEQ ID NO: 365), CeresClone:1927753 (SEQ ID NO: 367), CeresClone:857342 (SEQ ID NO: 369), CeresClone:100068619 (SEQ ID NO: 371), GI:145327247 (SEQ ID NO: 372), CeresAnnot:8461532 (SEQ ID NO: 374), CeresClone:1722230 (SEQ ID NO: 376), CeresClone:1897493 (SEQ ID NO: 378), CeresAnnot:838426 (SEQ ID NO: 380), CeresAnnot:827713 (SEQ ID NO: 382), CeresClone:1763593 (SEQ ID NO: 384), CeresClone:143475 (SEQ ID NO: 386), CeresAnnot:8456508 (SEQ ID NO: 388), CeresClone:100002959 (SEQ ID NO: 390), GI:118137433 (SEQ ID NO: 391), CeresClone:1523182 (SEQ ID NO: 393), CeresClone:1761808 (SEQ ID NO: 395), CeresClone:1069222 (SEQ ID

NO: 397), CeresAnnot:8734209 (SEQ ID NO: 399), CeresAnnot:8461540 (SEQ ID NO: 401), CeresClone:1086604 (SEQ ID NO: 403), CeresClone:41695 (SEQ ID NO: 405), GI:112292440 (SEQ ID NO: 406), GI:116830269 (SEQ ID NO: 407), CeresClone:1775942 (SEQ ID NO: 409), CeresClone:1723374 (SEQ ID NO: 411), CeresAnnot:1457230 (SEQ ID NO: 413), CeresAnnot:8667653 (SEQ ID NO: 415), GI:115465643 (SEQ ID NO: 416), GI:5091605 (SEQ ID NO: 417), GI:125553458 (SEQ ID NO: 418), CeresAnnot:1510435 (SEQ ID NO: 420), GI:115438765 (SEQ ID NO: 421), GI:112292438 (SEQ ID NO: 422) или CeresAnnot:1770841 (SEQ ID NO: 424). В некоторых случаях функциональный гомолог SEQ ID NO: 323 имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 323.

Примеры аминокислотных последовательностей функциональных гомологов полипептида, представленного в последовательности SEQ ID NO: 595, приведены на фиг. 8 и в перечне последовательностей. Такие функциональные гомологи включают, например, CeresClone:644331 (SEQ ID NO: 597), GI:15227859 (SEQ ID NO: 598), CeresAnnot:1504349 (SEQ ID NO: 600), CeresAnnot:1265088 (SEQ ID NO: 602 (SEQ ID NO: 603), GI:125527987 (SEQ ID NO: 604), GI:14279437 (SEQ ID NO: 605), ES902065 (SEQ ID NO: 606), CeresClone:1065042 (SEQ ID NO: 608), GI:157329790 (SEQ ID NO: 609), GI:15227861 (SEQ ID NO: 610), GI:146272407 (SEQ ID NO: 611), CeresClone:95094 (SEQ ID NO: 613), CeresClone:1714893 (SEQ ID NO: 615), GI:157329890 (SEQ ID NO: 616), CeresAnnot:859635 (SEQ ID NO: 618), GI:115440397 (SEQ ID NO: 619), GI:40549303 (SEQ ID NO: 620), CeresAnnot:1457048 (SEQ ID NO: 622), GI:50401192 (SEQ ID NO: 623), CeresAnnot:1451281 (SEQ ID NO: 625), CeresAnnot:1510252 (SEQ ID NO: 627), CeresClone:1822691 (SEQ ID NO: 629), GI:197312921 (SEQ ID NO: 630), CeresAnnot:8456439 (SEQ ID NO: 632), EX096388 (SEQ ID NO: 633), GI:15028131 (SEQ ID NO: 634),

CeresClone:270875 (SEQ ID NO: 636), GI:27754457 (SEQ ID NO: 637), GI:16648679 (SEQ ID NO: 638), GI:15227863 (SEQ ID NO: 639), CeresAnnot:1451282 (SEQ ID NO: 641), GI:53830670 (SEQ ID NO: 642), GI:146272405 (SEQ ID NO: 643) или CeresAnnot: 827940 (SEQ ID NO: 691). В некоторых случаях функциональный гомолог SEQ ID NO: 595 имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 595.

Примеры аминокислотных последовательностей функциональных гомологов полипептида, представленного в последовательности SEQ ID NO: 77, приведены на фиг. 9 и в перечне последовательностей. Такие функциональные гомологи включают, например, CeresClone:1387948 (SEQ ID NO: 79), CeresClone:1937714 (SEQ ID NO: 81), GI:157345132 (SEQ ID NO: 82), CeresClone:464828 (SEQ ID NO: 84), CeresAnnot:1451368 (SEQ ID NO: 86), GI:37695575 (SEQ ID NO: 87), GI:116790033 (SEQ ID NO: 88), CeresClone:1346042 (SEQ ID NO: 90), CeresClone:1118610 (SEQ ID NO: 92), CeresClone:982000 (SEQ ID NO: 94), CeresClone:959670 (SEQ ID NO: 96), CeresClone:952522 (SEQ ID NO: 98), CeresClone:1914539 (SEQ ID NO: 100), CeresClone:668581 (SEQ ID NO: 102), CeresClone:1914939 (SEQ ID NO: 104), CeresClone:723694 (SEQ ID NO: 106), CeresAnnot:1456949 (SEQ ID NO: 108), CeresAnnot:1539918 (SEQ ID NO: 110), CeresAnnot:8456138 (SEQ ID NO: 112), CeresAnnot:1486506 (SEQ ID NO: 114) или GI:116786293 (SEQ ID NO: 115). В некоторых случаях функциональный гомолог SEQ ID NO: 77 имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 77.

Примеры аминокислотных последовательностей функциональных гомологов полипептида, представленного в последовательности SEQ

ID NO: 209, приведены на фиг. 10 и в перечне последовательностей. Такие функциональные гомологи включают, например, GI:116780542 (SEQ ID NO: 210), CeresClone:1848017 (SEQ ID NO: 212), CeresAnnot:1466494 (SEQ ID NO: 214), CeresAnnot:1449022 (SEQ ID NO: 216), CeresAnnot:1482911 (SEQ ID NO: 218), CeresClone:1118987 (SEQ ID NO: 220), CeresClone:1073674 (SEQ ID NO: 222), CeresClone:1084747 (SEQ ID NO: 224), CeresClone:536345 (SEQ ID NO: 226), CeresClone:1650005 (SEQ ID NO: 228), CeresAnnot:8453882 (SEQ ID NO: 230), CeresAnnot:1373087 (SEQ ID NO: 232), CeresAnnot:8669372 (SEQ ID NO: 234), CeresClone:1048839 (SEQ ID NO: 236), CeresClone:281322 (SEQ ID NO: 238), GI:147795605 (SEQ ID NO: 239), CeresClone:2004419 (SEQ ID NO: 241), GI:125543059 (SEQ ID NO: 242), AT1G16910_LSH8 (SEQ ID NO: 243), AT1G78815_LSH7 (SEQ ID NO: 244), AT2G31160_LSH3 (SEQ ID NO: 245), AT2G42610_LSH10 (SEQ ID NO: 246), AT3G04510_LSH2 (SEQ ID NO: 247), AT3G23290_LSH4 (SEQ ID NO: 248), AT5G28490_LSH1 (SEQ ID NO: 249), AT5G58500_LSH5 (SEQ ID NO: 250) или At1g07090_LSH6 (SEQ ID NO: 251). В некоторых случаях функциональный гомолог SEQ ID NO: 209 имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 209.

Примеры аминокислотных последовательностей функциональных гомологов полипептида, представленного в последовательности SEQ ID NO: 426, приведены на фиг. 11 и в перечне последовательностей. Такие функциональные гомологи включают, например, CeresAnnot:1472338_Pb (SEQ ID NO: 428), GI:157344683_Vv (SEQ ID NO: 429), GI:87240677_Mt (SEQ ID NO: 430), GI:115448297_Os (SEQ ID NO: 431), CeresClone:1844568_Pv (SEQ ID NO: 433), CeresClone:797829_Tm (SEQ ID NO: 435), GI:168033816_Pp (SEQ ID NO: 436), GI:116788004_Ps (SEQ ID NO: 437), GI:149900503_Ha (SEQ ID NO: 438), GI:4102839_Sl (SEQ ID NO: 439), GI:31088360_Vf (SEQ ID NO: 440),

CeresAnnot:8681236_Sb (SEQ ID NO: 442), CeresAnnot:8519531_Gm (SEQ ID NO: 444), CeresAnnot:8631372_Zm (SEQ ID NO: 446), GI:151426449_Hv (SEQ ID NO: 447), GI:192757675_Br (SEQ ID NO: 448), GI:2655098 (SEQ ID NO: 449), GI:194690746 (SEQ ID NO: 450), CeresClone:752925 (SEQ ID NO: 452), GI:125540898 (SEQ ID NO: 453), GI:26451333 (SEQ ID NO: 454), GI:2160144 (SEQ ID NO: 455), GI:30696666 (SEQ ID NO: 456), GI:125556922 (SEQ ID NO: 457), CeresAnnot:1529287 (SEQ ID NO: 459), CeresClone:1806748 (SEQ ID NO: 461), CeresAnnot:8755095 (SEQ ID NO: 463), GI:147827175 (SEQ ID NO: 464), CeresClone:1888865 (SEQ ID NO: 466), GI:157337163 (SEQ ID NO: 467), GI:115434472 (SEQ ID NO: 468), CeresAnnot:6252512 (SEQ ID NO: 470), CeresAnnot:1569074_Mt (SEQ ID NO: 472), CeresAnnot:1475845 (SEQ ID NO: 474), CeresAnnot:1501483 (SEQ ID NO: 476), CeresAnnot:8755079 (SEQ ID NO: 478), GI:115470147 (SEQ ID NO: 479), GI:15240905 (SEQ ID NO: 480), CeresAnnot:8755085 (SEQ ID NO: 482), GI:147853446 (SEQ ID NO: 483), GI:157346087 (SEQ ID NO: 484), CeresAnnot:1538867 (SEQ ID NO: 486), CeresAnnot:8755091 (SEQ ID NO: 488), CeresAnnot:1492702 (SEQ ID NO: 490), CeresClone:325604 (SEQ ID NO: 492), GI:108707040 (SEQ ID NO: 493), CeresAnnot:1302517_At (SEQ ID NO: 495), CeresAnnot:1355964 (SEQ ID NO: 497), CeresAnnot:8755104 (SEQ ID NO: 499), GI:147802380 (SEQ ID NO: 500), GI:510238 (SEQ ID NO: 501), GI:157341962 (SEQ ID NO: 502), GI:6635838 (SEQ ID NO: 503), GI:4455276 (SEQ ID NO: 504), CeresAnnot:8642246 (SEQ ID NO: 506), CeresAnnot:8633032 (SEQ ID NO: 508), GI:157337654 (SEQ ID NO: 509), CeresAnnot:8642241 (SEQ ID NO: 511), CeresAnnot:1520085 (SEQ ID NO: 513), CeresAnnot:1514979 (SEQ ID NO: 515), GI:147858202 (SEQ ID NO: 516), GI:125545538 (SEQ ID NO: 517), GI:115451771 (SEQ ID NO: 518), GI:125587732 (SEQ ID NO: 519), CeresAnnot:1516968 (SEQ ID NO: 521), CeresClone:350844 (SEQ ID NO: 523), CeresAnnot:8658700 (SEQ ID NO: 525), GI:157346088 (SEQ ID NO: 526), CeresClone:1926916 (SEQ ID NO: 528), GI:15226861 (SEQ ID NO: 529), CeresClone:816960 (SEQ ID NO: 531), GI:15232435 (SEQ ID NO: 532), CeresAnnot:8643789 (SEQ ID NO: 534), CeresAnnot:8631367

(SEQ ID NO: 536), GI:157339093 (SEQ ID NO: 537), CeresAnnot:8633031 (SEQ ID NO: 539), GI:125543029 (SEQ ID NO: 540), GI:115454995 (SEQ ID NO: 541), CeresAnnot:8755090 (SEQ ID NO: 543), CeresAnnot:8755097 (SEQ ID NO: 545), CeresAnnot:8755098 (SEQ ID NO: 547), CeresAnnot:8755099 (SEQ ID NO: 549 (SEQ ID NO: 550 (SEQ ID NO: 551 (SEQ ID NO: 552), CeresAnnot: 6086224 (SEQ ID NO: 693), CeresClone: 476769 (SEQ ID NO: 695) или CeresClone:15650 (SEQ ID NO: 697). В некоторых случаях функциональный гомолог SEQ ID NO: 426 имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 426.

Определение консервативных областей в модулирующем биомассу полипептиде облегчает продуцирование вариантов модулирующих биомассу полипептидов. Варианты модулирующих биомассу полипептидов обычно имеют 10 или менее консервативных аминокислотных замен в первичной аминокислотной последовательности, например 7 или менее консервативных аминокислотных замен, 5 или менее консервативных аминокислотных замен или от 1 до 5 консервативных замен. Полезный вариант полипептида можно составить на основе одного из выравниваний, показанных на фиг. 1, фиг. 2, фиг. 3, фиг. 4, фиг. 5, фиг. 6, фиг. 7, фиг. 8, фиг. 9, фиг. 10 или фиг. 11, и/или гомологов, указанных в перечне последовательностей. Такой полипептид включает консервативные области, расположенные в порядке, показанном на фигуре, от аминоконцевой до карбоксиконцевой области. Такой полипептид может также включать ноль, одну или более одной аминокислоты в положениях, обозначенных тире. При отсутствии аминокислот в положениях, обозначенных тире, длина такого полипептида равна сумме аминокислотных остатков во всех консервативных областях. При наличии аминокислот в положении, обозначенном тире, длина такого полипептида равна сумме аминокислотных остатков во всех консервативных областях и всех

тире.

В. Функциональные гомологи, определяемые с использованием программного обеспечения HMMER

В некоторых вариантах полезные модулирующие биомассу полипептиды включают полипептиды, которые совпадают с профилями скрытых марковских моделей на основе полипептидов, показанных на фиг. 1-11. Скрытая марковская модель (Hidden Markov Model, HMM) представляет собой статистическую модель консенсусной последовательности для группы функциональных гомологов. См. Durbin *et al.*, *Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids*, Cambridge University Press, Cambridge, UK (1998). HMM генерируется программой HMMER 2.3.2 с установленными по умолчанию параметрами и с использованием последовательностей группы функциональных гомологов в качестве входных данных. Множественное выравнивание последовательностей генерируется программой ProbCons (Do *et al.*, *Genome Res.*, 15(2):330-40 (2005)) версии 1.11 с использованием набора параметров по умолчанию: -c, --consistency REPS из 2; -ir, --iterative-refinement REPS из 100; -pre, --pre-training REPS из 0. Программа ProbCons - это общедоступное программное обеспечение, предоставленное Стэнфордским университетом.

Для построения HMM (hmmbuild) по умолчанию используются следующие параметры: параметр по умолчанию «architecture prior» (archpri), используемый при формировании структуры MAP (белков, ассоциированных с микротрубочками), равен 0,85; порог отсека (idlelevel) по умолчанию, используемый для определения действительного номера последовательности, равен 0,62. Программа HMMER 2.3.2 была выпущена 3 октября 2003 года под универсальной общедоступной лицензией в рамках проекта по свободному распространению программного обеспечения и доступна в Интернете на различных сайтах, таких как hmm.janelia.org, hmm.wustl.edu и fr.com/hmmer232/. Выходные данные модели Hmmbuild представлены в виде текстового файла.

HMM для группы функциональных гомологов можно использовать для определения вероятности того, что отбираемая

последовательность модулирующего биомассу полипептида лучше соответствует конкретной НММ, чем нулевая НММ, генерированная с использованием группы последовательностей, не связанных структурно или функционально. На вероятность того, что отбираемая последовательность полипептида лучше соответствует НММ, чем нулевая НММ, указывает показатель НММ - число, генерируемое, когда отбираемая последовательность соответствует профилю НММ, который используется программой HMMER `hmmsearch`. При выполнении программы `hmmsearch` по умолчанию используются следующие параметры: значение отсечения (E) по умолчанию - 10,0; показатель отсечения (T) по умолчанию - минус бесконечность; количество последовательности в базе данных (Z) по умолчанию равно реальному количеству последовательностей в базе данных; значение отсечения (E) по умолчанию для упорядоченного списка совпадений на каждый домен (`domE`) - минус бесконечность и показатель отсечения для упорядоченного подоменного списка совпадений (`domT`) - минус бесконечность. Высокий показатель НММ указывает на более высокую вероятность того, что отбираемая последовательность выполняет одну или несколько биохимических или физиологических функций полипептидов, используемых для генерирования НММ. Высоким показателем НММ считается показатель не менее 20, а часто даже выше. Небольшие колебания показателя НММ конкретной последовательности могут происходить вследствие некоторых факторов, таких как порядок обработки последовательностей множественными алгоритмами выравнивания последовательностей, как, например, в программе `ProbCons`. Однако такие колебания показателя НММ незначительны.

Модулирующие биомассу полипептиды, рассматриваемые ниже, соответствуют указанным НММ по показателю НММ, превышающему 65 (например, более 70, 80, 90, 100, 120, 140, 200, 300, 500, 1000, 1500 или 2000). В некоторых вариантах показатель НММ модулирующего биомассу полипептида, рассматриваемого ниже, составляет приблизительно 50%, 60%, 70%, 80%, 90% или 95% от показателя НММ функционального гомолога, представленного в перечне последовательностей настоящей заявки. В некоторых

вариантах модулирующий биомассу полипептид, рассматриваемый ниже, соответствует указанной НММ с показателем НММ, превышающим 210, и включает домен, указывающий на модулирующий биомассу полипептид. В некоторых вариантах модулирующий биомассу полипептид, рассматриваемый ниже, соответствует указанной НММ с показателем НММ, превышающим 210, и имеет идентичность последовательности 65% или более (например, идентичность последовательности 75%, 80%, 85%, 90%, 95% или 100%) по отношению к аминокислотной последовательности, показанной на фиг. 1-11.

В перечне последовательностей показаны примеры полипептидов, у которых показатель НММ превышает 130 при сопоставлении с НММ, генерированной из аминокислотных последовательностей, представленных на фиг. 1 и указанных в перечне последовательностей настоящей заявки. К таким полипептидам относятся, например, последовательности SEQ ID NO: 554, 556, 558, 560, 562, 563, 565, 567, 569, 571, 573, 574, 575, 577, 579, 581, 583, 585, 587, 589, 591 или 593.

В перечне последовательностей показаны примеры полипептидов, у которых показатель НММ превышает 340 при сопоставлении с НММ, генерированной из аминокислотных последовательностей, представленных на фиг. 2 и указанных в перечне последовательностей настоящей заявки. К таким полипептидам относятся, например, последовательности SEQ ID NO: 263, 264, 266, 268, 269, 271, 273, 275, 276, 278, 279, 281, 282, 283, 285, 287, 289, 291, 292, 294, 295, 296, 297, 298, 299, 300, 302, 304, 305, 306, 308, 310, 311, 312, 314, 315, 317, 319, 320 или 321.

В перечне последовательностей показаны примеры полипептидов, у которых показатель НММ превышает 530 при сопоставлении с НММ, генерированной из аминокислотных последовательностей, представленных на фиг. 3 и указанных в перечне последовательностей настоящей заявки. К таким полипептидам относятся, например, последовательности SEQ ID NO: 117, 118, 120, 121, 122, 123, 125, 127, 129, 131, 132, 133, 135, 137, 139, 141, 142, 144, 145, 146, 147, 149, 151, 152,

153, 154, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 166, 168, 169, 171, 173, 174, 176, 178, 180, 182, 184, 185, 186, 188, 189, 190, 191, 193, 194, 195, 196, 198, 200, 202, 203, 204, 206 или 207.

В перечне последовательностей показаны примеры полипептидов, у которых показатель НММ превышает 120 при сопоставлении с НММ, генерированной из аминокислотных последовательностей, представленных на фиг. 4 и указанных в перечне последовательностей настоящей заявки. К таким полипептидам относятся, например, последовательности SEQ ID NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 22, 24, 25, 27, 29, 30, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 43, 45, 47, 49, 50, 51, 53, 54, 56, 58, 59, 61, 63, 64, 66, 68, 70, 71, 72, 74 или 75.

В перечне последовательностей показаны примеры полипептидов, у которых показатель НММ превышает 635 при сопоставлении с НММ, генерированной из аминокислотных последовательностей, представленных на фиг. 5 и указанных в перечне последовательностей настоящей заявки. К таким полипептидам относятся, например, последовательности SEQ ID NO: 645, 647, 649, 651, 652, 653, 655, 657, 659, 660, 662, 664, 666, 667, 669, 670, 671, 672, 673, 674, 675, 676, 677 или 689.

В перечне последовательностей показаны примеры полипептидов, у которых показатель НММ превышает 65 при сопоставлении с НММ, генерированной из аминокислотных последовательностей, представленных на фиг. 6 и указанных в перечне последовательностей настоящей заявки. К таким полипептидам относятся, например, последовательности SEQ ID NO: 255, 257, 259 или 261.

В перечне последовательностей показаны примеры полипептидов, у которых показатель НММ превышает 100 при сопоставлении с НММ, генерированной из аминокислотных последовательностей, представленных на фиг. 7 и указанных в перечне последовательностей настоящей заявки. К таким полипептидам относятся, например, последовательности SEQ ID NO: 323, 324, 326, 327, 329, 331, 332, 334, 336, 337, 338, 340,

342, 343, 345, 347, 349, 351, 353, 354, 356, 357, 359, 361, 363, 365, 367, 369, 371, 372, 374, 376, 378, 380, 382, 384, 386, 388, 390, 391, 393, 395, 397, 399, 401, 403, 405, 406, 407, 409, 411, 413, 415, 416, 417, 418, 420, 421, 422 или 424.

В перечне последовательностей показаны примеры полипептидов, у которых показатель НММ превышает 480 при сопоставлении с НММ, генерированной из аминокислотных последовательностей, представленных на фиг. 8 и указанных в перечне последовательностей настоящей заявки. К таким полипептидам относятся, например, последовательности SEQ ID NO: 595, 597, 598, 600, 602, 603, 604, 605, 606, 608, 609, 610, 611, 613, 615, 616, 618, 619, 620, 622, 623, 625, 627, 629, 630, 632, 633, 634, 636, 637, 638, 639, 641, 642, 643 или 691.

В перечне последовательностей показаны примеры полипептидов, у которых показатель НММ превышает 145 при сопоставлении с НММ, генерированной из аминокислотных последовательностей, представленных на фиг. 9 и указанных в перечне последовательностей настоящей заявки. К таким полипептидам относятся, например, последовательности SEQ ID NO: 77, 79, 81, 82, 84, 86, 87, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114 или 115.

В перечне последовательностей показаны примеры полипептидов, у которых показатель НММ превышает 280 при сопоставлении с НММ, генерированной из аминокислотных последовательностей, представленных на фиг. 10 и указанных в перечне последовательностей настоящей заявки. К таким полипептидам относятся, например, последовательности SEQ ID NO: 209, 210, 212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238, 239, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250 или 251.

В перечне последовательностей показаны примеры полипептидов, у которых показатель НММ превышает 1000 при сопоставлении с НММ, генерированной из аминокислотных последовательностей, представленных на фиг. 11 и указанных в перечне последовательностей настоящей заявки. К таким полипептидам относятся, например, последовательности SEQ ID NO:

426, 428, 429, 430, 431, 433, 435, 436, 437, 438, 439, 440,
442, 444, 446, 447, 448, 449, 450, 452, 453, 454, 455, 456,
457, 459, 461, 463, 464, 466, 467, 468, 470, 472, 474, 476,
478, 479, 480, 482, 483, 484, 486, 488, 490, 492, 493, 495,
497, 499, 500, 501, 502, 503, 504, 506, 508, 509, 511, 513,
515, 516, 517, 518, 519, 521, 523, 525, 526, 528, 529, 531,
532, 534, 536, 537, 539, 540, 541, 543, 545, 547, 549, 550,
551, 552, 693, 695 или 697.

Г. Процент идентичности

В некоторых вариантах модулирующей биомассы полипептид имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотным последовательностям, представленным в последовательностях SEQ ID NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 22, 24, 25, 27, 29, 30, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 43, 45, 47, 49, 50, 51, 53, 54, 56, 58, 59, 61, 63, 64, 66, 68, 70, 71, 72, 74, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 87, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 115, 117, 118, 120, 121, 122, 123, 125, 127, 129, 131, 132, 133, 135, 137, 139, 141, 142, 144, 145, 146, 147, 149, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 166, 168, 169, 171, 173, 174, 176, 178, 180, 182, 184, 185, 186, 188, 189, 190, 191, 193, 194, 195, 196, 198, 200, 202, 203, 204, 206, 207, 209, 210, 212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238, 239, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250, 251, 253, 255, 257, 259, 261, 263, 264, 266, 268, 269, 271, 273, 275, 276, 278, 279, 281, 282, 283, 285, 287, 289, 291, 292, 294, 295, 296, 297, 298, 299, 300, 302, 304, 305, 306, 308, 310, 311, 312, 314, 315, 317, 319, 320, 321, 323, 324, 326, 327, 329, 331, 332, 334, 336, 337, 338, 340, 342, 343, 345, 347, 349, 351, 353, 354, 356, 357, 359, 361, 363, 365, 367, 369, 371, 372, 374, 376, 378, 380, 382, 384, 386, 388, 390, 391, 393, 395, 397, 399, 401, 403, 405, 406, 407, 409, 411, 413, 415, 416, 417, 418, 420, 421, 422, 424, 426,

428, 429, 430, 431, 433, 435, 436, 437, 438, 439, 440, 442, 444, 446, 447, 448, 449, 450, 452, 453, 454, 455, 456, 457, 459, 461, 463, 464, 466, 467, 468, 470, 472, 474, 476, 478, 479, 480, 482, 483, 484, 486, 488, 490, 492, 493, 495, 497, 499, 500, 501, 502, 503, 504, 506, 508, 509, 511, 513, 515, 516, 517, 518, 519, 521, 523, 525, 526, 528, 529, 531, 532, 534, 536, 537, 539, 540, 541, 543, 545, 547, 549, 550, 551, 552, 554, 556, 558, 560, 562, 563, 565, 567, 569, 571, 573, 574, 575, 577, 579, 581, 583, 585, 587, 589, 591, 593, 595, 597, 598, 600, 602, 603, 604, 605, 606, 608, 609, 610, 611, 613, 615, 616, 618, 619, 620, 622, 623, 625, 627, 629, 630, 632, 633, 634, 636, 637, 638, 639, 641, 642, 643, 645, 647, 649, 651, 652, 653, 655, 657, 659, 660, 662, 664, 666, 667, 669, 670, 671, 672, 673, 674, 675, 676, 677, 689, 691, 693, 695 или 697. Полипептиды с таким процентом идентичности последовательности часто содержат домен, указывающий на моделирующий биомассу полипептид, и/или имеют показатель НММ, превышающий 65, как отмечалось выше. Аминокислотные последовательности моделирующих биомассу полипептидов, имеющих идентичность последовательности не менее 80% по отношению к аминокислотным последовательностям, представленным в последовательностях SEQ ID NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 22, 24, 25, 27, 29, 30, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 43, 45, 47, 49, 50, 51, 53, 54, 56, 58, 59, 61, 63, 64, 66, 68, 70, 71, 72, 74, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 87, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 115, 117, 118, 120, 121, 122, 123, 125, 127, 129, 131, 132, 133, 135, 137, 139, 141, 142, 144, 145, 146, 147, 149, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 166, 168, 169, 171, 173, 174, 176, 178, 180, 182, 184, 185, 186, 188, 189, 190, 191, 193, 194, 195, 196, 198, 200, 202, 203, 204, 206, 207, 209, 210, 212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238, 239, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250, 251, 253, 255, 257, 259, 261, 263, 264, 266, 268, 269, 271, 273, 275, 276, 278, 279, 281, 282, 283, 285, 287, 289, 291, 292, 294, 295, 296, 297, 298,

299, 300, 302, 304, 305, 306, 308, 310, 311, 312, 314, 315, 317, 319, 320, 321, 323, 324, 326, 327, 329, 331, 332, 334, 336, 337, 338, 340, 342, 343, 345, 347, 349, 351, 353, 354, 356, 357, 359, 361, 363, 365, 367, 369, 371, 372, 374, 376, 378, 380, 382, 384, 386, 388, 390, 391, 393, 395, 397, 399, 401, 403, 405, 406, 407, 409, 411, 413, 415, 416, 417, 418, 420, 421, 422, 424, 426, 428, 429, 430, 431, 433, 435, 436, 437, 438, 439, 440, 442, 444, 446, 447, 448, 449, 450, 452, 453, 454, 455, 456, 457, 459, 461, 463, 464, 466, 467, 468, 470, 472, 474, 476, 478, 479, 480, 482, 483, 484, 486, 488, 490, 492, 493, 495, 497, 499, 500, 501, 502, 503, 504, 506, 508, 509, 511, 513, 515, 516, 517, 518, 519, 521, 523, 525, 526, 528, 529, 531, 532, 534, 536, 537, 539, 540, 541, 543, 545, 547, 549, 550, 551, 552, 554, 556, 558, 560, 562, 563, 565, 567, 569, 571, 573, 574, 575, 577, 579, 581, 583, 585, 587, 589, 591, 593, 595, 597, 598, 600, 602, 603, 604, 605, 606, 608, 609, 610, 611, 613, 615, 616, 618, 619, 620, 622, 623, 625, 627, 629, 630, 632, 633, 634, 636, 637, 638, 639, 641, 642, 643, 645, 647, 649, 651, 652, 653, 655, 657, 659, 660, 662, 664, 666, 667, 669, 670, 671, 672, 673, 674, 675, 676, 677, 689, 691, 693, 695 или 697, представлены на фиг. 1-11 и в перечне последовательностей.

«Процент идентичности последовательности» относится к степени идентичности какой-либо заданной эталонной последовательности, например SEQ ID NO: 1, с отбираемой модулирующей биомассу последовательностью. Длина отбираемой последовательности обычно составляет от 80 до 200 процентов длины эталонной последовательности, например 82, 85, 87, 89, 90, 93, 95, 97, 99, 100, 105, 110, 115, 120, 130, 140, 150, 160, 170, 180, 190 или 200 процентов длины эталонной последовательности. Процент идентичности какой-либо отбираемой нуклеиновой кислоты или полипептида по отношению к эталонной нуклеиновой кислоте или полипептиду можно определить следующим образом. Эталонная последовательность (например, последовательность нуклеиновой кислоты или аминокислотная последовательность) сравнивается с одной или несколькими

отбираемыми последовательностями с помощью компьютерной программы ClustalW (версия 1.83, параметры по умолчанию), которая позволяет выполнять выравнивание последовательностей нуклеиновой кислоты или полипептида по всей длине (глобальное выравнивание). Chenna *et al.*, *Nucleic Acids Res.*, 31(13):3497-500 (2003).

Программа ClustalW вычисляет лучшее совпадение между эталонной и одной или несколькими отбираемыми последовательностями и сопоставляет их таким образом, чтобы можно было определить идентичность, сходства и различия. Для максимального выравнивания последовательностей делеции в одном или нескольких остатках можно вставить в эталонную последовательность, отбираемую последовательность или в обе последовательности. Для быстрого парного выравнивания последовательностей нуклеиновой кислоты используются следующие параметры по умолчанию: разрядность: 2; размер окна: 4; метод количественной оценки: процентное соотношение; количество верхних диагоналей: 4; штраф за делецию: 5. Для множественного выравнивания последовательностей нуклеиновых кислот используются следующие параметры: штраф за открытие делеции: 10,0; штраф за продолжение делеции: 5,0; вес перехода: да. Для быстрого парного выравнивания белковых последовательностей используются следующие параметры: разрядность: 1; размер окна: 5; метод количественной оценки: процентное соотношение; количество верхних диагоналей: 5; штраф за делецию: 3. Для множественного выравнивания белковых последовательностей используются следующие параметры: матрица веса: blosum; штраф за открытие делеции: 10,0; штраф за продолжение делеции: 0,05; гидрофильные делеции: on; гидрофильные остатки: Gly, Pro, Ser, Asn, Asp, Gln, Glu, Arg и Lys; штрафы за остатки в области делеции: on. Выходные данные программы ClustalW представляются в виде выравнивания последовательности, которое отражает связи между последовательностями. Программу ClustalW можно запустить в Интернете, например, на поисковом узле веб-сайта Медицинского колледжа Бэйлора (searchlauncher.bcm.tmc.edu/multi-align/multi-align.html) и на веб-сайте Европейского института

биоинформатики (ebi.ac.uk/clustalw).

Для определения процента идентичности отбираемой нуклеиновой кислоты или аминокислотной последовательности по отношению к эталонной последовательности, последовательности выравниваются с помощью программы ClustalW, количество идентичных совпадений в выравнивании делится на длину эталонной последовательности и результат умножается на 100. Следует отметить, что значение процента идентичности можно округлить до ближайшей десятой доли. Например, 78,11, 78,12, 78,13 и 78,14 округляются до 78,1, в то время как 78,15, 78,16, 78,7, 78,18 и 78,19 округляются до 78,2.

В некоторых случаях модулирующий биомассу полипептид имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например, идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 554. Аминокислотные последовательности полипептидов, имеющие идентичность последовательности более 45% по отношению к полипептиду, представленному в последовательности SEQ ID NO: 554, приведены на фиг. 1 и в перечне последовательностей.

В некоторых случаях модулирующий биомассу полипептид имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 263. Аминокислотные последовательности полипептидов, имеющие идентичность последовательности более 45% по отношению к полипептиду, представленному в последовательности SEQ ID NO: 263, приведены на фиг. 2 и в перечне последовательностей.

В некоторых случаях модулирующий биомассу полипептид имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной

последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 117. Аминокислотные последовательности полипептидов, имеющие идентичность последовательности более 45% по отношению к полипептиду, представленному в последовательности SEQ ID NO: 117, приведены на фиг. 3 и в перечне последовательностей.

В некоторых случаях модулирующий биомассу полипептид имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, *например* идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 1. Аминокислотные последовательности полипептидов, имеющие идентичность последовательности более 45% по отношению к полипептиду, представленному в последовательности SEQ ID NO: 1, приведены на фиг. 4 и в перечне последовательностей.

В некоторых случаях модулирующий биомассу полипептид имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, *например* идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 645. Аминокислотные последовательности полипептидов, имеющие идентичность последовательности более 45% по отношению к полипептиду, представленному в последовательности SEQ ID NO: 645, приведены на фиг. 5 и в перечне последовательностей.

В некоторых случаях модулирующий биомассу полипептид имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, *например* идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 253. Аминокислотные последовательности полипептидов, имеющие идентичность последовательности более 45% по отношению к полипептиду, представленному в последовательности SEQ ID NO: 253, приведены на фиг. 6 и в перечне последовательностей.

В некоторых случаях модулирующий биомассу полипептид имеет

аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 323. Аминокислотные последовательности полипептидов, имеющие идентичность последовательности более 45% по отношению к полипептиду, представленному в последовательности SEQ ID NO: 323, приведены на фиг. 7 и в перечне последовательностей.

В некоторых случаях модулирующий биомассу полипептид имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 595. Аминокислотные последовательности полипептидов, имеющие идентичность последовательности более 45% по отношению к полипептиду, представленному в последовательности SEQ ID NO: 595, приведены на фиг. 8 и в перечне последовательностей.

В некоторых случаях модулирующий биомассу полипептид имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 77. Аминокислотные последовательности полипептидов, имеющие идентичность последовательности более 45% по отношению к полипептиду, представленному в последовательности SEQ ID NO: 77, приведены на фиг. 9 и в перечне последовательностей.

В некоторых случаях модулирующий биомассу полипептид имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 209. Аминокислотные последовательности полипептидов,

имеющие идентичность последовательности более 45% по отношению к полипептиду, представленному в последовательности SEQ ID NO: 09, приведены на фиг. 10 и в перечне последовательностей.

В некоторых случаях модулирующий биомассу полипептид имеет аминокислотную последовательность с идентичностью последовательности не менее 45%, например идентичность последовательности 50%, 52%, 56%, 59%, 61%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к аминокислотной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 426. Аминокислотные последовательности полипептидов, имеющие идентичность последовательности более 45% по отношению к полипептиду, представленному в последовательности SEQ ID NO: 426, приведены на фиг. 11 и в перечне последовательностей.

Д. Прочие последовательности

Следует отметить, что модулирующий биомассу полипептид может включать дополнительные аминокислоты, которые не участвуют в модуляции биомассы, и поэтому такой полипептид может быть длиннее, чем обычно. Например, модулирующий биомассу полипептид может включать метку очистки, транзитный пептид хлоропласта, митохондриальный транзитный пептид, пептид аминопласта или лидерную последовательность, добавленную к аминоконцевой или карбоксиконцевой области. В некоторых вариантах модулирующий биомассу полипептид включает аминокислотную последовательность, которая выполняет функцию репортера, например зеленый флуоресцентный белок или желтый флуоресцентный белок.

III. Нуклеиновые кислоты

Нуклеиновые кислоты, описанные в настоящем документе, включают нуклеиновые кислоты, которые эффективны для модуляции уровней биомассы при транскрибировании в растении или растительной клетке. Такие нуклеиновые кислоты в том числе включают те нуклеиновые кислоты, которые кодируют модулирующий биомассу полипептид, и те, которые могут быть использованы для ингибирования экспрессии модулирующего биомассу полипептида нуклеиновой кислотой.

А. Нуклеиновые кислоты, которые кодируют модулирующие биомассу полипептиды

В настоящем документе описаны нуклеиновые кислоты, которые кодируют модулирующие биомассу полипептиды. Примерами таких нуклеиновых кислот являются последовательности SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 19, 21, 23, 26, 28, 31, 35, 42, 44, 46, 48, 52, 55, 57, 60, 62, 65, 67, 69, 73, 76, 78, 80, 83, 85, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 116, 119, 124, 126, 128, 130, 134, 136, 138, 140, 143, 148, 150, 157, 159, 161, 165, 167, 170, 172, 175, 177, 179, 181, 183, 187, 192, 197, 199, 201, 205, 208, 211, 213, 215, 217, 219, 221, 223, 225, 227, 229, 231, 233, 235, 237, 240, 252, 254, 256, 258, 260, 262, 265, 267, 270, 272, 274, 277, 280, 284, 286, 288, 290, 293, 301, 303, 307, 309, 313, 316, 318, 322, 325, 328, 330, 333, 335, 339, 341, 344, 346, 348, 350, 352, 355, 358, 360, 362, 364, 366, 368, 370, 373, 375, 377, 379, 381, 383, 385, 387, 389, 392, 394, 396, 398, 400, 402, 404, 408, 410, 412, 414, 419, 423, 425, 427, 432, 434, 441, 443, 445, 451, 458, 460, 462, 465, 469, 471, 473, 475, 477, 481, 485, 487, 489, 491, 494, 496, 498, 505, 507, 510, 512, 514, 520, 522, 524, 527, 530, 533, 535, 538, 542, 544, 546, 548, 553, 555, 557, 559, 561, 564, 566, 568, 570, 572, 576, 578, 580, 582, 584, 586, 588, 590, 592, 594, 596, 599, 601, 607, 612, 614, 617, 621, 624, 626, 628, 631, 635, 640, 644, 646, 648, 650, 654, 656, 658, 661, 663, 665, 668, 678, 679, 680, 681, 682, 683, 684, 685, 686, 687, 688, 690, 692, 694 или 696, как более подробно описано ниже. Нуклеиновая кислота также может быть фрагментом, который составляет не менее 40% (например, не менее 45, 50, 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95 или 99%) длины полноразмерной нуклеиновой кислоты, приведенной в последовательностях SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 19, 21, 23, 26, 28, 31, 35, 42, 44, 46, 48, 52, 55, 57, 60, 62, 65, 67, 69, 73, 76, 78, 80, 83, 85, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 116, 119, 124, 126, 128, 130, 134, 136, 138, 140, 143, 148, 150, 157, 159, 161, 165, 167, 170, 172, 175, 177, 179, 181, 183, 187, 192, 197, 199, 201, 205, 208, 211, 213, 215, 217, 219, 221, 223,

225, 227, 229, 231, 233, 235, 237, 240, 252, 254, 256, 258,
260, 262, 265, 267, 270, 272, 274, 277, 280, 284, 286, 288,
290, 293, 301, 303, 307, 309, 313, 316, 318, 322, 325, 328,
330, 333, 335, 339, 341, 344, 346, 348, 350, 352, 355, 358,
360, 362, 364, 366, 368, 370, 373, 375, 377, 379, 381, 383,
385, 387, 389, 392, 394, 396, 398, 400, 402, 404, 408, 410,
412, 414, 419, 423, 425, 427, 432, 434, 441, 443, 445, 451,
458, 460, 462, 465, 469, 471, 473, 475, 477, 481, 485, 487,
489, 491, 494, 496, 498, 505, 507, 510, 512, 514, 520, 522,
524, 527, 530, 533, 535, 538, 542, 544, 546, 548, 553, 555,
557, 559, 561, 564, 566, 568, 570, 572, 576, 578, 580, 582,
584, 586, 588, 590, 592, 594, 596, 599, 601, 607, 612, 614,
617, 621, 624, 626, 628, 631, 635, 640, 644, 646, 648, 650,
654, 656, 658, 661, 663, 665, 668, 678, 679, 680, 681, 682,
683, 684, 685, 686, 687, 688, 690, 692, 694 или 696.

Модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может содержать нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 553. Или же модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может быть вариантом нуклеиновой кислоты, имеющей нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 553. Например, модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может иметь нуклеотидную последовательность с идентичностью последовательности не менее 80%, например идентичность последовательности 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к нуклеотидной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 553.

Модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может содержать нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 262. Или же модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может быть вариантом нуклеиновой кислоты, имеющей нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 262. Например, модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может иметь нуклеотидную последовательность с идентичностью последовательности не менее 80%, например идентичность последовательности 81%, 85%, 90%,

95%, 97%, 98% или 99% по отношению к нуклеотидной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 262.

Модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может содержать нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 116. Или же модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может быть вариантом нуклеиновой кислоты, имеющей нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 116. Например, модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может иметь нуклеотидную последовательность с идентичностью последовательности не менее 80%, например идентичность последовательности 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к нуклеотидной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 116.

Модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может содержать нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 678. Или же модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может быть вариантом нуклеиновой кислоты, имеющей нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 678. Например, модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может иметь нуклеотидную последовательность с идентичностью последовательности не менее 80%, например идентичность последовательности 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к нуклеотидной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 678.

Модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может содержать нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 644. Или же модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может быть вариантом нуклеиновой кислоты, имеющей нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 644. Например, модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может иметь нуклеотидную последовательность с идентичностью последовательности не менее 80%, например идентичность последовательности 81%, 85%, 90%,

95%, 97%, 98% или 99% по отношению к нуклеотидной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 644.

Модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может содержать нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 252. Или же модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может быть вариантом нуклеиновой кислоты, имеющей нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 252. Например, модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может иметь нуклеотидную последовательность с идентичностью последовательности не менее 80%, например идентичность последовательности 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к нуклеотидной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 252.

Модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может содержать нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 322. Или же модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может быть вариантом нуклеиновой кислоты, имеющей нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 322. Например, модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может иметь нуклеотидную последовательность с идентичностью последовательности не менее 80%, например идентичность последовательности 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к нуклеотидной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 322.

Модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может содержать нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 594. Или же модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может быть вариантом нуклеиновой кислоты, имеющей нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 594. Например, модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может иметь нуклеотидную последовательность с идентичностью последовательности не менее 80%, например идентичность последовательности 81%, 85%, 90%,

95%, 97%, 98% или 99% по отношению к нуклеотидной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 594.

Модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может содержать нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 76. Или же модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может быть вариантом нуклеиновой кислоты, имеющей нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 76. Например, модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может иметь нуклеотидную последовательность с идентичностью последовательности не менее 80%, например идентичность последовательности 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к нуклеотидной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 76.

Модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может содержать нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 208. Или же модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может быть вариантом нуклеиновой кислоты, имеющей нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 208. Например, модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может иметь нуклеотидную последовательность с идентичностью последовательности не менее 80%, например идентичность последовательности 81%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% или 99% по отношению к нуклеотидной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 208.

Модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может содержать нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 425. Или же модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может быть вариантом нуклеиновой кислоты, имеющей нуклеотидную последовательность, представленную в последовательности SEQ ID NO: 425. Например, модулирующая биомассу нуклеиновая кислота может иметь нуклеотидную последовательность с идентичностью последовательности не менее 80%, например идентичность последовательности 81%, 85%, 90%,

95%, 97%, 98% или 99% по отношению к нуклеотидной последовательности, представленной в последовательности SEQ ID NO: 425.

Изолированные молекулы нуклеиновой кислоты могут быть получены стандартными способами. Например, для получения изолированной нуклеиновой кислоты, которая содержит нуклеотидную последовательность, описанную в настоящем документе, можно использовать метод полимеразной цепной реакции (ПЦР). ПЦР можно использовать для амплификации специфических последовательностей как ДНК, так и РНК, в том числе последовательностей всей геномной ДНК или всей клеточной РНК. Различные методы ПЦР описаны, например, в праймере для ПЦР: A Laboratory Manual, Dieffenbach and Dveksler, eds., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1995. Как правило, для конструирования олигонуклеотидных праймеров, которые в последовательности идентичны или подобны противоположным цепям амплифицируемой матрицы, используется информация о последовательности от концов области, представляющей интерес, или из участков, находящихся за ее пределами. Также имеются различные стратегии с применением ПЦР, посредством которых сайт-специфичные модификации нуклеотидных последовательностей могут быть интродуцированы в матричную нуклеиновую кислоту. Изолированные нуклеиновые кислоты также могут быть синтезированы химическим путем или в виде отдельной молекулы нуклеиновой кислоты (например, фосфорамидитным методом с использованием автоматического синтеза ДНК в направлении от 3' к 5'), или в виде серии олигонуклеотидов. Например, может быть синтезирована одна или несколько пар длинных олигонуклеотидов (например, >100 нуклеотидов), которые содержат требуемую последовательность, при этом каждая пара содержит короткий комплементарный участок (например, приблизительно 15 нуклеотидов), в котором при отжиге пары олигонуклеотидов формируется дуплекс. Для вытягивания олигонуклеотидов используется ДНК-полимераза, и в результате на каждой паре олигонуклеотидов формируется отдельная молекула двухцепочечной нуклеиновой кислоты, которая затем может быть лигирована в вектор. Изолированные нуклеиновые кислоты согласно

настоящему изобретению можно получить путем мутагенеза, например, природной ДНК.

Б. Использование нуклеиновых кислот для модуляции экспрессии полипептидов

і. Экспрессия модулирующего биомассу полипептида

Нуклеиновая кислота, кодирующая один из модулирующих биомассу полипептидов, которые описаны в настоящем документе, может быть использована для экспрессии полипептида в изучаемом виде растения, как правило, путем трансформирования растительной клетки с помощью нуклеиновой кислоты, имеющей кодирующую последовательность полипептида, функционально связанную в смысловой ориентации с одной или более регуляторными областями. Следует иметь в виду, что из-за вырожденности генетического кода ряд нуклеиновых кислот может кодировать определенный модулирующий биомассу полипептид; то есть для многих аминокислот существует более чем один нуклеотидный триплет, который служит кодоном аминокислоты. Таким образом, для получения оптимальной экспрессии в определенном виде растения можно модифицировать кодоны в кодирующей последовательности заданного модулирующего биомассу полипептида, используя соответствующие таблицы статистического отклонения от равномерности в использовании кодонов для данного вида.

В некоторых случаях экспрессия модулирующего биомассу полипептида ингибирует одну или несколько функций эндогенного полипептида. Например, нуклеиновую кислоту, которая кодирует доминантно-негативный полипептид, можно использовать для ингибирования функции белка. Доминантно-негативный полипептид обычно мутирован или усечен по сравнению с эндогенным полипептидом дикого типа, и его присутствие в клетке ингибирует одну или несколько функций полипептида дикого типа в данной клетке, то есть доминантно-негативный полипептид является генетически доминантным и передает потерю функции. Механизм, посредством которого доминантно-негативный полипептид передает такой фенотип, может быть различным, однако часто может включать белок-белковое взаимодействие или взаимодействие

белок-ДНК. Например, доминантно-негативный полипептид может быть ферментом, усеченным по сравнению с нативным ферментом дикого типа, так что усеченный полипептид удерживает домены, участвующие в связывании первого белка, однако испытывает нехватку доменов, задействованных в связывании второго белка. Поэтому усеченный полипептид не способен правильно модулировать деятельность второго белка. См., например, патентную заявку US 2007/0056058. Другой пример: точечная мутация, при которой происходит замена неконсервативных аминокислот в каталитическом домене, может привести к появлению доминантно-негативного полипептида. См., например, патентную заявку US 2005/032221. Еще один пример: доминантно-негативный полипептид может являться фактором транскрипции, усеченным по сравнению с нативным фактором транскрипции дикого типа, так что усеченный полипептид удерживает ДНК-связывающий домен (ы), однако испытывает нехватку домена (ов) активации. Такой усеченный полипептид может ингибировать связывание ДНК фактором транскрипции дикого типа, ингибируя тем самым активацию транскрипции.

ii. Ингибирование экспрессии модулирующего биомассу полипептида

Полинуклеотиды и рекомбинантные структуры, описанные в настоящем документе, могут быть использованы для ингибирования экспрессии модулирующего биомассу полипептида в изучаемом виде растения. См., например, Matzke and Birchler, Nature Reviews Genetics 6:24-35 (2005); Akashi et al., Nature Reviews Mol. Cell Biology 6:413-422 (2005); Mittal, Nature Reviews Genetics 5:355-365 (2004) и Nature Reviews RNA interference collection, Oct. 2005 в Интернете на веб-сайте nature.com/reviews/focus/mai. Известен ряд методов ингибирования экспрессии генов в растениях с помощью нуклеиновых кислот, в том числе расщепление антисмысловой РНК и рибозим-направляемой РНК, посттранскрипционное подавление активности гена (PTGS), например РНК-интерференция (РНКи) и транскрипционное подавление активности гена (TGS). Подходящие полинуклеотиды включают полноразмерные нуклеиновые кислоты,

которые кодируют модулирующие биомассу полипептиды, или фрагменты таких полноразмерных нуклеиновых кислот. В некоторых вариантах может быть использован комплемент полноразмерной нуклеиновой кислоты или ее фрагмент. Обычно фрагмент включает не менее 10 нуклеотидов, например не менее 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 30, 35, 40, 50, 80, 100, 200, 500 нуклеотидов или более. В целом, для компенсации более короткой последовательности может быть использована гомология более высокого уровня.

Один из общеизвестных методов - это антисмысловая технология. В данном методе нуклеиновая кислота репрессируемого гена клонируется и функционально связывается с регуляторной областью и терминирующей транскрипцию последовательностью таким образом, что происходит транскрибирование антисмысловой цепи РНК. Затем происходит изменение рекомбинантной структуры в растениях, как описано в настоящем документе, и продуцируется антисмысловая цепь РНК. Нуклеиновая кислота не должна быть всей последовательностью репрессируемого гена, однако, как правило, она будет существенным дополнением по меньшей мере к участку смысловой цепи репрессируемого гена.

В другом методе нуклеиновая кислота может быть транскрибирована в рибозим или каталитическую РНК, которая влияет на экспрессию мРНК. См. патент США № 6,423,885. Рибозимы могут быть сконструированы в виде особой пары фактически с любой РНК-мишенью, и они могут расщепить фосфодиэфирный остов в конкретном месте, функционально инактивируя таким образом РНК-мишень. Гетерологичные нуклеиновые кислоты могут кодировать рибозимы, сконструированные для расщепления конкретных транскриптов мРНК, предотвращая таким образом экспрессию полипептида. Для разрушения конкретных мРНК применяются рибозимы типа «головка молотка», хотя могут быть использованы и различные рибозимы, которые расщепляют мРНК в сайт-специфичных последовательностях распознавания. Рибозимы типа «головка молотка» расщепляют мРНК в местах, определяемых фланкирующими областями, которые формируют комплементарные пары оснований с мРНК-мишенью. Единственное требование состоит в том, что РНК-

мишень должна содержать нуклеотидную последовательность 5'-UG-3'.

Конструирование и продуцирование рибозимов типа «головка молотка» в данной отрасли знаний известны. См., например, патент США № 5,254,678 и документ WO 02/46449, а также приведенные в них материалы, использованные при экспертизе заявки. Для повышения эффективности расщепления *in vivo* в стабильную РНК, такую как транспортная РНК (тРНК), можно внедрить последовательности рибозимов типа «головка молотка». Perriman *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 92(13):6175-6179 (1995); de Feyter and Gaudron, *Methods in Molecular Biology*, Vol. 74, Chapter 43, "Expressing Ribozymes in Plants", Edited by Turner, P.C., Humana Press Inc., Totowa, NJ. Могут быть использованы описанные эндорибонуклеазы РНК, например, встречающиеся в природе в *Tetrahymena thermophila*. См., например, патенты США № 4,987,071 и 6,423,885.

Для ингибирования экспрессии гена может быть также использовано, например, посттранскрипционное подавление активности гена (PTGS). Например, можно подготовить конструкцию, включающую последовательность, которая транскрибируется в РНК и может вызвать самоотжиг, например, с образованием двухцепочечной РНК, имеющей структуру типа «стебель-петля». В некоторых вариантах одна цепь ствольного участка двухцепочечной РНК включает последовательность, подобную или идентичную смысловой кодирующей последовательности (или ее фрагменту) модулирующего биомассу полипептида длиной приблизительно от 10 до 2500 нуклеотидов. Длина последовательности, подобной или идентичной смысловой кодирующей последовательности, может быть от 10 до 500 нуклеотидов, от 15 до 300 нуклеотидов, от 20 до 100 нуклеотидов или от 25 до 100 нуклеотидов. Другая цепь ствольного участка двухцепочечной РНК включает последовательность, подобную или идентичную антисмысловой цепи (или ее фрагменту) кодирующей последовательности модулирующего биомассу полипептида, и может иметь длину короче, такую же или больше, чем длина соответствующей смысловой последовательности. В некоторых

случаях одна цепь стволового участка двухцепочечной РНК включает последовательность, подобную или идентичную нетранслируемой области 3' или 5' (или ее фрагменту) мРНК, которая кодирует модулирующий биомассу полипептид, а другая цепь стволового участка двухцепочечной РНК включает последовательность, подобную или идентичную последовательности, которая является, соответственно, дополнением нетранслируемой области 3' или 5' (или ее фрагмента) мРНК, которая кодирует модулирующий биомассу полипептид. В других вариантах одна цепь стволового участка двухцепочечной РНК включает последовательность, подобную или идентичную последовательности интрона (или его фрагменту) в пре-мРНК, которая кодирует модулирующий биомассу полипептид, а другая цепь стволового участка включает последовательность, подобную или идентичную последовательности, которая является дополнением к последовательности интрона (или его фрагменту) в пре-мРНК.

Петлевой участок двухцепочечной РНК может включать от 3 до 5000 нуклеотидов, например от 3 до 25 нуклеотидов, от 15 до 1000 нуклеотидов, от 20 до 500 нуклеотидов или от 25 до 200 нуклеотидов. Петлевой участок РНК может включать интрон или его фрагмент. Двухцепочечная РНК может иметь ноль, один, два, три, четыре, пять, шесть, семь, восемь, девять, десять или более структур с петлевыми участками.

Структура, включающая последовательность, которая функционально связана с регуляторной областью и терминирующей транскрипцию последовательностью и которая транскрибируется в РНК, которая может формировать двухцепочечную РНК, трансформируется в растениях, как описано в настоящем документе. Специалистам в данной отрасли знаний известны методы использования РНКи для ингибирования экспрессии гена. См., например, патенты США № 5,034,323, 6,326,527, 6,452,067, 6,573,099, 6,753,139 и 6,777,588. См. также документы WO 97/01952, WO 98/53083, WO 99/32619, WO 98/36083 и публикации патентов США 20030175965, 20030175783, 20040214330 и 20030180945.

Структуры, которые содержат регуляторные области,

функционально связанные с молекулами нуклеиновой кислоты в смысловой ориентации, могут быть также использованы для ингибирования экспрессии гена. Продукт транскрипции может быть подобен или идентичен смысловой кодирующей последовательности (или ее фрагменту) модулирующего биомассу полипептида. Продукт транскрипции может быть также неполиаденилированным, в нем может отсутствовать 5'кэп-структура, или он может содержать несплайсируемый интрон. Методы ингибирования экспрессии гена с использованием полноразмерной кДНК, а также частичной последовательности кДНК, известны в данной отрасли знаний. См., например, патент США № 5,231,020.

В некоторых вариантах структура с нуклеиновой кислотой, имеющей как минимум одну цепь, которая является матрицей и для смысловой, и для несмысловой последовательностей, комплементарных друг другу, используется для ингибирования экспрессии гена. Смысловая и антисмысловая последовательности могут быть частью большей молекулы нуклеиновой кислоты или могут быть частью отдельных молекул нуклеиновой кислоты, последовательности которых не являются комплементарными. Смысловая или антисмысловая последовательность может быть последовательностью, которая идентична (или комплементарна) последовательности мРНК, нетранслируемой областью 3' или 5' мРНК, или интрона в пре-мРНК, которая кодирует модулирующий биомассу полипептид, или фрагменту таких последовательностей. В некоторых вариантах смысловая или несмысловая последовательность идентична или комплементарна последовательности регуляторной области, которая стимулирует транскрипцию гена, кодирующего модулирующий биомассу полипептид. В каждом случае смысловая последовательность является последовательностью, комплементарной антисмысловой последовательности.

Длина смысловой и антисмысловой последовательностей может быть больше примерно 10 нуклеотидов (например, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 или более нуклеотидов). Например, антисмысловая последовательность может быть длиной 21 или 22 нуклеотида. Обычно смысловая и

антисмысловая последовательности имеют длину примерно от 15 до 30 нуклеотидов, *например*, примерно от 18 до 28 нуклеотидов или примерно от 21 до 25 нуклеотидов.

В некоторых вариантах антисмысловая последовательность является последовательностью, комплементарной последовательности мРНК (или ее фрагменту), которая кодирует модулирующий биомассу полипептид, описанный в настоящем документе. Смысловая последовательность, комплементарная антисмысловой последовательности, может являться последовательностью, присутствующей в мРНК кодирующей биомассу полипептида. Как правило, смысловая и антисмысловая последовательности сконструированы таким образом, чтобы соответствовать 15-30 нуклеотидной последовательности мРНК-мишени для того, чтобы понизить уровень мРНК-мишени.

В некоторых вариантах для ингибирования экспрессии гена может быть использована структура с нуклеиновой кислотой, имеющей как минимум одну цепь, которая является матрицей для нескольких смысловых последовательностей (например, для 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 или более смысловых последовательностей). Аналогичным образом, для ингибирования экспрессии гена может быть использована структура с нуклеиновой кислотой, имеющей как минимум одну цепь, которая является матрицей для нескольких антисмысловых последовательностей (например, для 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 или более антисмысловых последовательностей). Например, конструкция может содержать нуклеиновую кислоту, имеющую как минимум одну цепь, которая является матрицей и для двух смысловых последовательностей, и для двух антисмысловых последовательностей. Множественные смысловые последовательности могут быть идентичными или различными, и множественные антисмысловые последовательности могут быть идентичными или различными. Например, конструкция может иметь нуклеиновую кислоту, имеющую одну цепь, которая является матрицей для двух идентичных смысловых последовательностей и двух идентичных антисмысловых последовательностей, которые комплементарны двум идентичным смысловым последовательностям. Или же изолированная нуклеиновая кислота может иметь одну цепь, которая является

матрицей для (1) двух идентичных смысловых последовательностей длиной 20 нуклеотидов, (2) одной антисмысловой последовательности, комплементарной двум идентичным смысловым последовательностям длиной 20 нуклеотидов, (3) смысловой последовательности длиной 30 нуклеотидов и (4) трех идентичных антисмысловых последовательностей, комплементарных смысловой последовательности длиной 30 нуклеотидов. Конструкции, приведенные в настоящем документе, могут быть составлены таким образом, чтобы они были пригодны для смысловых или антисмысловых последовательностей. Например, за двумя идентичными смысловыми последовательностями могут следовать две идентичные антисмысловые последовательности, или их можно расположить между двумя идентичными антисмысловыми последовательностями.

Нуклеиновая кислота, имеющая как минимум одну цепь, которая является матрицей для одной или нескольких смысловых и/или антисмысловых последовательностей, может быть функционально связана с регуляторной областью для стимуляции транскрипции молекулы РНК, содержащей смысловую и/или антисмысловую последовательность (и). Кроме того, такая нуклеиновая кислота может быть функционально связана с терминирующей транскрипцию последовательностью, такой как терминатор гена нопалинсентазы (*nos*). В некоторых случаях две регуляторные области могут направлять транскрипцию двух транскриптов: одну из верхней цепи и одну из нижней цепи. См. например, Yan *et al.*, *Plant Physiol.*, 141:1508-1518 (2006). Две регуляторные области могут быть одинаковыми или различными. Два транскрипта могут образовывать молекулы двухцепочечной РНК, которые индуцируют деградацию РНК-мишени. В некоторых случаях нуклеиновую кислоту можно расположить в пределах Т-ДНК или выделенной из растения перенесенной ДНК (пахитенной ДНК) таким образом, чтобы последовательности левой и правой границы Т-ДНК или последовательности левой и правой пахитенной ДНК прилегали к нуклеиновой кислоте или находились на одной из сторон нуклеиновой кислоты. См. патентную заявку US 2006/0265788. Последовательность нуклеиновой кислоты между двумя

регуляторными областями может быть длиной примерно от 15 до 300 нуклеотидов. В некоторых вариантах последовательность нуклеиновой кислоты между двумя регуляторными областями имеет длину примерно от 15 до 200 нуклеотидов, примерно от 15 до 100 нуклеотидов, примерно от 15 до 50 нуклеотидов, примерно от 18 до 50 нуклеотидов, примерно от 18 до 40 нуклеотидов, примерно от 18 до 30 нуклеотидов или примерно от 18 до 25 нуклеотидов.

В некоторых методах ингибирования экспрессии гена у растений, основанных на использовании нуклеиновой кислоты, подходящей нуклеиновой кислотой может быть аналог нуклеиновой кислоты. Аналоги нуклеиновой кислоты можно модифицировать на базовом компоненте, сахарном компоненте или фосфатном остове, например, для улучшения стабильности, гибридизации или растворимости нуклеиновой кислоты. Модификации на базовом компоненте включают превращения дезоксиуридина в дезокситимидин, а также 5-метил-2'-дезоксцитидин и 5-бromo-2'-дезоксцитидин в дезоксцитидин. Модификации на сахарном компоненте включают превращении 2' гидроксила сахара рибозы в форму сахаров 2'-O-метил или 2'-O-аллил. Можно модифицировать фосфатный остов дезоксирибозы для продуцирования морфолинонуклеиновых кислот, у которых каждый базовый компонент связан с шестичленным морфолиновым кольцом, или пептидных нуклеиновых кислот, у которых остов дезоксифосфата заменен на псевдопептидный остов, а четыре основания сохраняются. См., например, Summerton and Weller, *Antisense Nucleic Acid Drug Dev.*, 7:187-195 (1997); Hrup et al., *Bioorgan. Med. Chem.*, 4:5-23 (1996). Кроме того, остов дезоксифосфата можно заменить, например, на фосфоротиоат или остов фосфородитиоата, фосфороамидит или остов алкилфосфотриэфира.

В. Конструкции/векторы

Рекомбинантные конструкции, описанные в настоящем документе, могут быть использованы для трансформации растений или растительных клеток с целью модулирования уровней биомассы. Как описано в настоящем документе, рекомбинантная конструкция нуклеиновой кислоты может включать нуклеиновую кислоту, которая кодирует модулирующий биомассу полипептид, функционально

связанный с регуляторной областью, пригодной для того, чтобы экспрессировать модулирующий биомассу полипептид в растении или клетке. Таким образом, нуклеиновая кислота может включать кодирующую последовательность, которая кодирует модулирующие биомассу полипептиды, как описано в последовательностях SEQ ID NO: 1, 2, 4, 6, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 20, 22, 24, 25, 27, 29, 30, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 43, 45, 47, 49, 50, 51, 53, 54, 56, 58, 59, 61, 63, 64, 66, 68, 70, 71, 72, 74, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 87, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 115, 117, 118, 120, 121, 122, 123, 125, 127, 129, 131, 132, 133, 135, 137, 139, 141, 142, 144, 145, 146, 147, 149, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 166, 168, 169, 171, 173, 174, 176, 178, 180, 182, 184, 185, 186, 188, 189, 190, 191, 193, 194, 195, 196, 198, 200, 202, 203, 204, 206, 207, 209, 210, 212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238, 239, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250, 251, 253, 255, 257, 259, 261, 263, 264, 266, 268, 269, 271, 273, 275, 276, 278, 279, 281, 282, 283, 285, 287, 289, 291, 292, 294, 295, 296, 297, 298, 299, 300, 302, 304, 305, 306, 308, 310, 311, 312, 314, 315, 317, 319, 320, 321, 323, 324, 326, 327, 329, 331, 332, 334, 336, 337, 338, 340, 342, 343, 345, 347, 349, 351, 353, 354, 356, 357, 359, 361, 363, 365, 367, 369, 371, 372, 374, 376, 378, 380, 382, 384, 386, 388, 390, 391, 393, 395, 397, 399, 401, 403, 405, 406, 407, 409, 411, 413, 415, 416, 417, 418, 420, 421, 422, 424, 426, 428, 429, 430, 431, 433, 435, 436, 437, 438, 439, 440, 442, 444, 446, 447, 448, 449, 450, 452, 453, 454, 455, 456, 457, 459, 461, 463, 464, 466, 467, 468, 470, 472, 474, 476, 478, 479, 480, 482, 483, 484, 486, 488, 490, 492, 493, 495, 497, 499, 500, 501, 502, 503, 504, 506, 508, 509, 511, 513, 515, 516, 517, 518, 519, 521, 523, 525, 526, 528, 529, 531, 532, 534, 536, 537, 539, 540, 541, 543, 545, 547, 549, 550, 551, 552, 554, 556, 558, 560, 562, 563, 565, 567, 569, 571, 573, 574, 575, 577, 579, 581, 583, 585, 587, 589, 591, 593, 595, 597, 598, 600, 602, 603, 604, 605, 606, 608, 609, 610, 611,

613, 615, 616, 618, 619,
620, 622, 623, 625, 627, 629, 630, 632, 633, 634, 636,
637, 638, 639, 641, 642, 643, 645, 647, 649, 651, 652, 653,
655, 657, 659, 660, 662, 664, 666, 667, 669, 670, 671, 672,
673, 674, 675, 676, 677, 689, 691, 693, 695 или 697. Примеры
нуклеиновых кислот, кодирующих модулирующие биомассу
полипептиды, приведены в последовательностях SEQ ID NO: 3, 5,
7, 9, 19, 21, 23, 26, 28, 31, 35, 42, 44, 46, 48, 52, 55, 57,
60, 62, 65, 67, 69, 73, 76, 78, 80, 83, 85, 89, 91, 93, 95, 97,
99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 116, 119, 124, 126, 128,
130, 134, 136, 138, 140, 143, 148, 150, 157, 159, 161, 165,
167, 170, 172, 175, 177, 179, 181, 183, 187, 192, 197, 199,
201, 205, 208, 211, 213, 215, 217, 219, 221, 223, 225, 227,
229, 231, 233, 235, 237, 240, 252, 254, 256, 258, 260, 262,
265, 267, 270, 272, 274, 277, 280, 284, 286, 288, 290, 293,
301, 303, 307, 309, 313, 316, 318, 322, 325, 328, 330, 333,
335, 339, 341, 344, 346, 348, 350, 352, 355, 358, 360, 362,
364, 366, 368, 370, 373, 375, 377, 379, 381, 383, 385, 387,
389, 392, 394, 396, 398, 400, 402, 404, 408, 410, 412, 414,
419, 423, 425, 427, 432, 434, 441, 443, 445, 451, 458, 460,
462, 465, 469, 471, 473, 475, 477, 481, 485, 487, 489, 491,
494, 496, 498, 505, 507, 510, 512, 514, 520, 522, 524, 527,
530, 533, 535, 538, 542, 544, 546, 548, 553, 555, 557, 559,
561, 564, 566, 568, 570, 572, 576, 578, 580, 582, 584, 586,
588, 590, 592, 594, 596, 599, 601, 607, 612, 614, 617, 621,
624, 626, 628, 631, 635, 640, 644, 646, 648, 650, 654, 656,
658, 661, 663, 665, 668, 678, 679, 680, 681, 682, 683, 684,
685, 686, 687, 688, 690, 692, 694 или 696 или в перечне
последовательностей. Модулирующий биомассу полипептид,
закодированный рекомбинантной нуклеиновой кислотой, может быть
нативным модулирующим биомассу полипептидом или может быть
гетерологичным по отношению к клетке. В некоторых случаях
рекомбинантная конструкция содержит нуклеиновую кислоту,
которая ингибирует экспрессию модулирующего биомассу
полипептида, функционально связанного с регуляторной областью.
Примеры подходящих регуляторных областей описаны в разделе

«Регуляторные области».

Также представлены векторы, содержащие конструкции рекомбинантных нуклеиновых кислот, аналогичных тем, которые описаны в настоящем документе. Подходящими остовами векторов являются, например, те, которые обычно используются в данной отрасли, такие как плазмиды, вирусы, искусственные хромосомы, искусственные бактериальные хромосомы, искусственные дрожжевые хромосомы или искусственные хромосомы P1. Подходящими экспрессионными векторами являются в том числе плазмиды и вирусные векторы, полученные, например, из бактериофагов, бакуловирусов и ретровирусов. Многочисленные векторы и экспрессирующие системы доступны для приобретения в таких корпорациях, как Novagen® (Мэдисон, штат Висконсин), Clontech® (Пало-Альто, штат Калифорния), Stratagene® (Ла-Хойя, штат Калифорния) и Invitrogen/Life Technologies® (Карлсбад, штат Калифорния).

Векторы, приводимые в настоящем документе, также могут включать, например, области начала репликации, области прикрепления к скелету и/или маркеры.

Маркерный ген может передавать растительной клетке селективируемый фенотип. Например, маркер может передавать устойчивость к биоцидам, такую как устойчивость к антибиотикам (например, канамицину, G418, блеомицину или гигромицину), или к гербицидам (например, глифосату, хлорсульфурону или фосфинотрицину). Кроме того, экспрессионный вектор может включать маркерную последовательность, предназначенную для облегчения манипуляции с экспрессируемыми полипептидами или их обнаружения (например, очистки или локализации). Маркерные последовательности, такие как люцифераза, β -глюкуронидаза (GUS), зеленый флуоресцентный белок (GFP), глютатион S-трансфераза (GST), полигистидин, с-тус, гемагглютинин или маркер Flag™ (Kodak, Нью-Хейвен, штат Коннектикут), обычно экспрессируются в форме слияния с кодированным полипептидом. Такие маркеры можно вставлять в любом месте полипептида, в том числе в аминоконцевой или карбоксиконцевой области.

Г. Регуляторные области

Выбор регуляторных областей для включения в рекомбинантную конструкцию зависит от нескольких факторов, в том числе от эффективности, селективности, способности к индуцированию, желательного уровня экспрессии и преимущественно клеточной или тканевой экспрессии. Для специалиста в данной области обычным делом является модулирование экспрессии кодирующей последовательности путем соответствующего подбора и расположения регуляторных областей в кодирующей последовательности. Транскрипцию нуклеиновой кислоты можно модулировать аналогичным образом.

Некоторые подходящие регуляторные области инициируют транскрипцию только или преимущественно в клетках определенных типов. Методы идентификации и определения характеристик регуляторных областей в геномной ДНК растения известны и описаны в том числе в следующих ссылочных материалах: Jordano *et al.*, *Plant Cell*, 1:855-866 (1989); Bustos *et al.*, *Plant Cell*, 1:839-854 (1989); Green *et al.*, *EMBO J.*, 7:4035-4044 (1988); Meier *et al.*, *Plant Cell*, 3:309-316 (1991); и Zhang *et al.*, *Plant Physiology*, 110:1069-1079 (1996).

Примеры различных классов регуляторных областей описаны ниже. Некоторые регуляторные области, указанные ниже, а также дополнительные регуляторные области более подробно описаны в заявках на патент США с серийными номерами 60/505,689; 60/518,075; 60/544,771; 60/558,869; 60/583,691; 60/619,181; 60/637,140; 60/757,544; 60/776,307; 10/957,569; 11/058,689; 11/172,703; 11/208,308; 11/274,890; 60/583,609; 60/612,891; 11/097,589; 11/233,726; 11/408,791; 11/414,142; 10/950,321; 11/360,017; PCT/US05/011105; PCT/US05/23639; PCT/US05/034308; PCT/US05/034343; а также PCT/US06/038236; PCT/US06/040572 и PCT/US07/62762.

Например, последовательности регуляторных областей p326, YP0144, YP0190, p13879, YP0050, p32449, 21876, YP0158, YP0214, YP0380, PT0848, PT0633, YP0128, YP0275, PT0660, PT0683, PT0758, PT0613, PT0672, PT0688, PT0837, YP0092, PT0676, PT0708, YP0396, YP0007, YP0111, YP0103, YP0028, YP0121, YP0008, YP0039, YP0115,

YP0119, YP0120, YP0374, YP0101, YP0102, YP0110, YP0117, YP0137, YP0285, YP0212, YP0097, YP0107, YP0088, YP0143, YP0156, PT0650, PT0695, PT0723, PT0838, PT0879, PT0740, PT0535, PT0668, PT0886, PT0585, YP0381, YP0337, PT0710, YP0356, YP0385, YP0384, YP0286, YP0377, PD1367, PT0863, PT0829, PT0665, PT0678, YP0086, YP0188, YP0263, PT0743 и YP0096 приведены в перечне последовательностей PCT/US06/040572; последовательность регуляторной области PT0625 приведена в перечне последовательностей PCT/US05/034343; последовательности регуляторных областей PT0623, YP0388, YP0087, YP0093, YP0108, YP0022 и YP0080 приведены в перечне последовательностей в заявке на патент США с серийным номером 11/172,703; последовательность регуляторной области PR0924 приведена в перечне последовательностей PCT/US07/62762; и последовательности регуляторных областей p530c10, pOsFIE2-2, pOsMEA, pOsYp102 и pOsYp285 приведены в перечне последовательностей PCT/US06/038236.

Следует иметь в виду, что регуляторная область может удовлетворять критериям одной классификации, исходя из ее действия в растениях одного вида, и одновременно удовлетворять критериям другой классификации, исходя из ее действия в растениях другого вида.

i. Экспрессирующие промоторы широкого спектра действия

Можно сказать, что промотор имеет «широкий спектр действия», когда он способствует транскрипции во многих, но необязательно всех, растительных тканях. Например, экспрессирующий промотор широкого спектра действия может способствовать транскрипции функционально связанной последовательности в одном или нескольких побегах, верхушке побега (апексе) и листьях, однако слабо способствует или совсем не способствует транскрипции в таких тканях, как корни или стебли. Другой пример: экспрессирующий промотор широкого спектра действия может способствовать транскрипции функционально связанной последовательности в одном или нескольких стеблях, побегах, верхушке побега (апексе) и листьях, однако может слабо способствовать или совсем не способствовать транскрипции в таких тканях, как репродуктивные

ткани цветов и развивающиеся семена. Неограниченные примеры экспрессирующих промоторов широкого спектра действия, которые могут быть включены в конструкции нуклеиновой кислот, приведенных в настоящем документе, включают промоторы p326, YP0144, YP0190, p13879, YP0050, p32449, 21876, YP0158, YP0214, YP0380, PT0848 и PT0633.

Дополнительные примеры включают промотор вируса мозаики цветной капусты (CaMV) 35S, промотор маннопин-синтазы (MAS), промоторы 1' или 2', полученные из T-ДНК *Agrobacterium tumefaciens*, промотор вируса мозаики норичника 34S, актиновые промоторы, такие как актиновый промотор риса, и убиквитиновые промоторы, такие как промотор убиквитин-1 кукурузы. В некоторых случаях промотор CaMV 35S исключается из категории экспрессирующих промоторов широкого спектра действия.

ii. Корневые промоторы

Активные промоторы роста корней осуществляют транскрипцию в ткани корня, например, в тканях эндодермы корня, эпидермиса корня или проводящей системы корня. В некоторых вариантах активные корневые промоторы являются преимущественно корневыми промоторами, то есть такими, которые осуществляют транскрипцию только или преимущественно в ткани корня. Преимущественно тканевые промоторы включают промоторы YP0128, YP0275, PT0625, PT0660, PT0683 и PT0758. Другие преимущественно корневые промоторы включают промоторы PT0613, PT0672, PT0688 и PT0837, которые способствуют транскрипции главным образом в ткани корня и в меньшей степени - в семяпочках и/или семенах. Другие примеры преимущественно корневых промоторов включают корнеспецифические субдомены промотора CaMV 35S (Lam et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 86:7890-7894 (1989)), специфические промоторы корневой клетки, о которых сообщается в работе Conkling et al., *Plant Physiol.*, 93:1203-1211 (1990), и промотор табака RD2.

iii. Промоторы вызревающего эндосперма

В некоторых вариантах могут быть полезны промоторы, которые способствуют транскрипции в вызревающем эндосперме. Транскрипция от промотора вызревающего эндосперма обычно

начинается после оплодотворения, происходит главным образом в ткани эндосперма во время развития семени и обычно достигает высшей точки на этапе целлюляризации. Наиболее подходящими являются промоторы, активные, главным образом, в вызревающем эндосперме, хотя иногда могут быть полезны и промоторы, активные в других тканях. Неограниченные примеры промоторов вызревающего эндосперма, которые могут быть включены в конструкции нуклеиновой кислоты, приведенные в настоящем документе, включают промотор напина, промотор арселина-5, промотор фазеолина (Bustos *et al.*, *Plant Cell*, 1(9):839-853 (1989)), промотор соевых ингибиторов трипсина (Riggs *et al.*, *Plant Cell*, 1(6):609-621 (1989)), промотор АЦП (Baerson *et al.*, *Plant Mol. Biol.*, 22(2):255-267 (1993)), промотор стеароил-ацц десатуразы (Slocombe *et al.*, *Plant Physiol.*, 104(4):167-176 (1994)), промотор сои подгруппы α' β -конглицинина (Chen *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 83:8560-8564 (1986)), промотор олеозина (Hong *et al.*, *Plant Mol. Biol.*, 34(3):549-555 (1997)) и промоторы зеинов, таких как промотор зеинов 15 kD, промотор зеинов 16 kD, промотор зеинов 19 kD, промотор зеинов 22 kD и промотор зеинов 27 kD. Также пригодны промотор Osgt-1 из гена глютелин-1 риса (Zheng *et al.*, *Mol. Cell Biol.*, 13:5829-5842 (1993)), промотор бета-амилазы и промотор хордеина ячменя. Прочие промоторы вызревающего эндосперма включают промоторы YP0092, PT0676 и PT0708.

iv. Промоторы ткани завязи

Также могут быть полезны промоторы, активные в тканях завязи, таких как стенка семяпочки и мезокарпий, например промотор полигалактуронидазы, промотор TRX банана, промотор актина дыни, YP0396 и PT0623. Примерами промоторов, активных главным образом в семяпочках, являются YP0007, YP0111, YP0092, YP0103, YP0028, YP0121, YP0008, YP0039, YP0115, YP0119, YP0120 и YP0374.

v. Промоторы зародышевого мешка/раннего этапа развития эндосперма

Для достижения экспрессии в зародышевом мешке/на раннем этапе развития эндосперма могут быть использованы регуляторные

области, активные в полярных ядрах и/или главной клетке, или в предшественниках полярных ядер, но не в яйцеклетках или предшественниках яйцеклеток. Наиболее подходящими являются промоторы, которые способствуют экспрессии только или преимущественно в полярных ядрах или их предшественниках и/или в главной клетке. Паттерн транскрипции, которая проходит от стадии полярных ядер до раннего этапа развития эндосперма, может также находиться в промоторах зародышевого мешка/раннего этапа развития эндосперма, хотя обычно транскрипция в значительной степени понижается на поздних этапах развития эндосперма во время и после этапа целлюляризации. С промоторами зародышевого мешка/раннего этапа развития экспрессии в зиготе или в развивающемся эмбрионе эндосперма обычно не происходит.

Подходящими могут быть промоторы, которые получены из следующих генов: *Arabidopsis viviparous-1* (см. GenBank No. U93215); *Arabidopsis atmyc1* (см. Urao, *Plant Mol. Biol.*, 32:571-57 (1996); Conceicao, *Plant*, 5:493-505 (1994)); *Arabidopsis FIE* (GenBank No. AF129516); *Arabidopsis MEA*; *Arabidopsis FIS2* (GenBank No. AF096096) и FIE 1.1 (патент США 6,906,244). Другими подходящими промоторами могут быть те, которые получены из следующих генов: ген кукурузы MAC1 (см. Sheridan, *Genetics*, 142:1009-1020 (1996)); ген кукурузы Cat3 (см. GenBank No. L05934; Abler, *Plant Mol. Biol.*, 22:10131-1038 (1993)). К другим промоторам относятся следующие промоторы *Arabidopsis*: YP0039, YP0101, YP0102, YP0110, YP0117, YP0119, YP0137, DME, YP0285 и YP0212. К другим промоторам, которые могут быть полезны, относятся следующие промоторы риса: p530c10, pOsFIE2-2, pOsMEA, pOsYp102 и pOsYp285.

vi. Промоторы зародышей

Регуляторные области, которые главным образом способствуют транскрипции в зиготных клетках после оплодотворения, могут обеспечивать экспрессию преимущественно на стадии зародыша. Наиболее подходящими являются промоторы, которые главным образом способствуют транскрипции в зародышах на ранних этапах развития до стадии образования сердцевинки, однако также пригодна экспрессия в зародышах на более поздних этапах

вызревания. Промоторы преимущественно для стадии зародыша включают промотор липид-переносящих белков (Ltp1) ячменя (*Plant Cell Rep* 20:647-654 (2001)), YP0097, YP0107, YP0088, YP0143, YP0156, PT0650, PT0695, PT0723, PT0838, PT0879 и PT0740.

vii. Промоторы фотосинтетических тканей

Промоторы, активные в фотосинтетических тканях, осуществляют транскрипцию в зеленых тканях, таких как листья и стебли. Наиболее подходящими являются промоторы, которые способствуют экспрессии только или преимущественно в таких тканях. Примерами таких промоторов являются промоторы рибулозо-1,5-бисфосфаткарбоксилазы (RbcS), такие как промотор RbcS из лиственницы американской (*Larix laricina*), промотор сосны cab6 (Yamamoto *et al.*, *Plant Cell Physiol.*, 35:773-778 (1994)), промотор Cab-1 из пшеницы (Fejes *et al.*, *Plant Mol. Biol.*, 15:921-932 (1990)), промотор CAB-1 из шпината (Lubberstedt *et al.*, *Plant Physiol.*, 104:997-1006 (1994)), промотор cab1R из риса (Luan *et al.*, *Plant Cell*, 4:971-981 (1992)), промотор пируват-ортофосфатдикиназы (PPDK) из кукурузы (Matsuoka *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 90:9586-9590 (1993)), промотор Lhcb1*2 табака (Cerdan *et al.*, *Plant Mol. Biol.*, 33:245-255 (1997)), промотор *Arabidopsis thaliana* SUC2 симпортера сахарозы-H⁺ (Truernit *et al.*, *Planta*, 196:564-570 (1995)) и промоторы белков тилакоидных мембран из шпината (psaD, psaF, psaE, PC, FNR, atpC, atpD, cab, rbcS). Другие промоторы фотосинтетических тканей включают PT0535, PT0668, PT0886, YP0144, YP0380 и PT0585.

viii. Промоторы проводящих тканей

Примерами промоторов, которые имеют высокую или преимущественную активность в сосудистых пучках, являются YP0087, YP0093, YP0108, YP0022 и YP0080. К другим промоторам, которые преимущественно активны в проводящих тканях, относятся промотор GRP 1.8 богатой глицином клеточной стенки белка GRP 1.8 (Keller and Baumgartner, *Plant Cell*, 3(10):1051-1061 (1991)), промотор вируса желтой крапчатости коммелины (CoYMV) (Medberry *et al.*, *Plant Cell*, 4(2):185-192 (1992)) и промотор палочковидного тунгро-вируса риса (RTBV) (Dai *et al.*, *Proc.*

Natl. Acad. Sci. USA, 101(2):687-692 (2004)).

ix. Индуцируемые промоторы

Индуцируемые промоторы осуществляют транскрипцию под влиянием внешних стимуляторов, таких как химические вещества, или стимуляторов, связанных с окружающей средой. Например, индуцируемые промоторы могут осуществлять транскрипцию под влиянием гормонов, таких как гиббереллиновая кислота или этилен, или под влиянием света или засухи. Примерами индуцируемых засухой промоторов являются UP0380, PT0848, UP0381, UP0337, PT0633, UP0374, PT0710, UP0356, UP0385, UP0396, UP0388, UP0384, PT0688, UP0286, UP0377, PD1367 и PD0901. Примерами индуцируемых азотом промоторов являются PT0863, PT0829, PT0665 и PT0886. Примерами индуцируемых тенью промоторов являются PR0924 и PT0678. Примером промотора, индуцируемого солью, служит rd29A (Kasuga *et al.* (1999) *Nature Biotech* 17: 287-291).

x. Базальные промоторы

Базальный промотор является минимальной последовательностью, необходимой для сборки транскрипционного комплекса, требуемого для инициации транскрипции. Базальные промоторы часто включают элемент «ТАТА-бокс», который может быть расположен между примерно 15 и примерно 35 нуклеотидами вышележащей области от сайта инициации транскрипции. Базальные промоторы могут также включать элемент «ССААТ-бокс» (как правило, последовательность ССААТ) и/или последовательность GGGCG, которая может быть расположена между примерно 40 и примерно 200 нуклеотидами, обычно примерно между 60 и примерно 120 нуклеотидами вышележащей области от сайта старта транскрипции.

xi. Промоторы стебля

Промотор стебля может быть специфичным для одной или нескольких тканей стебля или специфичным для стебля и других частей растения. Промоторы стебля могут иметь высокую или преимущественную активность, например, в эпидермисе и кортексе, сосудистом камбии, прокамбии или ксилеме. К примерам промоторов стебля относится UP0018, о котором сообщено в US20060015970,

CryIA(b) и CryIA(c) (Braga et al. 2003, Journal of New Seeds 5:209-221).

xii. Прочие промоторы

Другие классы промоторов включают, в числе прочего, промоторы, преферентные для побегов, каллюса, клеток трихомы, замыкающих клеток, таких как PT0678, клубней, паренхимных клеток и для старения. Также могут быть полезны промоторы, обозначенные YP0086, YP0188, YP0263, PT0758, PT0743, PT0829, YP0119 и YP0096, как описано в вышеуказанных заявках на патент.

xiii. Прочие регуляторные области

В конструкции нуклеиновой кислоты, описанные в настоящем документе, может быть включена нетранслируемая область 5' (UTR). Нетранслируемая область 5' транскрибируется, но не транслируется лежит между сайтом старта транскрипции и кодоном инициации трансляции и может включать +1 нуклеотид. Нетранслируемая область 3' может находиться между терминирующим трансляцию кодоном и концом транскрипции. Нетранслируемые области могут выполнять специфические функции, такие как увеличение стабильности мРНК или ослабление трансляции. К примерам нетранслируемых областей 3' относятся в числе прочего сигналы полиаденилирования и терминирующие транскрипцию последовательности, например терминирующую нопалинсентазу последовательность.

Следует понимать, что в рекомбинантном полинуклеотиде может присутствовать более одной регуляторной области, например интроны, энхансеры, вышележащие области активации, терминаторы транскрипции и индуцируемые элементы. Таким образом, к примеру, более чем одна регуляторная область может быть функционально связана с последовательностью полинуклеотида, который кодирует моделирующий биомассу полипептид.

Регуляторные области, такие как промоторы эндогенных генов, могут быть получены путем химического синтеза или путем субклонирования из геномной ДНК, которая включает такую регуляторную область. Нуклеиновая кислота, содержащая такую регуляторную область, может также включать примыкающие последовательности, которые содержат сайты рестрикционных

ферментов, облегчающих последующую манипуляцию.

IV. Трансгенные растения и растительные клетки

A. Трансформация

В изобретении также представлены трансгенные растительные клетки и растения, содержащие как минимум одну рекомбинантную конструкцию нуклеиновой кислоты, описанную в настоящем документе. Растение или растительная клетка могут быть трансформированы путем интеграции конструкции в их геном, то есть они могут быть устойчиво трансформированными. Устойчиво трансформированные клетки обычно удерживают интродуцированную нуклеиновую кислоту при каждом делении клетки. Растение или растительная клетка могут быть также трансформированы временно таким образом, чтобы конструкция не интегрировалась в их геном. Временно трансформированные клетки обычно полностью или частично теряют интродуцированную конструкцию нуклеиновой кислоты при каждом делении клетки, так что после значительного количества делений клеток интродуцированную нуклеиновую кислоту обнаружить в дочерних клетках невозможно. И временно трансформированные, и устойчиво трансформированные трансгенные растения и растительные клетки могут быть полезны при использовании методов, описанных в настоящем документе.

Трансгенные растительные клетки, которые используются в методах, описанных в настоящем документе, могут составлять часть растения или растение целиком. Такие растения могут выращиваться пригодным для рассматриваемых видов способом - в ростовой камере, теплице или в поле. Трансгенные растения при желании можно разводить для определенных целей, например для интродуцирования рекомбинантных нуклеиновых кислот в другие линии, для переноса рекомбинантной нуклеиновой кислоты в другие виды или для дальнейшей селекции желаемых признаков. Или же трансгенные растения можно размножать вегетативно, применительно к видам, восприимчивым к таким технологиям. Для целей настоящего документа трансгенное растение также относится к потомству исходного трансгенного растения при условии, что потомство наследует трансген. Семена, полученные от трансгенного растения, могут выращиваться и затем

самовоспроизводиться (или скрещиваться с сортами других линий и самовоспроизводиться) для получения семян, гомозиготных по конструкции нуклеиновой кислоты.

Трансгенные растения можно выращивать в суспензионной культуре, или ткани, или культуре органов. Для целей настоящего изобретения могут быть использованы методы выращивания тканевой культуры на жидкой и/или твердой питательной основе. При использовании твердой среды трансгенные растительные клетки можно помещать непосредственно в среду или можно разместить на фильтре, который затем помещают в среду. При использовании жидкой среды трансгенные растительные клетки можно помещать на флотационное устройство, например на пористую мембрану, которая находится в контакте с жидкой средой. Твердой средой может быть, например, агар с питательной средой Мурасиге-Скуга (MS) с подходящей концентрацией ауксина, например 2, 4-дихлорфеноксисуксусной кислоты (2,4-D), и подходящей концентрацией цитокинина, например кинетина.

При использовании временно трансформированных растительных клеток последовательность репортера, которая кодирует полипептид репортера, имеющий активность репортера, может быть включена в процедуру трансформации, и испытание активности или экспрессии репортера можно выполнить в подходящее время после трансформации. Подходящее время для проведения испытания может обычно составлять примерно 1-21 день после трансформации, например примерно 1-14 дней, примерно 1-7 дней или примерно 1-3 дня. Промежуточные испытания особенно удобны для проведения экспресс-анализов у различных видов или для подтверждения экспрессии гетерологичного модулирующего биомассу полипептида, экспрессия которого в определенных клетках-реципиентах не была подтверждена ранее.

Способы интродукции нуклеиновых кислот в однодольные и двудольные растения в данной отрасли знаний известны и включают, помимо прочего, агробактериальную трансформацию, трансформацию с помощью вирусных векторов, трансформацию с помощью электропорации и генных пушек, например, патенты США 5,538,880; 5,204,253; 6,329,571 и 6,013,863. Если для

трансформации в качестве ткани-реципиента используется клетка или культура ткани, выращенная в питательной среде, при желании растения могут быть регенерированы из трансформированных культур способами, которые известны специалистам в данной области.

Б. Скрининг/отбор

Можно провести скрининг популяции трансгенных растений и/или отбор в ней тех представителей популяции, у которых признаки или фенотип передаются путем экспрессии трансгена. Например, можно провести скрининг популяции потомков отдельного объекта трансформации по тем растениям, которые показывают необходимый уровень экспрессии модулирующего биомассу полипептида или нуклеиновой кислоты. Для определения уровней экспрессии можно использовать физические и биохимические методы. Они включают саузэрн-блоттинг или ПЦР-амплификацию для обнаружения полинуклеотида; нозерн-блоттинг, защиту от S1 РНКазы, метод удлинения затравки или амплификацию ОТ-ПЦР для определения транскриптов РНК; ферментные анализы для определения активности ферментов или рибозимов полипептидов и полинуклеотидов; электрофорез белкового геля, вестерн-блоттинг, иммунопреципитацию и иммуноферментный анализ для определения полипептидов. Другие способы, такие как гибридизация *in situ*, окрашивание ферментов и иммуноокрашивание могут быть также использованы для определения наличия или экспрессии полипептидов и/или полинуклеотидов. Способы выполнения всех упомянутых приемов известны. В качестве варианта можно провести скрининг популяции растений с независимыми событиями трансформации по тем растениям, которые показывают необходимый признак, такой как модулированный уровень биомассы. Отбор и/или скрининг можно проводить по одному и/или нескольким поколениям и/или по нескольким географическим местам. В некоторых случаях можно выращивать трансгенные растения и производить их отбор в условиях, которые индуцируют желаемый фенотип или же необходимы для получения желаемого фенотипа у трансгенного растения. Кроме того, отбор и/или скрининг можно применять во время определенной стадии развития, на которой ожидается, что

растение проявит фенотип. Отбор и/или скрининг можно проводить для отбора трансгенных растений, имеющих статистически достоверную разницу в уровне биомассы по сравнению с контрольным растением, у которого трансген отсутствует. Отобранные или прошедшие скрининг трансгенные растения имеют измененный фенотип по сравнению с соответствующим контрольным растением, как описано в разделе «Фенотипы трансгенных растений» настоящего документа.

В. Виды растений

Полинуклеотиды и векторы, описанные в настоящем документе, можно использовать для трансформации ряда однодольных и двудольных растений и систем растительных клеток, в том числе видов одного из следующих семейств: *Acanthaceae*, *Alliaceae*, *Alstroemeriaceae*, *Amaryllidaceae*, *Apocynaceae*, *Arecaceae*, *Asteraceae*, *Berberidaceae*, *Bixaceae*, *Brassicaceae*, *Bromeliaceae*, *Cannabaceae*, *Caryophyllaceae*, *Cephalotaxaceae*, *Chenopodiaceae*, *Colchicaceae*, *Cucurbitaceae*, *Dioscoreaceae*, *Ephedraceae*, *Erythroxyloaceae*, *Euphorbiaceae*, *Fabaceae*, *Lamiaceae*, *Linaceae*, *Lycopodiaceae*, *Malvaceae*, *Melanthiaceae*, *Musaceae*, *Myrtaceae*, *Nyssaceae*, *Papaveraceae*, *Pinaceae*, *Plantaginaceae*, *Poaceae*, *Rosaceae*, *Rubiaceae*, *Salicaceae*, *Sapindaceae*, *Solanaceae*, *Taxaceae*, *Theaceae* или *Vitaceae*.

Подходящие виды могут включать представителей родов *Abelmoschus*, *Abies*, *Acer*, *Agrostis*, *Allium*, *Alstroemeria*, *Ananas*, *Andrographis*, *Andropogon*, *Artemisia*, *Arundo*, *Atropa*, *Berberis*, *Beta*, *Bixa*, *Brassica*, *Calendula*, *Camellia*, *Camptotheca*, *Cannabis*, *Capsicum*, *Carthamus*, *Catharanthus*, *Cephalotaxus*, *Chrysanthemum*, *Cinchona*, *Citrullus*, *Coffea*, *Colchicum*, *Coleus*, *Cucumis*, *Cucurbita*, *Cynodon*, *Datura*, *Dianthus*, *Digitalis*, *Dioscorea*, *Elaeis*, *Ephedra*, *Erianthus*, *Erythroxyllum*, *Eucalyptus*, *Festuca*, *Fragaria*, *Galanthus*, *Glycine*, *Gossypium*, *Helianthus*, *Hevea*, *Hordeum*, *Hyoscyamus*, *Jatropha*, *Lactuca*, *Linum*, *Lolium*, *Lupinus*, *Lycopersicon*, *Lycopodium*, *Manihot*, *Medicago*, *Mentha*, *Miscanthus*, *Musa*, *Nicotiana*, *Oryza*, *Panicum*, *Papaver*, *Parthenium*, *Pennisetum*, *Petunia*, *Phalaris*, *Phleum*, *Pinus*, *Poa*, *Poinsettia*, *Populus*,

Rauwolfia, Ricinus, Rosa, Saccharum, Salix, Sanguinaria, Scopolia, Secale, Solanum, Sorghum, Spartina, Spinacea, Tanacetum, Taxus, Theobroma, Triticosecale, Triticum, Uniola, Veratrum, Vinca, Vitis и *Zea*.

Подходящие виды включают *Panicum* spp., *Sorghum* spp., *Miscanthus* spp., *Saccharum* spp., *Erianthus* spp., *Populus* spp., *Andropogon gerardii* (бородач), *Pennisetum purpureum* (слоновая трава), *Phalaris arundinacea* (канареечник трубковидный), *Cynodon dactylon* (бермудская трава), *Festuca arundinacea* (овсяница высокая), *Spartina pectinata* (спартина гребенчатая), *Medicago sativa* (люцерна), *Arundo donax* (арундо тростниковый), *Secale cereale* (рожь), *Salix* spp. (ива), *Eucalyptus* spp. (эвкалипт), *Triticosecale* (тритикум - гибрид пшеницы и ржи) и бамбук.

Подходящие виды также включают *Helianthus annuus* (подсолнечник), *Carthamus tinctorius* (сафлор), *Jatropha curcas* (ятрофа), *Ricinus communis* (клещевина обыкновенная), *Elaeis guineensis* (гвинейская масличная пальма), *Linum usitatissimum* (лен посевной) и *Brassica juncea*.

Подходящие виды также включают *Beta vulgaris* (сахарная свекла) и *Manihot esculenta* (маниок съедобный).

Подходящие виды также включают *Lycopersicon esculentum* (помидор), *Lactuca sativa* (салат), *Musa paradisiaca* (банан райский), *Solanum tuberosum* (картофель), *Brassica oleracea* (капуста спаржевая, цветная капуста, капуста брюссельская), *Camellia sinensis* (чай китайский), *Fragaria ananassa* (земляника садовая), *Theobroma cacao* (дерево какао), *Coffea arabica* (кофейное дерево арабийское), *Vitis vinifera* (виноград винный), *Ananas comosus* (ананас), *Capsicum annum* (перец горький и сладкий), *Allium cepa* (лук репчатый), *Cucumis melo* (дыня), *Cucumis sativus* (огурец), *Cucurbita maxima* (тыква крупноплодная), *Cucurbita moschata* (тыква мускатная), *Spinacea oleracea* (шпинат огородный), *Citrullus lanatus* (арбуз обыкновенный), *Abelmoschus esculentus* (окра) и *Solanum melongena* (баклажан).

Подходящие виды также включают *Papaver somniferum* (мак

снотворный), *Papaver orientale*, *Taxus baccata*, *Taxus brevifolia*, *Artemisia annua*, *Cannabis sativa*, *Camptotheca acuminata*, *Catharanthus roseus*, *Vinca rosea*, *Cinchona officinalis*, *Colchicum autumnale*, *Veratrum californica*, *Digitalis lanata*, *Digitalis purpurea*, *Dioscorea* spp., *Andrographis paniculata*, *Atropa belladonna*, *Datura stamonium*, *Berberis* spp., *Cephalotaxus* spp., *Ephedra sinica*, *Ephedra* spp., *Erythroxylum coca*, *Galanthus wornorii*, *Scopolia* spp., *Lycopodium serratum* (*Huperzia serrata*), *Lycopodium* spp., *Rauwolfia serpentina*, *Rauwolfia* spp., *Sanguinaria canadensis*, *Hyoscyamus* spp., *Calendula officinalis*, *Chrysanthemum parthenium*, *Coleus forskohlii* и *Tanacetum parthenium*.

Подходящие виды также включают *Parthenium argentatum* (гваюла серебристая), *Nevea* spp. (гевея бразильская), *Mentha spicata* (мята колосовая), *Mentha piperita* (мята перечная), *Vixa orellana* и *Alstroemeria* spp.

Подходящие виды также включают *Rosa* spp. (роза), *Dianthus caryophyllus* (гвоздика садовая), *Petunia* spp. (петуния) и *Poinsettia pulcherrima* (пуансеттия).

Подходящие виды также включают *Nicotiana tabacum* (табак), *Lupinus albus* (люпин белый), *Uniola paniculata* (униола метельчатая), полевица (*Agrostis* spp.), *Populus tremuloides* (тополь осинообразный), *Pinus* spp. (сосна), *Abies* spp. (пихта), *Acer* spp. (клен), *Hordeum vulgare* (ячмень посевной), *Poa pratensis* (мятлик луговой), *Lolium* spp. (плевел) и *Phleum pratense* (тимофеевка луговая).

В некоторых вариантах подходящими видами могут быть дикие, сорные или культивированные виды *Pennisetum*, такие как *Pennisetum alopecuroides*, *Pennisetum arnhemicum*, *Pennisetum caffrum*, *Pennisetum clandestinum*, *Pennisetum divisum*, *Pennisetum glaucum*, *Pennisetum latifolium*, *Pennisetum macrostachyum*, *Pennisetum macrourum*, *Pennisetum orientale*, *Pennisetum pedicellatum*, *Pennisetum polystachion*, *Pennisetum polystachion* ssp. *Setosum*, *Pennisetum purpureum*, *Pennisetum setaceum*, *Pennisetum subangustum*, *Pennisetum typhoides*, *Pennisetum villosum* или их гибриды (например, *Pennisetum*

purpureum x *Pennisetum typhoidum*).

В некоторых вариантах подходящими видами могут быть дикие, сорные или культивированные виды и/или разновидности *Miscanthus*, такие как *Miscanthus* x *giganteus*, *Miscanthus sinensis*, *Miscanthus* x *ogiformis*, *Miscanthus floridulus*, *Miscanthus transmorrisonensis*, *Miscanthus oligostachyus*, *Miscanthus nepalensis*, *Miscanthus sacchariflorus*, *Miscanthus* x *giganteus* "Amuri", *Miscanthus* x *giganteus* "Nagara", *Miscanthus* x *giganteus* "Illinois", *Miscanthus sinensis* var. "Goliath", *Miscanthus sinensis* var. "Roland", *Miscanthus sinensis* var. "Africa", *Miscanthus sinensis* var. "Fern Osten", *Miscanthus sinensis* var. *gracillimus*, *Miscanthus sinensis* var. *variegates*, *Miscanthus sinensis* var. *purpurascens*, *Miscanthus sinensis* var. "Malepartus", *Miscanthus sacchariflorus* var. "Robusta", *Miscanthus sinensis* var. "Silberfedher" (он же Silver Feather), *Miscanthus transmorrisonensis*, *Miscanthus condensatus*, *Miscanthus yakushimanum*, *Miscanthus* var. "Alexander", *Miscanthus* var. "Adagio", *Miscanthus* var. "Autumn Light", *Miscanthus* var. "Cabaret", *Miscanthus* var. "Condensatus", *Miscanthus* var. "Cosmopolitan", *Miscanthus* var. "Dixieland", *Miscanthus* var. "Gilded Tower" (патент США № PP14,743), *Miscanthus* var. "Gold Bar" (патент США № PP15,193), *Miscanthus* var. "Gracillimus", *Miscanthus* var. "Graziella", *Miscanthus* var. "Grosse Fontaine", *Miscanthus* var. "Hinjo aka Little Nicky"™, *Miscanthus* var. "Juli", *Miscanthus* var. "Kaskade", *Miscanthus* var. "Kirk Alexander", *Miscanthus* var. "Kleine Fontaine", *Miscanthus* var. "Kleine Silberspinne" (он же "Little Silver Spider"), *Miscanthus* var. "Little Kitten", *Miscanthus* var. "Little Zebra" (патент США № PP13,008), *Miscanthus* var. "Lottum", *Miscanthus* var. "Malepartus", *Miscanthus* var. "Morning Light", *Miscanthus* var. "Mysterious Maiden" (патент США № PP16,176), *Miscanthus* var. "Nippon", *Miscanthus* var. "November Sunset", *Miscanthus* var. "Parachute", *Miscanthus* var. "Positano", *Miscanthus* var. "Puenktchen" (он же "Little Dot"), *Miscanthus* var. "Rigoletto", *Miscanthus* var. "Sarabande", *Miscanthus* var. "Silberpfeil" (он же Silver Arrow), *Miscanthus*

вар. "Silverstripe", *Miscanthus* вар. "Super Stripe" (патент США № PP18,161), *Miscanthus* вар. "Strictus" или *Miscanthus* вар. "Zebrinus".

В некоторых вариантах подходящими видами могут быть дикие, сорные или культивированные виды и/или разновидности сорго, такие как *Sorghum alnum*, *Sorghum amplum*, *Sorghum angustum*, *Sorghum arundinaceum*, *Sorghum bicolor* (такие как двуцветное, гвинейское, хвостатое, кафрское и зерновое), *Sorghum brachypodum*, *Sorghum bulbosum*, *Sorghum burmahicum*, *Sorghum controversum*, *Sorghum drummondii*, *Sorghum ecarinatum*, *Sorghum exstans*, *Sorghum grande*, *Sorghum halepense*, *Sorghum interjectum*, *Sorghum intrans*, *Sorghum laxiflorum*, *Sorghum leiocladum*, *Sorghum macrospermum*, *Sorghum matarankense*, *Sorghum miliaceum*, *Sorghum nigrum*, *Sorghum nitidum*, *Sorghum plumosum*, *Sorghum propinquum*, *Sorghum purpureosericeum*, *Sorghum stipoides*, *Sorghum sudanense*, *Sorghum timorense*, *Sorghum trichocladum*, *Sorghum versicolor*, *Sorghum virgatum*, *Sorghum vulgare* или гибриды, такие как *Sorghum* × *alnum*, *Sorghum* × суданская трава или *Sorghum* × *drummondii*.

Таким образом, методы и составы можно использовать в широком диапазоне видов растений, в том числе видов из родов двудольных растений *Brassica*, *Carthamus*, *Glycine*, *Gossypium*, *Helianthus*, *Jatropha*, *Parthenium*, *Populus* и *Ricinus*; родов однодольных растений *Elaeis*, *Festuca*, *Hordeum*, *Lolium*, *Oryza*, *Panicum*, *Pennisetum*, *Phleum*, *Poa*, *Saccharum*, *Secale*, *Sorghum*, *Triticosecale*, *Triticum* и *Zea*. В некоторых вариантах растение является представителем видов *Panicum virgatum* (просо), *Sorghum bicolor* (сорго, суданская трава), *Miscanthus giganteus* (мискантус), *Saccharum* sp. (сахарный тростник), *Populus balsamifera* (тополь бальзамический), *Zea mays* (маис), *Glycine max* (соя), *Brassica napus* (канола), *Triticum aestivum* (пшеница), *Gossypium hirsutum* (хлопчатник обыкновенный), *Oryza sativa* (рис), *Helianthus annuus* (подсолнечник однолетний), *Medicago sativa* (люцерна), *Beta vulgaris* (сахарная свекла) или *Pennisetum glaucum* (просо африканское).

В некоторых вариантах полинуклеотиды и векторы, описанные

в настоящем документе, можно использовать для трансформации ряда однодольных и двудольных растений и систем растительных клеток в тех случаях, когда такие растения являются гибридами различных видов или разновидностей конкретного вида (например, *Saccharum* sp. X *Miscanthus* sp., *Sorghum* sp. X *Miscanthus* sp., например: *Panicum virgatum* x *Panicum amarum*, *Panicum virgatum* x *Panicum amarulum* и *Pennisetum purpureum* x *Pennisetum typhoidum*).

Г. Фенотипы трансгенных растений

В некоторых вариантах растение, у которого модулируется экспрессия модулирующего биомассу полипептида, может иметь повышенный уровень биомассы. Например, модулирующий биомассу полипептид, описанный в настоящем документе, может быть экспрессирован в трансгенном растении, что приводит к увеличению уровня вегетативной ткани. Уровень биомассы может быть увеличен минимум на 2 процента, например на 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60 или более 60 процентов по сравнению с соответствующим уровнем биомассы контрольного растения, которое не экспрессирует трансген. В некоторых вариантах растение, у которого модулируется экспрессия модулирующего биомассу полипептида, может иметь пониженный уровень семенной продуктивности. Уровень может быть уменьшен минимум на 2 процента, например на 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35 или более 35 процентов по сравнению с соответствующим уровнем семенной продуктивности контрольного растения, которое не экспрессирует трансген.

Увеличение семенной продуктивности у таких растений может обеспечить повышение доступности питания в географических регионах, где потребление пищевых продуктов часто недостаточно, или обеспечить производство биотоплива. В некоторых вариантах уменьшение биомассы у таких растений может быть полезным, если вегетативные ткани не являются основной частью растения, которую получают для потребления человеком или животными (например, сбор семян).

В некоторых вариантах растение, у которого модулируется

экспрессия модулирующего биомассу полипептида, может иметь повышенный или пониженный уровень биомассы в одной или нескольких тканях, например в вегетативных тканях, репродуктивных тканях или тканях корня. Например, уровень биомассы может быть увеличен минимум на 2 процента, *например* на 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60 или более 60 процентов по сравнению с соответствующим уровнем биомассы контрольного растения, которое не экспрессирует трансген. В некоторых вариантах растение, у которого модулируется экспрессия модулирующего биомассу полипептида, может иметь пониженный уровень биомассы в одной или нескольких растительных тканях. Уровень биомассы может быть уменьшен минимум на 2 процента, *например* на 2, 3, 4, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35 или более 35 процентов по сравнению с соответствующим уровнем биомассы контрольного растения, которое не экспрессирует трансген.

Увеличение биомассы у таких растений может обеспечить улучшение качества пищи или повышенную энергетическую продуктивность. Уменьшение биомассы может обеспечить более эффективное распределение питательных веществ по частям растений, которые выращивают для потребления человеком или животными.

Как правило, разница в количестве биомассы у трансгенного растения или трансгенной клетки по сравнению с контрольным растением или клеткой считается статистически достоверной при значении $p \leq 0,05$ при применении параметрических или непараметрических методов статистической оценки, *таких как* проверка на соответствие по критерию хи-квадрат, t-критерий Стьюдента, критерий Манна-Уитни или F-критерий Фишера. В некоторых вариантах разница в количестве биомассы является статистически достоверной при $p < 0,01$, $p < 0,005$ или $p < 0,001$. Статистически достоверная разница, *например*, в количестве биомассы у трансгенного растения по сравнению с ее количеством у контрольного растения показывает, что присутствие рекомбинантной нуклеиновой кислоты в трансгенном растении приводит к изменению уровня биомассы.

Фенотип трансгенного растения оценивается в сравнении с контрольным растением. Считается, что растение «не экспрессирует» полипептид, когда в растении обнаруживается менее 10%, например менее 9%, 8%, 7%, 6%, 5%, 4%, 3%, 2%, 1%, 0,5%, 0,1%, 0,01% или 0,001% количества полипептида или мРНК, кодирующей полипептид, обнаруживаемый в рассматриваемом растении. Экспрессию можно оценить такими методами, как, например, ОТ-ПЦР, нозерн-блоттинг, защита от S1 РНКазы, удлинение затравки, вестерн-блоттинг, электрофорез белкового геля, иммунопреципитация, иммуноферментный анализ, иммунопреципитация хроматина и масс-спектрометрия. Следует отметить, что, если полипептид экспрессируется под контролем промотора, преимущественно активного в определенных тканях, или промотора широкого спектра действия, экспрессию можно оценить во всем растении или в выбранной ткани. Аналогичным образом, если полипептид экспрессируется в определенное время, например на определенном этапе развития или во время индукции, экспрессию можно оценить выборочно в требуемый период времени.

Биомасса может включать собираемые ткани растений, такие как листья, стебли и репродуктивные структуры, или все растительные ткани, такие как листья, стебли, корни и репродуктивные структуры. В некоторых вариантах биомасса включает только надземные части растений. В некоторых вариантах биомасса включает только стеблевые части растений. В некоторых вариантах биомасса включает только надземные части растений, за исключением соцветий и семенных частей растений. Биомассу можно измерять способами, описанными в разделе «Примеры». Биомассу количественно можно выразить в виде выхода сухого вещества, что является массой полученной биомассы (обычно выраженной в т/акр), если из массы свежей продукции вычесть воду. Выход сухого вещества (DMY) вычисляется с использованием массы свежей продукции (FMW) и измерения весового процента влаги (M) по следующему уравнению: $DMY = ((100 - M) / 100) * FMW$. Биомассу количественно можно выразить в виде массы свежей продукции, то есть массы биомассы (обычно выраженной в т/акр), полученной непосредственно после выращивания, которая включает массу

влаги.

V. Модификация эндогенных нуклеиновых кислот, которые кодируют модулирующие биомассу полипептиды

В настоящем документе также представлены растительные клетки и растения, в которых эндогенная модулирующая биомассу нуклеиновая кислота, описанная в настоящем документе, была модифицирована (например, были модифицированы регуляторная область, интрон или кодирующая область модулирующей биомассу нуклеиновой кислоты). Биомасса таких растений изменена по сравнению с соответствующим уровнем биомассы контрольного растения, в котором эндогенная нуклеиновая кислота не модифицирована. Такие растения рассматриваются в настоящем документе как модифицированные растения, и они могут быть использованы, например, для получения увеличенного количества биомассы.

Эндогенная нуклеиновая кислота может быть модифицирована методом гомологической рекомбинации. Например, специфические для последовательности эндонуклеазы (например, нуклеазы белкового домена «цинковые пальцы» (ZFN)) и мегануклеазы можно использовать для стимуляции гомологических рекомбинаций в эндогенных генах растений. См., например, Townsend *et al.*, *Nature* 459:442-445 (2009); Tovkach *et al.*, *Plant J.*, 57:747-757 (2009); и Lloyd *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 102:2232-2237 (2005). В частности, нуклеазы белкового домена «цинковые пальцы», сконструированные для создания парных разрывов двухцепочечной ДНК в конкретных локусах, можно использовать для направленных изменений последовательностей в эндогенных генах растений. Например, эндогенный ген растения может быть заменен вариантом с одной или несколькими мутациями (например, полученными с использованием сайт-направленного мутагенеза или направленной эволюции).

В некоторых вариантах эндогенные нуклеиновые кислоты можно модифицировать путем метилирования или деметилирования, при которых изменяется экспрессия модифицированной эндогенной нуклеиновой кислоты. Например, можно использовать двухцепочечную РНК для активации экспрессии гена путем

направленного воздействия на некодирующие регуляторные области в промоторах генов. См. Shibuya *et al.*, *Proc Natl Acad Sci USA*, 106(5): 1660-1665 (2009); и Li *et al.*, *Proc Natl Acad Sci USA*, 103(46):17337-42 (2006).

В некоторых вариантах эндогенные нуклеиновые кислоты можно модифицировать путем введения меток активации. Например, для активации эндогенного гена можно использовать вектор, содержащий несколько копий элемента энхансера от конститутивно активного промотора гена вируса мозаики цветной капусты (CaMV) 35S. См. Weigel *et al.*, *Plant Physiology*, 122:1003-1013 (2000).

В некоторых вариантах эндогенные нуклеиновые кислоты можно модифицировать путем интродукции сконструированного фактора транскрипции, участвующего в активации/репрессии (например, фактора транскрипции белка «цинковые пальцы» или ZFP TF. См., например, www.sangamo.com/tech/tech_plat_over.html#whatarezfp).

Сконструированный фактор транскрипции, участвующий в активации/репрессии (например, ZFP TF), может активировать, репрессировать или запускать экспрессию целевого эндогенного гена, связанного с ростом биомассы, путем связывания особым образом эндогенного гена с областью промотора или кодирующей областью.

В некоторых вариантах эндогенные нуклеиновые кислоты можно модифицировать путем мутагенеза. Интродукцию генетических мутаций в регенерируемых растительных тканях можно произвести с помощью одного или более мутагенных агентов. Подходящими мутагенными агентами являются, например, этилметансульфонат (EMS), N-нитрозо-N-этилмочевина (ENU), метил-нитрозогуанидин (MNNG), бромид этидия, диэпоксидбутан, ионизирующее излучение, рентгеновское излучение, ультрафиолетовое излучение и другие мутагены, известные в данной отрасли знаний. Подходящие типы мутаций включают, например, вставки или делеции нуклеотидов и транзиции или трансверсии в последовательности эндогенных нуклеиновых кислот. В одном варианте для получения растений, имеющих модифицированную эндогенную нуклеиновую кислоту, можно использовать TILLING-метод (метод индуцированного мутагенеза).

TILLING-метод объединяет мутагенез высокой интенсивности с методами высокопроизводительного скрининга. См. например, McCallum *et al.*, *Nat Biotechnol* 18: 455-457 (2000); reviewed by Stemple, *Nat Rev Genet* 5(2):145-50 (2004).

В некоторых вариантах эндогенную нуклеиновую кислоту можно модифицировать путем подавления активности гена. См., например, раздел настоящего документа «Ингибирование экспрессии модулирующего биомассу полипептида».

Можно провести скрининг популяции растений и/или отбор в ней тех представителей популяции, которые имеют модифицированную нуклеиновую кислоту. Можно провести скрининг популяции растений и/или отбор в ней тех представителей популяции, у которых признак или фенотип передаются путем экспрессии модифицированной нуклеиновой кислоты. В качестве варианта можно провести скрининг популяции тех растений, которые проявляют желаемый признак, такой как модулированный уровень биомассы. Например, можно провести скрининг популяции потомков тех растений, которые имеют желаемый уровень экспрессии модулирующего биомассу полипептида или нуклеиновой кислоты. Для определения модифицированных нуклеиновых кислот и/или уровней экспрессии можно использовать физические и биохимические методы, как указывалось при описании трансгенных растений. Отбор и/или скрининг можно проводить по одному и/или нескольким поколениям, а также по одному и/или нескольким географическим местам. В некоторых случаях можно выращивать растения и производить их отбор в условиях, индуцирующих желаемый фенотип или необходимых для получения желаемого фенотипа у модифицированного растения. Кроме того, отбор и/или скрининг можно применять во время определенной стадии развития, на которой у растения ожидается проявление фенотипа. Отбор и/или скрининг можно проводить для выбора модифицированных растений, имеющих статистически достоверную разницу в уровне биомассы по сравнению с контрольным растением, у которого нуклеиновая кислота не была модифицирована. Отобранные или прошедшие скрининг модифицированные растения имеют измененный фенотип по сравнению с соответствующим контрольным растением,

как описано в разделе «Фенотипы трансгенных растений» настоящего документа.

Несмотря на то, что растение или растительная клетка, у которых эндогенная модулирующая биомассу нуклеиновая кислота была модифицирована, не являются трансгенными для данной конкретной нуклеиновой кислоты, следует понимать, что такое растение или такая растительная клетка может содержать трансгены. Например, модифицированное растение может содержать трансген для других признаков, таких как устойчивость к гербицидам или насекомым. Другой пример: модифицированное растение может содержать один или несколько трансгенов, что в сочетании с модификациями одной или нескольких эндогенных нуклеиновых кислот проявляется в увеличении биомассы.

Как и в случае с трансгенными растительными клетками, модифицированные растительные клетки могут составлять часть растения или растение целиком. Такие растения можно выращивать таким же способом, который описан для трансгенных растений, и можно разводить и размножать таким же способом, который описан для трансгенных растений.

VI. Селекция растений

Генетический полиморфизм, полезный при использовании таких методов, включает простые повторения последовательностей (SSR, или микросателлиты), быструю амплификацию полиморфной ДНК (RAPD), однонуклеотидные полиморфизмы (SNP), полиморфизмы длины амплификационных фрагментов (ПДАФ) и полиморфизмы длины рестрикционных фрагментов (ПДРФ). Полиформизмы с простыми повторениями последовательностей (SSR) можно идентифицировать, например, с помощью сайт-специфических зондов и амплификации матричной ДНК от отдельных представителей популяции, представляющей интерес, путем ПЦР. Например, метод ПЦР можно использовать для ферментативной амплификации генетического маркера, связанного с нуклеотидной последовательностью, которая передает конкретный признак (например, нуклеотидные последовательности, описанные в настоящем документе). ПЦР можно использовать для амплификации конкретных последовательностей ДНК и РНК, в том числе последовательностей всей геномной ДНК

или всей клеточной РНК. При использовании РНК в качестве матрицы для синтеза нитей комплементарной ДНК (кДНК) можно использовать обратную транскриптазу. Различные методы ПЦР описаны, например, в праймере для ПЦР: A Laboratory Manual, Dieffenbach and Dveksler, eds., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1995.

Как правило, для конструирования олигонуклеотидных праймеров, которые в последовательности идентичны или подобны противоположным цепям амплифицируемой матрицы, используется информация от полинуклеотидов, примыкающих к представляющей интерес области, или из участков, находящихся за ее пределами. Праймеры обычно имеют длину 14–40 нуклеотидов, однако могут быть длиной от 10 нуклеотидов до нескольких сотен нуклеотидов. Для отделения двойной цепи матрица или амплифицированная ДНК многократно денатурируется при высокой температуре, затем охлаждается, чтобы можно было произвести отжиг праймеров и протянуть нуклеотидные последовательности через микросателлиты, и в результате нарабатывается соответствующая ДНК, достаточная для определения продуктов ПЦР. Если зонды в популяции примыкают к маркеру SSR, вырабатываются продукты ПЦР различных размеров. См., например, патент США 5,766,847.

Произвести качественный и количественный анализ продуктов ПЦР можно несколькими способами. Например, продукты ПЦР можно пометить флуоресцирующей молекулой (например, PicoGreen® или OliGreen®) или определить в растворе с помощью спектрофотометрии или капиллярного электрофореза. В некоторых случаях продукты ПЦР можно отделить в гелевой матрице (например, агарозе или полиакриламиде) путем электрофореза, а фракционированные по размеру полосы белков, содержащие продукты ПЦР, можно сделать видимыми путем окрашивания нуклеиновых кислот. Подходящие красители могут флуоресцировать в ультрафиолетовом свете (например, бромид этидия, GR Safe, SYBR® Green или SYBR® Gold). Результаты можно сделать видимыми с помощью просвечивания или эпи-иллюминации, а изображение флуоресцирующего паттерна можно получить, например, с помощью фотоаппарата или сканера. Изображение можно обработать и

проанализировать с помощью специального программного обеспечения (например, программы ImageJ), чтобы произвести измерение и сравнение интенсивности представляющей интерес полосы с калибровочной пробой, загруженной в тот же гель.

Или же полиморфизмы с простыми повторениями последовательностей (SSR) можно идентифицировать, используя продукт (ы) ПЦР в качестве зонда в сопоставлении с саузерн-блотами от разных представителей в популяции. См. U.N. Refseth et al., (1997) *Electrophoresis* 18: 1519. Если говорить коротко, продукты ПЦР разделяются по длине путем гель-электрофореза и переносятся на мембрану. Микросателлитные ДНК-зонды, такие как олигонуклеотид, помеченные радиоактивными, флуоресцирующими или хромогенными молекулами, подаются на мембрану и гибридизируются, чтобы связать продукты ПЦР с комплементарной нуклеотидной последовательностью. Паттерн гибридизации можно сделать видимым, например, с помощью автордиографии или проявления цвета на мембране.

В некоторых случаях можно определить количество продуктов ПЦР, используя термоциклер с системой детекции в режиме реального времени.

Например, при количественном ПЦР-анализе в режиме реального времени можно использовать флуоресцентный краситель, который образует комплекс краситель-ДНК (например, SYBR® Green) или помеченный флуорофором ДНК-зонд, такой как одноцепочечные олигонуклеотиды, ковалентно связанные с флуоресцентным репортером или флуорофором (например, 6-карбоксифлуоресцеин или тетрахлор-флуоресцеин), и тушитель флуоресценции (например, тетраметилродамин или дигидроциклопирролоиндол-трипептид - молекулы, связывающиеся с малой бороздкой ДНК). Флуоресцентный сигнал позволяет определить амплифицированный продукт в режиме реального времени, при этом указывая на присутствие представляющей интерес последовательности и позволяя провести количественный анализ числа копий рассматриваемой последовательности в клеточной ДНК или уровень экспрессии рассматриваемой последовательности от клеточной мРНК.

Идентификация полиморфизмов длины рестрикционных

фрагментов (ПДРФ) рассматривается, например, в работах Alonso-Blanco et al. (*Methods in Molecular Biology*, vol.82, "Arabidopsis Protocols", pp. 137-146, J.M. Martinez-Zapater and J. Salinas, eds., c. 1998 by Humana Press, Totowa, NJ); Burr ("Mapping Genes with Recombinant Inbreds", pp. 249-254, in Freeling, M. and V. Walbot (Ed.), *The Maize Handbook*, c. 1994 by Springer-Verlag New York, Inc.: New York, NY, USA; Berlin Germany; Burr et al. *Genetics* (1998) 118: 519 и Gardiner, J. et al., (1993) *Genetics* 134: 917). Например, чтобы создать библиотеку для ПДРФ, расширенную однокопийными или малокопийными экспрессированными последовательностями, всю ДНК можно расщепить чувствительными к метилированию ферментами (например, *PstI*). Расщепленную ДНК можно разделить по размеру на препаративном геле. Фрагменты полинуклеотидной цепи (от 500 до 2000 п.о.) могут быть отделены, извлечены и клонированы в плазмидный вектор (например, pUC18). Саузерн-блоттинг плазмидных дайджестов можно зондировать со всей дегидратированной в результате гидродинамического сдвига ДНК для отбора клонов, которые гибридизируются в однокопийные или малокопийные последовательности. Для увеличения числа обнаруженных полиморфизмов можно провести тестирование дополнительных рестрикционных эндонуклеаз.

Идентификация ПДАФ рассматривается, например, в Европейском патенте 0 534 858 и в патенте США № 5,878,215. В целом, вся клеточная ДНК расщепляется с помощью одного или более рестрикционных ферментов. Полусайт-специфические адаптеры рестрикции лигируются во все фрагменты рестрикции, и эти фрагменты селективно амплифицируются двумя праймерами для ПЦР, которые имеют соответствующий адаптер и последовательности сайт-специфической рестрикции. Продукты ПЦР можно визуализировать после фракционирования по размеру, как описано выше.

В некоторых вариантах методы направлены на селекцию линии растений. В таких методах используются генетические полиморфизмы, определяемые описанным выше способом в программе скрещивания с использованием маркера, для облегчения выведения

линий, которые имеют желаемые изменения в характеристике биомассы. При определении подходящего генетического полиморфизма, связанного с вариацией признаков, определяется одно или несколько отдельных растений, которые обладают полиморфной аллелью, коррелирующей с желаемой вариацией. Затем такие растения используют в программе разведения, чтобы объединить полиморфную аллель с многочисленными другими аллелями в других локусах, которые коррелируют с желаемой вариацией. Способы, пригодные для использования в программах селекции растений, известны в данной отрасли знаний и включают в том числе обратное скрещивание, массовую селекцию, селекционное разведение, смешанную селекцию, скрещивание с другой популяцией и периодическую селекцию. В селекционной программе данные способы можно использовать по отдельности или в сочетании с одним или несколькими другими способами. Таким образом, происходит самовоспроизводство каждого определенного растения или его скрещивание с другим растением для получения семян, которые затем проращиваются и формируют потомственные растения. Затем по меньшей мере одно из таких потомственных растений самовоспроизводится и скрещивается с другим растением для формирования последующего поколения потомков. В программе разведения при необходимости можно повторять шаги самовоспроизводства или ауткроссинга для получения дополнительно от 0 до 5 поколений, чтобы достичь желаемого единообразия и стабильности получаемой в результате линии растений, которая сохраняет полиморфную аллель. В большинстве программ разведения анализ конкретной полиморфной аллели проводится в каждом поколении, хотя при желании анализ можно проводить в чередующихся поколениях.

В некоторых случаях также проводится селекция по другим полезным признакам, например селекция по устойчивости к грибкам или бактериям. Селекцию по таким другим признакам можно проводить до, во время или после идентификации отдельных растений, которые обладают требуемой полиморфной аллелью.

VII. Изделие

Трансгенные растения, приведенные в настоящем документе,

находят различное применение в сельском хозяйстве и в отраслях, связанных с выработкой энергии. Например, трансгенные растения, описанные в настоящем документе, можно использовать для производства кормов для животных и пищевых продуктов. Такие растения при этом часто особенно полезны в качестве исходного сырья для производства энергии.

Трансгенные растения, описанные в настоящем документе, часто дают более высокий урожай зерна и/или выход биомассы на гектар по сравнению с контрольными растениями, в которых отсутствует экзогенная нуклеиновая кислота. В некоторых вариантах такие трансгенные растения обеспечивают эквивалентный или даже более высокий урожай зерна и/или выход биомассы на гектар по сравнению с контрольными растениями при выращивании в условиях уменьшенного потребления, например, удобрений и/или воды. Таким образом, такие трансгенные растения можно использовать для обеспечения стабильного урожая при более низкой производственной себестоимости и/или в тяжелых условиях окружающей среды, таких как засуха. В некоторых вариантах состав растений, описанных в настоящем документе, обеспечивает их более эффективную переработку в свободные сахара и затем в этанол с целью производства энергии. В некоторых вариантах такие растения обеспечивают более высокий выход этанола, бутанола, диметилового эфира, других молекул биотоплива и/или полученных из сахара побочных продуктов на килограмм растительного материала по сравнению с контрольными растениями. При такой эффективной переработке из растения извлекаются в том числе материалы, содержащие глюкан, целлюлозу, гемицеллюлозу и лигнин. Обеспечивая более высокий выход по биомассе при эквивалентных или даже уменьшенных издержках производства, трансгенные растения, описанные в настоящем документе, повышают рентабельность фермерских хозяйств и перерабатывающих предприятий, а также снижают затраты потребителей.

Семена трансгенных растений, описанных в настоящем документе, можно приводить в определенное состояние и упаковывать в пакеты способами, известными в данной отрасли, для формирования изделия. Упаковочный материал, такой как

бумага и ткань, хорошо известны в данной отрасли. На пакете с семенами может быть маркировка, например этикетка или бирка, прикрепленная к упаковочному материалу, этикетка, напечатанная на упаковочном материале, или вложенная в пакет этикетка с описанием происхождения семян, находящихся в нем.

Далее изобретение будет далее описано на следующих примерах, которые не ограничивают объем изобретения, описанного в патентной формуле.

VIII. Примеры

Пример 1. Трансгенные растения риса

Применительно к трансформации риса используются следующие условные обозначения: T₀: растение, регенерированное из трансформированной культуры ткани; T₁: потомство первого поколения самоопыленных растений T₀; T₂: потомство второго поколения самоопыленных растений T₁; T₃: потомство третьего поколения самоопыленных растений T₂.

Ниже приведен перечень нуклеиновых кислот, выделенных из растений *Arabidopsis thaliana*: CeresAnnot: 544549 (SEQ ID NO: 262), CeresAnnot: 1355066 (SEQ ID NO: 116), CeresClone: 1356785 (SEQ ID NO: 252), CeresClone: 26006 (SEQ ID NO: 594), CeresClone: 4831 (SEQ ID NO: 76), CeresAnnot: 847799 (SEQ ID NO: 208) и CeresAnnot: 878355 (SEQ ID NO: 425). Приведенные ниже нуклеиновые кислоты выделены из растений *Zea mays*: CeresClone: 1384304 (SEQ ID NO: 553). Приведенные ниже нуклеиновые кислоты выделены из растений *Oryza sativa*: антисмысловая последовательность (SEQ ID NO: 678). CeresClone: 638126 (SEQ ID NO: 322) выделена из растений *Glycine max*.

Каждая изолированная нуклеиновая кислота, описанная выше, была клонирована в плазмидный вектор Ti, содержащий ген фосфинотрицин-ацетилтрансферазы, который передает трансформированным растениям устойчивость к гербициду Finale™. Конструкции составлялись с использованием вышеупомянутых нуклеиновых кислот, каждая из которых содержала в себе функционально связанный с ней промотор 326, введенный в клетки каллуса риса сорта Kitaake по протоколу агробактериальной трансформации. В результате каждой трансформации было получено

приблизительно 20–30 независимых трансгенных растений T_0 , в том числе для контрольной плазмиды (пустого вектора). Предварительный анализ фенотипа продемонстрировал, что трансформанты T_0 не показали каких-либо существенных фенотипических аномалий в вегетативных органах, за небольшими исключениями, когда некоторые растения оказались маленькими, с пониженной фертильностью, наиболее вероятно, вследствие воздействия культуры тканей.

Растения T_0 выращивались в теплице, что обеспечивало самоопыление и сбор семян T_1 . Растения T_1 и T_2 выращивались в поле. Наличие каждой конструкции подтверждалось ПЦР.

Перед весенним прорастанием семена риса вымачивались в течение 3–4 дней и приблизительно через один месяц пересаживались в поле в г. Лангфан, Китай. Расстояние между рядами составляло 25 см, расстояние между растениями составляло 15 см. Непосредственно перед посадкой было внесено комплексное удобрение (16N–16P–16K) из расчета 25 кг/му (666,7 м²). В период вегетации до развития метелки в два приема вносилась мочевины из расчета 12,5 кг/му.

В одном ряду на каждый трансгенный объект росло десять растений. Измерения выполнялись только в тех рядах, где визуально было заметно отличие от контрольных растений. Высота растений измерялась по достижении зрелости.

Данные измерений биомассы (сухая масса) SW00733, SW00710, SW00628, SW00604, SW00564, SW00469 и SW00536 снимались с выращенных растений T_1 . Стебли с листьями и листовыми влагалищами, но без метелок, высушивались в теплице не менее месяца, и затем производилось взвешивание каждого растения (все побеги каждого растения взвешивались вместе). Данные по измерениям SW00191, SW00297 и SW00319 снимались с выращенных растений T_2 .

Стебли с листьями и листовыми влагалищами, но с отделенными метелками высушивались в помещении не менее месяца, и затем производилось взвешивание каждого растения (все побеги каждого растения взвешивались вместе). Количество побегов подсчитывалось после 4 месяцев роста.

Пример 2. Результаты по объектам риса CW00733, Ceres Clone:1384304, (SEQ ID NO: 553)

Анализ семени T₁ от одного объекта CW00733, содержащего CeresClone: 1384304, проводился, как описано в примере 1. Высота растения, биомасса и масса метелки трансгенных растений T₁ в сравнении с растениями, не содержащими трансген и выращенными в том же месте, показаны в таблице 1. Данные каждой строки таблицы соответствуют ряду в поле. Данные результатов обработки представляют средние показатели по 10 трансгенным растениям (1 ряд одного объекта) и средние показатели 40 контрольных растений (4 ряда). Увеличение биомассы, высоты и массы метелки показано в сравнении с растениями, не содержащими трансген.

ТАБЛИЦА 1

Высота растения, см		Биомасса, г/растение		Масса метелки, г/растение	
Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное
72,41	80,30	16,70	27,45	21,56	28,89
				24,58	23,42

Высота растений (см), урожайность (измеряется в г/метелки 16 растений) и биомасса (измеряется в г только стебель (без соцветия или корня)) трансгенных растений T₂ CW00733 в сравнении с растениями, не содержащими трансген и выращенными (МАССА) в том же месте, показаны в таблице 2. Результаты по объектам CW00604 (пример 7) также показаны в таблице 2. Наблюдалось увеличение высоты и биомассы.

ТАБЛИЦА 2

Растения T2 от объектов CW00733 и CW00604

	Отчет	МАССА	CW00604	CW00733
Высота, см	Отчет I	80,3	81,3	85,0
	Отчет II	73,3	79,7	84,5
	Отчет III	77,2	79,1	82,9
	Средний	76,9	80,0	84,1

Урожайность	Отчет I	395,4	357,0	356,8
	Отчет II	385,0	324,0	348,5
	Отчет III	361,6	309,0	345,3
	Средний	380,7	330,0	350,2
Биомасса	Отчет I	16,6	24,8	19,3
	Отчет II	20,0	20,8	17,7
	Отчет III	16,6	19,8	19,7
	Средний	17,7	21,8	18,9

Пример 3. Результаты по объектам риса CW00319, Ceres Annot:544549 (SEQ ID NO: 262)

Анализ биомассы растений, выращенных из семян T₂ и T₃ от одного объекта CW00319, содержащего Ceres Annot: 544549, проводился, как описано в примере 1. Среднее количество биомассы трансгенных растений T₂ и T₃ в сравнении с растениями, не содержащими трансген и выращенными в том же месте, показано в таблице 3. Делянки с низким содержанием азота и контрольные делянки повторялись 3 раза по схеме рандомизированных блоков, при этом были представлены трансгенные растения в виде нескольких объектов и контрольные группы. Каждая делянка содержала 40 растений. По одному объекту CW00319 проводилось измерение десяти растений на каждой делянке. Каждое значение биомассы в таблице 3 представляет собой среднюю величину по 30 измеренным растениям. Результаты показывают увеличение измеренной биомассы у трансгенных растений, выращенных в условиях низкого содержания азота в сравнении с растениями, не содержащими трансген.

ТАБЛИЦА 3

Биомасса, г/растение (нормальное)		Биомасса, г/растение (низкое содержание азота)	
Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное
14,6	14,38	16,01	17,44

Пример 4. Результаты по объектам риса CW00710, Ceres Annot: 1355066, (SEQ ID NO: 116)

Анализ семени T₁ от одного объекта CW00710, содержащего Ceres Annot: 1355066, проводился, как описано в примере 1.

Высота растений, биомасса и масса метелки трансгенных растений T₁ в сравнении с растениями, не содержащими трансген и выращенными в том же месте, показаны в таблице 4. Данные в строках таблицы соответствуют ряду в поле. Данные результатов обработки представляют средние показатели по 10 трансгенным растениям (1 ряд одного объекта) и средние показатели 40 контрольных растений (4 ряда). Увеличение биомассы и высоты показано в сравнении с растениями, не содержащими трансген.

ТАБЛИЦА 4

Высота растения, см		Биомасса, г/растение		Масса метелки, г/растение	
Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное
72,20	85,60	14,51	24,15	19,38	18,70

Пример 5. Результаты по объектам риса CW00628 (SEQ ID NO: 678)

Анализ семени T₁ от одного объекта CW00628, содержащего РНК-интерференцию с SEQ ID NO: 678, проводился, как описано в примере 1. Высота растений, биомасса и масса метелки трансгенных растений T₁ в сравнении с растениями, не содержащими трансген и выращенными в том же месте, показаны в таблице 5. Данные в строках таблицы соответствуют ряду в поле. Данные результатов обработки представляют средние показатели по 10 трансгенным растениям (1 ряд одного объекта) и средние показатели 40 контрольных растений (4 ряда). Увеличение биомассы и высоты показано в сравнении с растениями, не содержащими трансген.

ТАБЛИЦА 5

Высота растения, см		Биомасса, г/растение		Масса метелки, г/растение	
Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное
75,30	81,60	15,92	29,96	24,53	20,38

Пример 6. Результаты по объектам риса CW00297, Ceres Clone:625057, (SEQ ID NO: 644)

Анализ биомассы растений, выращенных из семян T₂ и T₃ от одного объекта CW00297, содержащего Ceres Clone: 625057, проводился, как описано в примере 1. Среднее количество

биомассы трансгенных растений T₂ и T₃ в сравнении с растениями, не содержащими трансген и выращенными в том же месте, показаны в таблице 6. Делянки с низким содержанием азота и контрольные делянки повторялись 3 раза по схеме рандомизированных блоков, при этом были представлены трансгенные растения в виде нескольких объектов и контрольные группы. Каждая делянка содержала 40 растений. По одному объекту CW00297 проводилось измерение десяти растений на каждой делянке. Каждое значение биомассы в таблице 6 представляет собой среднюю величину по 30 измеренным растениям. Результаты показывают увеличение измеренной биомассы у трансгенных растений, выращенных в условиях нормального и низкого содержания азоте в сравнении с растениями, не содержащими трансген.

ТАБЛИЦА 6

Биомасса, г/растение (нормальное)		Биомасса, г/растение (низкое содержание азота)	
Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное
14,6	15,93	16,01	17,35

Пример 7. Результаты по объектам риса CW00604, Ceres Clone:1356785, (SEQ ID NO: 252)

Анализ семени T₁ от одного объекта CW00604, содержащего Ceres Clone: 1356785, проводился, как описано в примере 1. Высота растений, биомасса и масса метелки трансгенных растений T₁ в сравнении с растениями, не содержащими трансген и выращенными в том же месте, показаны в таблице 7. Данные каждой строки таблицы соответствуют ряду в поле. Данные результатов обработки представляют средние показатели по 10 трансгенным растениям (1 ряд одного объекта) и средние показатели 40 контрольных растений (4 ряда). Увеличение биомассы, высоты и массы метелки показано в сравнении с растениями, не содержащими трансген. Также наблюдалось увеличение высоты и биомассы у растений T₂. См. таблицу 2.

ТАБЛИЦА 7

Высота растения, см		Биомасса, г/растение		Масса метелки, г/растение	
Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное
72,53	81,25	16,40	28,68	22,21	29,91
73,70	82,30				

Пример 8. Результаты по объектам риса CW00564, Ceres Clone: 638126 (SEQ ID NO: 322)

Анализ семени T₁ от одного объекта CW00564, содержащего Ceres Clone: 638126, проводился, как описано в примере 1. Высота растений, биомасса и масса метелки трансгенных растений T₁ в сравнении с растениями, не содержащими трансген и выращенными в том же месте, показаны в таблице 8. Данные в строках таблицы соответствуют ряду в поле. Данные результатов обработки представляют средние показатели по 10 трансгенным растениям (1 ряд одного объекта) и средние показатели 40 контрольных растений (4 ряда). Увеличение биомассы, высоты и массы метелки показано в сравнении с растениями, не содержащими трансген.

ТАБЛИЦА 8

Высота растения, см		Биомасса, г/растение		Масса метелки, г/растение	
Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное
72,88	85,44	18,11	36,47	22,56	37,47

Высота растения (см), урожайность (измеряется в г/метелки 16 растений) и биомасса (измеряется в г только стебель (без соцветия или корня)) трансгенных растений T₂ CW00564 в сравнении с растениями, не содержащими трансген и выращенными (МАССА) в том же месте, показаны в таблице 9. Результаты по объектам CW00469 (пример 10) также показаны в таблице 9. Наблюдалось увеличение высоты, урожайности и биомассы.

ТАБЛИЦА 9

Растения T2 от объектов CW00564 и CW00469

	Отчет	МАССА	CW00469	CW00564
Высота, см	Отчет I	77,3	117,1	90,7
	Отчет II	76,9	117,7	91,5
	Отчет III	77,4	113,1	92,7
	Средний	77,2	115,9	91,6
Урожайность	Отчет I	356,9	426,0	406,8
	Отчет II	343,2	378,8	423,6
	Отчет III	366,7	398,0	-
	Средний	355,6	400,9	415,2
Биомасса	Отчет I	17,1	29,7	25,2
	Отчет II	15,1	26,5	25,1
	Отчет III	14,6	27,1	24,4
	Средний	15,6	27,7	24,9

Пример 9. Результаты по объектам риса CW00010, Ceres Clone: 26006 (SEQ ID NO: 594)

Анализ семени T₁ от трех объектов CWCW00010, содержащих Ceres Clone: 26006, проводился, как описано в примере 1. Высота растений, биомасса, количество побегов, период цветения и масса метелки трансгенных растений T₁ в сравнении с растениями, не содержащими трансген и выращенными в том же месте, показаны в таблицах 10, 11 и 12. Данные результатов обработки представляют средние показатели по 10 трансгенным растениям (1 ряд одного объекта) и средние показатели 40 контрольных растений (4 ряда). Увеличение биомассы, высоты, количества побегов и массы метелки показано в сравнении с растениями, не содержащими трансген.

ТАБЛИЦА 10

Объект 1

	Процентное увеличение	Значение p	Количество измеренных растений
Биомасса	9	0,307	11
Высота растения	7	0,028	11
Количество побегов	27	0,002	10
Период цветения	10	0,048	11
Масса метелки	16	0,012	39

ТАБЛИЦА 11

Объект 17

	Процентное увеличение	Значение p	Количество измеренных растений
Высота растения	3	0,004	7
Количество побегов	34		1
Масса метелки	4	0,591	7

ТАБЛИЦА 12

Объект 2

	Процентное увеличение	Значение p	Количество измеренных растений
Высота растения	2	0,007	15
Количество побегов	27	0,013	10
Масса метелки	16	0,011	14

Пример 10. Результаты по объектам риса CW00469, Ceres Clone: 4831 (SEQ ID NO: 76)

Анализ семени T₁ от одного объекта CW00469, содержащего Ceres Clone: 4831, проводился, как описано в примере 1. Высота растений, биомасса и масса метелки трансгенных растений T₁ в сравнении с растениями, не содержащими трансген и выращенными в том же месте, показаны в таблице 13. Данные в строках таблицы соответствуют ряду в поле.

Данные результатов обработки представляют средние показатели по 10 трансгенным растениям (1 ряд одного объекта) и средние показатели 40 контрольных растений (4 ряда). Увеличение биомассы, высоты и массы метелки показано в сравнении с растениями, не содержащими трансген. Увеличение высоты, урожайности и биомассы показано у растений T₂ (см. таблицу 9).

ТАБЛИЦА 13

Высота растения, см		Биомасса, г/растение		Масса метелки, г/растение	
Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное
76,54	112,22	25,44	56,06	32,63	62,70

Пример 11. Результаты по объектам риса CW00536, Ceres Annot: 847799, (SEQ ID NO: 208)

Анализ семени T₁ от 16 объектов CW00536, содержащего Ceres Annot: 847799, проводился, как описано в примере 1. Высота растений и масса метелки трансгенных растений T₁ в сравнении с растениями, не содержащими трансген и выращенными в том же месте, показана в таблицах 14 и 15. Данные результатов обработки представляют средние показатели по 16 объектам с 15 трансгенным растениями на каждый объект и средние показатели нескольких сотен контрольных растений. Увеличение высоты и массы метелки показано в сравнении с растениями, не содержащими трансген.

ТАБЛИЦА 14

Масса метелки, г/растение			
Контрольное	Коэффициент Стьюдента	Трансгенное	Коэффициент Стьюдента
17,916	2,181	20,854	3,419

ТАБЛИЦА 15

Высота растения, см	
Объект	Процентное увеличение по сравнению с контрольным
CW00536-03	7,79
CW00536-05	5,66
CW00536-11	8,71
CW00536-12	8,47
CW00536-20	8,77

Пример 12. Результаты по объектам риса SR05004, CW00191, CeresAnnot: 878355 (SEQ ID NO: 425)

Анализ биомассы растений, выращенных из семян T₂ и T₃ от одного объекта CW00191, содержащего Ceres Annot: 878355, проводился, как описано в примере 1. Среднее количество биомассы трансгенных растений T₂ и T₃ в сравнении с растениями, не содержащими трансген и выращенными в том же месте, показаны в таблице 16. Делянки с низким содержанием азота и контрольные делянки повторялись 3 раза по схеме рандомизированных блоков, при этом были представлены трансгенные растения в виде нескольких объектов и контрольные группы. Каждая делянка содержала 40 растений. По одному объекту CW00191 проводилось измерение десяти растений в каждой делянке. Каждое значение биомассы в таблице 16 представляет собой среднюю величину по 30 измеренным растениям. Результаты показывают увеличение измеренной биомассы у трансгенных растений, выращенных в условиях нормального и низкого содержания азота в сравнении с растениями, не содержащими трансген.

ТАБЛИЦА 16

Биомасса, г/растение (нормальное)		Биомасса, г/растение (низкое содержание азота)	
Контрольное	Трансгенное	Контрольное	Трансгенное
14,6	16,75	16,01	19,64

Пример 13. Определение функциональных гомологов с помощью программы Reciprocal BLAST

Отбираемая последовательность рассматривалась как функциональный гомолог эталонной последовательности, если отбираемая и эталонная последовательности, которые кодировали белки, выполняли аналогичную функцию и/или действие. Для определения потенциальных последовательностей функциональных гомологов в базах данных всех общедоступных и запатентованных пептидных последовательностей, в том числе всего банка данных Национального центра биотехнологической информации, а также синтеза пептидов из клонов Ceres, использовался так называемый процесс Reciprocal BLAST (двусторонний процесс поиска с помощью программы BLAST) (Rivera *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 95:6239-6244 (1998)).

Перед запуском процесса Reciprocal BLAST был произведен поиск специфического эталонного полипептида по всем полипептидам из исходных видов с использованием средства поиска основного локального выравнивания (BLAST) с целью определения полипептидов, имеющих идентичность последовательности согласно программе BLAST 80% или более по отношению к эталонному полипептиду и длину выравнивания 85% или больше вдоль более короткой последовательности в линии. Эталонный полипептид и прочие упомянутые выше идентифицированные полипептиды были обозначены как кластер.

Для определения в банке данных идентичности последовательностей и значения E была использована программа BLASTP версии 2.0 Вашингтонского университета, Сент-Луис, штат Миссури, США. Параметры программы BLASTP версии 2.0 следующие: 1) предельное значение E: 1.0e-5; 2) разрядность: 5; 3) опция - postsw. Идентичность последовательностей согласно программе

BLAST вычислялась, исходя из выравнивания первых BLAST HSP (пар сегментов с максимальным сходством), идентифицированных потенциальных последовательностей функциональных гомологов с конкретным эталонным полипептидом. Число однозначно совпавших остатков при выравнивании BLAST HSP (пар сегментов с максимальным сходством) делилось на длину HSP и затем умножалось на 100 для получения идентичности последовательностей BLAST. Длина пар сегментов с максимальным сходством (HSP) обычно включала разрывы в последовательности, однако в некоторых случаях разрывы исключались.

Основной процесс Reciprocal BLAST состоит из двух этапов: поиска в банке данных с помощью программы BLAST в прямом направлении и поиска в обратном направлении. Во время поиска в прямом направлении производилось сравнение эталонной последовательности полипептида - «полипептида А» из исходных видов SA со всеми белковыми последовательностями из представляющего интерес вида. Максимальные совпадения определялись с использованием предельного значения E 10^{-5} и предельного значения идентичности последовательности 35%. Среди максимальных совпадений последовательность с наименьшим значением E обозначалась как лучшее совпадение и рассматривалась как потенциальный функциональный гомолог или ортолог. Любое другое максимальное совпадение, при котором идентичность последовательности была 80% или более по отношению к лучшей последовательности или к эталонному полипептиду, также рассматривалось как потенциальный функциональный гомолог или ортолог. Данный процесс повторялся для всех представляющих интерес видов.

Во время поиска в обратном направлении производилось сравнение максимальных совпадений, обнаруженных при поиске в прямом направлении, из всех видов, со всеми белковыми последовательностями из исходных видов SA. Максимальное совпадение из результатов поиска в прямом направлении, которое возвращало полипептид из вышеупомянутого кластера как лучшее совпадение, также рассматривалось как потенциальный функциональный гомолог.

Функциональные гомологи идентифицировались путем проверки вручную последовательностей потенциальных функциональных гомологов. Репрезентативные функциональные гомологи последовательностей SEQ ID NO: 554, 263, 117, 1, 645, 253, 323, 595, 77, 209 и 426 показаны, соответственно, на фиг. 1-11. Дополнительные примеры гомологов взаимосвязаны с определенными фигурами в перечне последовательностей.

Пример 14. Определение функциональных гомологов с помощью скрытой марковской модели

Скрытые марковские модели (НММ) создавались программой HMMER 2.3.2. Для создания каждой модели НММ использовались параметры программы HMMER 2.3.2 по умолчанию, сконфигурированные для глобального выравнивания.

Модель НММ создавалась с использованием в качестве входных данных последовательностей, показанных на фиг. 1. Данные последовательности согласовывались с моделью, а репрезентативный показатель НММ для каждой последовательности показан в перечне последовательностей. Дополнительные последовательности согласовывались с моделью, а репрезентативные показатели НММ для каких-либо дополнительных последовательностей показаны в перечне последовательностей. Результаты показали, что данные дополнительные последовательности являются функциональными гомологами последовательности SEQ ID NO: 554.

Указанная выше процедура была повторена, и была создана модель НММ для каждой группы последовательностей, показанных на фиг. 2-11, с использованием последовательностей, показанных на каждом чертеже в качестве входных данных для этой модели НММ. Репрезентативный показатель по каждой последовательности показан в перечне последовательностей. Дополнительные последовательности согласовывались с определенными моделями НММ, а репрезентативные показатели НММ для таких дополнительных последовательностей показаны в перечне последовательностей. Результаты показывают, что данные дополнительные последовательности являются функциональными гомологами последовательностей, использованных для создания данной модели

НММ.

Другие варианты

Следует понимать, что хотя описание изобретения дано в сочетании с его полным описанием, вышеизложенное описание предназначено для иллюстрации и не ограничивает объем изобретения, который определяется объемом прилагаемой формулы изобретения. Прочие аспекты, преимущества и модификации находятся в пределах следующей формулы изобретения.

СПИСОК ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ

<110>

<120> ТРАНСТЕННЫЕ РАСТЕНИЯ, ИМЕЮЩИЕ УВЕЛИЧЕННУЮ БИОМАССУ

<130> 11696-260W01

<160> 697

<210> 1

<211> 235

<212> белок

<213> *Oryza sativa*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (32)..(83)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 550,1 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<400> 1

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

Ala Pro Ser Pro Pro Ala Val Thr Ala Asn Lys Ala Ala Ala Phe Asp
210 215 220

Leu Asp Leu Asn Arg Pro Pro Pro Val Glu Asn
225 230 235

<210> 2

<211> 246

<212> белок

<213> Triticum aestivum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (32)..(83)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 84795244

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 566,8 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 2

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

Leu Gly Leu Gly Leu Gly Gly Gly Val Gly Val Val Ala Gly Gly Ala
20 25 30

His Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu
35 40 45

Ile Arg Asp Pro Ala Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly Thr Tyr Asp
50 55 60

Thr Ala Glu Glu Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Thr Ala Ala Arg Glu Phe
65 70 75 80

Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Phe Pro Ser Ser Ser Ser
85 90 95

Ser Ser Pro Val Ala Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ser Pro Ser Ser Asp
100 105 110

Ser Thr Leu Asp Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Cys Ala Gln Ala
115 120 125

Pro Met Gln Ala Ile Pro Leu Pro Pro Ala Leu Asp Leu Asp Leu Phe
130 135 140

His Arg Ala Ala Ala Val Thr Ala Val Ala Gly Gly Gly Met Arg Phe
145 150 155 160

Pro Phe Asn Gly Tyr Pro Val Ala Pro Arg Gln Pro Met His Pro Tyr
165 170 175

Phe Phe Tyr Glu Gln Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Gly Tyr
180 185 190

Arg Ala Leu Lys Val Ala Gln Pro Val Thr Val Ala Ala Val Ala Arg
195 200 205

Ser Asp Ser Asp Ser Ser Ser Val Val Asp Leu Ser Pro Ser Pro Pro
210 215 220

Ala Val Thr Ala His Lys Ala Val Ala Phe Asp Leu Asp Leu Asn Arg
225 230 235 240

Pro Pro Pro Ser Glu Asp
245

<210> 3
<211> 1052
<212> ДНК
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1725396

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 4

<400> 3
agactccata caccaccct ctctacgcgc agctcctcgc tgaaccggaa caccgcaca 60
cacacgccac ttggacacca tggcgccccg ggcggcggac aagtcgccgg tgccgccggc 120
caccggcctc ggtctcggcg tcggcgggtgc cgtcggaggc ctgggcatgg gcccgcacta 180
caggggcgtg cggaagcgc cgtggggggcg gtacgccgcg gagatccgcg acccgccaa 240
gaagagccgc gtgtggctgg gaacgtacga caccgccgag gaggccgcc gcgcctacga 300
cgctgccgcg cgcgacttcc gcggcgccaa ggccaagacc aacttcccgt tcgcgtccca 360
gtgccccgtc gccgccggcg ccggcgcccg cagccccagc agcaactgca ccgtggaatc 420
gcgcgagggc ggcagcggct acggcgcca ggcgccatg caggccatgc cgctgcccc 480
ggcctcgat ctgatctct tccaccgggc ggcggccgtg accgcggtct cccccggcgg 540
catgcggttt cccttcaaag ggtaccctgt cgcgcgcccc accccgaacc cctacttctt 600
ctacgaacag gcggcagcgg ccgcggccgc ggcggccggc taccggatgc tcaaggctgc 660
cccgccgccg gtcaccgtgg ccgccgtcgc gcagagcgac tccgactcct cgtcgggtgg 720
tgatcgacc ccttcgccgc ccgcggttgc cgcaaaaaag gaggtctcct tcgatctgga 780
tctgaactgg ccgccgccgg cggagaacta gccacacca ccagagtttt tagctgacga 840
cttcgtagtt tctctttcct ttttgccttg aggaatatta cttctgttat ttttttttgg 900
tcctctagcc tgtagttttg ttcagtagcc tgtgagagac ggagaagcct gtgtacatag 960

tttttccgcc agaggacgga attgatctgt tgctttccca ccccataaac cataaacgca 1020

aaaaaaaaaa catcacattt gaatggttct ag 1052

<210> 4

<211> 243

<212> белок

<213> *Panicum virgatum*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (32)..(83)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1725396

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 585,0 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 4

Met Ala Pro Arg Ala Ala Asp Lys Ser Pro Val Pro Pro Ala Thr Gly
1 5 10 15

Leu Gly Leu Gly Val Gly Gly Ala Val Gly Gly Leu Gly Met Gly Pro
20 25 30

His Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu
35 40 45

Ile Arg Asp Pro Ala Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly Thr Tyr Asp
50 55 60

Thr Ala Glu Glu Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Ala Ala Ala Arg Asp Phe
65 70 75 80

Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Phe Ala Ser Gln Cys Pro
85 90 95

Val Ala Ala Gly Ala Gly Ala Gly Ser Pro Ser Ser Asn Cys Thr Val
100 105 110

Glu Ser Arg Gly Gly Gly Ser Gly Tyr Gly Val Gln Ala Pro Met Gln
115 120 125

Ala Met Pro Leu Pro Pro Ala Leu Asp Leu Asp Leu Phe His Arg Ala
130 135 140

Ala Ala Val Thr Ala Val Ser Pro Gly Gly Met Arg Phe Pro Phe Lys
145 150 155 160

Gly Tyr Pro Val Ala Arg Pro Thr Pro Asn Pro Tyr Phe Phe Tyr Glu
165 170 175

Gln Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Gly Tyr Arg Met Leu Lys
180 185 190

Val Ala Pro Pro Pro Val Thr Val Ala Ala Val Ala Gln Ser Asp Ser
195 200 205

Asp Ser Ser Ser Val Val Asp Arg Thr Pro Ser Pro Pro Ala Val Ala
210 215 220

Ala Lys Lys Glu Val Ser Phe Asp Leu Asp Leu Asn Trp Pro Pro Pro
225 230 235 240

Ala Glu Asn

<210> 5
<211> 729
<212> ДНК
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8669118

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 6

<400> 5
atggcgcccc ggggtggcgga caagtcgccg ttgccgccgg ccaccggcct cggactgggc 60
gttggcggag tagtcggagg cgtgggcatg ggcccacact acagaggcgt gagaaagcgg 120
ccgtggggac gtttcgccgc tgagatccgc gaccctgccca agaaaagccg cgtgtgggcta 180
ggcacgtacg acacggccga ggaggccgcc aaggcctacg acgccgccgc ccgcgagttc 240
cgaggcgcca aggccaagac gaacttcccg ttcccgtctc agtgcgccgt cgccgccggc 300
ggtgctggca gccctgcag caacagcacc gttgactcga gcggcggcgc cagcggctgt 360
gccgtccagg cgcctatgca ggccatgccg ctgcctccgg ccctcgatct cgatctcttc 420
catcggggcg ccgccgtgaa cgcggtcacc gcaggcgga tgcggtttcc gttcaagggc 480
taccctgctg cgcgtccaac cccgcaccag tacttcttct acgaacaggc cgccgcagcc 540
gctgcccgcg cggccgggta ccgatgctt aaggtggccc caccgccggt caccgtggcc 600
gccgtcgcgc agagtgattc ggactcctcg tctgtggttg atcacacccc ttcgcctccc 660
gcggtgacgg caaagaagga ggtgggcttc gagctggatc tgaactggcc gccgccggca 720
gagaactag 729

<210> 6
<211> 242
<212> белок
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак

<222> (32)..(83)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8669118

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 594,1 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 6

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

Leu Gly Leu Gly Val Gly Gly Val Val Gly Gly Val Gly Met Gly Pro
20 25 30

His Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Phe Ala Ala Glu
35 40 45

Ile Arg Asp Pro Ala Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly Thr Tyr Asp
50 55 60

Thr Ala Glu Glu Ala Ala Lys Ala Tyr Asp Ala Ala Ala Arg Glu Phe
65 70 75 80

Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Phe Pro Ser Gln Cys Ala
85 90 95

Val Ala Ala Gly Gly Ala Gly Ser Pro Cys Ser Asn Ser Thr Val Asp
100 105 110

Ser Ser Gly Gly Ala Ser Gly Cys Ala Val Gln Ala Pro Met Gln Ala
115 120 125

Met Pro Leu Pro Pro Ala Leu Asp Leu Asp Leu Phe His Arg Ala Ala
130 135 140

Ala Val Asn Ala Val Thr Ala Gly Gly Met Arg Phe Pro Phe Lys Gly
145 150 155 160

Tyr Pro Val Ala Arg Pro Thr Pro His Gln Tyr Phe Phe Tyr Glu Gln
165 170 175

Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Gly Tyr Arg Met Leu Lys Val
180 185 190

Ala Pro Pro Pro Val Thr Val Ala Ala Val Ala Gln Ser Asp Ser Asp
195 200 205

Ser Ser Ser Val Val Asp His Thr Pro Ser Pro Pro Ala Val Thr Ala
210 215 220

Lys Lys Glu Val Gly Phe Glu Leu Asp Leu Asn Trp Pro Pro Pro Ala
225 230 235 240

Glu Asn

<210> 7
 <211> 994
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 280241

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 8

<400> 7
 aagacgcaat acacatacac cccctcttgc ccacaccacc tcgctgaacc ggaagacccg 60
 cacacacacg ccacttgtag accatggcgc cccgggtggc ggacaagtcg cctctaccgc 120
 cggccaccgg cctggggctg ggcgttggcg gaggagtcgg aggcgtgggc atgggcccgc 180
 actacagagg cgtgaggaag cgtccatggg gacgctacgc cgccgagatc cgcgaccctg 240
 cсааgааааg ccgсgtgtgg ctсggсacgt acgacacggc cgaggaggcc gccаaggсgt 300
 acgattccgc cgcccgcgag ttccgaggcg cсаaggссаа gacgаacttc ccgttccccct 360
 cccagtgtct cgtcgcctcc gttgctgccg gtagcgctag tagcaacagc accgtggatt 420
 cgagcgggtg cggtagcggc tgtggcatcc aggcgcctat gcaggccatg ccgcttctct 480
 cggctctcga tctcgacctc ttccatcggg cggccgccgt gaacgcagtc tccaccggca 540
 tgсggtttcc gttcaagggc tатсctgtcg cctgcccгac gccacagcag tactttttct 600
 acgagcaggc agcggcccgcg gctgcccgcg catccggata ccggatgctc aaggtcgccc 660
 caccggccgt gactgtggcc gcggtgggcg agagcgactc cgactcgtcg tctgtggttg 720
 atcactcccc ttcgcctccc gcggtgacgg аааасаaggт gggcttcgаа ctggatctga 780
 actggcccc gccggcagag aactaggcag gccgaagttt ttggctgacg acttagtagc 840
 ttctttttcc cttttgcctt catcaggaat gttacttgty gttgtttggt cctgtatggc 900
 tgtattcttg ttctgtagac тааgаgatgg ggagtcttgt ааататтттт tttccgтсга 960
 gacgгааatg аactgаgatc tgttcgтctg tccg 994

<210> 8
 <211> 240
 <212> белок
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (32)..(83)
 <223> Название Pfam: AP2
 Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 280241

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 586,0 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 8
Met Ala Pro Arg Val Ala Asp Lys Ser Pro Leu Pro Pro Ala Thr Gly
1 5 10 15
Leu Gly Leu Gly Val Gly Gly Gly Val Gly Gly Val Gly Met Gly Pro
20 25 30
His Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu
35 40 45
Ile Arg Asp Pro Ala Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly Thr Tyr Asp
50 55 60
Thr Ala Glu Glu Ala Ala Lys Ala Tyr Asp Ser Ala Ala Arg Glu Phe
65 70 75 80
Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Phe Pro Ser Gln Cys Ser
85 90 95
Val Ala Ser Val Ala Ala Gly Ser Ala Ser Ser Asn Ser Thr Val Asp
100 105 110
Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Cys Gly Ile Gln Ala Pro Met Gln Ala
115 120 125
Met Pro Leu Pro Pro Ala Leu Asp Leu Asp Leu Phe His Arg Ala Ala
130 135 140
Ala Val Asn Ala Val Ser Thr Gly Met Arg Phe Pro Phe Lys Gly Tyr
145 150 155 160
Pro Val Ala Cys Pro Thr Pro Gln Gln Tyr Phe Phe Tyr Glu Gln Ala
165 170 175
Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Gly Tyr Arg Met Leu Lys Val Ala
180 185 190
Pro Pro Ala Val Thr Val Ala Ala Val Ala Gln Ser Asp Ser Asp Ser
195 200 205
Ser Ser Val Val Asp His Ser Pro Ser Pro Pro Ala Val Thr Glu Asn
210 215 220
Lys Val Gly Phe Glu Leu Asp Leu Asn Trp Pro Pro Pro Ala Glu Asn
225 230 235 240

<210> 9
<211> 805
<212> ДНК
<213> Musa acuminata

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1712594

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 10

<400> 9
atcgcggaaa ccgaaacaga gggagaggat cgaacagtcg aaagaaaggc gtgtgagctt 60
ggttcctttt ccatggctcc aagggggaag ctcagcaccg tcgccgacgg tgaaggggaa 120
gagatgctgt tccgaggggt gaggaagcgg ccgtggggcc ggtacgccgc cgagatacgc 180
gaccccagca agaagaccsc agtctggctc ggtaccttcg acaccgcaga ggaggccgcc 240
agagcctacg acaacgccgc ccgcgatttc cgcggcgcca aggccaagac caacttcgcc 300
ttctcagacg cctgcagcag ccccagcgcg gtcccggctg cactggcag cccagtagc 360
cagagcagca ccgtggaatc ctcagggcgc gaggtggctg cggcggcggt gcctccactc 420
gctgttccgc tcccaccctc cctcgatctg ggcctcctct accgcggcgg aaccggcggt 480
cgcttcccct ttcagtcata cccaaccgcc gccccgctcg cccagcagtt ctttttctctg 540
gacgcaaagt cggccacgaa taaccgccag ctggcccttt gcccgccgat gttcgtcgcc 600
tgcttccagc cgccgcccgc cgtggccctg cagagcgact ccgactctc ctccgtcgta 660
gatctccacc cggactatcg ctctcctcct ccgcaggcga aggcgttccc tctcgttttc 720
gacctcaacc tcctccgcc ggaggagatc gtgtgactcg gaagccgtca gaccgtcccc 780
caaactcttc cactcctctg atatc 805

<210> 10
<211> 227
<212> белок
<213> Musa acuminata

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (18)..(69)
<223> Название Pfam: AP2
Описание Pfam: домен AP2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1712594

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 504,5 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 10

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

<210> 11
 <211> 222
 <212> белок
 <213> Glycine max

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (24)..(75)
 <223> Название Pfam: AP2
 Описание Pfam: домен AP2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 190361125

<220>
 <221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 519,9 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 11

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

<210> 12

<211> 239

<212> белок

<213> *Stylosanthes hamata*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (19)..(70)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 4099921

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 540,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 12

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

Lys Glu Val His Phe Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr
20 25 30

Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly
35 40 45

Thr Phe Asp Thr Ala Glu Asp Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Ala Ala Ala
50 55 60

Arg Glu Phe Arg Gly Pro Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Phe Pro Asp
65 70 75 80

Ser Asp Asp Ile Asn Ser Asn Asn Asn Asn Ile Val Val Val Lys Asn
85 90 95

Asn Asn Arg Ser Pro Ser Gln Ser Ser Thr Val Glu Ser Ser Ser Arg
100 105 110

Asp Arg Asp Ser Tyr Ser Ala Ala Ala Ala Thr Ala Val Ala Asp
115 120 125

Ser Ser Pro Leu Asp Leu Asn Leu Ala Pro Ala Gly Ala Gly Phe Ala
130 135 140

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

Gly Met Pro Ala Ala Lys Gln Ala Leu Tyr Leu Asp Ala Val Leu Arg
165 170 175

Ala Ser Met Ala Ser His Gly Gln Phe Gly Phe Gly Tyr Asn Arg Pro
180 185 190

Ala Ala Ala Ala Ala Gly Ala Gln Ser Asp Ser Asp Ser Ser Ser Val
195 200 205

Ile Asp Leu Asn Gln Asn Glu Gly Asp Val Ala Lys Asn Asn Gly Arg
210 215 220

Gly Leu Val Leu Asp Leu Asn Glu Pro Pro Pro Gln Glu Met Ala
225 230 235

<210> 13

<211> 220

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак
<222> (20)..(71)
<223> Название Pfam: AP2
Описание Pfam: домен AP2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 147844573

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 510,1 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (81)..(81)
<223> Xaa означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (88)..(88)
<223> Xaa означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<400> 13

Met Ala Pro Arg Asp Lys Pro Thr Gly Val Thr Ala Gly Ala Thr Gly
1 5 10 15

Asn Lys Glu Ile Arg Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg
20 25 30

Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu
35 40 45

Gly Thr Phe Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Ala Ala
50 55 60

Ala Arg Glu Phe Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Ser Pro
65 70 75 80

Xaa Asp Leu Ala Ala Ala Ala Xaa Thr Thr Ala Asn Arg Ser Pro Ser
85 90 95

Gln Ser Ser Thr Val Glu Ser Ser Ser Arg Glu Ala Leu Ser Pro Gly
100 105 110

Ala Ile Ala Gly Pro Pro Ala Leu Asp Leu Asn Leu Ser His Pro Ala
115 120 125

Ala Ala Gly Gln Phe Ser Ala Val Arg Tyr Pro Ala Val Gly Val Phe
130 135 140

Pro Ile Ala Gln Pro Leu Phe Phe Phe Glu Pro Phe Ser Arg Pro Glu
145 150 155 160

Lys Pro Lys Thr His Arg Asp Met Phe Asp Leu Asp Arg Ala Val Ala
165 170 175

Asp Phe His Pro Ala Ile Ala Gly Ser Val His Ser Asp Ser Asp Ser
180 185 190

Ser Ser Val Val Asp Phe Asn Tyr His Asp Arg Ser Thr Arg Leu Leu
195 200 205

Asn Leu Asp Leu Asn His Pro Pro Ala Glu Val Ala
210 215 220

<210> 14

<211> 258

<212> белок

<213> *Jatropha curcas*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (29)..(80)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 67906426

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 587,1 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 14

Met Glu Ser Lys Asn Arg Lys Trp Leu Gln Glu Arg Ser Asn Ser Thr
1 5 10 15

Gly Asn Asn Leu Asn Gln Asn Ser Asn Thr Ala Glu Thr Arg Tyr Arg
20 25 30

Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp
35 40 45

Pro Gly Lys Lys Thr Arg Val Trp Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Glu
50 55 60

Glu Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Ala Ala Ala Arg Glu Phe Arg Gly Ser
65 70 75 80

Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Thr Val Thr Glu Leu Asn Asn Ala Ala
85 90 95

Ala Ala Ala Val Ala Ala Gly Ala Val Thr Val Ala Arg Ser Pro Ser
100 105 110

Gln Ser Ser Thr Val Glu Ser Ser Ser Pro Thr Pro Pro Arg Ala Ala
115 120 125

Ser Pro Pro Pro Pro Leu Asp Leu Thr Leu Asn Ile Pro Ser His Gln
130 135 140

His His His Leu Arg His Gly His Phe Pro Thr Gly Val Ile Phe Pro
145 150 155 160

Gly Gly Ala Trp Ile Ser Leu Ala Ala Glu Ala His Pro Val Phe Phe
 165 170 175
 Phe Asp Ala Phe Ser Val Gln Gly Glu Ser Asn Asn Asn Asn Lys Asn
 180 185 190
 Asn Ile Ile Asn Asn Asn Lys Ile His Ser Lys Asn Ile Asn Leu Cys
 195 200 205
 Arg Leu Asp Arg Thr Val Met Val Ser Ser Gly Val His Ser Asp Ser
 210 215 220
 Asp Ser Ser Ser Val Val Val Asp Tyr Asp His Asp Arg Ser Pro Cys
 225 230 235 240
 Asn Lys Gly Leu Ser Leu Asp Leu Asp Leu Asn Phe Pro Pro Ala Glu
 245 250 255
 Val Ala

<210> 15
 <211> 225
 <212> белок
 <213> *Nicotiana tabacum*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (25)..(76)
 <223> Название Pfam: AP2
 Описание Pfam: домен AP2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 57012757

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 527,9 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 4

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

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

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

Phe
225

<210> 16
 <211> 235
 <212> белок
 <213> *Oryza sativa* subsp. *indica*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (32)..(83)
 <223> Название Pfam: AP2
 Описание Pfam: домен AP2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 56567583

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 545,8 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 4

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 16
 Met Ala Pro Arg Ala Ala Thr Val Glu Lys Val Ala Val Ala Pro Pro
 1 5 10 15
 Thr Gly Leu Gly Leu Gly Val Gly Gly Gly Val Gly Ala Gly Gly Pro
 20 25 30
 His Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu
 35 40 45

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

<210> 17

<211> 246

<212> белок

<213> Triticum aestivum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (32)..(83)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 84795246

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 560,2 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 17

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

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

<210> 18

<211> 247

<212> белок

<213> Triticum aestivum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (32)..(83)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 84795248

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 552,7 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 18

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

<210> 19

<211> 1072

<212> ДНК

<213> *Panicum virgatum*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1805203

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 20

<400> 19

```
atacсссаса cacacсссса ccctctctgc cctgagctct tcgccgaacc ggaacgcccg 60
cacaccсacg ccacttgtac accatggcgc cccgggсggc gcacaagtcg ccggtgccgc 120
cggccaccгg cctcgggtctc ggcgctcgtc gtggcgтggg catgggcccг cacttcaggg 180
gсgtgсggaa gcgcccгtgг gggсggtagc ccгсggagat ccгсgaccсг gccaagaaga 240
gccгсgtctg gcttggсacг tacgacacгг ccгaggagгс cгcccгсгсс tacgacгссг 300
ccгсгсгсга gttccгсггс gccaaggcca agaccaactt cccгttcгсг tccaagtгсс 360
ccгtcгссгс cггсгссггс agccccagca gcaacagсac cгtgгagtcг gгсггagггсг 420
gсггсгггctg cггсгtccag гсгсctatgc tggccatгсс gctгсссссг gссctcгatc 480
tcgatctctt ccгссгггсг гсггссгtга ccгсггtctc cccсггсггс atгсггtttc 540
ccttcaaagg gtaccctgtc гсгсгсссга cccсгаaccс ctacttctac gaacaggtгг 600
ccгсггссгс cгссгсгггс tccггctacc гgatгctcaa гgtcгссссг cгссггtca 660
ccгсггссгс cгtcгсгсгag агсгactccг actcctcгtc гgtггtсгat cacaccсctt 720
cгссгсссгс гgttaccгсг aagaaggagg tctccttcга tctгgгatctg aactггссгс 780
cгссггсгга gaactagcca caccagagtt ttagctгac gacttcгtag tttctctttc 840
ctttttгссt cгaggaatat tacttctгtt gttttttгг tcctctagcc tgtagttttt 900
gttcagtagc ctгсгagaga cгgaggagcc tgtgтаaata gtttttссгс cгagggгсгга 960
attgatctга gatctгttcг tctгtctaga cagatcaaac cггсгctгat atггagтаaa 1020
ttatgtacta ctagtatttc attccattag catcaagсгг atattattat tc 1072
```

<210> 20

<211> 237

<212> белок

<213> *Panicum virgatum*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (29)..(80)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1805203

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 558,6 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 20

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

<210> 21

<211> 864

<212> ДНК

<213> Zea mays

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 101497672

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 22

<400> 21
 tcgctgtacc agaagacccg cacacacacg ccacttgtat taccatggcg ccccggtgg 60
 cggacaagtc gccgctaccg ccggccaccg gcctggggct gggcgttggc ggaggagtcg 120
 gggcgctggg catgggcccg cactacagag gcgtgaggaa gcgtccatgg ggacgctacg 180
 ccgccgagat ccgcgaccct gccaaagaaa gccgtgtgtg gctcggcacg tacgacacgg 240
 ccgaggaggc cgccaaggcg tacgattccg ccgcccgcga gttccgaggc gccaaaggcca 300
 agacgaactt cccgttcccc tcccagtgtc ccgtcgcctc cgttgctgcc ggtagcgcta 360
 gtagcaacag caccgtggat tcgagcggtg gcggtagcgg ctgtggcatc caggcgccta 420
 tgcaggccat gccgcttcc tccggctytcg atctcgrcct cttccatcgg gcggccgccc 480
 tgaacgcagt ctccccggc atgcggtttc cgttcaaggc ctatcctgtc gcctgcccga 540
 cgccccagca gtactttttc tacgagcagg cagcggccgc ggctgcccgc gcatccggat 600
 accggatgct caaggtcgtc cccccggccg tgactgtggc cgcggttgcg cagagcgact 660
 ccgactcgtc gtctgtgggt gatcactccc cttcgcctcc cgcggtgacg gaaaacaagg 720
 tgggcttcga actggatctg aactggcccc cgccggcaga gaactaggca ggccggagtt 780
 tttggctgac gacttagtag cttctttttc ctttttgctc tcatcaggaa tgttacttgt 840
 ggttgtttgg tcctgtatgg ctgt 864

<210> 22
 <211> 240
 <212> белок
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (32)..(83)
 <223> Название Pfam: AP2
 Описание Pfam: домен AP2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 101497672

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 569,4 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 4

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (135)..(135)
 <223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (138)..(138)

<223> Xaa означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<400> 22

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

Leu Gly Leu Gly Val Gly Gly Gly Val Gly Gly Val Gly Met Gly Pro
20 25 30

His Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu
35 40 45

Ile Arg Asp Pro Ala Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly Thr Tyr Asp
50 55 60

Thr Ala Glu Glu Ala Ala Lys Ala Tyr Asp Ser Ala Ala Arg Glu Phe
65 70 75 80

Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Phe Pro Ser Gln Cys Ser
85 90 95

Val Ala Ser Val Ala Ala Gly Ser Ala Ser Ser Asn Ser Thr Val Asp
100 105 110

Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Cys Gly Ile Gln Ala Pro Met Gln Ala
115 120 125

Met Pro Leu Pro Pro Ala Xaa Asp Leu Xaa Leu Phe His Arg Ala Ala
130 135 140

Ala Val Asn Ala Val Ser Pro Gly Met Arg Phe Pro Phe Lys Gly Tyr
145 150 155 160

Pro Val Ala Cys Pro Thr Pro Gln Gln Tyr Phe Phe Tyr Glu Gln Ala
165 170 175

Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Gly Tyr Arg Met Leu Lys Val Ala
180 185 190

Pro Pro Ala Val Thr Val Ala Ala Val Ala Gln Ser Asp Ser Asp Ser
195 200 205

Ser Ser Val Val Asp His Ser Pro Ser Pro Pro Ala Val Thr Glu Asn
210 215 220

Lys Val Gly Phe Glu Leu Asp Leu Asn Trp Pro Pro Pro Ala Glu Asn
225 230 235 240

<210> 23

<211> 1059

<212> ДНК

<213> Zea mays

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 224845

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 24

<400> 23

ctagacgccca cacacacaca tcgcttctcc acacgacctc gctgaaccgg aagaccgca 60

```

cacacacgcc acttgtgcac catggcgccc cgggtggcgg acaagtcgcc attgccgctg 120
gccaccggcc tgaagctggg cgtaggcgga ggcatgggcc tgggtccaca ctaccgaggc 180
gtgaggaagc ggccgtgggg acgttacgcc gcggagatcc gcgaccagc caagaagagt 240
cgcgtgtggc tgggcacgta cgacacggcc gaggaggccg ccaaggccta cgacgtcgcc 300
gcccgcgagt tccgtggcgc caaggccaag actaacttcc cgttccccct cgccgtcgcc 360
gtcgccgtcg ccggcgggtgc tggtagcccc agcagcgaca gcaccacctt ggaatcgagc 420
tgtggcggca gcgggtgtgg cgtcgaagcg cctgtgcagg cggccatgcc gctgaccccc 480
gccctcgacc tcgatctctt ccaccgggcg gccgccgtca gcgcggtcac caccggcggc 540
atgccctttc cgttcaaggc cttccccgtc gtgcgcccga cccacatca gtacttctc 600
tacaatcagg ccgcggcggc cgcggcagcc gggtagagga tggtaaggc cgccctcagc 660
ccagtcaccg tagccgccgt cgcgcagagc gactccgact cctcgtctgt ggttgatcgc 720
acctgttcgc ctcccgcggg gacggcaaag aaggaggcca gcttcgaact ggatctgaac 780
tggccgcccg cggcagagaa ctagtgcac cggagttttc agctgacgac tttgcagttt 840
cctttttccc ttttggcctt catcaggaat tgtagttag ctctgggtgt ttggctcttt 900
ttttttcttg catgtagagt gtagactatg atatgggtgga gccttgtaca tagtactgta 960
gtgttttttt tttccgccga gacggagtag atctgttcgt gtgtctggac agatcaaacc 1020
ggcgttgata tgggctttaa accatggagc atgttgatt 1059

```

```

<210> 24
<211> 240
<212> белок
<213> Zea mays

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (29)..(80)
<223> Название Pfam: AP2
        Описание Pfam: домен AP2

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 224845

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 487,2 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

```

```

<400> 24
Met Ala Pro Arg Val Ala Asp Lys Ser Pro Leu Pro Leu Ala Thr Gly
1           5           10           15

```


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

<210> 25

<211> 236

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (36)..(87)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 115464685

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 429,0 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 25

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

<210> 26

<211> 1065

<212> ДНК

<213> Zea mays

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1287030

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 27

<400> 26

```

aaaaatccca gacgccacgc cacccaacac atacaaacac acgcacgcgc gcgcgcgcgc 60
ctcccgtgtg tccgcaaaac aaaggaaacg aaggagagga ggccatggcg ccgagaacgt 120
cagagaaaac catggcaccg gcggcgcccg ctgccacggg gctcgcgctc agcgtcggcg 180
gcggcgccgg ggccggcggc ccgcactaca gaggcgtgag gaagcggccg tggggccggt 240
acgcggcgga gatccgcgac ccggcgaaga agagccgggt gtggctcggc acctacgaca 300
cggccgagga cgccgcgcg gcctacgacg ccgccgcgcg cgagtaccgc ggcgccaagg 360
ccaagaccaa cttcccttac ccctcgtgcg tgcccctctc cgcagccggt tgccggagca 420
gcaacagcag caccgtcgag tccttcagca gcgacgcgca ggcgcccatt caggccatgc 480
cgctcccggc gtcgctcgag ctggacctgt tccaccgcgc ggcggccgcg gccacgggca 540
cgggcgctgc cgccgtacgc ttccctttcg gcagcatccc cgttacgcac ccgtactact 600
tcttcgggca ggccgcagcc gcagccgcg aagcaggggt ccgtgtgctc aagctggcgc 660
cggcggtcac cgtggcgcag agcgactccg actgttcgct ggtagtggat ctgtcgcctg 720
cgccaccggc cgctgtgtcg gcgaggaagc ccgccgcggt cgatctcgac ctgaactgct 780
caccgccgac ggaggcggaa gcctagtcgt cgaagctttt aatgactgtc tgtcttctta 840
gttctttctt ctctttttc tcgagggaaa ttcggtaact ctaagctgag agacgctctc 900
ctccgacaga cgacgtcgac gacgggcatt tttgtaaata gtttttgcg cgggaccttt 960
ttagtttatg atgaaagctg tattgtcacc gaagacaggt cctgccggcg ttgttatgga 1020
ccggattact atattatatt atgcactact agtattttga tagcc 1065

```

```

<210> 27
<211> 233
<212> белок
<213> Zea mays

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (33)..(84)
<223> Название Pfam: AP2
        Описание Pfam: домен AP2

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1287030

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 386,2 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

```

```

<400> 27
Met Ala Pro Arg Thr Ser Glu Lys Thr Met Ala Pro Ala Ala Ala Ala
1           5           10           15

```

Ala Thr Gly Leu Ala Leu Ser Val Gly Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly
20 25 30

Pro His Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala
35 40 45

Glu Ile Arg Asp Pro Ala Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly Thr Tyr
50 55 60

Asp Thr Ala Glu Asp Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Ala Ala Ala Arg Glu
65 70 75 80

Tyr Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Tyr Pro Ser Cys Val
85 90 95

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

Ser Phe Ser Ser Asp Ala Gln Ala Pro Met Gln Ala Met Pro Leu Pro
115 120 125

Pro Ser Leu Glu Leu Asp Leu Phe His Arg Ala Ala Ala Ala Ala Thr
130 135 140

Gly Thr Gly Ala Ala Ala Val Arg Phe Pro Phe Gly Ser Ile Pro Val
145 150 155 160

Thr His Pro Tyr Tyr Phe Phe Gly Gln Ala Ala Ala Ala Ala Glu
165 170 175

Ala Gly Cys Arg Val Leu Lys Leu Ala Pro Ala Val Thr Val Ala Gln
180 185 190

Ser Asp Ser Asp Cys Ser Ser Val Val Asp Leu Ser Pro Ser Pro Pro
195 200 205

Ala Ala Val Ser Ala Arg Lys Pro Ala Ala Phe Asp Leu Asp Leu Asn
210 215 220

Cys Ser Pro Pro Thr Glu Ala Glu Ala
225 230

<210> 28

<211> 774

<212> ДНК

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8733383

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 29

<400> 28

atggcgccga gaacgtcaga gaaaacgatg acaccggcgg cggcggctgc cgccacgggg 60

ctcgcgctta gcgtcagcgg cggagccgga gccagcggcc cgcacttcag aggcgtcagg 120

aagcggccgt ggggccggta cgccgcggag atccgcgacc cggccaagaa gagccgcggtg 180

tggctcggca cgttcgacac ggccgaggag gctgcgcggg cctacgacgc cgccgcgcgc 240
 gactaccgcg gcccaaaggc caagaccaac ttccctttcc cttcgtcgtg catgccactc 300
 gccgccggcg ccggcgccgg cagcttgctt gcggcgaagg ccgtcaccgg tggcggcggc 360
 agccggagca gcaacagcag caccgtcgag tctttcagca gcggcagcga cgtgcaggcg 420
 gcgcccattgc aggccatgcc gctcccaccg tctctggagc tcgacctggt ccaccgcgcg 480
 gcggctgcgg gcacggggcac gggcggcgcc gccgtacggt tccctttcaa cagctacccc 540
 gtgacgcacc cgtactattht cttcgggagc gccgctgctg ccgcggcggc aggggtgccac 600
 atgctcaagc tggcaccgac ggtgaccgtg gcggccgtgg cgcagagcga ctccgactcc 660
 tcgtcggtcg tggatctgtc gccatcgccg ccggccgccc tgtcgacgca gaaggccgcc 720
 gccgcgttcg atcttgacct gaactgccca ccgccggcgg agatggaggc ctag 774

<210> 29

<211> 257

<212> белок

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (34)..(85)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8733383

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 425,4 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 29

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

Ala Ala Thr Gly Leu Ala Leu Ser Val Ser Gly Gly Ala Gly Ala Ser
 20 25 30

Gly Pro His Phe Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala
 35 40 45

Ala Glu Ile Arg Asp Pro Ala Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly Thr
 50 55 60

Phe Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Ala Ala Ala Arg
 65 70 75 80

Asp Tyr Arg Gly Pro Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Phe Pro Ser Ser
 85 90 95

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

Ala

<210> 30
 <211> 236
 <212> белок
 <213> Triticum aestivum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (36)..(87)
 <223> Название Pfam: AP2
 Описание Pfam: домен AP2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 84795240

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 405,9 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 4

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 30
 Met Ala Pro Arg Thr Ser Asp Lys Thr Ala Thr Pro Pro Ala Ala Gly
 1 5 10 15
 Ala Ala Ala Thr Gly Leu Ala Leu Gly Val Gly Gly Gly Asn Gly Gly
 20 25 30

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

<210> 31

<211> 1048

<212> ДНК

<213> *Panicum virgatum*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1806017

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 32

<400> 31

aagcctagac gccaccccct cctcccctac acacacgccg caggcgcgcg cctcccgcac 60
 aaaggaaaag aacgaggcca tggcgccgag aacgtcggag aaaacgatgg caccggcggc 120
 gtccccgggg ctcgcgctcg gcgtcggcgg cggcggcggc ccgcacttcc gcggcgctcag 180
 gaagcgcccc tggggccggt tcgcgggcgg gatccgcgac ccggccaaga agagccgctt 240
 gtggctcggc acgttcgaca cggccgagga ggccgcgcgg gcctacgacg ccgcccgcg 300

cgagtaccgc ggcgccaagg ccaagaccaa cttcccctac ccttcgtcgg cgtccgtgcc 360
 cccggccgcc accgccggca gccggagcgg cgacagcagc accgtggagt ccttcggcgg 420
 cgacgtgcag gcgcccattgc aggccatgcc gctgcccggc tcgctcgagc tggacctggt 480
 ccaccgcgcg gcggccgcgg gcgcccggcg cggcgtgcgc ttcccgttca gcggctaccc 540
 cgtgacgcac ccctactaca tcttcagcca ggccgcccgg gccgcccggc cggggtgcca 600
 catgcagctg aagctgccgc cgacggtgac cgtggcggcc gtggtgcaaa gcgactccga 660
 ctctcgtcg gtcgtggacc tgtcgccgcc gccgctcgcc gccgcccggg cggcgaagaa 720
 ggctccgcg ttcgatctcg atctgaactc cccgcccggc gcggaggcgg aggcctagta 780
 gccggagttt agctgatgac tggcactagt tcctttcttc gtttcttctc tcgccttttt 840
 cccctagaag aaacttggct gtatgtttac gcgtaggccc tctctcttac cagaccagag 900
 agggaggaca tttttgtaaa tagtttttcc gccggggatc taagctctag ctgatgataa 960
 aaaaaaagc tgtattgtca tccaagacag gtctcgccgg cgttgtcatg gaccggatta 1020
 tattaattaa ttaagtgttt tgatagtc 1048

<210> 32
 <211> 232
 <212> белок
 <213> *Panicum virgatum*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (28)..(79)
 <223> Название Pfam: AP2
 Описание Pfam: домен AP2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1806017

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 405,8 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 4

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 32
 Met Ala Pro Arg Thr Ser Glu Lys Thr Met Ala Pro Ala Ala Ser Pro
 1 5 10 15
 Gly Leu Ala Leu Gly Val Gly Gly Gly Gly Gly Pro His Phe Arg Gly
 20 25 30
 Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Phe Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro
 35 40 45
 Ala Lys Lys Ser Arg Leu Trp Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Glu Glu
 50 55 60

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

<210> 33
 <211> 236
 <212> белок
 <213> Triticum aestivum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (36)..(87)
 <223> Название Pfam: AP2
 Описание Pfam: домен AP2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 84795242

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 404,0 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 4

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 33
 Met Ala Pro Arg Thr Ser Asp Lys Thr Ala Thr Pro Pro Ala Ala Gly
 1 5 10 15

Ala Ala Ala Thr Gly Leu Ala Leu Gly Val Gly Gly Gly Asn Gly Gly
20 25 30

Gly Val Gly Thr His Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg
35 40 45

Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Ala Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu
50 55 60

Gly Thr Tyr Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Ala Ala
65 70 75 80

Ala Arg Glu Tyr Arg Gly Asn Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Phe Ala
85 90 95

Ser Ala Ser Ala Pro Pro Ala Ala Ala Ala Leu Thr Gly Asp Gly
100 105 110

Ser Arg Ser Ser Asn Ser Ser Thr Val Glu Ser Phe Gly Gly Asp Val
115 120 125

Gln Ala Pro Met Gln Ala Met Pro Leu Pro Pro Ser Leu Glu Leu Asp
130 135 140

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

Pro Phe Ser Gly Tyr Pro Val Ser His Pro Tyr Tyr Phe Phe Gly Gln
165 170 175

Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Gly Cys His Met Tyr Ser Gln Ala Pro
180 185 190

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

Val Val Asp Leu Ala Pro Ser Pro Pro Thr Arg Lys Pro Val Pro Phe
210 215 220

Asp Leu Asp Leu Asn Cys Pro Pro Pro Ala Glu Leu
225 230 235

<210> 34

<211> 240

<212> белок

<213> Triticum aestivum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (37)..(88)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 84795238

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 404,4 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 34

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

<210> 35

<211> 778

<212> ДНК

<213> *Musa acuminata*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1733772

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 36

<400> 35

gagaaagtag agagagaaga cggactcctt gctgtggcgc tacgagagaa cccgatggcc 60
ggcggcggtg ggagagctgg cgggtggagga agagcagggg ggaaggagac ccattaccga 120
ggggtgagga agcggccttg ggggaggtac gctgctggaga tacgggaccc ggggaagaag 180
agccgggtct ggctcgggac ctttgacacg gccgaggagg ccgcgcgggc atacgatgcc 240
gccgcccggc agttccgtgg atccaaggcc aagaccaact tccccaccc ggaggcgtac 300
acgaggccgg gcccgccgg agtcgtcgcg atcgcgacce cggcgggcggg tggcggcgagc 360
cccagcagcc agagcagcac ggtggagtcc tccagccgcg aggtgccgcc actcgcgatc 420
cctctcccgc cctcgtcga ctttgatctc ctccgcccgc gcgtcgcgcg gttcccattc 480
cagccctacc ccgcggtcgc cgccccagcc atgccggcat cccgcccgtg ctgcctcttc 540
gacacgatcg tcggatccga gaaggcgtcg gcggcggtgt ccatgaaccg ccgcccgttt 600
tgcccgtcca tgatcatcgc cgatatgcac gctccaacgg ccagcggcgt tttgagcgat 660
tccgactcct actccgtcgc cgacgtcgc ctcaaccacc gttccgggg gccgcacaag 720
atgctgacgc tcgatttaga tctcaacctg ccccctccac ccgagatcgc ctgatgtg 778

<210> 36

<211> 239

<212> белок

<213> *Musa acuminata*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (19)..(70)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1733772

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 341,7 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 36

Met Ala Gly Gly Gly Arg Ala Gly Gly Gly Gly Arg Ala Gly Gly
1 5 10 15

Lys Glu Thr His Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr
20 25 30

Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly
35 40 45

Thr Phe Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Ala Ala Ala
50 55 60

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

<210> 37

<211> 220

<212> белок

<213> *Vitis aestivalis*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (20)..(71)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 37625037

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 513,7 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 37

Met Ala Pro Arg Asp Lys Pro Thr Gly Val Thr Ala Gly Ala Thr Gly
 1 5 10 15

Asn Lys Glu Ile Arg Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg
 20 25 30

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

<210> 38

<211> 249

<212> белок

<213> *Vitis aestivalis*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (19)..(70)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 37625035

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 392,3 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 38

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

<210> 39

<211> 249

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (19)..(70)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 147805535

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 389,4 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 39

Met Ala Pro Lys Glu Lys Val Ala Gly Val Lys Pro Ser Ala Asn Ala
1 5 10 15

Lys Glu Val His Phe Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr
20 25 30

Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly
35 40 45

Thr Phe Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala Lys Ala Tyr Asp Ser Ala Ala
50 55 60

Arg Glu Phe Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Leu Val Ser
65 70 75 80

Glu Asn Leu Asn Asn Asn Asn Gln Ser Pro Ser Gln Ser Ser Thr Val
85 90 95

Glu Ser Ser Ser Arg Glu Gly Phe Ser Pro Ala Leu Met Val Asp Ser
100 105 110

Ser Pro Leu Asp Leu Asn Leu Leu His Gly Gly Gly Val Gly Val Gly
115 120 125

Val Gly Val Gly Val Gly Ala Ala Ala Gly Tyr Ala Thr Ala Leu Arg
130 135 140

Phe Pro Phe Gln His His Gln Phe Gln Val Ser Ser Pro Ser Pro Ala
145 150 155 160

Ala Gly Ile Val Pro Thr Gly Gly Leu Pro Ala Ala Asn His Leu Phe
165 170 175

Tyr Phe Asp Ala Met Leu Arg Thr Gly Arg Val Asn Gln Asp Phe Gln
180 185 190

Arg Leu Arg Phe Asp Arg Ala Ala Ser Asp Phe Arg Ala Ala Leu Thr
195 200 205

Gly Gly Val Gln Ser Asp Ser Asp Ser Ser Ser Val Val Asp Leu Asn
210 215 220

His Asn Asp Leu Lys Pro Arg Ala Arg Val Leu Ile Asp Leu Asp Leu
225 230 235 240

Asn Arg Pro Pro Pro Pro Glu Ile Ala
245

<210> 40

<211> 227

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (19)..(70)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157358724

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 387,3 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 40

Met Ala Pro Lys Glu Lys Val Ala Gly Val Lys Pro Ser Ala Asn Ala
1 5 10 15

Lys Glu Val His Phe Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr
20 25 30

Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly
35 40 45

Thr Phe Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala Lys Ala Tyr Asp Ser Ala Ala
50 55 60

Arg Glu Phe Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Leu Val Ser
65 70 75 80

Glu Asn Leu Asn Asn Asn Asn Gln Ser Pro Ser Gln Ser Ser Thr Val
85 90 95

Glu Ser Ser Ser Arg Glu Gly Phe Ser Pro Ala Leu Met Val Asp Ser
100 105 110

Ser Pro Leu Asp Leu Asn Leu Leu His Gly Gly Gly Val Gly His His
115 120 125

Gln Phe Gln Val Ser Ser Pro Ser Pro Ala Ala Gly Ile Val Pro Thr
130 135 140

Gly Gly Leu Pro Ala Ala Asn His Leu Phe Tyr Phe Asp Ala Met Leu
145 150 155 160

Arg Thr Gly Arg Val Asn Gln Asp Phe Gln Arg Leu Arg Phe Asp Arg
165 170 175

Ala Ala Ser Asp Phe Arg Ala Ala Leu Thr Gly Gly Val Gln Ser Asp
180 185 190

Ser Asp Ser Ser Ser Val Val Asp Leu Asn His Asn Asp Leu Lys Pro
195 200 205

Arg Ala Arg Val Leu Ile Asp Leu Asp Leu Asn Arg Pro Pro Pro Pro
210 215 220

Glu Ile Ala
225

<210> 41
<211> 238
<212> белок
<213> *Stylosanthes hamata*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (23)..(74)
<223> Название Pfam: AP2
Описание Pfam: домен AP2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 4099914

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 486,6 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 41

Met Ala Pro Arg Glu Lys Thr Pro Ala Val Lys Val Asn Gly Lys Ser
1 5 10 15

Asn Ala Gly Val Lys Glu Val His Phe Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro
20 25 30

Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys Lys Ser Arg
35 40 45

Val Trp Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Glu Asp Ala Ala Arg Ala Tyr
50 55 60

Asp Ala Ala Ala Arg Glu Phe Arg Gly Pro Lys Ala Lys Thr Asn Phe
65 70 75 80

Pro Phe Pro Asp Ser Asp Asp Ile Asn Asn Asn Asn Ile Val Val Val
85 90 95

Lys Asn Asn Asn Arg Ser Pro Ser Gln Ser Ser Thr Val Glu Ser Ser
100 105 110

Ser Arg Asp Arg Asp Ser Tyr Ser Ala Ala Ala Ala Thr Ala Val Ala
115 120 125

Asp Ser Ser Pro Leu Asp Leu Asn Leu Ala Pro Gln Glu Leu Asp Ser
130 135 140

Pro Asp Pro Phe Gly Ser His Ser Thr Gln Pro Phe Ala Val Phe Pro
145 150 155 160

Gly Gly Met Pro Ala Ala Lys Gln Ala Leu Tyr Leu Asp Ala Val Leu
165 170 175

Arg Ala Ser Met Ala Ser His Gly Gln Phe Gly Phe Gly Tyr Asn Arg
180 185 190

Pro Ala Ala Ala Gly Ala Gln Ser Asp Ser Asp Ser Ser Ser Val Ile
195 200 205

Asp Leu Asn Gln Asn Glu Gly Asp Val Ala Lys Asn Asn Gly Arg Gly
210 215 220

Leu Val Leu Asp Leu Asn Glu Pro Pro Pro Gln Glu Met Ala
225 230 235

<210> 42
<211> 681
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1520029

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 43

<400> 42
atggctccta gaaaagatc taacaacaac aacagcccca acagccctag atcggagatc 60
cgtttttagag gcgtcaggaa gagaccatgg ggacgttatg cagctgagat cagagaccga 120
ggcaagaaaa cgaggggttg gctggggcact tttgatactg ctgaagagggc cgcccgtgca 180
tacgatgcgg ctgctcgtga attccgcgga gccaaagcca aaactaattt ccctacaatc 240
ggcagctta atcccaacc cagcgcagc cctagccaaa gcagcactgt cgagtcctcc 300
tccccaccgc cccacgcgc cgcttctcct ccaccaccac tcgacctcac tcttaacatt 360
tcccgccata aaccgaccg ccagcctttt cccaatggag ttagttttcc aggaggcgcg 420
tggtttccat tcctgctgt tgcgcgtccc gttttcttct tcgacgcggt tgctcacgcg 480
aagaatgata ttctaaca taatagtata gtgaataata ttaacatgtg caggtttgat 540
cgaacggtga tggatgaatgg aggtggggcc cagagtgatt cggattcatc atcagtcgtc 600
gattacgatc atcgtcgtga tagtaaggga ttgtcacttg atcttgatct taacctggcc 660
ccaccaccgg aagtctcgtg a 681

<210> 43
<211> 226
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (20)..(71)
<223> Название Pfam: AP2
Описание Pfam: домен AP2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1520029

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 366,0 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 43

Met Ala Pro Arg Glu Arg Ser Asn Asn Asn Asn Ser Pro Asn Ser Pro
1 5 10 15

Arg Ser Glu Ile Arg Phe Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg
20 25 30

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

Gly Thr Phe Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Ala Ala
50 55 60

Ala Arg Glu Phe Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Thr Ile
65 70 75 80

Gly Glu Leu Asn Pro Asn Pro Thr Arg Ser Pro Ser Gln Ser Ser Thr
85 90 95

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

Pro Leu Asp Leu Thr Leu Asn Ile Ser Arg His Lys Pro Asp Arg Gln
115 120 125

Pro Phe Pro Asn Gly Val Ser Phe Pro Gly Gly Ala Trp Phe Pro Phe
130 135 140

Pro Ala Val Ala Arg Pro Val Phe Phe Phe Asp Ala Phe Ala His Ala
145 150 155 160

Lys Asn Asp Ile Pro Asn Asn Asn Ser Ile Val Asn Asn Ile Asn Met
165 170 175

Cys Arg Phe Asp Arg Thr Val Met Val Asn Gly Gly Gly Ala Gln Ser
180 185 190

Asp Ser Asp Ser Ser Ser Val Val Asp Tyr Asp His Arg Arg Asp Ser
195 200 205

Lys Gly Leu Ser Leu Asp Leu Asp Leu Asn Leu Ala Pro Pro Pro Glu
210 215 220

Val Ser

225

<210> 44

<211> 983

<212> ДНК

<213> Zea mays

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1065091

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 45

<400> 44
aattatcaca ccactctctc cctctcctcc tttatatttt agttatggcc aagattgggt 60
tgaaacccga tccagttaac aataatgcca aggagattcg ttacagaggc gttaggaaga 120
ggccatgggg ccgttatgcc gcggagatcc gagatccggg taagaaaacc cgggtctggc 180
ttggtacttt cgataccgcc gaagaggcgg cgcgtgctta cgatgcccgg gcgctgatt 240
tccgaggggc caaggctaag accaatttcc ccaattttct cgagctgagt gagaagatgc 300
cggctgccgg cggcggtttc gagcgtagcc caagccagag cagcacctt gactgctgatt 360
ctctccggc ggcggttacg ccggcgagtg ctgggattgt tccgccgcag ctcgagcttc 420
gcctcggcgg ctatcagatc ccgatggcgc gtcctattta ctttttggac gttatgggag 480
taggcaacgg aggtcgtgct cagcctccgg tggcgtcagc ttttaggtcg ccggtggctt 540
gtgtggctca gagcgactct gattcgtcgt cggttgttga tttcgaagggt gtgatggaga 600
agagatctca gctgtttgat ctagatctaa acttgtctcc tccgtcggaa caggcctgaa 660
cttatcgaag gtggtcgtgg tcgtgttcat ttccgacgg catgctgttt ttttttgttt 720
gggagctgag agaattcgta ttctcgttag ttttttattc tctctcactc tagaataatt 780
attattatcg gtttaaaaaa aaaaagttta tcgggagaga gaatataatt ttagctgaca 840
tggatcgta tgtacatatt attacataac tggagatctg aacttttggt gtgtgctttt 900
ttgcgacttg gtttcacctt gttgttctc tatctgtagc ctttaatttt gttattgcaa 960
atattatc aataatttgg tga 983

<210> 45
<211> 204
<212> белок
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (18)..(69)
<223> Название Pfam: AP2
Описание Pfam: домен AP2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1065091

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 263,9 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 45

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

<210> 46

<211> 1144

<212> ДНК

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1793792

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 47

<400> 46

atctcaacc cacacataaa taccctttta ccaaaggaga acattaaaac atagcccaac 60
tcttcgtttt cttcaagcgg aaaacagaaa actgaggctt tcccttctca aatggcaccg 120
agggagaaaa cggcggccgt caagggtact gggaataata acgaggttca tttcagagga 180
gtaaggaagc gtccatgggg gcgttacgct gctgagatca gagatccagg gaagaagagc 240

```

cgtgtttggc taggaacctt tgatacggcc gaggaagcag ccagagccta cgacgccgcc 300
gctaggggaat ttcgcggcgc caaggccaag actaattttc cggtcacctg tgagaatctc 360
agcaaaggta ataactgtaa aagtaatggt aacaacaacc accatagccc tagccagagt 420
agcaccgtgg aatcctcgag ccgtgagccg gcgctcatgg tagactcttc gcctttagat 480
ctcaacctcg tacaagggtga ggcggttact ggttacgtgc ctacggctgt tagatttctt 540
ttccagcaag cttcaccggt gccatatatt gcgggcccga aagttttcta ctttgaaccg 600
ttcgttcggc ctggtgcagt gaaaggacac ccatttcaac ggtttggatt cgatcatcat 660
gatcttcatg cgacgtttaa tgggtgtaca agcgactctg actcatcatc cgtcgttgat 720
ttgaaccacc acgagggtcaa gtcgcgcccg cttctcaata tcgatctcaa ccaacctgcc 780
gtgccggaaa ttgcctgatt tatttttttaa tattcgcaga tcgtcaaagc ggaaaggcaa 840
aaaagaaaaa cgagttttttt aaaatttcgt tgtttaaaca taactttctt agcagtcccg 900
aggaaatatic gaaggtagat tttagagaaa atgagacccc aaaaaaaaaa aaagagataa 960
atttacggca acagctgtga tattttgatg tgatctatcg tggcaatcga atggcccaga 1020
ttatgtgat agttagctca agaactcctt ttttgcagca gataaacatc agttttgtct 1080
gttgttttta taactaatta ctgtaatttt tcctctctat gaattaagca caacaagttt 1140
cctt 1144

```

```

<210> 47
<211> 228
<212> белок
<213> Gossypium hirsutum

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (19)..(70)
<223> Название Pfam: AP2
        Описание Pfam: домен AP2

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1793792

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 366,9 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

```

```

<400> 47
Met Ala Pro Arg Glu Lys Thr Ala Ala Val Lys Gly Thr Gly Asn Asn
1           5           10           15
Asn Glu Val His Phe Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr
          20           25           30

```

Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly
35 40 45

Thr Phe Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Ala Ala Ala
50 55 60

Arg Glu Phe Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Val Pro Cys
65 70 75 80

Glu Asn Leu Ser Lys Gly Asn Asn Cys Lys Ser Asn Gly Asn Asn Asn
85 90 95

His His Ser Pro Ser Gln Ser Ser Thr Val Glu Ser Ser Ser Arg Glu
100 105 110

Pro Ala Leu Met Val Asp Ser Ser Pro Leu Asp Leu Asn Leu Val Gln
115 120 125

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

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

Phe Glu Pro Phe Val Arg Pro Gly Ala Val Lys Gly His Pro Phe Gln
165 170 175

Arg Phe Gly Phe Asp His His Asp Leu His Ala Thr Phe Asn Gly Val
180 185 190

Gln Ser Asp Ser Asp Ser Ser Ser Val Val Asp Leu Asn His His Glu
195 200 205

Val Lys Ser Arg Pro Leu Leu Asn Ile Asp Leu Asn Gln Pro Ala Val
210 215 220

Pro Glu Ile Ala
225

<210> 48
<211> 930
<212> ДНК
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1619220

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 49

<400> 48
gaagcctaca tatacagcac tactctctga tcagtttttt cttggtctcc gaatcacaaa 60
ctcttcgaaa aaactaacat taatggctcc gagggatc ataatagatcta acgttggtgt 120
tgccggagga tccaaccgga cccgtaaaga gatccgatac cgcggcgtga ggaagcggcc 180
gtggggccgc tacgcccgcg agatccgcga tcccggcaag aagacgcgcg tctggctagg 240
aacgttcgac accgcccgagg aggcggcgcg tgcgtacgat gcggcggcgc gtgagttccg 300

cggcgcaaag gctaagacca atttccccac ccacgcggag ctgacgcacg cggcgggcgcg 360
 tagccccagc cagagcagca cgttggattc gtcctctccc ccgacgccgc cgttggacct 420
 cactcttgcc gcccactcg ccgccggtgg cgcgttggtg ttcccagtgg cgcggcccgt 480
 ggtcttcttc gacgcggttc agcgtgccga ggtgcgcgcg tcgttcgatc ttcccgtggc 540
 ggcgttcagc gactcggact cgtccacggt catggattac gagcggggct cacgtcggag 600
 agtgttggat cttgacctta atgtccctcc tccgcccgag gttgcctgaa ccggaaaaaa 660
 gatccggttt tttcgcagct cggtttttct ctctctatct gaggtagtgg cgattatcaa 720
 tttatcgtag tagctgacac ggtgctagag tttatgtaaa tatattataa atagattaca 780
 attaacaaa caaaaagaa aaagcaggct tatgtttttt tttctctatt ctgctttttt 840
 ttttcctttt cgcaaaggaa gaaggaattt cttacctcac tgttgcccgg tgatgttaac 900
 tttttatata tataatgccca tttctatata 930

<210> 49
 <211> 188
 <212> белок
 <213> Glycine max

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (24)..(75)
 <223> Название Pfam: AP2
 Описание Pfam: домен AP2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1619220

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 283,9 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 4

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 49
 Met Ala Pro Arg Asp Ile Asn Arg Ser Asn Val Val Val Ala Gly Gly
 1 5 10 15
 Ser Asn Pro Thr Arg Lys Glu Ile Arg Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg
 20 25 30
 Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys Lys Thr
 35 40 45
 Arg Val Trp Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala Arg Ala
 50 55 60
 Tyr Asp Ala Ala Ala Arg Glu Phe Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr Asn
 65 70 75 80

Phe Pro Thr His Ala Glu Leu Thr His Ala Ala Ala Arg Ser Pro Ser
85 90 95
Gln Ser Ser Thr Leu Asp Ser Ser Ser Pro Pro Thr Pro Pro Leu Asp
100 105 110
Leu Thr Leu Ala Ala Pro Leu Ala Ala Gly Gly Ala Leu Val Phe Pro
115 120 125
Val Ala Arg Pro Val Val Phe Phe Asp Ala Phe Glu Arg Ala Glu Val
130 135 140
Arg Ala Ser Phe Asp Leu Pro Val Ala Ala Phe Ser Asp Ser Asp Ser
145 150 155 160
Ser Thr Val Met Asp Tyr Glu Arg Gly Ser Arg Arg Arg Val Leu Asp
165 170 175
Leu Asp Leu Asn Val Pro Pro Pro Pro Glu Val Ala
180 185

<210> 50

<211> 227

<212> белок

<213> *Nicotiana sylvestris*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (25)..(76)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 57012875

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 505,6 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 50

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

Met Glu Ser Ser Ser Gly Glu Thr Gly Ile His Ala Pro Pro His Ala
100 105 110

Pro Leu Glu Leu Asp Leu Thr Arg Arg Leu Gly Ser Val Ala Ala Asp
115 120 125

Gly Gly Asp Asn Cys Arg Arg Ser Gly Glu Val Gly Tyr Pro Ile Phe
130 135 140

His Gln Gln Pro Thr Val Ala Val Leu Pro Asn Gly Gln Pro Val Leu
145 150 155 160

Leu Phe Asp Ser Leu Trp Arg Pro Gly Val Val Asn Arg Pro Gln Pro
165 170 175

Tyr His Val Met Pro Met Ala Met Gly Phe Asn Gly Val Asn Ala Gly
180 185 190

Val Asp Pro Thr Val Ser Asp Ser Ser Ser Val Val Glu Glu Asn Gln
195 200 205

Tyr Asp Gly Lys Arg Gly Ile Asp Leu Asp Leu Asn Leu Ala Pro Pro
210 215 220

Thr Glu Phe
225

<210> 51

<211> 211

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (16)..(67)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 147811787

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 301,8 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (55)..(55)

<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<400> 51

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

His Phe Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu
20 25 30

Ile Arg Asp Pro Thr Lys Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly Thr Phe Asp
35 40 45

Thr Ala Glu Glu Ala Ala Xaa Ala Tyr Asp Ala Ala Ala Arg Glu Phe
50 55 60

Arg Gly Ser Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Leu Pro Asn Glu Val Leu
65 70 75 80

Pro Phe Pro Asn Thr Asp Asn Leu Thr Arg Ser Pro Ser Pro Ser Ser
85 90 95

Thr Val Glu Ser Ser Ser Pro His Ala Pro Leu Glu Leu Asp Leu Thr
100 105 110

Arg Arg Leu Gly Ser Ser Asp Gly Gly Phe Pro Phe His Tyr Gln Pro
115 120 125

His Val Val Asn Ser Ala Ala Val Ala Gly Val Trp Pro His Ala Arg
130 135 140

Pro Val Leu Phe Leu Asp Ala Phe Val Gly Ala Glu Gly Phe Arg Val
145 150 155 160

Asn Pro Val Thr Val Ala Tyr Asp Gly Gly Phe Gly Ser Pro Val Gln
165 170 175

Ser Glu Ser Asp Ser Ser Ser Val Val Asp Ser Val Gln His Glu Ser
180 185 190

Ser Gly Ala Thr Arg Val Leu Gly Leu Asp Leu Asn Phe Pro Pro Pro
195 200 205

Leu Glu Ala
210

<210> 52

<211> 1097

<212> ДНК

<213> Gossypium hirsutum

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1842925

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 53

<400> 52

aacaataacc aacgacaatc cccccacat ttttctctct ctcaacaaaa tttcatcact 60

cttaaacgga gcttcctaaa tggcgccgag ggagaaaacg gcggacgtca agggaaaagg 120

gaatgggtgt aataaagagg ttcatttttag aggagtaagg aagcgtccat ggggtcgтта 180

cgccgctgag atcagagatc cagggagaagaa aagccgtgтт tggcttgгaa cttttgatac 240

agctgaggaa gcgccaagg cctacgacgc cgccgccaga gaattccgcg gcgccaaggc 300

gaagactaat ttccccctcc ctggtgaaat tctcaacaat ggtagtaact gtaacaacaa 360

tggcgatacc aactgcaaca acaacaataa caaccacagc cctagccgga gtagcaccgt 420
 ggagtcatca agccacgagc cgccgacact cgtcaagtgt tcaccgttgg atctcaatct 480
 cggacacgct gcggtcaccg ggtacggatc tcctgcggtc aggcttcctt tccctcaaat 540
 ttcgccggtc gccggttttt tcgccaacgg cgtctcggca gttgcagccc cccaagtttt 600
 ttacttcgac gctttggtcc gaccggtgt tatgaaagga cagcagtatc aacaacggtt 660
 gagattcgat caccgtgatt atcacgaaac ttttaacgct ggtgtacaaa gcgactcaga 720
 ttcacacctc gtcgttgatt taaaccacca cgagatcaaa cggcgaccgc ttctcaatat 780
 cgatctcaac caacctgctc cggaagtcgc ctgattatga ttttttaaaa tcgccgatat 840
 caagaaccgg aaaagaaaaa cccacaaatt ttcaatttta tctctttaa atcgttaatc 900
 ttctttttag tccaattttt gaaaattaga cgagaaaatt atacccaaaa agaaattacg 960
 cgagagcggc gtaaattgtg aatacgtaga tgaaaaatct cctctttttc gcagcagagt 1020
 aacgtagtt tgttgtctgt tgtttcatat taatttctgt aattatttta attttcaatg 1080
 aattaattag taattac 1097

<210> 53
 <211> 244
 <212> белок
 <213> *Gossypium hirsutum*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (21)..(72)
 <223> Название Pfam: AP2
 Описание Pfam: домен AP2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1842925

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 347,0 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 4

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 53
 Met Ala Pro Arg Glu Lys Thr Ala Asp Val Lys Gly Lys Gly Asn Gly
 1 5 10 15
 Cys Asn Lys Glu Val His Phe Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly
 20 25 30
 Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys Lys Ser Arg Val Trp
 35 40 45
 Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala Lys Ala Tyr Asp Ala
 50 55 60

Ala Ala Arg Glu Phe Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Leu
65 70 75 80

Pro Gly Glu Ile Leu Asn Asn Gly Ser Asn Cys Asn Asn Asn Gly Asp
85 90 95

Thr Asn Cys Asn Asn Asn Asn Asn Asn His Ser Pro Ser Arg Ser Ser
100 105 110

Thr Val Glu Ser Ser Ser His Glu Pro Pro Thr Leu Val Lys Cys Ser
115 120 125

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

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

Phe Ala Asn Gly Val Ser Ala Val Ala Ala Pro Gln Val Phe Tyr Phe
165 170 175

Asp Ala Leu Val Arg Pro Gly Val Met Lys Gly Gln Gln Tyr Gln Gln
180 185 190

Arg Leu Arg Phe Asp His Arg Asp Tyr His Glu Thr Phe Asn Ala Gly
195 200 205

Val Gln Ser Asp Ser Asp Ser Ser Ser Val Val Asp Leu Asn His His
210 215 220

Glu Ile Lys Arg Arg Pro Leu Leu Asn Ile Asp Leu Asn Gln Pro Ala
225 230 235 240

Pro Glu Val Ala

<210> 54
<211> 195
<212> белок
<213> Thellungiella halophila

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (24)..(75)
<223> Название Pfam: AP2
Описание Pfam: домен AP2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 20340233

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 245,7 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 54
Met Thr Lys Met Gly Phe Lys Pro Asp Ser Asn Pro Ser Pro Asn Pro
1 5 10 15

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

<210> 55

<211> 898

<212> ДНК

<213> Glycine max

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1657843

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 56

<400> 55

attgtttcca tttttcaagc ctacatatac aacactactt tcagtttttt ctgtctctga 60
 atctcaaact cttcggaaag attaacatta atggctccaa gggatatcaa tagatccaac 120
 gttgttggtg ttgccggagt atccaacccg acccataaag agatccgtta ccgcggcgtg 180
 aggaagcggc cgtggggccg ctacgccgcc gagatccgcg acccaggcaa gaagacacgc 240
 gtgtggctag gaacgtttga cacggcggag gaggcggcgc gtgcgtatga cacggcggcg 300
 cgtgagttcc gcggcacgaa ggccaagacc aatttcccca cccacgcggc ggcggcgcgt 360

agtcccagcc agagcagcac gctggactcc tcgtctccgc cgccgctgga ccttactctt 420
 gccgccccac tcaccgccgc gggcgcggttg gttttcccggtg tggcgcggtcc cgtgggtgttc 480
 ttcgacgctt ttgcgcgtgc cgaggtgcbc gcgtcgttcg atcttcccgt ggcgggggttc 540
 agcgactcgg actcgtcctc ggtcgtggac tacgagcggg tcccacatcg gaaagtgttg 600
 gatcttgacc ttaatgtccc tcctccgcc gaggttgctt gaaccggcaa aagatccggt 660
 tttaacgagg ctcggttttt ttctctctat ctgagaatga tgattatcaa gttatcattg 720
 tagttgacat ggtgctagag tttatgtaca tagattataa ttaaccaaac aaaaaaaaaa 780
 aagcaggctt atgttttttc tctattctgc ttttttattt tctcaatgga agaagggatt 840
 tcttacctca ttattgccgt tgatgttaac ttttatatat ataaaatagc atttatat 898

<210> 56
 <211> 183
 <212> белок
 <213> Glycine max

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (25)..(76)
 <223> Название Pfam: AP2
 Описание Pfam: домен AP2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1657843

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 273,8 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 4

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 56
 Met Ala Pro Arg Asp Ile Asn Arg Ser Asn Val Val Val Val Ala Gly
 1 5 10 15
 Val Ser Asn Pro Thr His Lys Glu Ile Arg Tyr Arg Gly Val Arg Lys
 20 25 30
 Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys Lys
 35 40 45
 Thr Arg Val Trp Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala Arg
 50 55 60
 Ala Tyr Asp Thr Ala Ala Arg Glu Phe Arg Gly Thr Lys Ala Lys Thr
 65 70 75 80
 Asn Phe Pro Thr His Ala Ala Ala Ala Arg Ser Pro Ser Gln Ser Ser
 85 90 95
 Thr Leu Asp Ser Ser Ser Pro Pro Pro Leu Asp Leu Thr Leu Ala Ala
 100 105 110

Pro Leu Thr Ala Ala Gly Ala Leu Val Phe Pro Val Ala Arg Pro Val
115 120 125

Val Phe Phe Asp Ala Phe Ala Arg Ala Glu Val Arg Ala Ser Phe Asp
130 135 140

Leu Pro Val Ala Gly Phe Ser Asp Ser Asp Ser Ser Ser Val Val Asp
145 150 155 160

Tyr Glu Arg Val Pro His Arg Lys Val Leu Asp Leu Asp Leu Asn Val
165 170 175

Pro Pro Pro Pro Glu Val Ala
180

<210> 57
<211> 633
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1455887

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 58

<400> 57
atggcaccca agaagcttaa tggaatgac aatgggttctt tgaagaaagc aagtgggtgat 60
catgacaaga aggaaatcca ttatagggga gtgaggaaga ggccatgggg gaggtatgct 120
gctgagataa gggatcccgg gaagaaaagc cgggtttggt tgggcacggt tgacacggca 180
gtggaggctg cgagggccta tgataaggcg gcgcgtgagt atcgtggtgc taaggcgaag 240
accaactttc caatagcggga gaaggtgggt gattatgacg atgagaagca gagctctagc 300
cagagcagca ccgttgagtc gtcaagctcc ccggtggttt ctgcggtggc gcgtgatgta 360
actcgccagg ttggtgggggt tgtgggggatg gggaggtttc cctttgtggt ccagcagcag 420
ccgccgcatg ttaacgctgt tggctctgtc tggtttcttg atagtactgt taagcctgag 480
tttgtggctc agcgtttccc tgtccggtat gaccgggtgg gtcttgaggg cggggcccat 540
agtgactcgg attcatcatc tgtgattgat ttaagccaa ggagttcaat tcttcatctt 600
gatcttaacc tgctccacc agctgatgct tga 633

<210> 58
<211> 210
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (26)..(77)
<223> Название Pfam: AP2
Описание Pfam: домен AP2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1455887

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 253,2 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 58

```
Met Ala Pro Lys Lys Leu Asn Gly Asn Asp Asn Gly Ser Leu Lys Lys
1          5          10          15

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

Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys
          35          40          45

Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Val Glu Ala Ala
50          55          60

Arg Ala Tyr Asp Lys Ala Ala Arg Glu Tyr Arg Gly Ala Lys Ala Lys
65          70          75          80

Thr Asn Phe Pro Ile Ala Glu Lys Val Val Asp Tyr Asp Asp Glu Lys
          85          90          95

Gln Ser Ser Ser Gln Ser Ser Thr Val Glu Ser Ser Ser Ser Pro Val
          100          105          110

Val Ser Ala Val Ala Arg Asp Val Thr Arg Gln Val Gly Gly Val Val
          115          120          125

Gly Met Gly Arg Phe Pro Phe Val Phe Gln Gln Gln Pro Pro His Val
          130          135          140

Asn Ala Val Gly Pro Val Trp Phe Leu Asp Ser Thr Val Lys Pro Glu
145          150          155          160

Phe Val Ala Gln Arg Phe Pro Val Arg Tyr Asp Pro Val Gly Leu Glu
          165          170          175

Gly Gly Ala His Ser Asp Ser Asp Ser Ser Ser Val Ile Asp Phe Lys
          180          185          190

Pro Arg Ser Ser Ile Leu His Leu Asp Leu Asn Leu Pro Pro Pro Ala
          195          200          205

Asp Ala
210
```

<210> 59
<211> 223
<212> белок
<213> Solanum tuberosum

<220>

<221> отличающийся признак
<222> (28)..(79)
<223> Название Pfam: AP2
Описание Pfam: домен AP2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 118490009

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 281,5 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 59

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

<210> 60
<211> 908

<212> ДНК
<213> Brassica napus

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1381515

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 61

<400> 60
accttcaatt atcacaccgt cccctctctc cctctccggt tattacgtta tggccaagat 60
gggtttgaaa cccgaccscgg ttactcctaa cccgaccscac aataatgcca aggagattcg 120
ttacagaggc gtgaggaagc gtccttgggg ccgttacgcc gccgagatcc gagatccggg 180
taagaaaacc cgcgtctggc ttggcacctt cgataccgca gaggaggcgg cgcgtgctta 240
cgataaggcg gcgctgatt tccgtggcgc taaggcgaag acgaattttc ttgagctgaa 300
tgagaaggcg ctctccggtg gaggcggttt cgcgaggagc cctagccaga gcagcacctt 360
tgactacgct tctcctccgg cggtgactga tgggattggt ccacctcaac ttgagctaag 420
tcttggcggc ggcggtggcg cgtgttacca gatcccaatg gcgctcctc tctacttttt 480
ggaccttatg ggggtcggaa acggaggctg tggtcagctt ccggtgtcgc cgggtgatgca 540
tgtctctacg aagatggctt gtggtgccca gagcgactct gattcttcat cggctggtga 600
tttcgaaagt gggatggaga agagatctca gccgtagat ttagatctaa acttgcttcc 660
tccggtggaa caggcctgag gtgttgccgg tttcgcgcat gcgttttttg ctttgcagct 720
gagagaataa tttcacgtag tttttttctc catcactcta aaataattat tatcggtttt 780
tagaaattat ataaatcgag ggagaaaaag tataattctt agatgacatg tatcgttatg 840
tacataaccg gagatctgaa cttttgttgt gtgctttttt gcgacttggt tttcaccatg 900
ttgtttct 908

<210> 61
<211> 209
<212> белок
<213> Brassica napus

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (23)..(74)
<223> Название Pfam: AP2
Описание Pfam: домен AP2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1381515

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 239,1 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 61

Met Ala Lys Met Gly Leu Lys Pro Asp Pro Val Thr Pro Asn Pro Thr
1 5 10 15

His Asn Asn Ala Lys Glu Ile Arg Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro
20 25 30

Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys Lys Thr Arg
35 40 45

Val Trp Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala Arg Ala Tyr
50 55 60

Asp Lys Ala Ala Arg Asp Phe Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr Asn Phe
65 70 75 80

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

Ser Pro Ser Gln Ser Ser Thr Leu Asp Tyr Ala Ser Pro Pro Ala Val
100 105 110

Thr Asp Gly Ile Val Pro Pro Gln Leu Glu Leu Ser Leu Gly Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ala Cys Tyr Gln Ile Pro Met Ala Arg Pro Leu Tyr Phe Leu
130 135 140

Asp Leu Met Gly Val Gly Asn Gly Gly Arg Gly Gln Leu Pro Val Ser
145 150 155 160

Pro Val Met His Val Ser Thr Lys Met Ala Cys Gly Ala Gln Ser Asp
165 170 175

Ser Asp Ser Ser Ser Val Val Asp Phe Glu Ser Gly Met Glu Lys Arg
180 185 190

Ser Gln Pro Leu Asp Leu Asp Leu Asn Leu Leu Pro Pro Val Glu Gln
195 200 205

Ala

<210> 62

<211> 845

<212> ДНК

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 22775

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 63

<400> 62

ttcaattatc tatcacacca ccaactctctc tctaattctat ctatccgaga atggccaaga 60

tgggcttgaa acccgacccg gctactacta accagaccca caataatgcc aaggagattc 120
 gttacagagg cgttaggaag cgtccttggg gccgttatgc cgccgagatc cgagatccgg 180
 gcaagaaaac ccgcgctctgg cttggcactt tcgatacggc tgaagaggcg gcgcgctgctt 240
 acgatacggc ggcgctgat tttcgtggtg ctaaggctaa gaccaatttc ccaacttttc 300
 tcgagctgag tgaccagaag gtcctaccg gtttcgctgc tagccctagc cagagcagca 360
 cgctcgactg tgcttctct cgcgcttag ttgtgccttc agcgcggct gggaatgttc 420
 ccccgagct cgagcttagt ctcggcggag gaggcggcg ctcgtgttat cagatcccga 480
 tgtcgcgtcc tgtctacttt ttggacctga tggggatcgg taacgtaggt cgtggtcagc 540
 ctctctctgt gacatcggcg tttagatcgc cggtggtgca tgttgcgacg aagatggctt 600
 gtggtgccca aagcgactct gattcgtcat cggtcgttga tttcgaagg gggatggaga 660
 agagatctca gctgttagat ctagatctta atttgcctcc tccatcggaa caggcctgag 720
 cttttaacgg tgtcgtttca attcgaagcg catgcgtttc ttcttctttt tgagctgtga 780
 aaattcgttt tctcatagtt tttcctctct ctctctctca gtctaaattt attaccagtt 840
 tttag 845

<210> 63
 <211> 222
 <212> белок
 <213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (23)..(74)
 <223> Название Pfam: AP2
 Описание Pfam: домен AP2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 22775

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 275,2 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 4

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 63
 Met Ala Lys Met Gly Leu Lys Pro Asp Pro Ala Thr Thr Asn Gln Thr
 1 5 10 15
 His Asn Asn Ala Lys Glu Ile Arg Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro
 20 25 30
 Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys Lys Thr Arg
 35 40 45

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

<210> 64

<211> 211

<212> белок

<213> Capsicum annuum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (23)..(74)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 60459377

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 375,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 64

Met Ala Leu Lys Ser Lys Val Ser Ser Asn Gly Ser Glu Asn Ala Lys
 1 5 10 15
 Val Asn Gly Val Lys Glu Val His Tyr Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro
 20 25 30

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

<210> 65

<211> 648

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1488231

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 66

<400> 65

atggcaccca agaagcttaa tgccagcaac agtggctggt tcaagaaagc aagtggggat 60
 catgacaaga aagagataca ttacagggga gtgaggaaga ggccgtgggg gaggtatgct 120
 gctgagataa gggatcccgg gaagaaaagc cgggtttggc tgggtacttt tgatacggcg 180
 gaggaggctg ctaaagccta tgataaagcg gcgcgtgagt atcgggggtgc taaggcgaag 240
 accaactttc ctttttccgg ggaggtgggt aattatgacg atgacaagca gagttctagc 300
 catagcagca ccgtggagtc gtcgagctct ccggttggtt ctgctgcggt gaccgccag 360

gttggtgggtg gtggagtggg cggggttgtg gggatgggag ggtttccttt tgtgtaccag 420
cagcagcagc agcagcagaa tgttaacgtt gttgctcctg tctggttttt tgatagtgtg 480
aggcctgagt ttgtgactca gcgattccct gtccggtttg accaggtggg tcttgagagt 540
gctgggtgggg cccagagtga ctcggattca tcatctatgg ttgattgtca gccacggaga 600
tcagttcttg atcttgatct taacctgcct ccaccgctgg atgcttga 648

<210> 66
<211> 215
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (26)..(77)
<223> Название Pfam: AP2
Описание Pfam: домен AP2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1488231

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 250,5 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 66
Met Ala Pro Lys Lys Leu Asn Ala Ser Asn Ser Gly Cys Phe Lys Lys
1 5 10 15
Ala Ser Gly Asp His Asp Lys Lys Glu Ile His Tyr Arg Gly Val Arg
20 25 30
Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys
35 40 45
Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala
50 55 60
Lys Ala Tyr Asp Lys Ala Ala Arg Glu Tyr Arg Gly Ala Lys Ala Lys
65 70 75 80
Thr Asn Phe Pro Phe Ser Gly Glu Val Val Asn Tyr Asp Asp Asp Lys
85 90 95
Gln Ser Ser Ser His Ser Ser Thr Val Glu Ser Ser Ser Ser Pro Val
100 105 110
Val Ser Ala Ala Val Thr Arg Gln Val Gly Gly Gly Gly Val Gly Gly
115 120 125
Val Val Gly Met Gly Gly Phe Pro Phe Val Tyr Gln Gln Gln Gln Gln
130 135 140

Gln Gln Asn Val Asn Val Val Ala Pro Val Trp Phe Phe Asp Ser Val
145 150 155 160

Arg Pro Glu Phe Val Thr Gln Arg Phe Pro Val Arg Phe Asp Gln Val
165 170 175

Gly Leu Glu Ser Ala Gly Gly Ala Gln Ser Asp Ser Asp Ser Ser Ser
180 185 190

Met Val Asp Cys Gln Pro Arg Arg Ser Val Leu Asp Leu Asp Leu Asn
195 200 205

Leu Pro Pro Pro Leu Asp Ala
210 215

<210> 67
<211> 1024
<212> ДНК
<213> Gossypium hirsutum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1884969

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 68

<400> 67
aaaccaaaat atttacaacc ctgagagaga aaaaaagggg aagaaaagtt tttatggctc 60
cccaagacaa aaatgscgagc aaaatcttga agaaagctaa cgttactgga agtacgagca 120
gccaagaggt gcatttcagg ggagtaagga agaggccatg gggtaggtac gctgccgaaa 180
tcagagatcc cggaaagaaa agccgtgttt ggcttggtac tttcgatacg gctgaggaag 240
ctgccagagc ctacgacgcg gcggcgcggtg agtttcgtgg acctaaggct aagaccaact 300
tccctttacc ggatgaaacc aactgttaca agggccagaa ccagcagagc cctagccaaa 360
gcagcacggt agaggaatct ggaagcccaa cgggtggagcg tggagtcaac actgtgaccg 420
gggcagtagg gagattccct ttcgcggtgcc accagcagct ggctctgggt ggtggagtcg 480
ctaattggtg gattagcggg gtgaccagct cgcggccggt tctatttatc gaagcgttgg 540
gaggagctgg cgttgttggc caggtttatc cggttcgggt cgatccggtg ggagtgcagt 600
tggttatggg atttgcaagt gttgtccgaa gtgaaccgga ctcttcatcg gccattcatt 660
gcaaggcaag gagacctggc cttgtcctcg atcttaacct tcctcctcca gtcgatgctt 720
gatgttttgc attttttttt tctttttttt tttttttttt acgggaaacg ccctttcatc 780
atcttaattt aagacatctg agaggtagga agctatgata aacaagaggt gatagtaatc 840
cgtattttgt atcatttttag acatgatttt atccttaaat cctatgtaaa tagtttttacg 900
atagtaatcc gtgtttgcaa actgagagga aaactatgat ccattatctt agatgatttt 960
gtttataacc tctcgttcaa aattaacat tcttttttac tttcaatgag aatcttttctt 1020

<210> 68

<211> 222

<212> белок

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (26)..(77)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1884969

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 260,6 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 68

Met Ala Pro Gln Asp Lys Asn Ala Ser Lys Ile Leu Lys Lys Ala Asn
 1 5 10 15

Val Thr Gly Ser Thr Ser Ser Gln Glu Val His Phe Arg Gly Val Arg
 20 25 30

Lys Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys
 35 40 45

Lys Ser Arg Val Trp Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala
 50 55 60

Arg Ala Tyr Asp Ala Ala Ala Arg Glu Phe Arg Gly Pro Lys Ala Lys
 65 70 75 80

Thr Asn Phe Pro Leu Pro Asp Glu Thr Asn Cys Tyr Lys Gly Gln Asn
 85 90 95

Gln Gln Ser Pro Ser Gln Ser Ser Thr Val Glu Glu Ser Gly Ser Pro
 100 105 110

Thr Val Glu Arg Gly Val Asn Thr Val Thr Gly Ala Val Gly Arg Phe
 115 120 125

Pro Phe Ala Cys His Gln Gln Leu Ala Leu Gly Gly Gly Val Ala Asn
 130 135 140

Gly Gly Ile Ser Gly Val Thr Gln Ser Arg Pro Val Leu Phe Ile Glu
 145 150 155 160

Ala Leu Gly Gly Ala Gly Val Val Gly Gln Val Tyr Pro Val Arg Phe
 165 170 175

Asp Pro Val Gly Val Gln Leu Gly Met Gly Phe Ala Ser Val Val Arg
 180 185 190

Ser Glu Pro Asp Ser Ser Ser Ala Ile His Cys Lys Ala Arg Arg Pro
195 200 205

Gly Leu Val Leu Asp Leu Asn Leu Pro Pro Pro Val Asp Ala
210 215 220

<210> 69
<211> 961
<212> ДНК
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1802100

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 70

<400> 69
aatccatcct ctctctcgca gctccaacag caatcaagct agagagaagc ttaggctgca 60
agaagaagcc agcaagaggc gaggacgcga gcagggcaag cgagatcact cggaccaagc 120
gatccatggc gccgaggagg tcgacttcgc cggccgggag cggcagcagc ggcggcgggc 180
gcggcgcgga gcagccgagg ctgcgcggcg tgcggaagcg gccgtggggc cggtagcggg 240
cggagatccg cgaccccgtg cggaaggcgc gcgtgtggct ggggaccttc gacacgcccc 300
aggaggcggc gcgcgcctac gacgccgccc cgcgcaggct ccgcggggccg cgcgcagcca 360
cсаactaccс cgcccacgcc caggaccсga aggcggcggc cgcggcgatt ccggcgtcga 420
gcgctagcgc gagcgggagc ggggtgctgt cgtcggagga cgcgtcgtcg tcgtcctcct 480
gccgggactc gccgctggcg cccccgtcgc tggacctgag cctggcgctc ccggccgtgg 540
cggcccgccc gccgccgat tcgtaccagc agctgttcct ggacccgggc gcgatggtgg 600
ccgcggcgcc ggcgctgctg cagttcctgc cgcccaagag tgaggaagaa cagagctgct 660
cagggctcag ctctcctcgc tcggtggtgg tcgacgcggc gccggcggtg ggcctggggc 720
tggacctgaa cctggcgctc gcggccggga tggatgatga gagacaagac caatgatttg 780
gttaattagt ggctcctagc tcaccgatcc agatgttcac ccggtgtaaa tagtcggccc 840
gcagggattt atttgtgcat ctgcgcagcc agttctcttt gcttcctttt tgtaccсcaca 900
gatttcgcgt cccgсaaaga tgсgcгсcсaa cгсaaгaaгg aаgaaacttt gccccagcca 960
с 961

<210> 70
<211> 211
<212> белок
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (24)..(75)

<223> Название Pfam: AP2
Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1802100

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 122,3 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 70

Met Ala Pro Arg Arg Ser Thr Ser Pro Ala Gly Ser Gly Ser Ser Gly
1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Ala Glu Gln Pro Arg Leu Arg Gly Val Arg Lys Arg
20 25 30

Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Val Arg Lys Ala
35 40 45

Arg Val Trp Leu Gly Thr Phe Asp Thr Pro Glu Glu Ala Ala Arg Ala
50 55 60

Tyr Asp Ala Ala Ala Arg Arg Leu Arg Gly Pro Arg Ala Ala Thr Asn
65 70 75 80

Tyr Pro Ala His Ala Gln Asp Pro Lys Ala Ala Ala Ala Ala Ile Pro
85 90 95

Ala Ser Ser Ala Ser Ala Ser Gly Ser Gly Val Leu Ser Ser Glu Asp
100 105 110

Ala Ser Ser Ser Ser Ser Cys Arg Asp Ser Pro Leu Ala Pro Pro Ser
115 120 125

Leu Asp Leu Ser Leu Ala Leu Pro Ala Val Ala Ala Ala Pro Pro Pro
130 135 140

Tyr Ser Tyr Gln Gln Leu Phe Leu Asp Pro Ala Ala Met Val Ala Ala
145 150 155 160

Ala Pro Ala Leu Leu Gln Phe Leu Pro Pro Lys Ser Glu Glu Glu Gln
165 170 175

Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Ser Ser Val Val Val Asp Ala Ala
180 185 190

Pro Ala Val Gly Leu Gly Leu Asp Leu Asn Leu Ala Leu Ala Ala Gly
195 200 205

Met Val Met
210

<210> 71

<211> 222

<212> белок

<213> *Gossypium barbadense*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (26)..(77)
<223> Название Pfam: AP2
Описание Pfam: домен AP2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 156145802

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 261,7 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 71

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

<210> 72
<211> 222
<212> белок
<213> Solanum lycopersicum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (25)..(76)
<223> Название Pfam: AP2
Описание Pfam: домен AP2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 28274832

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 272,3 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 4

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 72
Met Ala Pro Lys Glu Lys Ile Gly Ala Val Thr Ala Met Ala Met Val
1 5 10 15
Asn Leu Asn Gly Ile Ser Lys Glu Val His Tyr Arg Gly Val Arg Lys
20 25 30
Arg Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Gly Lys Lys
35 40 45
Ser Arg Val Trp Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Glu Glu Ala Ala Arg
50 55 60
Ala Tyr Asp Asn Ala Ala Arg Glu Phe Arg Gly Ala Lys Ala Lys Thr
65 70 75 80
Asn Phe Pro Lys Leu Glu Met Glu Lys Glu Glu Asp Leu Lys Phe Ala
85 90 95
Val Lys Asn Glu Ile Asn Arg Ser Pro Gly Gln Thr Ser Thr Val Glu
100 105 110
Ser Ser Ser Pro Val Met Val Asp Ser Ser Ser Pro Leu Asp Leu Ser
115 120 125
Leu Cys Gly Ser Ile Gly Gly Phe Asn His His Thr Val Lys Phe Pro
130 135 140
Ser Ser Gly Gly Gly Phe Thr Gly Ser Val Gln Ala Val Asn Arg Met
145 150 155 160
Tyr Tyr Ile Glu Ala Leu Ala Arg Ala Gly Val Ile Lys Leu Glu Gln
165 170 175
Ile Gly Arg Lys Arg Leu Asp Tyr Leu Gly Gly Gly Asp Ser Asp Ser
180 185 190
Ser Thr Val Ile Asp Phe Met Arg Val Asp Val Lys Ser Thr Thr Ala
195 200 205

Gly Leu Asn Leu Asp Leu Asn Phe Pro Pro Pro Glu Asn Met
210 215 220

<210> 73
<211> 1126
<212> ДНК
<213> Triticum aestivum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 568399

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 74

<400> 73
ccccagct ccaaccagcc agaccatcca ассааcгсccг сaccгсааса асаaccгсccг 60
cgcacgсгсcc gagcacггtc gaacacttgc catggctccc аагааcгсгсг tccccгtсгс 120
cgtcгсccгсcc gccгсггacг ccggcatgga gcccaggttc cгсггсгtгсг gcaagcггсcc 180
gtggggcagг tacгсггсгг agatccгсга cccггсccagг аaggcccгсг tctggctсгг 240
caccttcгac accгссгagг ccгсггсccг cгсctacгac gccгссгсгсг tccactaccг 300
cgggcccаag gccаagacca acttccccгt cggcacггtc gccгсcttcг cccacгtccc 360
gctcccгсccг cccaaggсгсг tggccгtcag ccccagcagc агсaccгtсг агtcttcгtc 420
ccgggacacг ccggccгсгг cгccccгсгсг tctгtгtгt gctгсccccг cгccccгсгс 480
ggcгctсгac ctgagcctгг cгatгссггсг catggtgгсг gсгсagcсгt tctгtгtсct 540
ggaccccagг gtcгсггtга ccгtgгссгt ggccгсгссг gсгссггсcc cctгссггtc 600
agcггсгatc агсггсатга асаaggтггс gtcccгсгag gaagagcaga гсгacaccгг 660
gtcгtсгtca tccгtgгtгг агссctсгсс ggccгtgггс gtggggтtcг acctгаacct 720
gccгссгссг gtggagatгг cгtaggagat ggaccgatct cгgtсгсссг atgacгacгсг 780
ggccccггаag taaagcaaag cгctctсгtг gtagaattta агgtttagaа gaatggсгtг 840
tacttactag тааaggттa atcггссгтт таattгссag gatcгatcca tсгатggгта 900
agggтаagта ggtgtacata gatcгсгtгсг gtгсгttttt tgсatggгга ggcaggtagг 960
atgaaacaca tccatctatc tgctcccaat gttacttaca аттсctтаа аagcaaggга 1020
aaaaаgаса aaaaggаага агссagtagt агagcatttt gttcttcagt гtacaatatt 1080
tgatctctgt ctctсггatt аatgtgaaat ttatgatttc cattcc 1126

<210> 74
<211> 217
<212> белок
<213> Triticum aestivum

<220>
<221> отличающийся признак

<222> (21)..(72)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 568399

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 188,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 74

Met Ala Pro Lys Asn Ala Leu Pro Val Ala Val Ala Ala Ala Asp
1 5 10 15

Ala Gly Met Glu Pro Arg Phe Arg Gly Val Arg Lys Arg Pro Trp Gly
20 25 30

Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Ala Arg Lys Ala Arg Val Trp
35 40 45

Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Glu Ala Ala Arg Ala Tyr Asp Ala
50 55 60

Ala Ala Leu His Tyr Arg Gly Pro Lys Ala Lys Thr Asn Phe Pro Val
65 70 75 80

Gly Thr Val Ala Ala Phe Ala His Val Pro Leu Pro Pro Pro Lys Ala
85 90 95

Leu Ala Val Ser Pro Ser Ser Ser Thr Val Glu Ser Ser Ser Arg Asp
100 105 110

Thr Pro Ala Ala Ala Pro Ala Ala Pro Ala Ala Ala Pro Ala Pro
115 120 125

Pro Pro Ala Leu Asp Leu Ser Leu Ala Met Pro Ala Met Val Ala Ala
130 135 140

Gln Pro Phe Leu Phe Leu Asp Pro Arg Val Ala Val Thr Val Ala Val
145 150 155 160

Ala Ala Pro Ala Pro Ala Pro Cys Arg Ser Ala Ala Ile Ser Gly Met
165 170 175

Asn Lys Val Ala Ser Arg Glu Glu Glu Gln Ser Asp Thr Gly Ser Ser
180 185 190

Ser Ser Val Val Asp Ala Ser Pro Ala Val Gly Val Gly Phe Asp Leu
195 200 205

Asn Leu Pro Pro Pro Val Glu Met Ala
210 215

<210> 75

<211> 222

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (24)..(75)

<223> Название Pfam: AP2

Описание Pfam: домен AP2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 115460458

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 183,4 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 4

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 1

<400> 75

Met Ala Pro Arg Asn Ala Ala Glu Ala Val Ala Val Ala Val Ala Glu
1 5 10 15

Gly Gly Gly Ala Gly Met Glu Pro Arg Phe Arg Gly Val Arg Lys Arg
20 25 30

Pro Trp Gly Arg Tyr Ala Ala Glu Ile Arg Asp Pro Ala Arg Lys Ala
35 40 45

Arg Val Trp Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Glu Ala Ala Ala Arg Ala
50 55 60

Tyr Asp Ser Ala Ala Leu His Phe Arg Gly Pro Lys Ala Lys Thr Asn
65 70 75 80

Phe Pro Val Ala Phe Ala His Ala His His His Ala Pro Pro Pro Pro
85 90 95

Leu Pro Lys Ala Ala Ala Leu Ala Val Val Ser Pro Thr Ser Ser Thr
100 105 110

Val Glu Ser Ser Ser Arg Asp Thr Pro Ala Ala Ala Pro Val Ala Ala
115 120 125

Ala Ala Lys Ala Gln Val Pro Ala Ser Pro Ser Leu Asp Leu Ser Leu
130 135 140

Gly Met Ser Ala Met Val Ala Ala Gln Pro Phe Leu Phe Leu Asp Pro
145 150 155 160

Arg Val Ala Val Thr Val Ala Val Ala Ala Pro Val Pro Arg Arg Pro
165 170 175

Ala Val Val Ser Val Lys Lys Glu Val Ala Arg Leu Asp Glu Gln Ser
180 185 190

Asp Thr Gly Ser Ser Ser Ser Val Val Asp Ala Ser Pro Ala Val Gly
195 200 205

Val Gly Leu Asp Leu Asn Leu Pro Pro Pro Ile Glu Glu Ala
210 215 220

<210> 76
<211> 561
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 4831

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 77

<400> 76
gctctagttt cссссaааааа tсgссatggс agcttcgtct ctcaatctcc tcctcattct 60
ctctcttctc actttcattt ctctccagag atctgaatct ctttccgata atccatctct 120
cactcttcta cccgacggat tсgactggcc gatctctcac tccgatgaat tсgatatcat 180
cgacggtgaa gaaagcttcg aagttacgga ggaagacgac ggcgtaacag atcgacggtc 240
attgtactgg cggaggacga agtattacat atcgtagcgg gcattgtcgg cgaatagagt 300
gccatgtcct cccagatctg gaagatcgta ctacactcat aactgcttca gagctagagg 360
tcccgttcat ccgtatagcc taggctgctc gtcgatcact cccggagata gatgaagaaa 420
gcttaaaact ccatggggcat tttcgtaatt ttgccaacca tggtttatta ttatgatggt 480
tgtatttgta atgttcgatg tttgtttgta aaccgtgatt agttacgttc gttaaacggg 540
aaaccgatg attataattt c 561

<210> 77
<211> 129
<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (57)..(129)
<223> Название Pfam: RALF
Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 4831

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 330,2 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 9

<400> 77
Met Ala Ala Ser Ser Leu Asn Leu Leu Leu Ile Leu Ser Leu Leu Thr
1 5 10 15

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

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

Arg

<210> 78

<211> 666

<212> ДНК

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1387948

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 79

<400> 78

gcatgtgagt tgctaattac tactctcttc ttctattatt aactttcttc ctctttctct 60
 tcttcgcttc cctctccagc atcgccatgg cagctgctcc gcctcttact ctctcatcg 120
 ctctctctct tctcttcatt tcaactccaga gatctgaatc tctccccgag aatccatcca 180
 tgattcttct aggcgacgga ttcgactggc cgatctctca cggcgacgca ttagacatcg 240
 acggaggaga aagctttgaa gatgcggagg aggaagatgt cgcggatcga cggtcattgt 300
 actggaagag gaggagatac tacatctctt acggcgcatt gtcggcgaac agagtcccgt 360
 gtctcccag atctggaaga tcgtactaca ctcaactg cttcagagct agaggtcagg 420
 tgcattcccta cagtcgaggc tgctcctcca tcaactcgggt cgggagatag aagaaccac 480
 gggggcattc tcgtaatttt ccaatcacgg actctgtttg tagttctcgt tcgatttcga 540
 tgtgttggtg agtaaaccgt gattagttac gtttgtttaa attaattaag cccgcgggtat 600
 tattattatt cgagtgatat ctatatgtat tcaactttgt ggtaattggt atttattttg 660
 tcggtg 666

<210> 79

<211> 127

<212> белок

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (55)..(127)

<223> Название Pfam: RALF

Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1387948

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 307,4 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 9

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 79

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

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

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

Leu Asp Ile Asp Gly Gly Glu Ser Phe Glu Asp Ala Glu Glu Glu Asp
50 55 60

Val Ala Asp Arg Arg Ser Leu Tyr Trp Lys Arg Arg Arg Tyr Tyr Ile
65 70 75 80

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

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

His Pro Tyr Ser Arg Gly Cys Ser Ser Ile Thr Arg Cys Arg Arg
115 120 125

<210> 80

<211> 898

<212> ДНК

<213> Gossypium hirsutum

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1937714

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 81

<400> 80

ccttcacctc tgcaacttgt tagctgttta ccaacaatgg cttcttcttc gggttctcagc 60

aagcttcttt tgcccctttt cctcactcac attgccgtct cgatctcgaa aaccgaagct 120

caagttgaag acacaagggtt gaagctggtg agagatgctt tcgaatggcc actttcaatg 180
tcgtttcagg gtgacttaca cgacaatgaa gaaggcgatg aggaggtaga tgatgaagtt 240
gaaaatgggt atagtggtag atctttggtg tgggtggaaga gaatgaggta ttacatttcg 300
tatggggcgc tttcggctaa cagaatccca tgtccaccaa ggtcaggcag gtcttattat 360
actcacaact gtttcaaggc tcatggcctt gttcatcctt ataccagggg atgttccagg 420
atcactcgct gcaggagatg aggtttttaa tttagccctt tttagaatct gggtttgtat 480
tagttaatca ttattttgcg aaatgtggaa gatttgagtg ttttgggatt tggggcttct 540
ttttgccctt cgtttagtat ttgaagagca tcatgtgtca taagggttaa ctactttatg 600
attatggtag tttttattat atgtatagtt ttggctctgga agggcggggg tgttcattgg 660
cagtcgctat tttatatcat atatgtgatc tcatcaactt acctgtaa gcttgaagac 720
ctgaatcctg ctggtgctg ctgcaacaaa cgccgcagct tgaaaagggtg aactagtcac 780
caaaattttc cgccttaatt ttaaataatt attaaataat tcgataattt ttattattta 840
aaatcgttgt tatatatttt tctttgtcac catttgtatt aatcaaaagt ttttacc 898

<210> 81

<211> 134

<212> белок

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (58)..(134)

<223> Название Pfam: RALF

Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1937714

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 363,8 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 9

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 81

Met Ala Ser Ser Val Leu Ser Lys Leu Leu Leu Pro Leu Phe Leu
1 5 10 15

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

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

Ser Phe Gln Gly Asp Leu His Asp Asn Glu Glu Gly Asp Glu Glu Val
50 55 60

Asp Asp Glu Val Glu Asn Gly Tyr Ser Gly Arg Ser Leu Leu Trp Trp
 65 70 75 80
 Lys Arg Met Arg Tyr Tyr Ile Ser Tyr Gly Ala Leu Ser Ala Asn Arg
 85 90 95
 Ile Pro Cys Pro Pro Arg Ser Gly Arg Ser Tyr Tyr Thr His Asn Cys
 100 105 110
 Phe Lys Ala His Gly Pro Val His Pro Tyr Thr Arg Gly Cys Ser Arg
 115 120 125
 Ile Thr Arg Cys Arg Arg
 130

<210> 82
 <211> 125
 <212> белок
 <213> Vitis vinifera

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (53)..(125)
 <223> Название Pfam: RALF
 Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 157345132

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 344,6 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 9

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 82
 Met Ala Cys Ser Ser Leu Pro Lys Leu Leu Val Leu Cys Ala Phe Phe
 1 5 10 15
 Val Tyr Ile Ser Asn Val Val Val Val Ala Gln Val Asp Glu Ser Ser
 20 25 30
 Leu Lys Leu Ile Thr Asp Ser Leu Glu Trp Pro Ser Thr Met Ser Leu
 35 40 45
 Tyr Asn Glu Phe Gly Asp Glu Asp Gly Glu Asp Pro Asp Gly Val Ile
 50 55 60
 Asp Arg Arg Ser Met Phe Trp His Arg Met Arg Tyr Tyr Ile Ser Tyr
 65 70 75 80
 Gly Ala Leu Ser Ala Asn Arg Ile Pro Cys Pro Pro Arg Ser Gly Arg
 85 90 95
 Ser Tyr Tyr Thr His Asn Cys Phe Gln Ala Arg Gly Pro Val Arg Pro
 100 105 110

Tyr Thr Arg Gly Cys Ser Thr Ile Thr Arg Cys Arg Arg
115 120 125

<210> 83
<211> 696
<212> ДНК
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 464828

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 84

<400> 83
gatggcttct cttctcacc cgcgtctggt actcttctgc attgccttta cctcccacgt 60
tgccgtgcag gcgcacatgg aggacacggc cttcaacctc atgtcggacg ccttggagtg 120
gccaccaca atgtcgtctc acgacgaaga cgacgcccaa gaggatgtcg agaacgctta 180
cagtcggaga tcgttggtct ggcggcggat gaagtactac atctcctacg gtgctctttc 240
tgctaaccga attccttgcc cgcctcgttc tggtagatct tactacacc acaactgcta 300
cagggcacga ggccccgttc acccttactc cagaggatgc tctgccatca cgcgctgccg 360
gagatgagtt tgatgtgagt tccgatctga tcacacgctt cagatcggag atggaaataa 420
aaaaaccgag taccgtttat ggtggttttg ttttgttttg ttttattggt gtactagatt 480
tatattgtgg atttaaggcg tcgttagttg tgctaagcaa gtcaagtcaa gtgaaagtgt 540
cgtgtttgag ttaacggttt ttggggattc ttcacttgca tcgactcgtt gcgctgcgca 600
aatgaatctg cttgcttttt gtgttacttc gtcatttatt cgtttgtata aaccacaacgg 660
tttctttttc ttggtgttca gagcactttc agtttc 696

<210> 84
<211> 121
<212> белок
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (49)..(121)
<223> Название Pfam: RALF
Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 464828

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 319,9 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 9

<220>

<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 84

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

<210> 85
<211> 405
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1451368

<220>

<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 86

<400> 85

atggcagctt ctacattgca ataccatttc gccttcttca tcttctttct cgtaattgct 60
tctttcagtc caagaatcca agctcaagtt gatgaaaca gcttgaaggc aatgagagat 120
gcactagaat ggccaatgct catgtattat gatgaaagca gcggtctcaa tgatgggtta 180
gtgggttttg acgatggagt tgttgacgat gaagaaagta gtcgtagatc tttgttttgg 240
aggagaacgc attattatat ctcgtagatg gctttgtctg ctaatagaat tccttgtcca 300
gcgaggtccg ggcgaccta ctacagccac aattgcttcg cgtctagagc tccagtgaat 360
ccctattcca gaggggtgttc taggatcgct cgttgcagga gatga 405

<210> 86
<211> 134
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак
<222> (62)..(134)
<223> Название Pfam: RALF
Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1451368

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 340,5 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 9

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 86

Met Ala Ala Ser Thr Leu Gln Tyr His Phe Ala Phe Phe Ile Phe Phe
1 5 10 15

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

Thr Ser Leu Lys Ala Met Arg Asp Ala Leu Glu Trp Pro Met Ser Met
35 40 45

Tyr Tyr Asp Glu Ser Ser Gly Leu Asn Asp Gly Leu Val Gly Phe Asp
50 55 60

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

Arg Arg Thr His Tyr Tyr Ile Ser Tyr Gly Ala Leu Ser Ala Asn Arg
85 90 95

Ile Pro Cys Pro Ala Arg Ser Gly Arg Ser Tyr Tyr Ser His Asn Cys
100 105 110

Phe Ala Ser Arg Ala Pro Val Asn Pro Tyr Ser Arg Gly Cys Ser Arg
115 120 125

Ile Ala Arg Cys Arg Arg
130

<210> 87
<211> 123
<212> белок
<213> Solanum chacoense

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (52)..(123)
<223> Название Pfam: RALF
Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 37695575

<220>
<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 304,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 9

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 87

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

<210> 88

<211> 100

<212> белок

<213> *Picea sitchensis*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (31)..(97)

<223> Название Pfam: RALF

Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 116790033

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 213,1 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 9

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 88

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

Asn Glu Asn Glu Val Gly His Gly Arg Leu Leu Arg Arg Ile Arg Tyr
35 40 45

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

Arg Ser Gly Arg Ser Tyr Tyr Thr Arg Asn Cys Tyr Arg Ala Thr Glu
65 70 75 80

Pro Val Arg Pro Tyr His Arg Ser Cys Thr Ala Ile Thr Arg Cys Leu
85 90 95

Arg Asp Thr Ser
100

<210> 89
<211> 716
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1346042

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 90

<400> 89
aattagaacc cсcaaaatct cttcacaact gtaaaacccc aatcacctct ttacatgtga 60
cttccttatt actctcttct tcttattttc ctctcttct tcttcgctct agtttcccc 120
aacaatcgcc atggcagctt cgtctctcaa tctctcctc attctctctc ttctcacttt 180
catttctctc cagagatctg aatctctttc cgataatcca tctctcactc ttctaccgga 240
cggattcgac tggccgatct ctcaactccga tgaattcgat atcatcgacg gtgaagaaag 300
cttcgaagtt acggaggaag acgacggcgt aacagatcga cggtcattgt actggcggag 360
gacgaagtat tacatatcgt acggtgcatt gtcggcgaat agagtgccat gtcctcccag 420
atctggaaga tcgtactaca ctcataactg cttcagagct agagggtcccg ttcatccgta 480
tagccgaggc tgctcgtcga tcaactcgatg ccggagatag atgaagaaag cttaaaactc 540
catgggcatt ttcgtaattt tgccaacat ggtttattat tatgatgttt gtatttgtaa 600
tgttcgatgt ttgtttgtaa accgtgatta gttacgttcg ttaaaccgta aaccgatga 660
ttataatttc gagttctgct atagaaatgg ttaagtacta aagagtcgtg aggggt 716

<210> 90
<211> 129
<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (57)..(129)
<223> Название Pfam: RALF

Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1346042

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 340,8 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 9

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 90

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

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

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

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

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

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

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

Pro Val His Pro Tyr Ser Arg Gly Cys Ser Ser Ile Thr Arg Cys Arg
115 120 125

Arg

<210> 91

<211> 491

<212> ДНК

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1118610

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 92

<400> 91

aacttuctct tcttcttctt cgttttcgcc tccaccatca ccatggcagc agctccgtct 60

cttactctat tcatcactct ctcccttctc ttcatttcac tccagagatc tgaatctctc 120

ccccagaatc catccatgat tcttctaggg gacggattcg actggccgat ctctcacggc 180

gacgcattcg acatcgacgg aggagaaagc tttgaagatg tcgcggatcg acggtcattg 240
tactggaaga ggaggagata ctacatctct tacggtgcat tgtcggcgaa cagagtaccg 300
tgtcctccca gatctggaag atcgtactac actcacaact gcttcagagc tagagggtccg 360
gtgcatcctt acagccgagg ctgctcctcc atcactcggg gccggagata gaagaaacca 420
agggcattct cgtaattttc caatcacgga ctctgtttgt agttctcgtt cgatttcgat 480
gtattgtgta g 491

<210> 92
<211> 122
<212> белок
<213> Brassica napus

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (50)..(122)
<223> Название Pfam: RALF
Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1118610

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 282,1 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 9

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 92
Met Ala Ala Ala Pro Ser Leu Thr Leu Phe Ile Thr Leu Ser Leu Leu
1 5 10 15
Phe Ile Ser Leu Gln Arg Ser Glu Ser Leu Pro Gln Asn Pro Ser Met
20 25 30
Ile Leu Leu Gly Asp Gly Phe Asp Trp Pro Ile Ser His Gly Asp Ala
35 40 45
Phe Asp Ile Asp Gly Gly Glu Ser Phe Glu Asp Val Ala Asp Arg Arg
50 55 60
Ser Leu Tyr Trp Lys Arg Arg Arg Tyr Tyr Ile Ser Tyr Gly Ala Leu
65 70 75 80
Ser Ala Asn Arg Val Pro Cys Pro Pro Arg Ser Gly Arg Ser Tyr Tyr
85 90 95
Thr His Asn Cys Phe Arg Ala Arg Gly Pro Val His Pro Tyr Ser Arg
100 105 110
Gly Cys Ser Ser Ile Thr Arg Cys Arg Arg
115 120

<210> 93

<211> 496
<212> ДНК
<213> Brassica napus

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 982000

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 94

<400> 93
ataaatggcg cattagttaa aacctcaagt cacctcttgg catgtgactt actagttcct 60
ctactctctt ccattattat tttccttctt ctttgctttc gtctcaagca taccaccatg 120
gcagcagctc cgtctcttaa cctcctcctc atcattctct ctcttctcct cgtttcactc 180
ccaagatccg aatctctccc cgagaatcca tcctgatcc ttctaggcga gggattcgac 240
tggccgatct ctgatggcgg cattggcggg ggagaaagct tcgaagacgc ggaggaggaa 300
gaggacaacg tcggtgttgt agatcgacgg tcattgtact ggcacaggaa gagatattac 360
atatcgtacg gtgcattgtc ggccaacaga gtcccgtgtc ctcccagatc tggaagatcg 420
tactacactc acaactgctt cagagctaga ggtcccgtgc atccctacag tcgaggctgc 480
tcgtccatca ctcgat 496

<210> 94
<211> 126
<212> белок
<213> Brassica napus

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (57)..(126)
<223> Название Pfam: RALF
Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 982000

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 255,0 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 9

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 94
Met Ala Ala Ala Pro Ser Leu Asn Leu Leu Leu Ile Ile Leu Ser Leu
1 5 10 15
Leu Leu Val Ser Leu Pro Arg Ser Glu Ser Leu Pro Glu Asn Pro Ser
20 25 30

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

<210> 95

<211> 567

<212> ДНК

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 959670

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 96

<400> 95

attgtctcac aactcgaaa actctcacac gaaggtcgaagggtccataa atggcgcatt 60
 agttaaacc tcaaacacc tcttcgcatg tgacttgcta gttgctctac tctcttccat 120
 tattattttc cttcttcttt gcttgagtct caagcatatc gccatggcag cagctccgtc 180
 tcttaacctc ctcatcatca cactatttct tctcatcatt tcaactcccaa gatctgaatc 240
 tctccccgag aatccatccc tgcttgttct aggcgacgga ttcgactggc cgatctctga 300
 tggcggcatt ggcggaggag aaagcttcga agacgcggag gaggaagagg acaacgctcg 360
 tgtcggagat cgacgggtcat tgtactggca caggaagaga tactacatat cgtacgggtgc 420
 attgtcggcg aacagagtcc cgtgtcctcc cagatctgga agatcgtact aactcaciaa 480
 ctgcytcaga gctagaggtc cgggtcatcc ctacactcga ggctgstcgt ccatcactcg 540
 atgccggaga taactaggag aaaagac 567

<210> 96

<211> 129

<212> белок

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (57)..(129)

<223> Название Pfam: RALF

Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 959670

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 267,2 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 9

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (108)..(108)
<223> Xaa означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (121)..(121)
<223> Xaa означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<400> 96
Met Ala Ala Ala Pro Ser Leu Asn Leu Leu Ile Ile Thr Leu Phe Leu
1 5 10 15
Leu Ile Ile Ser Leu Pro Arg Ser Glu Ser Leu Pro Glu Asn Pro Ser
20 25 30
Leu Leu Val Leu Gly Asp Gly Phe Asp Trp Pro Ile Ser Asp Gly Gly
35 40 45
Ile Gly Gly Gly Glu Ser Phe Glu Asp Ala Glu Glu Glu Glu Asp Asn
50 55 60
Val Gly Val Gly Asp Arg Arg Ser Leu Tyr Trp His Arg Lys Arg Tyr
65 70 75 80
Tyr Ile Ser Tyr Gly Ala Leu Ser Ala Asn Arg Val Pro Cys Pro Pro
85 90 95
Arg Ser Gly Arg Ser Tyr Tyr Thr His Asn Cys Xaa Arg Ala Arg Gly
100 105 110
Pro Val His Pro Tyr Thr Arg Gly Xaa Ser Ser Ile Thr Arg Cys Arg
115 120 125
Arg

<210> 97
<211> 422
<212> ДНК
<213> Brassica napus

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 952522

<220>
<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 98

<400> 97

```
gtgtgtgtgtgt gtgtgacctg ctgctctctt cttactcgct ttctttctcca gcattgccat 60
ggaagctccg tctcttactc ttaacctcct cctccttatac attgtctctc ttctcttcat 120
ttcactcccg agatctgaac ctctcccgga aaacccatcc ttggttcttc ttggcgacgg 180
attcgaatgg ccgacctctc acgtcgacgc attcgacata gaaagctttg acgatgcggg 240
ggaggaggaa gacgacgacg tcggtgtatc agatcgacgg tcgttgtact ggaaaaggag 300
gagatactac atctcctacg gtgcattgtc ggcgaacaga gtcccctgtc ctccgagatc 360
tggaaggctt tactacactc acaactgctt tagagctaga ggtccagttc atacctacac 420
tc 422
```

<210> 98

<211> 121

<212> белок

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (60)..(121)

<223> Название Pfam: RALF

Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 952522

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 213,6 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 9

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 98

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

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

Ala Arg Gly Pro Val His Thr Tyr Thr
115 120

<210> 99

<211> 888

<212> ДНК

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1914539

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 100

<400> 99

acaaacatca caaaatcaac ggcaaaagcc aatctaaaac catggaatgc taccacacag 60
aacacgatca attccatttg attggctcaa gaaccgaagc acgcggtaat ggagggcatc 120
gattgaaagc acagctgtaa atcaatcatc tctgtgctga ttgtgacccc atctgtcccc 180
ttaaacgaa ccccaaaacg aaaaccactt caattattct cttcttcac caaaactctc 240
cttgcaagca acttggtact gacaatggct tcttcttcac ttctcagcaa gctccttttg 300
ctccttttca tctcttcat tgtggttggt ggatcgaaag tggatgcca agttgaagag 360
acaagcttga agctgatgag agatgctttg gaatggccgc tttctgtgtc actttacagt 420
gacttaaagc acaatgaagg tgaagaagag gtagatggtg aagaggaaac tgggcatagt 480
cgtagatcct tgttttggac gagaatgagg tattacattt cgtactcggc gctttctgct 540
aatagaatcc catgtcccc aagatcagga aggtcttatt ataccaaca ctgtttcaag 600
gcacatggat cagtccacc ttactctaga ggatgctcca ggattaccg ctgcaggaga 660
tgagtttttc ttttttcttt ttcttttttag tggatgcttt gggtttgtaa tattttaatg 720
tgtattttgt gagaactatg gaggaattga gtgttgaggt ttcgggtttt gccatttttg 780
tgagtttttg tttcttggtt taatgtgtgg attagcaatg taattatgaa cctatgatgt 840
gtgatttggg taagatactt ttaaggttat ggttatggta gttaccgt 888

<210> 100

<211> 132

<212> белок

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (58)..(132)

<223> Название Pfam: RALF

Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1914539

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 297,0 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 9

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 100
Met Ala Ser Ser Ser Leu Leu Ser Lys Leu Leu Leu Leu Leu Phe Ile
1 5 10 15
Ser Tyr Ile Val Leu Trp Gly Ser Lys Val Asp Ala Gln Val Glu Glu
20 25 30
Thr Ser Leu Lys Leu Met Arg Asp Ala Leu Glu Trp Pro Leu Ser Val
35 40 45
Ser Leu Tyr Ser Asp Leu Asn Asp Asn Glu Gly Glu Glu Glu Val Asp
50 55 60
Gly Glu Glu Glu Thr Gly His Ser Arg Arg Ser Leu Phe Trp Thr Arg
65 70 75 80
Met Arg Tyr Tyr Ile Ser Tyr Ser Ala Leu Ser Ala Asn Arg Ile Pro
85 90 95
Cys Pro Pro Arg Ser Gly Arg Ser Tyr Tyr Thr Asn Asn Cys Phe Lys
100 105 110
Ala His Gly Ser Val His Pro Tyr Ser Arg Gly Cys Ser Arg Ile Thr
115 120 125
Arg Cys Arg Arg
130

<210> 101
<211> 756
<212> ДНК
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 668581

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 102

<400> 101
gattaacttc acacttcact ctctagtcacat ggctttcttct cttcctcttc tcaaccttct 60
taccctcgct ctgtcactac tcttctgcat tgccttaact tccgagggtg gcgtgcaggc 120
gcagatggag gagacaggct tgaacctcat gtcggaggcg ttggagtggc caaccgcaat 180
gtcgctctac gacgaagaca gcgaagaaga ggatgtccag aacggttaca gtcggagatc 240
gttggttctgg cggaggatga agtactacat ctctacggc gctcttttccg cgaaccgaat 300

```

ccccgtgccca cctcgttctg gtagatctta ctacacccac aactgctaca gggcccgagg 360
ccccgttcac cttactcca gaggctgctc tgtcatcacg cgctgccgga gatgagtgag 420
ttcggatctg atcacacgcg cgcctcacgc ttcagatcgc aaataaaaaa aaccaccgtc 480
tagggctcttg ttttgtagt gtactagatt tattgtctat ttaagcaagt caaaagtgtc 540
gtgtttcagt aacggttctc gttgcgctgc gctattttca tgaaccatct gtttgcttgc 600
tttgtgtggt actttatcat attcattcct ttgtataaac tcgaatgaac tctatacgtg 660
gatgcgcaaa tctgcttctt atctttgtat tcccatcgtt tacactctct tacgttgcaa 720
attatgtatc ctatctcatt tcctttttcc tttgtg 756

```

```

<210> 102
<211> 128
<212> белок
<213> Glycine max

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (57)..(128)
<223> Название Pfam: RALF
        Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 668581

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 289,7 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 9

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

```

```

<400> 102
Met Ala Ser Ser Leu Pro Leu Leu Asn Leu Leu Thr Leu Ala Leu Ser
1           5           10          15
Leu Leu Phe Cys Ile Ala Leu Thr Ser Glu Val Gly Val Gln Ala Gln
           20          25          30
Met Glu Glu Thr Gly Leu Asn Leu Met Ser Glu Ala Leu Glu Trp Pro
           35          40          45
Thr Ala Met Ser Leu Tyr Asp Glu Asp Ser Glu Glu Glu Asp Val Gln
           50          55          60
Asn Gly Tyr Ser Arg Arg Ser Leu Phe Trp Arg Arg Met Lys Tyr Tyr
65          70          75          80
Ile Ser Tyr Gly Ala Leu Ser Ala Asn Arg Ile Pro Cys Pro Pro Arg
           85          90          95
Ser Gly Arg Ser Tyr Tyr Thr His Asn Cys Tyr Arg Ala Arg Gly Pro
           100         105         110

```

Val His Pro Tyr Ser Arg Gly Cys Ser Val Ile Thr Arg Cys Arg Arg
115 120 125

<210> 103
<211> 639
<212> ДНК
<213> Gossypium hirsutum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1914939

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 104

<400> 103
aagccatggc ttcttcttca tcagtacttc tcagcaagct tattctcccc cttttcatca 60
ctcacattgt cttacaacc tccatagtcg aagctcaagt cgaagataca agtttgaagc 120
tggtcagaga tgcttttagaa aggccacttc caatctcact ttacagtgag ttaaacgacg 180
atgaagaagc cgatgaagag atagatgatg atgaaggatg aaatgggtac agtcgaagat 240
ctttgttttg gaagagaatg aggtattaca tttcatcagg ggcgctttgg gctaacagga 300
tcccgtgcc accaaggatc ggcagatctt attacactca caactgtttc aagggtccacg 360
ggcctgttca tccttact aggggttgtt caaggatcac tcgctgcagg agatgatgag 420
cttgtagga aaaaaaggg ggggatgtaa aatcactaaa atgggtgcaag ctttgagtgc 480
taagctagct aaaatattat gagtttttgg tcttctcatt ttctttttta ttaatgatgg 540
attagcaatg tgattgtgaa cttattataa cgagcattcg tgttcaagta tttgatcatg 600
tgatgggtta gaataattag attgcagaag attcaagtt 639

<210> 104
<211> 136
<212> белок
<213> Gossypium hirsutum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (64)..(136)
<223> Название Pfam: RALF
Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1914939

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 301,3 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 9

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 104

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

<210> 105

<211> 644

<212> ДНК

<213> Glycine max

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 723694

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 106

<400> 105

cacacttcac tctctagtca tggcttcttc tcttctctct ctcaaccttc ttaccctcgc 60
tctgtcacta ctcttctgca ttgccttaac ttccgagggt ggcgtgtagg cgcagatgga 120
ggagacaggc ttgaacctca tgtcggaggc gttggagtgg ccaaccgcaa tgtcgctcta 180
cgacgaagac agcgaagaag aggatgtcca gaacggttac agtcggagat cgttgttctg 240
gctggaggatg aagtactaca tctcctacgg cgctctttcc gccaaccgaa tcccgtgccc 300
acctcgttct ggtagatctt actacacca caactgctac agggcccagag gccccgttca 360
cccttactcc agaggctgct ctgtcatcac gcgctgccgg agatgagtga gttcggatct 420
gatcacacgc gcgcctcacg cttcagatcg caaataaaaa aaaccaccgt ctagggtctt 480
gttttgtag tgtactagat ttattgtcta tttaagcaag tcaaaagtgt cgtgtttcag 540
taacggttct cgttgcgctg cgctattttc atgaaccatc tgtttgcttg ctttgtgtgt 600

tactttatca tattcattcc tttgtataaa ctCGaatgaa ctCG

644

<210> 106
<211> 96
<212> белок
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (25)..(96)
<223> Название Pfam: RALF
Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 723694

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 229,2 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 9

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 106
Met Glu Glu Thr Gly Leu Asn Leu Met Ser Glu Ala Leu Glu Trp Pro
1 5 10 15
Thr Ala Met Ser Leu Tyr Asp Glu Asp Ser Glu Glu Glu Asp Val Gln
20 25 30
Asn Gly Tyr Ser Arg Arg Ser Leu Phe Trp Arg Arg Met Lys Tyr Tyr
35 40 45
Ile Ser Tyr Gly Ala Leu Ser Ala Asn Arg Ile Pro Cys Pro Pro Arg
50 55 60
Ser Gly Arg Ser Tyr Tyr Thr His Asn Cys Tyr Arg Ala Arg Gly Pro
65 70 75 80
Val His Pro Tyr Ser Arg Gly Cys Ser Val Ile Thr Arg Cys Arg Arg
85 90 95

<210> 107
<211> 396
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1456949

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 108

<400> 107
atgggaaatt ctacattgca acaactatttc accttggttga tagtcctctt cactatcttt 60
cttgctttca gtccaagaat ccaggctcaa gtcgatgaaa caagcttgaa ggcaatgggc 120

gatgcgctag aatggccaat gtccatgtat ttcgatgaaa gtagtgagct tgatgggtgga 180
 ttgggtggatc ttgatgacgg tgaagaaact agtcgtagat ctttactttg gacgagaacg 240
 cactactaca tctcatatgg agctttgtct gccaatagaa ttccttgtcc tgcaaggctcc 300
 ggtagatctt actatagcca caactgcttc aagtctagga ttcctgtcaa tccctactca 360
 agaggggtggtt ctaggatcac tcgttgccgg agatga 396

<210> 108
 <211> 131
 <212> белок
 <213> Populus balsamifera subsp. trichocarpa

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (59)..(131)
 <223> Название Pfam: RALF
 Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1456949

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 272,3 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 9

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 108
 Met Gly Asn Ser Thr Leu Gln His Tyr Phe Thr Leu Leu Ile Val Leu
 1 5 10 15
 Phe Thr Ile Phe Leu Ala Phe Ser Pro Arg Ile Gln Ala Gln Val Asp
 20 25 30
 Glu Thr Ser Leu Lys Ala Met Gly Asp Ala Leu Glu Trp Pro Met Ser
 35 40 45
 Met Tyr Phe Asp Glu Ser Ser Glu Leu Asp Gly Gly Leu Val Asp Leu
 50 55 60
 Asp Asp Gly Glu Glu Thr Ser Arg Arg Ser Leu Leu Trp Thr Arg Thr
 65 70 75 80
 His Tyr Tyr Ile Ser Tyr Gly Ala Leu Ser Ala Asn Arg Ile Pro Cys
 85 90 95
 Pro Ala Arg Ser Gly Arg Ser Tyr Tyr Ser His Asn Cys Phe Lys Ser
 100 105 110
 Arg Ile Pro Val Asn Pro Tyr Ser Arg Gly Cys Ser Arg Ile Thr Arg
 115 120 125
 Cys Arg Arg
 130

<210> 109
<211> 366
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1539918

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 110

<400> 109
atgaaggttt cagctctgag tttgattgct gcctccttaa cttttctcat tgttggttaa 60
gctcagggtt atttaaagga tttcatccaa ctgacaagtg aagatcttga atggccatca 120
gcgttgtctg tctacgatga gttaagtgac actgaagacg aagagtatgg cggcggggtct 180
cataggaggt ctctgcatgg gagagcaaag cactattacg tatcatatgg tgctctctct 240
gcaaacaggg tgccttgccc agctcgctca gggaggctct actataccca ttactgtttc 300
cgatcaagag gacaggctaa ccctacacc agaggttgct cttgtatcac tcaactgcagg 360
agataa 366

<210> 110
<211> 121
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (50)..(121)
<223> Название Pfam: RALF
Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1539918

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 197,4 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 9

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 110
Met Lys Val Ser Ala Leu Ser Leu Ile Ala Ala Ser Leu Thr Phe Leu
1 5 10 15
Ile Val Val Lys Ala Gln Val Asp Leu Lys Asp Phe Ile Gln Leu Thr
20 25 30
Ser Glu Asp Leu Glu Trp Pro Ser Ala Leu Ser Val Tyr Asp Glu Leu
35 40 45

Ser Asp Thr Glu Asp Glu Glu Tyr Gly Gly Gly Ser His Arg Arg Ser
50 55 60

Leu His Gly Arg Ala Lys His Tyr Tyr Val Ser Tyr Gly Ala Leu Ser
65 70 75 80

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

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

Cys Ser Cys Ile Thr His Cys Arg Arg
115 120

<210> 111
<211> 354
<212> ДНК
<213> Solanum lycopersicum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8456138

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 112

<400> 111
atggagtctc caatacttct cttccttatt atcttcttat tcacgattgg caaaaatgca 60
gttggtgttg aagcagaagt tgatagattt ggtttagaac aagtgggtgag tgaagatttt 120
gagttgcca tgggaatgtc gggatgatgat gagatccagt tggatggaaa tggaagatct 180
ctattgtgga acaaattcaa gtactacatt tcgtacggag cattatcagc taacagaatc 240
ccctgcccac cacggctctgg cagatcgtat tacacgcacc attgttatca tgctacaggt 300
ccagctcatc cttacactag aggttgctct gctatcactc gttgccgtag atga 354

<210> 112
<211> 117
<212> белок
<213> Solanum lycopersicum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (46)..(117)
<223> Название Pfam: RALF
Описание Pfam: фактор быстрого зашелачивания (RALF)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8456138

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 256,6 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 9

<220>

<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 112

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

<210> 113
<211> 426
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1486506

<220>

<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 114

<400> 113

atgaagggtt cagctctgag tttgattgct gcctccttaa cttttctcat tgttgttaaa 60
gctcagggttg atttaaagga tttcatccaa ctgacaagtg aagatcttga atggccatca 120
gcgttgtctg tctacgatga gttaagtgac actgaagacg aagagtatgg cggcgggtct 180
cataggaggt ctctgcatgg gagagcaaag cactattacg tatcatatgg tgctctctct 240
gcaaacaggg tgccttgccc agctcgctca gggaggctctt actataccca ttactgtttc 300
cgatcaagag gacaggctaa ccctacacc agagcatgtg cagagattca gggggcttca 360
cctcttgatt tgtccgacac tggagaagac aaggaatcga tgcggcgctt tagatgcttt 420
gattaa 426

<210> 114
<211> 141
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (50)..(120)
<223> Название Pfam: RALF
Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1486506

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 164,5 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 9

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 114

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

Ile Val Val Lys Ala Gln Val Asp Leu Lys Asp Phe Ile Gln Leu Thr
20 25 30

Ser Glu Asp Leu Glu Trp Pro Ser Ala Leu Ser Val Tyr Asp Glu Leu
35 40 45

Ser Asp Thr Glu Asp Glu Glu Tyr Gly Gly Gly Ser His Arg Arg Ser
50 55 60

Leu His Gly Arg Ala Lys His Tyr Tyr Val Ser Tyr Gly Ala Leu Ser
65 70 75 80

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

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

Cys Ala Glu Ile Gln Gly Ala Ser Pro Leu Asp Leu Ser Asp Thr Gly
115 120 125

Glu Asp Lys Glu Ser Met Arg Arg Phe Arg Cys Phe Asp
130 135 140

<210> 115
<211> 139
<212> белок
<213> *Picea sitchensis*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (66)..(136)
<223> Название Pfam: RALF
Описание Pfam: фактор быстрого защелачивания (RALF)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 116786293

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 149,5 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 9

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 77

<400> 115
Met Gly Arg Leu Gly Thr Met Leu Leu Leu Val Val Ser Leu Phe Leu
1 5 10 15
Met Ala Glu Ser Leu His Thr Ala Leu Asn Ser Gln Glu Val Thr Ala
20 25 30
Thr Ser Asn Trp Leu Gly Ser Val Ala Ser Tyr Glu Gln Arg Gly Phe
35 40 45
Glu Ser Ser Ala Gly Gln Ile Cys Asp Gly Ala Leu Gly Glu Cys Asn
50 55 60
Asp Glu Thr Glu Glu Glu Phe Met Met Asp Ser Glu Ala His Gly Arg
65 70 75 80
Leu Leu Arg Arg Val Arg Tyr Tyr Ile Ser Tyr Gly Ala Leu Ala Ala
85 90 95
Asn Arg Val Pro Cys Arg Pro Arg Ser Gly Arg Ser Tyr Tyr Thr Arg
100 105 110
Asn Cys Tyr Ala Ala Thr Gly Pro Val Arg Pro Tyr His Arg Ser Cys
115 120 125
Thr Ala Ile Thr Arg Cys Lys Arg Tyr Thr Ser
130 135

<210> 116
<211> 1296
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1355066

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 117

<400> 116
atgaggctcc tcttcagctt ctgcttcttc ttcttcatga tcatctttac cgcaactgct 60
tatgatccat tagatcctag tggtaacatt acaatcaaat gggatattat gtctctggacg 120
gcagatggct atgtggctac ggtaactatg aacaacttcc aaatctaccg gcacatacaa 180
aacctgggtt ggacattagg ttggacatgg gcaagaaag aggtgatttg gtcaatgggtt 240
ggtgcaaaa caacagaaca aggagactgt tccaagttta agggaaatgt acctcattgc 300
tgtaagaaaa ccctacagt tgttgatctc ttgccaggtg tgccttataa tcaacagttc 360

tcaaactggt gcaaaggagg tgtaattgga gcttgggggtc aagatccatc agccgctgta 420
 tcccagtttc aggttagtgc tggtttagct ggaactacaa acaagactgt caagcttctc 480
 aagaacttca ctttgcttgg tcccggccct ggttacactt gcggtcctgc caaaatcgtg 540
 ccctctaccg tttttctcac aactgacaaa cggcgaaaaa cacaagcttt gatgacatgg 600
 aatgttacct gcacatactc acagttttta gcaagaaagc atccaagctg ttgtgtctcc 660
 ttctcttctt tctacaacga caccataact ctttgcccgt cttgtgctg tggctgctgag 720
 aacaaaaaga gctgctgcaa ggctgattct aagattctaa ccaagaaagg tctcaacaca 780
 ccaaaaaagg acaacactcc tttggtgcaa tgcacacatc acatgtgcc tggtagagtc 840
 cactggcacg ttaaaactaa ctacaaagac tattggcgag tgaagatagc aatcacaat 900
 ttcaattacc ggatgaatca tacactctgg acttttagcaa ttcagcatcc aaatctcaac 960
 aatgtgactc aagttttcag ctttgactac aaaccagtct ctccttacgg atccataaat 1020
 gatactggaa tgttctatgg aacgaagttt tacaatgatt tattaatgga agctggacct 1080
 tcagggaatg tgcaatcaga ggttttgcta cagaaagatc aaaagacttt tactttcaag 1140
 caaggttggg cttttcctag aaaagtttac tttaatgggtg atgaatgtat gttacctcca 1200
 ccagattcat acccttttct accaaactct gcacaagga actttgcttc gttctcactc 1260
 accattcttc ttctctatt catctcaata tgggga 1296

<210> 117
 <211> 431
 <212> белок
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (44)..(208)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1355066

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1139,8 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 3

<400> 117
 Met Arg Leu Leu Phe Ser Phe Cys Phe Phe Phe Met Ile Ile Phe
 1 5 10 15
 Thr Ala Thr Ala Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Ser Gly Asn Ile Thr Ile
 20 25 30
 Lys Trp Asp Ile Met Ser Trp Thr Ala Asp Gly Tyr Val Ala Thr Val
 35 40 45

Thr Met Asn Asn Phe Gln Ile Tyr Arg His Ile Gln Asn Pro Gly Trp
 50 55 60

Thr Leu Gly Trp Thr Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Val
 65 70 75 80

Gly Ala Gln Thr Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Lys Phe Lys Gly Asn
 85 90 95

Val Pro His Cys Cys Lys Lys Thr Pro Thr Val Val Asp Leu Leu Pro
 100 105 110

Gly Val Pro Tyr Asn Gln Gln Phe Ser Asn Cys Cys Lys Gly Gly Val
 115 120 125

Ile Gly Ala Trp Gly Gln Asp Pro Ser Ala Ala Val Ser Gln Phe Gln
 130 135 140

Val Ser Ala Gly Leu Ala Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Lys Leu Pro
 145 150 155 160

Lys Asn Phe Thr Leu Leu Gly Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Pro
 165 170 175

Ala Lys Ile Val Pro Ser Thr Val Phe Leu Thr Thr Asp Lys Arg Arg
 180 185 190

Lys Thr Gln Ala Leu Met Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln
 195 200 205

Phe Leu Ala Arg Lys His Pro Ser Cys Cys Val Ser Phe Ser Ser Phe
 210 215 220

Tyr Asn Asp Thr Ile Thr Pro Cys Pro Ser Cys Ala Cys Gly Cys Glu
 225 230 235 240

Asn Lys Lys Ser Cys Val Lys Ala Asp Ser Lys Ile Leu Thr Lys Lys
 245 250 255

Gly Leu Asn Thr Pro Lys Lys Asp Asn Thr Pro Leu Leu Gln Cys Thr
 260 265 270

His His Met Cys Pro Val Arg Val His Trp His Val Lys Thr Asn Tyr
 275 280 285

Lys Asp Tyr Trp Arg Val Lys Ile Ala Ile Thr Asn Phe Asn Tyr Arg
 290 295 300

Met Asn His Thr Leu Trp Thr Leu Ala Ile Gln His Pro Asn Leu Asn
 305 310 315 320

Asn Val Thr Gln Val Phe Ser Phe Asp Tyr Lys Pro Val Ser Pro Tyr
 325 330 335

Gly Ser Ile Asn Asp Thr Gly Met Phe Tyr Gly Thr Lys Phe Tyr Asn
 340 345 350

Asp Leu Leu Met Glu Ala Gly Pro Ser Gly Asn Val Gln Ser Glu Val
 355 360 365

Leu Leu Gln Lys Asp Gln Lys Thr Phe Thr Phe Lys Gln Gly Trp Ala
 370 375 380

Phe Pro Arg Lys Val Tyr Phe Asn Gly Asp Glu Cys Met Leu Pro Pro
385 390 395 400

Pro Asp Ser Tyr Pro Phe Leu Pro Asn Ser Ala Gln Gly Asn Phe Ala
405 410 415

Ser Phe Ser Leu Thr Ile Leu Leu Leu Phe Ile Ser Ile Trp
420 425 430

<210> 118

<211> 440

<212> белок

<213> *Cleome spinosa*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (49)..(213)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 90657534

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1163,7 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 118

Met Arg Leu Ser Ile Ser Gly Phe Phe Phe Phe Phe Phe Phe Phe
1 5 10 15

Ser Val Phe Ile Tyr Cys Thr Ser Ala Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Asn
20 25 30

Gly Asn Val Thr Ile Lys Trp Asp Val Met Ser Trp Thr Pro Asp Gly
35 40 45

Tyr Val Ala Val Val Ala Met Asn Asn Phe Gln Met Tyr Arg His Ile
50 55 60

Pro Asn Pro Gly Trp Thr Leu Gly Trp Thr Trp Ala Lys Lys Glu Val
65 70 75 80

Ile Trp Ser Met Val Gly Ala Gln Thr Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser
85 90 95

Lys Phe Lys Gly Asn Val Pro His Cys Cys Lys Lys Thr Pro Thr Leu
100 105 110

Val Asp Leu Leu Pro Gly Val Pro Tyr Asn Gln Gln Phe Ser Asn Cys
115 120 125

Cys Lys Gly Gly Val Val Ala Ala Trp Gly Gln Asp Pro Ser Ala Ser
130 135 140

Val Ser Gln Phe Gln Val Ser Val Gly Leu Ala Gly Thr Ser Asn Lys
145 150 155 160

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

<210> 119

<211> 1587

<212> ДНК

<213> Glycine max

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1237946

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 120

<400> 119

```
aaaacttttg tcaactgaagg tgtcttggag ccaattgtag cagttggtaa catcaaacac 60
atattcagac aatgaggctt gtcgtctcag ctctttgtgt tcttgtgtta ttctcttgtg 120
cagttgctta tgatcctttg gatccaaacg gaaacgtaac aatcaaattg gatgtaattg 180
cttggaacac agatggctat gtggctgtgg taacaatgca caacttccaa atgtttcggc 240
acatcatgaa tcctggatgg accttgggat ggacatgggc aaagaaagaa gtcatttggg 300
ccatgatagg agctcaaacc acagaacaag gagattgctc taagttcaaa ggcaacatac 360
ctcattgctg caagaaaatt cccacagttg tggaccttct ccctgggtgta ccttacaacc 420
agcaattctc aaactgctgc aaggggtggag tagtggcagc atggggccaa gatccttcac 480
aagctatctc ttcttccaa gtgagtgtag gccaaactgg tacctcaaac aagacagtta 540
aacttccaa gaacttact ctctttgctc caggaccagg ctacacttgt ggccctgcaa 600
agattgttcc ttccaccaat tttcttacgc ctgacaagcg ccgcaagact caagcactaa 660
tgacatggaa tgttacctgc acatactcac agtttctggc aagaaagaac ccaagttggt 720
gtgtatcttt gtcactcttt tacaatgaaa ccattacccc ttgtccctct tgtgcatgtg 780
gctgccagaa caagaagcat tgtgtcaagg gaaactccaa aattctcagc atgggtggggg 840
ttcactctc aaagaaagac aatgaacat tgctgcagtg cactcatcac atgtgtccaa 900
tcagggcca ctggcatgtg aagactaact ataaggacta ttggcgagtc aaggttgcca 960
taacaaactt caattacaga atgaactact ccctttggtc tcttgcgtgt cagcatccaa 1020
atctcaaaa tctcacaaa gttttcagtt tcaattaaa gccacttctt ccctatggat 1080
ccataaatga tactggcatg ttctatggca tgaagtactt caatgatctt ctaatggaag 1140
ctggaccaac tgggaatggt caatcagagt tgcttcttca gaaggacaag gatgcattca 1200
cattcaagca gggttgggca tttcctcgca aggtttactt taatggatgat gaatgcatgc 1260
tgccaccacc tgacacctac ccttttctcc ctaactctgc tcctgcaagc ctacttaact 1320
tcctgctgtt catggtgtta ttgttcttct tgcttgcagt ttgggtgaatt ggtgcatatt 1380
gtgtcagaat tttgtgaaat ttttgaacc atgtatacct tcttaatggt aacgtgacaa 1440
taggcatgaa tactcaaatt ctttggaaac actaagccaa atctcatggc tgtgttttat 1500
ctgacatgtg agcaccaaag gggatgctaa tatgtaaact tcaacagtga ttttgcctga 1560
atcatagatt gatgatgcta ttactcc 1587
```

<210> 120

<211> 431

<212> белок

<213> Glycine max

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (43)..(207)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1237946

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1142,4 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 120

Met Arg Leu Val Val Ser Ala Leu Cys Val Leu Val Leu Phe Ser Cys
1 5 10 15

Ala Val Ala Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Asn Gly Asn Val Thr Ile Lys
20 25 30

Trp Asp Val Met Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Val Val Thr
35 40 45

Met His Asn Phe Gln Met Phe Arg His Ile Met Asn Pro Gly Trp Thr
50 55 60

Leu Gly Trp Thr Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Ile Gly
65 70 75 80

Ala Gln Thr Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Lys Phe Lys Gly Asn Ile
85 90 95

Pro His Cys Cys Lys Lys Ile Pro Thr Val Val Asp Leu Leu Pro Gly
100 105 110

Val Pro Tyr Asn Gln Gln Phe Ser Asn Cys Cys Lys Gly Gly Val Val
115 120 125

Ala Ala Trp Gly Gln Asp Pro Ser Gln Ala Ile Ser Ser Phe Gln Val
130 135 140

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

Asn Phe Thr Leu Phe Ala Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Pro Ala
165 170 175

Lys Ile Val Pro Ser Thr Asn Phe Leu Thr Pro Asp Lys Arg Arg Lys
180 185 190

Thr Gln Ala Leu Met Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Phe
195 200 205

Leu Ala Arg Lys Asn Pro Ser Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe Tyr
210 215 220

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

<210> 121

<211> 453

<212> белок

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (64)..(228)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 118488472

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1150,3 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 121

Met Glu Phe Asp Lys Ser Ala Lys Asp Cys Tyr Gln Ser Leu Gln Arg
1 5 10 15

Ser Leu Leu Ala Glu Met Lys Phe Ile Phe Leu Ile Ala Leu Val Phe
20 25 30

Met Ile Val Pro His Ala Ala Ala Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Asn Gly
35 40 45

Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Val Met Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr
50 55 60

Val Ala Thr Val Thr Met Ser Asn Phe Gln Met Tyr Arg His Ile Ile
65 70 75 80

Ser Pro Gly Trp Thr Leu Ser Trp Ser Trp Ala Lys Lys Glu Val Leu
85 90 95

Trp Ser Met Val Gly Ala Gln Thr Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Lys
100 105 110

Phe Lys Gly Asn Ile Pro His Cys Cys Lys Lys Thr Pro Thr Val Val
115 120 125

Asp Leu Leu Pro Gly Val Pro Tyr Asn Gln Gln Phe Ser Asn Cys Cys
130 135 140

Lys Gly Gly Val Met Ala Ala Trp Gly Gln Asp Pro Thr Ala Ser Val
145 150 155 160

Ser Ala Phe Gln Val Ser Val Gly Leu Ala Gly Thr Ser Asn Lys Thr
165 170 175

Val Lys Leu Pro Lys Asn Phe Thr Leu Leu Gly Pro Gly Pro Gly Tyr
180 185 190

Thr Cys Gly Pro Ala Lys Val Val Pro Ser Thr Val Phe Leu Thr Pro
195 200 205

Asp Arg Arg Arg Lys Thr Gln Ala Leu Met Thr Trp Asn Val Thr Cys
210 215 220

Thr Tyr Ser Gln Phe Leu Ala Ser Lys Asn Pro Thr Cys Cys Val Ser
225 230 235 240

Phe Ser Ser Phe Tyr Asn Glu Thr Ile Thr Pro Cys Pro Thr Cys Ala
245 250 255

Cys Gly Cys Gln Asn Lys Asn Ser Cys Val Lys Ser Asn Ser Lys Glu
260 265 270

Ser His Lys Lys Gly Ile Asn Thr Pro Lys Lys Asp Asn Thr Pro Leu
275 280 285

Leu Gln Cys Thr His His Met Cys Pro Ile Arg Val His Trp His Val
290 295 300

Lys Val Asn Tyr Arg Asp Tyr Trp Arg Ala Lys Val Ala Val Thr Asn
305 310 315 320

Phe Asn Tyr Arg Met Asn Tyr Thr Glu Trp Thr Leu Val Val Gln His
325 330 335

Pro Asn Leu Asn Asn Val Thr Gln Val Phe Ser Phe Asp Tyr Lys Pro
 340 345 350
 Leu Val Pro Tyr Glu Ser Ile Asn Asp Thr Gly Met Phe Tyr Gly Met
 355 360 365
 Lys Phe Tyr Asn Asp Leu Leu Met Glu Ala Gly Pro Phe Gly Asn Val
 370 375 380
 Gln Ser Glu Val Leu Leu Gln Lys Asp Lys Asn Thr Phe Ser Leu Lys
 385 390 395 400
 Gln Gly Trp Ala Phe Pro Arg Lys Val Tyr Phe Asn Gly Asp Glu Cys
 405 410 415
 Met Leu Pro Pro Pro Asp Thr Tyr Pro Tyr Leu Pro Asn Ser Ala Tyr
 420 425 430
 Ala Asn Pro Thr Ser Ile Leu Ser Met Ala Ala Ser Leu Leu Leu Ile
 435 440 445
 Leu Leu Ser Met Gly
 450

<210> 122

<211> 463

<212> белок

<213> *Phaseolus vulgaris*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (75)..(239)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 38194917

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1144,2 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 122

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

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

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

Asp Thr Tyr Pro Ile Leu Pro Asn Ser Ala Pro Val Asn Leu Leu Asn
435 440 445

Phe Thr Val Phe Ile Leu Thr Met Leu Val Met Leu Ala Leu Trp
450 455 460

<210> 123
<211> 460
<212> белок
<213> Vitis vinifera

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (72)..(236)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 157341292

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1142,1 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 123
Met Arg Phe Val Ile Ser Ala Phe Phe Phe Leu Met Met Phe Ser Tyr
1 5 10 15

Thr Gly Glu Leu Leu Asp Gly Ser Gln Ala Ser Ile Arg Phe Asn Phe
20 25 30

Val Pro Leu Val Gln Phe Ser Cys Ser Val Phe Val Tyr Ala Ala Ala
35 40 45

Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Ile
50 55 60

Met Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Val Val Thr Met His Asn
65 70 75 80

Phe Gln Met Tyr Arg His Ile Ile Ser Pro Gly Trp Thr Leu Gly Trp
85 90 95

Thr Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Val Gly Ala Gln Thr
100 105 110

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

Cys Lys Lys Thr Pro Thr Val Val Asp Leu Leu Pro Gly Val Pro Tyr
130 135 140

Asn Gln Gln Phe Ser Asn Cys Cys Lys Gly Gly Val Val Ser Ser Trp
145 150 155 160

Gly Gln Asp Pro Ala Ala Ser Val Ser Ala Phe Gln Val Ser Val Gly
 165 170 175
 Leu Ala Gly Thr Ser Asn Lys Thr Val Lys Leu Pro Lys Asn Phe Thr
 180 185 190
 Leu Leu Gly Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Ile Ala Lys Ile Val
 195 200 205
 Pro Pro Thr Asn Phe Leu Thr Pro Asp Arg Arg Arg Lys Thr Gln Ala
 210 215 220
 Leu Met Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Leu Arg Ala Arg
 225 230 235 240
 Lys Asn Pro Ser Cys Cys Val Ser Phe Ser Ser Phe Tyr Asn Glu Thr
 245 250 255
 Ile Thr Pro Cys Pro Ser Cys Ala Cys Gly Cys Gln Asn Lys Asn Asn
 260 265 270
 Cys Val Gln Ser Asp Ser Lys Leu Leu Ser Met Val Gly Ile Asn Thr
 275 280 285
 Pro Arg Lys Asp Asn Val Pro Leu Leu Gln Cys Thr His His Met Cys
 290 295 300
 Pro Val Arg Val His Trp His Leu Lys Ile Asn Tyr Lys Asp Tyr Trp
 305 310 315 320
 Arg Val Lys Val Ser Ile Thr Asn Phe Asn Tyr Arg Leu Asn Tyr Thr
 325 330 335
 Leu Trp Thr Leu Val Val Gln His Pro Asn Leu Asn Asn Val Thr Gln
 340 345 350
 Val Phe Ser Phe Asp Tyr Lys Pro Leu Val Pro Tyr Glu Ser Ile Asn
 355 360 365
 Asp Thr Gly Met Phe Tyr Gly Met Lys Phe Tyr Asn Asp Gln Leu Met
 370 375 380
 Glu Ala Gly Pro Phe Gly Asn Val Gln Ser Glu Val Leu Phe Gln Lys
 385 390 395 400
 Asp Asn Ser Phe Thr Phe Lys Gln Gly Trp Ala Phe Pro Arg Lys Val
 405 410 415
 Tyr Phe Asn Gly Asp Glu Cys Met Leu Pro Leu Pro Glu Thr Tyr Pro
 420 425 430
 Phe Leu Pro Asn Ser Ala His Gln Asn Leu Leu Ala Phe Ser Thr Phe
 435 440 445
 Ile Ser Ser Val Ile Phe Leu Leu Val Thr Val Trp
 450 455 460

<210> 124

<211> 1846

<212> ДНК

<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1957107

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 125

<400> 124
acgcaacgca accaaccagg cgtcggccag ggccgccagc cagctgatcg acgcctgcag 60
gtctctctgg tggtgacgtg ccatctcgat cgatcgattc cctcctcctt ggccggccgg 120
ccgcccggcc tttatttgcc ggccctgcag accttctctt aggaacttgt gctaccagct 180
agcagcagca gtcagtagcg gtagtgttct tgctgcggac gcggccggcc ggctcgcagct 240
ccacgatgag gctccgcgac tccgccgcga tggtggtctt ggtgctcgcg ctcacctgct 300
ccgttgacgt gggctacgat cccctggacc ccaacggcaa catcaccatc aagtgggatg 360
tcctctcctg gacgcccgac gggtagctgg ccatggtgac gatgagcaac taccagatgt 420
accgccacat catggcgccc gggtagcagg tggggtggtc gtgggccaag aaggaggtga 480
tctggtccat ggtcggcgcg caggccacgg agcagggcga ctgctccaag ttcaaggccg 540
gcatcccgca ctgctgcaag cgcacccccg ccgtcgtcga cctcctcccg ggcgtcccct 600
acaaccagca gatcgccaac tgctgcaagg ccggcgtcgt cgcgcctac ggccaggacc 660
ctgccgccgc cgtctccgcc ttccaggtct ccgtcggcct cgcggcacc accaacaaga 720
cggtaagct gccaggaac ttcaccctcc agggccccgg ccccggctac acctgcggcc 780
ccgcccggat catcccctcc accgtctacc tcacccccga ccgcccgccgc cggacgcagg 840
cgctcatgac ctgggcgctc acctgcacct actcgcagca gctcgcctcc aagtaccct 900
cctgctgctg ctctttctcc tccttttaca acagcaccat cgtgccctgc gcccgctgcg 960
cctgcggctg cggccacggc ggccacggcg ccgcccggctg catcgccggc gactccaagc 1020
gggcgctctc ccccggcgctc aacacgccgc gcaaggacgg ccagccgctg ctccagtgca 1080
cgccgcacat gtgcccgggtg cgcgtccact ggcacgtcaa gctcaactac aaggactact 1140
ggcgcgcca gatcgccatc accaacttca actaccggat caactacacg cagtggacgc 1200
tggtggcgca gcacccaac ctggacaacg tcaccgaggt cttcagcttc cagtacaagc 1260
cgctgctccc ctacggcgcc atcaacgaca ccggcatggt ctacgggctc aagttctaca 1320
acgacctgct catggaggcc gggcccttcg gcaacgtgca gtccgaggty ctcacgcgca 1380
aggacgcaag aaccttcacc ttccagccagg gctggggcgtt cccgcggaag atctacttca 1440
acggcgacga gtgcaagatg ccgcccggcg actcgtacc ctacctgcc aactccgcc 1500
cgctcgcggc tccggtcac gccaccgcgg cctcggcggt cctgctggtg gcgctgctcc 1560
tggtggcgctg atcggtcac ggaattggga tgggctgcca gggagcagag taggcatggc 1620
gctctggaga ctgaaacgct tggcaatgtc atgtgtgttg ttgcctgtgc agctgcacat 1680

agagagacta gcagaccaat caggctggca gagatcctgg cacttttgag tctccaatta 1740
cttttagac agcctgatcg agaacaatg atagtataca tagtagagca caaccttttt 1800
tctgtggttt cgtcatgtac acataatgca gattattaat tgttcg 1846

<210> 125
<211> 441
<212> белок
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (47)..(211)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1957107

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1129,6 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 125
Met Arg Leu Arg Asp Ser Ala Ala Met Val Ala Leu Val Leu Ala Leu
1 5 10 15
Thr Cys Ser Val Ala Val Gly Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Asn Gly Asn
20 25 30
Ile Thr Ile Lys Trp Asp Val Ile Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val
35 40 45
Ala Met Val Thr Met Ser Asn Tyr Gln Met Tyr Arg His Ile Met Ala
50 55 60
Pro Gly Trp Thr Val Gly Trp Ser Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp
65 70 75 80
Ser Met Val Gly Ala Gln Ala Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Lys Phe
85 90 95
Lys Ala Gly Ile Pro His Cys Cys Lys Arg Thr Pro Ala Val Val Asp
100 105 110
Leu Leu Pro Gly Val Pro Tyr Asn Gln Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys
115 120 125
Ala Gly Val Val Ala Ala Tyr Gly Gln Asp Pro Ala Ala Ala Val Ser
130 135 140
Ala Phe Gln Val Ser Val Gly Leu Ala Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val
145 150 155 160

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

<210> 126

<211> 1341

<212> ДНК

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8640603

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 127

<400> 126

```
atggggctcc gcgactcctc cgtgctgctg gccgctctgt ccctcgcgct cgcctactgc 60
tccgtttcag tggtagccta cgatcccctg gaccctcggg gcaacatcac gataaagtgg 120
gacgtgatct catggacgcc cgacgggtac gtggcgatgg tgacgatgag caactaccag 180
atgtaccggc acatcatgtc cccgggctgg acgggtgggt ggtcgtgggc gaagaaggag 240
gtgatctggt ccatcgtcgg cgcgcaggcc acggagcagg gcgactgctc caagttcaaa 300
ggcggcatcc ctactgctg caagcgcacc cccgccgtgg tcgacctcct ccccggggtg 360
ccctacaacc agcagatcgc caactgctgc aaggccggcg tcgtgtcggc gtacggccag 420
gaccaggccg gctccgtctc cgcgttccag gtctccgtcg gcctcgcggy caccaccaac 480
aagacggtca agtccccaa gaacttcacc ctcatgggtc cggggccagg gtacacctgc 540
gggccggcga ccgtcgtccc gtccaccgtg tactggacgc ccgaccaccg gcgacggacg 600
caggcgctca tgacctggac cgtcacctgc acctactcgc agcagctggc gtccaagtac 660
cgtcctgct gcgctcctt ctctccttc tacaacgaca ccatcgtgcc ctgcgccaa 720
tgcgctgcy gctcgggcca tggcggccac gccggaccgg gaggctgcat cgagggggac 780
tccaagcgc cyctgtcgc cggagtgaac acgcccgga aggacgggca ggcgctgctg 840
cagtgcacgc cgcacatgtg ccctgtccgt gtgactggc atgtcaagct caactacaag 900
gactactggc gcgccaagat cgccatcacc aacttcaact acaggatgaa ctacacgcag 960
tggacgctgg tggcgcagca cccaacctg gacaatgtca ccgaggtctt cagcttccag 1020
tacaagccgc tgctaccata cggcagcatc aatgacactg gcatgttcta cgggctcaag 1080
ttctacaacg attttctgat ggaggccggg ccgttcggga acgtgcagtc ggaggtgctc 1140
atgcgcaagg acgccaggac attcacctc agccagggat gggccttccc gcgcaagatc 1200
tacttcaacg gcgacgagtg caagatgcc cgcgggact cgtaccgta cctgcccacc 1260
gccgcgcccg tcgccgctc gcagctggtc gtgtccgccc ccgcctcagc gttcctactg 1320
gcgctgctcc tggtagcatg a 1341
```

<210> 127

<211> 446

<212> белок

<213> *Sorghum bicolor*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (50)..(214)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8640603

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1129,8 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 127

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

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

<210> 128

<211> 1540

<212> ДНК

<213> Triticum aestivum

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 829440

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 129

<400> 128

gtattctaattttcgccctt taatcagctc catcgatgga gtcccccaac tctatgctcc 60
 tggctctggt cctcgcgatc acctgctccg tcgcagctgc gtatgatccg ctggaccgga 120
 cgggcaacat tacgatcaag tgggacatcc agtcatggac gccggacggg tacgtggcga 180
 tgggtggcgat gaacaactac cagcagtacc gtcagatcat ggcgcccggg tggacgctgg 240
 ggtggtcgtg ggccaagaag gaggtgatct ggtccatcgt gggcgcgcag gccacggagc 300
 agggcgactg ctccaagttc aagggcggca tcccgcactg ctgcaagcac acgccctccg 360
 tcgtcgacct cctccccggc gtgccctaca accagcagat cgccaactgc tgccgcggcg 420
 gcgtcgtctc cgcctacggc caggaccggc cgggcgcgct ctcggcggtc caggtctccg 480

tggggctcgc cggcaccacc aacaagacgg tgaagctgcc caaaaacttc acgctcatgg 540
 ggccccgggct cggctacacc tgcggccccg ccaccgtcgt cccctccacc gtgtactgga 600
 gcgccgacca ccgccgaag acgcaggcgc tgatgacctg gacggtgacc tgcacctact 660
 cgcagcagct ggcgtcgagg taccgcacgt gctgcgtctc cttctcctcc ttctacaaca 720
 gcacgatcgt gccgtgcgcc cgggtgcgct gcggtgcgg cgcgacaag agcacgggcg 780
 ggcgcggcgg caagagccac agcgacgggt gcatcgccgg cgactccaag cgcgcgctga 840
 cccccggggt gaacacgccc aagaaggacg gggcgcagct gctgcagtgc accaaccaca 900
 tgtgccccat ccgcgtgcac tggcacgtca agctcaacta caaggactac tggcgcgcca 960
 agatcgccgt caccaacttc aactaccgca tgaactacac gcagtggacg ctcgctcgtc 1020
 agcacccgaa cctcaacaac gtcacggagg tcttcagctt ccagtacaag ccgctcctgc 1080
 catacggcaa catcaacgac accggcatgt tctacggcct caagctctac aacgacctgc 1140
 tcatggaggc cggcccgttc ggcaacgtgc agtcggagggt gctcatgcgc aaggacgacg 1200
 ccaccttcac cttcggtcag ggatgggctt tcccgcgcaa gatctacttc aacggcgatg 1260
 agtgcaagat gccgccgccc gactcgtacc cgtacctgcc caactccgcg ccgccgcgctt 1320
 cttccatcat caccgctgct gcctcaacgt gcctgggtgtt gctgctcctg ctctggcggg 1380
 cgtgatctat atatcctggt gccacaattt tcccattttg taaaagacaa cgcactgttg 1440
 taggtagggg cattttggtc ttgcgagtat tttaccttgt acaccaagat ggtatgttca 1500
 agtgatttca tggtaatcct taagggaaac gttaccttcc 1540

<210> 129
 <211> 449
 <212> белок
 <213> *Triticum aestivum*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (46)..(210)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 829440

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1116,3 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 3

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 129
 Met Glu Leu Pro Asn Ser Met Leu Leu Ala Leu Phe Leu Ala Ile Thr
 1 5 10 15

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

Ile Asn Asp Thr Gly Met Phe Tyr Gly Leu Lys Leu Tyr Asn Asp Leu
355 360 365

Leu Met Glu Ala Gly Pro Phe Gly Asn Val Gln Ser Glu Val Leu Met
370 375 380

Arg Lys Asp Asp Ala Thr Phe Thr Phe Gly Gln Gly Trp Ala Phe Pro
385 390 395 400

Arg Lys Ile Tyr Phe Asn Gly Asp Glu Cys Lys Met Pro Pro Pro Asp
405 410 415

Ser Tyr Pro Tyr Leu Pro Asn Ser Ala Pro Pro Arg Ser Ser Ile Ile
420 425 430

Thr Ala Ala Ala Ser Thr Cys Leu Val Leu Leu Leu Leu Leu Ala
435 440 445

Ala

<210> 130
<211> 1684
<212> ДНК
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 285169

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 131

<400> 130
attcgccctg cctctagctg ctgcttcttc caggatcggg gatcggagct tgtgctgcta 60
ctgctactat accagcgcta gctagcagca gccgccggcc ggctcgcgca actaaggaag 120
ggtcgacatg acgatggggc tccgcgtccg cgactcctcc gcgctgctgg ctctggccgt 180
cgcgctcgcc tgctgctccg ttgcagtggg ggcctacgac cccctggacc cgaacggcaa 240
catcaccatc aagtgggacg tgatctctgtg gacgcccagc gggtagctgg cgatgggtgac 300
gatgagcaac taccagatgt accggcacat catggcgccc gggtaggacgt tgggggtggtc 360
gtgggccaag aaggaggtga tctgggtccat cgtggggggcg caggccacgg agcaggggga 420
ctgctccaag ttcaagggcg gcatcccgca ctgctgcaag cgcaccccgg ccgtgggtgga 480
cctcctcccg ggggtgcctt acaaccagca gatcgccaac tgctgcaagg cggcgtgggt 540
gtcggcgtac gggcaggacc cggcgggggtc cgtctccgcg ttccaggtct ccgtcggcct 600
ggccggtacc accaacaaga cggatgaagct gccaggaac ttcacgctca tggggcccgg 660
gctgggctac acctgcgggc ccgccgccgt ggtgccgtcc accgtgtact ggacgcccga 720
ccaccggcgc cggacgcagg cgctcatgac gtggacgggtg acctgcacct actcgcagca 780
gctggcgtcc cggtagccgt cctgctgcgt ctcttctctc tccttctaca acagcaccat 840

cgtgccgtgc gcccggtgcg cgtgcggctg cggcggccac ggcggccacg cgggtccggg 900
 cggctgcatc gagggggact ccaagcgcgc gctgtcggcc ggggtgaaca cgccgcgcaa 960
 ggacggccag gcgctgctgc agtgcacgcc gcacatgtgc cccatccggg tgcactggca 1020
 cgtcaagctc aactacaagg actactggcg cgccaagatc gccatcacca actacaacta 1080
 caggatgaac tacacgcagt ggacgctggt ggcgcagcac cccaacctgg acaacgtcac 1140
 cgaggtcttc agcttccagt acaagccgct gcaaccatac gggagcatca atgacactgg 1200
 catgttctac gggctcaagt tctacaacga ctttctcatg gaggccggcc cgttcggcaa 1260
 cgtgcagtcg gaggtgctca tgcgcaagga cgcaaggacc ttcaccttca gcatgggctg 1320
 ggcgttcccg cgcaagatct acttcaacgg cgacgagtgc aagatgccgc cgccggactc 1380
 ctaccctac ctgcccaacg ccgcgcccggt cgtcgcctcg cagctgggtcc tgtccgccgc 1440
 cgcctcggcg ttctactgt tgctgctcct ggtggcatga ccgtgaccga accaagggca 1500
 aggcctccgt tttgttttcc cgtctcgtcc cgtgggcagg gagcagactt cagtaggcag 1560
 ggcatthtat ttggthtttt tgccaaggat tcaaaccttg ggtthtcgtc agaggaaaac 1620
 tgtcgtgtat gtagtgtgag ttgcaggctg tcggatcccc acgtacaaga caatctttgg 1680
 atcg 1684

<210> 131
 <211> 450
 <212> белок
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (53)..(217)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 285169

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1123,0 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 3

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 131
 Met Thr Met Gly Leu Arg Val Arg Asp Ser Ser Ala Leu Leu Ala Leu
 1 5 10 15
 Ala Val Ala Leu Ala Cys Cys Ser Val Ala Val Val Ala Tyr Asp Pro
 20 25 30
 Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Val Ile Ser Trp
 35 40 45

Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Met Val Thr Met Ser Asn Tyr Gln Met
 50 55 60

Tyr Arg His Ile Met Ala Pro Gly Trp Thr Leu Gly Trp Ser Trp Ala
 65 70 75 80

Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Ile Val Gly Ala Gln Ala Thr Glu Gln
 85 90 95

Gly Asp Cys Ser Lys Phe Lys Gly Gly Ile Pro His Cys Cys Lys Arg
 100 105 110

Thr Pro Ala Val Val Asp Leu Leu Pro Gly Val Pro Tyr Asn Gln Gln
 115 120 125

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

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

Thr Thr Asn Lys Thr Val Lys Leu Pro Arg Asn Phe Thr Leu Met Gly
 165 170 175

Pro Gly Leu Gly Tyr Thr Cys Gly Pro Ala Ala Val Val Pro Ser Thr
 180 185 190

Val Tyr Trp Thr Pro Asp His Arg Arg Arg Thr Gln Ala Leu Met Thr
 195 200 205

Trp Thr Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Gln Leu Ala Ser Arg Tyr Pro
 210 215 220

Ser Cys Cys Val Ser Phe Ser Ser Phe Tyr Asn Ser Thr Ile Val Pro
 225 230 235 240

Cys Ala Arg Cys Ala Cys Gly Cys Gly Gly His Gly Gly His Ala Gly
 245 250 255

Pro Gly Gly Cys Ile Glu Gly Asp Ser Lys Arg Ala Leu Ser Ala Gly
 260 265 270

Val Asn Thr Pro Arg Lys Asp Gly Gln Ala Leu Leu Gln Cys Thr Pro
 275 280 285

His Met Cys Pro Ile Arg Val His Trp His Val Lys Leu Asn Tyr Lys
 290 295 300

Asp Tyr Trp Arg Ala Lys Ile Ala Ile Thr Asn Tyr Asn Tyr Arg Met
 305 310 315 320

Asn Tyr Thr Gln Trp Thr Leu Val Ala Gln His Pro Asn Leu Asp Asn
 325 330 335

Val Thr Glu Val Phe Ser Phe Gln Tyr Lys Pro Leu Gln Pro Tyr Gly
 340 345 350

Ser Ile Asn Asp Thr Gly Met Phe Tyr Gly Leu Lys Phe Tyr Asn Asp
 355 360 365

Phe Leu Met Glu Ala Gly Pro Phe Gly Asn Val Gln Ser Glu Val Leu
 370 375 380

Met Arg Lys Asp Ala Arg Thr Phe Thr Phe Ser Met Gly Trp Ala Phe
 385 390 395 400

Pro Arg Lys Ile Tyr Phe Asn Gly Asp Glu Cys Lys Met Pro Pro Pro
 405 410 415

Asp Ser Tyr Pro Tyr Leu Pro Asn Ala Ala Pro Val Val Ala Ser Gln
 420 425 430

Leu Val Leu Ser Ala Ala Ala Ser Ala Phe Leu Leu Leu Leu Leu Leu
 435 440 445

Val Ala
 450

<210> 132
 <211> 471
 <212> белок
 <213> Picea sitchensis

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (69)..(234)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 116790012

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1051,6 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 3

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 132
 Met Met Glu Lys Arg Glu Leu Asn Ser Ser Arg Gly Gln Arg Cys Met
 1 5 10 15

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

Leu Thr Ile Leu Ala Ile Ala Phe Ser Pro Ala Gly Ala Tyr Asp Pro
 35 40 45

Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Ile Val Ser Trp
 50 55 60

Thr Ala Asp Gly Tyr Val Ala Ala Val Thr Met His Asn Phe Gln Gln
 65 70 75 80

Tyr Arg His Ile Pro Ser Pro Pro Gly Trp Thr Leu Gly Trp Asn Trp
 85 90 95

Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ala Val Val Gly Gly Gln Thr Thr Glu
 100 105 110

Gln Gly Asp Cys Ser Lys Trp Lys Ala Gly Ser Pro His Cys Cys Lys
 115 120 125

Lys Asp Pro Thr Val Val Asp Leu Leu Pro Gly Val Pro Tyr Asn Gln
 130 135 140

Gln Phe Thr Asn Cys Cys Lys Gly Gly Ala Leu Ala Ser Trp Ala Gln
 145 150 155 160

Asp Pro Pro Asn Ser Val Ala Ser Phe Gln Val Ser Val Gly Asn Ser
 165 170 175

Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Lys Leu Pro Lys Asn Phe Thr Leu Lys
 180 185 190

Ala Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Pro Ala Lys Ile Val Lys Ser
 195 200 205

Ser Leu Phe Phe Ser Thr Asp Arg Arg Arg Thr Thr Gln Ala Leu Met
 210 215 220

Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Phe Leu Ala Gln Lys Ser
 225 230 235 240

Ser Thr Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe Tyr Asn Asp Thr Ile Thr
 245 250 255

Pro Cys Pro Thr Cys Ala Cys Ala Cys Arg Asn Asn Val Thr Gln Pro
 260 265 270

Ser Cys Val His Ser Asp Ser Pro Val Leu Lys Leu Pro Gly Pro Thr
 275 280 285

Asn Pro Ile Thr Asn Ser Leu Gln Pro Pro Leu Leu Gln Cys Thr Arg
 290 295 300

His Met Cys Pro Val Arg Val His Trp His Val Lys Leu Asn Tyr Lys
 305 310 315 320

Asp Tyr Trp Arg Val Lys Ile Thr Val Thr Asn Phe Asn Tyr Arg Met
 325 330 335

Asn Tyr Thr Asp Trp Thr Leu Val Ala Gln His Pro Asn Phe Asp Asn
 340 345 350

Val Thr Gln Val Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Pro Leu Thr Pro Tyr Gly
 355 360 365

Ser Ile Asn Asp Thr Ala Met Phe Trp Gly Gln Lys Tyr Tyr Asn Asp
 370 375 380

Leu Leu Met Gln Ala Gly Pro Met Gly Ser Val Gln Ser Glu Leu Leu
 385 390 395 400

Leu Arg Lys Asp Lys Gln Thr Phe Thr Phe Lys Gln Gly Trp Ala Phe
 405 410 415

Pro Arg Arg Leu Tyr Phe Asn Gly Asp Gln Cys Val Met Pro Ser Pro
 420 425 430

Asp Ala Tyr Pro Trp Leu Pro Ser Thr Ala His Pro Ala Pro Ala Pro
 435 440 445

Pro Ser Leu Phe Ala Phe Ile Leu Pro Leu Ala Leu Ala Leu Ala Ile
 450 455 460

Val Pro Ser Leu Phe Leu Pro
465 470

<210> 133

<211> 462

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (74)..(238)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157356290

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1096,4 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 133

Met Glu Phe Asn Asn Ser Ala Asn Pro Val His His Thr Pro Phe Glu
1 5 10 15

Ala Lys Asp Arg Cys Gln Trp Gln Asp Cys Tyr Ser Phe Arg Glu Leu
20 25 30

Lys His Ile Phe Ser Val Val Ile Phe Phe Met Met Val Ser His Ala
35 40 45

Ile Ala Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Thr Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp
50 55 60

Asp Val Val Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Leu Val Thr Met
65 70 75 80

Asn Asn Phe Gln Met Tyr Arg His Ile Met Thr Pro Gly Trp Thr Leu
85 90 95

Ser Trp Ser Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Val Gly Ala
100 105 110

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

His Cys Cys Glu Lys Thr Pro Thr Val Val Asp Leu Leu Pro Gly Val
130 135 140

Pro Tyr Asn Gln Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys Ala Gly Val Val Ala
145 150 155 160

Ala Trp Gly Gln Asp Pro Ala Gly Ser Val Ser Ser Phe Gln Val Ser
165 170 175

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

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

<210> 134

<211> 1296

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1450186

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 135

<400> 134

```
atgagatttc tcttctttat tgtcttgttt cttgtgctct tttcttggtc aggtgcatat 60
gatcctttgg atccaactgg aaatgtaaca ataaaatggg atattatgtc ttggacgaca 120
gatggctata ttgcaattgt aacattgttc aacttccaaa cgttccggca cttcatgaaa 180
cctggatgga ccataggctg gacatgggca aagaaagaaa tcatatggtc catcaatggt 240
gctcaagcgg ttgaacaagg cgactgctcc aagttcaaag caaacatacc tcattcctgc 300
aagagaagcc ctgcagttgt ggacttgctt cccggtgctc ctttcaacca gcaattcggg 360
aattgttgca aaggcggagt agtggcagca tggggcaaag atccttcagc tgctgtctct 420
caatttcaga ttactgttgg attatccggg acttcaaata aaacagtgaa acttccaaag 480
agcttcacct tgtaggtcc aggaccagga tacacttgty gccctccaaa gatggtgctt 540
tccaccaagt ttcttactcc tgatggtctg cgaagaactc aggcctggt gacttggaa 600
gttacctgca cttactcaca attcatggca agaaaaaacc caagttgctg tgtatctctt 660
tcatctttct acaatcagat actcactccc tgcccaactt gtgctgctgg ttgccaaaac 720
aatgacactt gtgtcaatgg cgattccaga attcttcaat tgccggtagg aaacacaacc 780
cggaaagata atagctctct tctgcaatgc acacaccata tgtgcccggg tcgagtgcac 840
tggcatgtga aggtgaacta taaggagtac tggcgtgtca agattgcat cacaaatttc 900
aactacatga agaactactc gacttgacc ctcgttgtac agcatccgaa tctcaacaac 960
gtaacgcaag ttttagctt cgagtacaaa cctctcattg cctatgactc gataaatgac 1020
acagggatgt tctatggcat gaaggactac aatgacgtat taatggaagc agggccactt 1080
ggaaatcttc aatctgaggt gcttcttcag aaggaccaga acactttcac cttcaagcag 1140
ggatgggcat ttccacggaa agtctacttc aatggcgatg agtgcattgg acccccgcca 1200
gatacatacc catttctgcc caattctgct catggatccc cacacttctc catggttgatt 1260
tctacgttga ttttctggtt cgtgtatata tggtaa 1296
```

<210> 135

<211> 431

<212> белок

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (43)..(207)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1450186

<220>

<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 992,2 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 135

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

Glu Tyr Trp Arg Val Lys Ile Ala Ile Thr Asn Phe Asn Tyr Met Lys
 290 295 300
 Asn Tyr Ser Thr Trp Thr Leu Val Val Gln His Pro Asn Leu Asn Asn
 305 310 315 320
 Val Thr Gln Val Phe Ser Phe Glu Tyr Lys Pro Leu Ile Ala Tyr Asp
 325 330 335
 Ser Ile Asn Asp Thr Gly Met Phe Tyr Gly Met Lys Asp Tyr Asn Asp
 340 345 350
 Val Leu Met Glu Ala Gly Pro Leu Gly Asn Leu Gln Ser Glu Val Leu
 355 360 365
 Leu Gln Lys Asp Gln Asn Thr Phe Thr Phe Lys Gln Gly Trp Ala Phe
 370 375 380
 Pro Arg Lys Val Tyr Phe Asn Gly Asp Glu Cys Met Val Pro Pro Pro
 385 390 395 400
 Asp Thr Tyr Pro Phe Leu Pro Asn Ser Ala His Gly Ser Pro His Phe
 405 410 415
 Ser Met Leu Ile Ser Thr Leu Ile Phe Leu Phe Val Tyr Ile Trp
 420 425 430

<210> 136
 <211> 1576
 <212> ДНК
 <213> Panicum virgatum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1804732

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 137

<400> 136
 аассааатгс гсггтсггс тггтгтгггс тагсгггсгс сгтгггггс гсгггсггс 60
 сгтгггггс аггггггс гатггггс атгггггс ггггггс гатггггс 120
 гсггггс ссггггс гтггггс гтггггс гтггггс гсггггс гаасггггс 180
 аттасатс аатггггс атгггггс агсггггс гтггггс гтггггс гтггггс 240
 атсасасат тсгггггс атгггггс атгггггс ггггггс ггггггс ггггггс 300
 тгггггс агггггс гтггггс гтггггс агггггс гсггггс 360
 тгггггс тсггггс атггггс гтггггс гсггггс гтггггс гтггггс 420
 гтггггс гсггггс атггггс гтггггс гтггггс гтггггс гтггггс 480
 агсгггс гсггггс ссггггс гтггггс тсггггс гтггггс гтггггс 540
 гсггггс ссггггс гтггггс ссггггс тсггггс гтггггс гтггггс 600
 сгггггс гтггггс гтггггс гтггггс гтггггс гтггггс гтггггс 660

cgccgccgca agaccagggc actcatgacg tggaacgtga cgtgcaccta ctgcagtac 720
ctggcgcca agtaccgctc ctgctgcgctc tctttctcct ctttctacaa cgacaccatc 780
gtgccctgcg ccaagtgcgc ctgctggctgc gagcacaaga cctgcgtcca gggcgactcg 840
aagcggccgc tggcggtgac ggggaagcac acgcacgcgg cggcgacgcg cgggcaccgg 900
gacaaggagg cgccgctgct gcagtgcacg acgcacatgt gccccgtgcg cgtgcactgg 960
cacgtcaagc tcaactacaa ggagtactgg cgcgccaaga tcgccatcac caacttcaac 1020
taccgcatga actacacgca gtggacgctc gtcgcgacgc accccaacct cgacaacatc 1080
accgaggtct tcagcttcga ctacaagccc gtcggttgctt acggatccat caatgacacg 1140
gcatgttct acgggctcaa gtacttcaac gaccacctca tgcagggcggg gccgtacggg 1200
aacgtgcagt cggaggtgct catgcgcaag gacgccagca ctttcacctt caggcagggc 1260
tgggcggttc cgcgcaaggt ctacttcaac ggcgatgagt gccagatgcc gccgcccggac 1320
gcctaccct acctgccc aa cgccgcctg cggcccccg tggcgtcgct gggcgccgcg 1380
gtggtggccg tcgtggcggt cctggtgctg gtcgtggtat gagacatgag aaaaacacag 1440
gagagcgatc gacctagcgc tagaatcggc cggcatgggg agaaaaagac gacgatgttt 1500
tgctctgtag atacagtcga cgttttgact tttgagtttc aggattgggt tggatatcta 1560
agtttttttt tctttc 1576

<210> 137
<211> 443
<212> белок
<213> *Panicum virgatum*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (45)..(209)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1804732

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1050,0 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 137
Met Glu Pro Arg Cys Ser Val Met Val Leu Ala Leu Ala Ala Ala Leu
1 5 10 15
Ser Val Ala Val Ala Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr
20 25 30

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

Tyr Gly Asn Val Gln Ser Glu Val Leu Met Arg Lys Asp Ala Ser Thr
 370 375 380
 Phe Thr Phe Arg Gln Gly Trp Ala Phe Pro Arg Lys Val Tyr Phe Asn
 385 390 395 400
 Gly Asp Glu Cys Gln Met Pro Pro Pro Asp Ala Tyr Pro Tyr Leu Pro
 405 410 415
 Asn Ala Ala Leu Pro Ala Pro Val Ala Ser Leu Gly Ala Ala Val Val
 420 425 430
 Ala Val Val Ala Phe Leu Val Leu Val Val Val
 435 440

<210> 138
 <211> 1566
 <212> ДНК
 <213> Panicum virgatum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1781794

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 139

<400> 138
 caggaacttg tcccaccagc tagcagtcag tagcgggtgtt cttgcagagg cggccgggccg 60
 gctcgacgtg cgtcgacgat ggggctccgc cgcgactccg ccgcccgcgct ggtggctctg 120
 gtgctcgcggtg tcacctgctg ctccgttgca gtagtggcct acgatcccct ggacccgaac 180
 ggcaacatca ccatcaagtg ggacgtcatc tcttggacgc ccgacgggcta cgtggcgatg 240
 gtgacgatga gcaactacca gatgtaccgg cacatcatgg cccccgggtg gacgggtgggg 300
 tggctcgtggg ccaagaaaga ggtgatctgg tccatcgtgg gcgcgagggc cacggagcag 360
 ggcgactgct ccaagttcaa ggccggcatc ccgactgct gcaagcgcac ccccgcctg 420
 gtggacctcc tcccgggctg accctacaac cagcagatcg ccaactgctg caaggccggc 480
 gtcgtcgccg cctacggcca ggacccacc gccgcccgtct ccgccttcca ggtctccgtc 540
 ggctcgcggc gcaccaccaa caagaccgtc aagctcccca ccaacttcac cctccagggc 600
 cccggcccgg gctacacctg cggccccgcc cgcgtcgtcc cctccaccgt ctacctacc 660
 cccgaccgcc gccgcccgcac gcaggcgctc atgacctgga ccgtcacctg cacctactcc 720
 cagcagctcg cctcccggta cccctcctgc tgcgtctcct tctcctcctt ctacaacagc 780
 accatcgtgc cctgcgcca ctgcgctgc ggctgcggcc atggcggcca cggcggcgcc 840
 ggctgcatcg ccggcgactc caagcgcgcg ctctcccccg gcgtcaacac gccgcgaggg 900
 gacgggcagc cgctgctgca gtgcacggcg cacatgtgcc cgggtgcgct ccaactggc 960
 gtcaagctca actacaaaga ctactggcgc gccaaagatcg ccatcaccaa cttcaactac 1020

cggatcaact acacgcagtg gacgctggtg gcgcagcacc ccaacctgga caacgtcacc 1080
 gaggtcttca gcttccagta caggccgctg ctgccctacg gcgccatcaa cgacaccggc 1140
 atgttctacg ggctcaaatt ctacaacgac ctgctcatgg aggccggggc tttcggcaac 1200
 gtgcagtccg aggtgctcat gcgcaaggac gccagaacct tcaccttcag ccaggggatgg 1260
 gccttcccaa ggaagatcta cttcaacggc gacgagtgca agatgccgcc gccggactcc 1320
 taccctacc tgcccaacag gtccgcccgg gttgcccac cgtcggtgat cgcctcggca 1380
 ttctgctgg cgctgctgct cctgctggcg ccgtgattga tagggagcag cagagtgtgt 1440
 tgttacctgt gcagcgggtg tttcgtcatg taaacataac gcggtgggat ctccaattac 1500
 tttctagaca gcctgagaac aatgatagt aatacatagt agagcacaag ctttttctg 1560
 cggttt 1566

<210> 139

<211> 445

<212> белок

<213> Panicum virgatum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (51)..(215)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1781794

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1098,5 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 139

Met Gly Leu Arg Arg Asp Ser Ala Ala Ala Leu Val Ala Leu Val Leu
 1 5 10 15

Ala Val Thr Cys Cys Ser Val Ala Val Val Ala Tyr Asp Pro Leu Asp
 20 25 30

Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Val Ile Ser Trp Thr Pro
 35 40 45

Asp Gly Tyr Val Ala Met Val Thr Met Ser Asn Tyr Gln Met Tyr Arg
 50 55 60

His Ile Met Ala Pro Gly Trp Thr Val Gly Trp Ser Trp Ala Lys Lys
 65 70 75 80

Glu Val Ile Trp Ser Ile Val Gly Ala Gln Ala Thr Glu Gln Gly Asp
 85 90 95

Cys Ser Lys Phe Lys Ala Gly Ile Pro His Cys Cys Lys Arg Thr Pro
 100 105 110

Ala Val Val Asp Leu Leu Pro Gly Val Pro Tyr Asn Gln Gln Ile Ala
 115 120 125

Asn Cys Cys Lys Ala Gly Val Val Ala Ala Tyr Gly Gln Asp Pro Thr
 130 135 140

Ala Ala Val Ser Ala Phe Gln Val Ser Val Gly Leu Ala Gly Thr Thr
 145 150 155 160

Asn Lys Thr Val Lys Leu Pro Thr Asn Phe Thr Leu Gln Gly Pro Gly
 165 170 175

Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Pro Ala Arg Val Val Pro Ser Thr Val Tyr
 180 185 190

Leu Thr Pro Asp Arg Arg Arg Arg Thr Gln Ala Leu Met Thr Trp Thr
 195 200 205

Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Gln Leu Ala Ser Arg Tyr Pro Ser Cys
 210 215 220

Cys Val Ser Phe Ser Ser Phe Tyr Asn Ser Thr Ile Val Pro Cys Ala
 225 230 235 240

His Cys Ala Cys Gly Cys Gly His Gly Gly His Gly Gly Ala Gly Cys
 245 250 255

Ile Ala Gly Asp Ser Lys Arg Ala Leu Ser Pro Gly Val Asn Thr Pro
 260 265 270

Arg Arg Asp Gly Gln Pro Leu Leu Gln Cys Thr Pro His Met Cys Pro
 275 280 285

Val Arg Val His Trp His Val Lys Leu Asn Tyr Lys Asp Tyr Trp Arg
 290 295 300

Ala Lys Ile Ala Ile Thr Asn Phe Asn Tyr Arg Ile Asn Tyr Thr Gln
 305 310 315 320

Trp Thr Leu Val Ala Gln His Pro Asn Leu Asp Asn Val Thr Glu Val
 325 330 335

Phe Ser Phe Gln Tyr Arg Pro Leu Leu Pro Tyr Gly Ala Ile Asn Asp
 340 345 350

Thr Gly Met Phe Tyr Gly Leu Lys Phe Tyr Asn Asp Leu Leu Met Glu
 355 360 365

Ala Gly Pro Phe Gly Asn Val Gln Ser Glu Val Leu Met Arg Lys Asp
 370 375 380

Ala Arg Thr Phe Thr Phe Ser Gln Gly Trp Ala Phe Pro Arg Lys Ile
 385 390 395 400

Tyr Phe Asn Gly Asp Glu Cys Lys Met Pro Pro Pro Asp Ser Tyr Pro
 405 410 415

Tyr Leu Pro Asn Arg Ser Ala Arg Val Ala Ala Pro Ser Val Ile Ala
 420 425 430

Ser Ala Phe Leu Leu Ala Leu Leu Leu Leu Ala Pro
435 440 445

<210> 140
<211> 1341
<212> ДНК
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8656625

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 141

<400> 140
atggagcccc gatgcttcgt gctggctcctg gccctcgccg ccgcgctctc cgtcgcagtg 60
gcttacgacc cgttggacc gaacgggaac attaccatca aatgggacat catgtcgtgg 120
acgcctgacg gctatgtcgc ggtggtgacc atcaacaact tccagatgta ccggcagatc 180
atggcgccgg ggtggacggt ggggtggacg tgggcgaagc gtgaggtgat ctgggtccatg 240
gtgggcgcgc aggcgacgga gcagggcgac tgctcccgt tcaaggcca catcccgcac 300
tgctgcaagc gcacgcccac cgtcgtcgac ctgctccccg gcgtgcccta caaccagcag 360
atcgccaact gctgccgcg cggcgtcatc agcgcctacg gccaggacc ggctccgccc 420
gtcgcgcgct tccaggtcag cgtcggccag gccggcacca ccaaccgcac cgtcaagggtt 480
ccaagaact tcacgctgct tgggccaggg ccagggatca cctgcggccc cggcaagatt 540
gttcctcca cgtcttctt cacgcccgc acgcccgcga agacacaagc cctcatgacg 600
tggaacgtga cgtgcaccta ctgcgagcac ctggcgtcca agtaccgctc ctgctgcgctc 660
tccttctct ccttctaca cgacaccatc gtgccctgcg ccaagtgcgc ctgcggctgc 720
gagcacaaga cctgcgtcca gggcgactcg aagcggctgg cggtgacggg gaagcacgag 780
cacgcgcacg cggcggcggc gcgcgggcac agggacaagg aggcgcccgt gctgcagtg 840
acgacgcaca tgtgccccgt gcgcgtgcac tggcacgtca agctcaacta caaggagtac 900
tggcgggcca agatcgccat caccaacttc aactaccaca tgaactacac gcagtggacg 960
ctcgtcgcgc agcaccctca cctcgacaac atcaccgagg tcttcagctt cgactacaag 1020
cctgtcgtcg cctacggatc catcaatgac acggcgatgt tctacgggct caagtacttc 1080
aacgaccacc tgatgcaggc ggggccgtac gggaacgtgc agtcggagggt gctgatgcgc 1140
aaggacgcca gcacctcac cttcaggcag ggctgggcgt tcccgcgcaa ggtctacttc 1200
aacggcgacg agtgccagat gccgcccgg gacgagatc cctacttgcc caactcagcc 1260
ctgccggcag ccgcggcgctc gtcgtcgtcg ggcgctgcgg tagcggccgt cgtgggtgctc 1320
ttgggtgatga tcgtggcatg a 1341

<210> 141
<211> 446
<212> белок
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (45)..(209)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8656625

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1042,9 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 141
Met Glu Pro Arg Cys Phe Val Leu Val Leu Ala Leu Ala Ala Leu
1 5 10 15
Ser Val Ala Val Ala Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr
20 25 30
Ile Lys Trp Asp Ile Met Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Val
35 40 45
Val Thr Ile Asn Asn Phe Gln Met Tyr Arg Gln Ile Met Ala Pro Gly
50 55 60
Trp Thr Val Gly Trp Thr Trp Ala Lys Arg Glu Val Ile Trp Ser Met
65 70 75 80
Val Gly Ala Gln Ala Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Arg Phe Lys Ala
85 90 95
Asn Ile Pro His Cys Cys Lys Arg Thr Pro Thr Val Val Asp Leu Leu
100 105 110
Pro Gly Val Pro Tyr Asn Gln Gln Ile Ala Asn Cys Cys Arg Gly Gly
115 120 125
Val Ile Ser Ala Tyr Gly Gln Asp Pro Ala Ser Ala Val Ala Ala Phe
130 135 140
Gln Val Ser Val Gly Gln Ala Gly Thr Thr Asn Arg Thr Val Lys Val
145 150 155 160
Pro Lys Asn Phe Thr Leu Leu Gly Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly
165 170 175
Pro Gly Lys Ile Val Pro Ser Thr Val Phe Leu Thr Pro Asp Arg Arg
180 185 190
Arg Lys Thr Gln Ala Leu Met Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser
195 200 205

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

<210> 142
 <211> 447
 <212> белок
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (47)..(211)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 162462515

<220>
 <221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1036,7 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 142

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

Ala Lys Ile Ala Ile Thr Asn Phe Asn Tyr His Met Asn Tyr Thr Gln
305 310 315 320

Trp Thr Leu Val Ala Gln His Pro Asn Leu Asp Asn Ile Thr Glu Val
325 330 335

Phe Ser Phe Gly Tyr Lys Pro Val Val Ser Tyr Gly Ser Ile Asn Asp
340 345 350

Thr Ala Met Phe Tyr Gly Leu Lys Tyr Phe Asn Asp His Leu Met Gln
355 360 365

Ala Gly Pro Tyr Gly Asn Val Gln Ser Glu Val Leu Met Arg Lys Asp
370 375 380

Ala Ser Thr Phe Thr Phe Arg Gln Gly Trp Ala Phe Pro Arg Lys Val
385 390 395 400

Tyr Phe Asn Gly Asp Glu Cys Gln Met Pro Pro Pro Asp Ala Tyr Pro
405 410 415

Tyr Leu Pro Asn Ser Ala Pro Pro Thr Ala Ala Ala Ser Leu Gly Gly
420 425 430

Ala Ala Ala Ala Ala Val Val Val Leu Leu Gly Met Ile Val Ala
435 440 445

<210> 143
<211> 1529
<212> ДНК
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 570485

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 144

<400> 143
atctgcgctt tctggtgaga gtacgtgtgt tggttgttct tgcaggcact tgcacgcgtg 60
gtcaccatgg agctgcccc aagcgcgctc gcgctgatcg tcgcccgggc cggcacgctc 120
tccgtcgcag tggcctacga cccgctggat cccaacggga acatcaccat caaatgggac 180
gttctctcgt ggacgccaga cggatacgtc gcgacgggtga cgatcaacaa cttccagacg 240
taccggcaga tcatggcgcc ggggtggacg gtgggggtgga cgtggggcgaa gcgggaggtg 300
atctggtcca tgggtggcgc gcaggccacg gagcagggcg actgctccaa gttcaaggcc 360
aacctcccgc actcgtgcaa gcgcaccccc gccgtcgtcg acctgctccc gggcgtgccc 420
tacaaccagc agatcgccaa ctgctgccgc ggcggcgtcg tctccgccta cggccaggac 480
ccgtccggcg ccgtgtcctc cttccaggtc agcgtcggcc aggccggcac caccaaccgc 540
accgtcaagg tccccaaaga cttcacctc ctcggccccg gcccaggcta cacctgcggc 600
cccgccaagg tcgtcccctc caccgtcttc ctcaccgccg accaccgccg caagaccag 660

gccctcatga cgtggaacgt gacgtgcacc tactcgcagc acctggcgtc caagtacccg 720
 acctgctgcg tctccttctc ctccttctac aacgacacca tcgtgccctg cgccaagtgc 780
 gcgtgcggtc gcgagcacia gacctgcgcc cgcagcgagc gggactcгаа gcgggtcatg 840
 tcggcgtcgg ggaagagcag cgcgcacgcy gtcaccgcyg tcgcggygca cgtgaaccgg 900
 cagagcgcyg cgcgctgct gcagtgcacg acccacatgt gccccgtgcy cgtccactgg 960
 cacgtcaagc tcaactacca cgactactgg cgcgccaagg tgaccgtcac caacttcaac 1020
 taccgacca actacaccgg ctggagcctc gtcgcccagc accccaacct cgacaacatc 1080
 accgaggtct tcagcttсga ctacaagccc gtcgtctcct acggctccat caatgatacy 1140
 gcgctgttct acgggatгаа gttcttcaac gaccagctca tggaggyggg gccgtacggg 1200
 aacgtgcagt cggaggtgct gatgcycaa gacgccagca cattcacgtt caggcaggyg 1260
 tgggcyttcc cgcggaagat ctacttcaac ggcgacgagt gccggatgcc gccgcyggac 1320
 tcctaccctt acctgccccaa ctccgcyccg gcgtcgtcgy tgagctccgc ctccgctcgc 1380
 gtcgccttct tggttctact catggcatga gcgtcggagg cggccatgat gttttgcctg 1440
 tagatcatag gagaacgttt tgggcttcaa ggttgagatc ggtggtgttt таатctggat 1500
 атааттаааc gcaagttttt ccccattac 1529

<210> 144
 <211> 447
 <212> белок
 <213> Sorghum bicolor

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (47)..(211)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 570485

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1016,9 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 3

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 144
 Met Glu Leu Pro His Ala Ala Leu Ala Leu Ile Val Ala Ala Ala Ala
 1 5 10 15
 Thr Leu Ser Val Ala Val Ala Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Asn Gly Asn
 20 25 30

Ile Thr Ile Lys Trp Asp Val Leu Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val
 35 40 45

Ala Thr Val Thr Ile Asn Asn Phe Gln Thr Tyr Arg Gln Ile Met Ala
 50 55 60

Pro Gly Trp Thr Val Gly Trp Thr Trp Ala Lys Arg Glu Val Ile Trp
 65 70 75 80

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

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

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

Gly Gly Val Val Ser Ala Tyr Gly Gln Asp Pro Ser Gly Ala Val Ser
 130 135 140

Ser Phe Gln Val Ser Val Gly Gln Ala Gly Thr Thr Asn Arg Thr Val
 145 150 155 160

Lys Val Pro Lys Asn Phe Thr Leu Leu Gly Pro Gly Pro Gly Tyr Thr
 165 170 175

Cys Gly Pro Ala Lys Val Val Pro Ser Thr Val Phe Leu Thr Ala Asp
 180 185 190

His Arg Arg Lys Thr Gln Ala Leu Met Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr
 195 200 205

Tyr Ser Gln His Leu Ala Ser Lys Tyr Pro Thr Cys Cys Val Ser Phe
 210 215 220

Ser Ser Phe Tyr Asn Asp Thr Ile Val Pro Cys Ala Lys Cys Ala Cys
 225 230 235 240

Gly Cys Glu His Lys Thr Cys Ala Arg Ser Glu Arg Asp Ser Lys Arg
 245 250 255

Leu Met Ser Ala Ser Gly Lys Ser Ser Ala His Ala Val Thr Ala Val
 260 265 270

Arg Gly His Val Asn Arg Gln Ser Ala Ala Pro Leu Leu Gln Cys Thr
 275 280 285

Thr His Met Cys Pro Val Arg Val His Trp His Val Lys Leu Asn Tyr
 290 295 300

His Asp Tyr Trp Arg Ala Lys Val Thr Val Thr Asn Phe Asn Tyr Arg
 305 310 315 320

Thr Asn Tyr Thr Gly Trp Thr Leu Val Ala Gln His Pro Asn Leu Asp
 325 330 335

Asn Ile Thr Glu Val Phe Ser Phe Asp Tyr Lys Pro Val Val Ser Tyr
 340 345 350

Gly Ser Ile Asn Asp Thr Ala Leu Phe Tyr Gly Met Lys Phe Phe Asn
 355 360 365

Asp Gln Leu Met Glu Ala Gly Pro Tyr Gly Asn Val Gln Ser Glu Val
 370 375 380
 Leu Met Arg Lys Asp Ala Ser Thr Phe Thr Phe Arg Gln Gly Trp Ala
 385 390 395 400
 Phe Pro Arg Lys Ile Tyr Phe Asn Gly Asp Glu Cys Arg Met Pro Pro
 405 410 415
 Pro Asp Ser Tyr Pro Tyr Leu Pro Asn Ser Ala Pro Ala Ser Leu Val
 420 425 430
 Ser Ser Ala Ser Val Val Val Ala Phe Leu Val Leu Leu Met Ala
 435 440 445

<210> 145

<211> 441

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (46)..(210)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 125586664

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1075,6 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 145

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

Cys Ser Val Ala Val Ala Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Lys Gly Asn Ile
 20 25 30

Thr Ile Lys Trp Asp Val Ile Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala
 35 40 45

Met Val Thr Met Ser Asn Tyr Gln Met Tyr Arg Gln Ile Leu Ala Pro
 50 55 60

Gly Trp Thr Val Gly Trp Ser Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser
 65 70 75 80

Ile Val Gly Ala Gln Ala Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Lys Phe Lys
 85 90 95

Gly Gly Ile Pro His Ser Cys Lys Arg Thr Pro Ala Ile Val Asp Leu
 100 105 110

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

Gly Val Val Ser Ala Tyr Gly Gln Asp Pro Ala Gly Ser Val Ser Ala
 130 135 140
 Phe Gln Val Ser Val Gly Leu Ala Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Lys
 145 150 155 160
 Leu Pro Thr Asn Phe Thr Leu Ala Gly Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys
 165 170 175
 Gly Pro Ala Thr Ile Val Pro Ser Thr Val Tyr Leu Thr Pro Asp Arg
 180 185 190
 Arg Arg Arg Thr Gln Ala Leu Met Thr Trp Thr Val Thr Cys Thr Tyr
 195 200 205
 Ser Gln Gln Leu Ala Ser Arg Tyr Pro Thr Cys Cys Val Ser Phe Ser
 210 215 220
 Ser Phe Tyr Asn Ser Thr Ile Val Pro Cys Ala Ser Arg Arg Asn Ser
 225 230 235 240
 Gly Gly Gly Gly Gly His Ser Gly Gly Thr Glu Cys Ile Met Gly Asp
 245 250 255
 Ser Lys Arg Ala Leu Ser Ala Gly Val Asn Thr Pro Arg Lys Asp Gly
 260 265 270
 Ala Pro Leu Leu Gln Cys Thr Ser His Met Cys Pro Ile Arg Val His
 275 280 285
 Trp His Val Lys Leu Asn Tyr Lys Asp Tyr Trp Arg Ala Lys Ile Ala
 290 295 300
 Ile Thr Asn Phe Asn Tyr Arg Met Asn Tyr Thr Gln Trp Thr Leu Val
 305 310 315 320
 Ala Gln His Pro Asn Leu Asn Asn Val Thr Glu Val Phe Ser Phe Gln
 325 330 335
 Tyr Lys Pro Leu Leu Pro Tyr Gly Asn Ile Asn Asp Thr Gly Met Phe
 340 345 350
 Tyr Gly Leu Lys Phe Tyr Asn Asp Leu Leu Met Glu Ala Gly Pro Phe
 355 360 365
 Gly Asn Val Gln Ser Glu Val Leu Met Arg Lys Asp Tyr Asn Thr Phe
 370 375 380
 Thr Phe Ser Gln Gly Trp Ala Phe Pro Arg Lys Ile Tyr Phe Asn Gly
 385 390 395 400
 Asp Glu Cys Lys Met Pro Pro Pro Asp Ser Tyr Pro Tyr Leu Pro Asn
 405 410 415
 Ser Ala Pro Ile Gly Pro Pro Arg Ser Val Ala Ala Ala Ala Ser Ala
 420 425 430
 Ile Leu Val Val Leu Leu Leu Val Ala
 435 440

<210> 146

<211> 458

<212> белок
<213> Picea sitchensis

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (63)..(227)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 116788824

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 967,3 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 146

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

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

<210> 147

<211> 468

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (46)..(210)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 115453531

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1101,6 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 147

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

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

<210> 148
 <211> 1715
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 17250

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 149

<400> 148
 aaaaaatgtc tcattgcttc tctcgttcta aaaaaaatct tgctgctatc tctctataag 60
 tccactcctc cttcaagcaa agcaccttcc tcttcttttt gctcctctga gattgggtta 120
 agattaaacc agacccatct aagggatctg gaacaagctt cgtctctggt tccactctga 180
 tcatcagagt attaaaaatg gagtctttct tctccagatc cacctccatc gtctccaaat 240
 tgagtttctt ggccttatgg atcgtcttct tgatttcttc atcttctttt acttcgacag 300
 aagcatatga tgcgcttgat ccagaaggca acattacaat taaatgggat gttatgagct 360
 ggactcctga tggctatggt gccgtgggta cgatgttcaa cttccagaaa tacagacaca 420
 ttcaatctcc aggatggaca ttaggttgga aatgggcaaa gaaggaagtt atatggagta 480

tggttggagc acaacaact gaacaaggtg attgttcaaa gtacaaagga aacataccac 540
 attgttgtaa gaaggatcca acagttgtag acttgcttcc agggactcct tataatcagc 600
 agattgctaa ttgctgcaag ggtgggtgta tgaactcatg ggttcaagac cctgccactg 660
 cggctagctc cttccagatt agtgttggtg ctgctggaac cacaaacaaa accgtagggg 720
 tccaagaaa cttcactctc atgggacctg gtccaggtta cacttgtggt ccagcaaaga 780
 ttgtcagacc aacaaaatth gtcacgactg acacacgcag aaccactcaa gctatgatga 840
 catggaacat tacgtgcaca tactcgcagt tccttgctca aagaactcca acttgctgtg 900
 tttctttatc ttctttctac aatgaaacca ttgttggatg tccaacttgt gcttgcggat 960
 gtcaaaacaa cagaacagaa tccgggtgcct gcctcgaccc ggacacacca cacttagcct 1020
 cggttgtgtc accaccaaca aagaaaggaa cggttttacc accattagtg caatgcacga 1080
 gacacatgtg cccgatcaga gtgcattggc atgtaaagca gaactacaaa gagtattggc 1140
 gtgtgaagat cacaatcaca aacttcaact atcgcttgaa ctacacacaa tggaaccttg 1200
 ttgctcaaca tccaaatctc gacaacatca ctcaaactct cagcttcaac tacaatctc 1260
 ttactcctta cgctggacta aacgatacgg cgatgttatg gggagtgaag ttctacaacg 1320
 atttcttatc agaagcaggt cctcttggga atgttcaatc agagattttg ttccgtaaag 1380
 accaatcaac cttcacattc gagaaagggt gggcttttcc acgaaggatt tactttaatg 1440
 gagacaattg cgtcatgcct cctccagact cttacccttt tcttcccaac ggtgggtccc 1500
 ggtcacaatt ctattcgtc gccgccgtgc tcctccctct tcttgtcttt ttcttcttct 1560
 ctgcctaatc tcggatttac ggttttgcca ctggtttgct tagggttacg gtggagtggg 1620
 ataaacgttt atttatgatt cttttgtgtc ccacaaaaat tataatcttt tgatactttt 1680
 taaaaatata aatagttttc aacttccttg ttttt 1715

<210> 149

<211> 456

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (60)..(224)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 17250

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 954,5 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 149

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

Thr Asn Phe Asn Tyr Arg Leu Asn Tyr Thr Gln Trp Asn Leu Val Ala
 325 330 335
 Gln His Pro Asn Leu Asp Asn Ile Thr Gln Ile Phe Ser Phe Asn Tyr
 340 345 350
 Lys Ser Leu Thr Pro Tyr Ala Gly Leu Asn Asp Thr Ala Met Leu Trp
 355 360 365
 Gly Val Lys Phe Tyr Asn Asp Phe Leu Ser Glu Ala Gly Pro Leu Gly
 370 375 380
 Asn Val Gln Ser Glu Ile Leu Phe Arg Lys Asp Gln Ser Thr Phe Thr
 385 390 395 400
 Phe Glu Lys Gly Trp Ala Phe Pro Arg Arg Ile Tyr Phe Asn Gly Asp
 405 410 415
 Asn Cys Val Met Pro Pro Pro Asp Ser Tyr Pro Phe Leu Pro Asn Gly
 420 425 430
 Gly Ser Arg Ser Gln Phe Ser Phe Val Ala Ala Val Leu Leu Pro Leu
 435 440 445
 Leu Val Phe Phe Phe Phe Ser Ala
 450 455

<210> 150

<211> 1371

<212> ДНК

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1363625

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 151

<400> 150

atggagtctt tcttctccag atccacctcc atcgtctcca aattgagttt cttggcctta 60
 tggatcgtct tcttgatttc ttcattcttct tttacttcga cagaagcata tgatgcgctt 120
 gatccagaag gcaacattac aatgaaatgg gatgttatga gctggactcc tgatggctat 180
 gttgccgtgg ttacgatgtt caacttccag aaatacagac acattcaatc tccaggatgg 240
 acattagggtt ggaaatgggc aaagaaggaa gttatatgga gtatggttgg agcacaacaa 300
 actgaacaag gtgattgttc aaagtacaaa ggaaacatac cacattgttg taagaaggat 360
 ccaacagttg tagacttgct tccagggact cttataatc agcagattgc taattgctgc 420
 aagggtggtg ttatgaactc atgggttcaa gaccctgcca ctgctggctag ctccttccag 480
 attagtgttg gtgctgctgg aaccacaaac aaaaccgtta ggggcccaag aaacttcaact 540
 ttcattgggac ctgggtccagg ttacacttgt ggtccagcaa agattgtcag accaacaacaa 600
 tttgtcacga ctgacacacg cagaaccact caagctatga tgacatggaa cattacgtgc 660

acatactcgc agttccttgc tcaaagaact ccaacttgct gtgtttcttt atcttctttc 720
 tacaatgaaa ccattgttgg atgtccaact tgtgcttgcg gatgtcaaaa caacagaaca 780
 gaatccggtg cctgcctcga cccggacaca ccacacttag cctcggttgt gtcaccacca 840
 acaaagaaag gaacggtttt accaccatta gtgcaatgca cgagacacat gtgcccgatc 900
 agagtgcatt ggcattgtaa gcagaactac aaagagtatt ggcgtgtgaa gatcacaatc 960
 acaaacttca actatcgctt gaactacaca caatggaacc ttgttgctca acatccaaat 1020
 ctcgacaaca tcaactcaat cttcagcttc aactacaaat ctcttactcc ttacgctgga 1080
 ctaaagata cggcgatggt atggggagtg aagttctaca acgatttctt atcagaagca 1140
 ggtcctcttg ggaatgttca atcagagatt ttgttccgta aagaccaatc aaccttcaca 1200
 ttcgagaaaag gttgggcttt tccacgaagg atttacttta atggagacaa ttgcgtcatg 1260
 cctcctccag actcttacc ttttcttccc aacggtggtt cccggtcaca attctcattc 1320
 gtcgcccgcg tgctcctccc tcttcttgtc ttttcttct tctctgccta a 1371

<210> 151

<211> 456

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (60)..(224)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1363625

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 951,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 151

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

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

Ser Thr Glu Ala Tyr Asp Ala Leu Asp Pro Glu Gly Asn Ile Thr Met
 35 40 45

Lys Trp Asp Val Met Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Val Val
 50 55 60

Thr Met Phe Asn Phe Gln Lys Tyr Arg His Ile Gln Ser Pro Gly Trp
 65 70 75 80

Thr Leu Gly Trp Lys Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Val
 85 90 95

Gly Ala Gln Thr Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Lys Tyr Lys Gly Asn
 100 105 110

Ile Pro His Cys Cys Lys Lys Asp Pro Thr Val Val Asp Leu Leu Pro
 115 120 125

Gly Thr Pro Tyr Asn Gln Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys Gly Gly Val
 130 135 140

Met Asn Ser Trp Val Gln Asp Pro Ala Thr Ala Ala Ser Ser Phe Gln
 145 150 155 160

Ile Ser Val Gly Ala Ala Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Arg Val Pro
 165 170 175

Arg Asn Phe Thr Leu Met Gly Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Pro
 180 185 190

Ala Lys Ile Val Arg Pro Thr Lys Phe Val Thr Thr Asp Thr Arg Arg
 195 200 205

Thr Thr Gln Ala Met Met Thr Trp Asn Ile Thr Cys Thr Tyr Ser Gln
 210 215 220

Phe Leu Ala Gln Arg Thr Pro Thr Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe
 225 230 235 240

Tyr Asn Glu Thr Ile Val Gly Cys Pro Thr Cys Ala Cys Gly Cys Gln
 245 250 255

Asn Asn Arg Thr Glu Ser Gly Ala Cys Leu Asp Pro Asp Thr Pro His
 260 265 270

Leu Ala Ser Val Val Ser Pro Pro Thr Lys Lys Gly Thr Val Leu Pro
 275 280 285

Pro Leu Val Gln Cys Thr Arg His Met Cys Pro Ile Arg Val His Trp
 290 295 300

His Val Lys Gln Asn Tyr Lys Glu Tyr Trp Arg Val Lys Ile Thr Ile
 305 310 315 320

Thr Asn Phe Asn Tyr Arg Leu Asn Tyr Thr Gln Trp Asn Leu Val Ala
 325 330 335

Gln His Pro Asn Leu Asp Asn Ile Thr Gln Ile Phe Ser Phe Asn Tyr
 340 345 350

Lys Ser Leu Thr Pro Tyr Ala Gly Leu Asn Asp Thr Ala Met Leu Trp
 355 360 365

Gly Val Lys Phe Tyr Asn Asp Phe Leu Ser Glu Ala Gly Pro Leu Gly
 370 375 380

Asn Val Gln Ser Glu Ile Leu Phe Arg Lys Asp Gln Ser Thr Phe Thr
 385 390 395 400

Phe Glu Lys Gly Trp Ala Phe Pro Arg Arg Ile Tyr Phe Asn Gly Asp
405 410 415

Asn Cys Val Met Pro Pro Pro Asp Ser Tyr Pro Phe Leu Pro Asn Gly
420 425 430

Gly Ser Arg Ser Gln Phe Ser Phe Val Ala Ala Val Leu Leu Pro Leu
435 440 445

Leu Val Phe Phe Phe Phe Ser Ala
450 455

<210> 152
<211> 451
<212> белок
<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (45)..(209)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 75133694

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1006,3 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 152
Met Ala Val Leu Gly Ser Leu Leu Leu Leu Ile Leu Ala Ala Thr Leu
1 5 10 15

Ser Val Ala Val Ala Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr
20 25 30

Ile Lys Trp Asp Val Met Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Met
35 40 45

Val Thr Ile Asn Asn Tyr Gln Thr Tyr Arg Gln Ile Met Ala Pro Gly
50 55 60

Trp Thr Val Gly Trp Thr Trp Ala Arg Gln Glu Val Ile Trp Ser Met
65 70 75 80

Val Gly Ala Gln Ala Thr Asp Gln Gly Asp Cys Ser Arg Phe Lys Ala
85 90 95

Asn Leu Pro His Cys Cys Arg Arg Thr Pro Ala Val Val Asp Leu Leu
100 105 110

Pro Gly Val Pro Tyr Asn Gln Gln Ile Ala Asn Cys Cys Arg Gly Gly
115 120 125

Val Leu Pro Ala Tyr Gly Gln Ala Pro Ser Ala Ala Ala Ala Ala Phe
130 135 140

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

<210> 153

<211> 469

<212> белок
<213> *Vitis vinifera*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (60)..(224)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 147780878

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 962,8 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 153

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

Phe Leu Ser Gln Lys Thr Pro Thr Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe
 225 230 235 240
 Tyr Asn Asp Thr Ile Val Pro Cys Pro Thr Cys Thr Cys Gly Cys Gln
 245 250 255
 Asn Asn Ile Thr Gln Pro Gly Ser Cys Val Glu Glu Asp Ser Pro Tyr
 260 265 270
 Leu Ala Ser Val Val Ser Gly Ser Gly Lys Asn Ser Tyr Thr Pro Leu
 275 280 285
 Val Gln Cys Thr Lys His Met Cys Pro Ile Arg Val His Trp His Val
 290 295 300
 Lys Leu Ser Tyr Lys Glu Tyr Trp Arg Val Lys Val Thr Ile Thr Asn
 305 310 315 320
 Phe Asn Tyr Arg Met Asn Tyr Thr Gln Trp Asn Leu Val Val Gln His
 325 330 335
 Pro Asn Phe Asp Asn Leu Thr Gln Ile Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Ser
 340 345 350
 Leu Thr Pro Tyr Ala Ala Ile Asn Asp Thr Ala Met Leu Trp Gly Val
 355 360 365
 Lys Phe Tyr Asn Asp Leu Leu Val Gln Ala Gly Pro Leu Gly Asn Val
 370 375 380
 Gln Ser Glu Leu Leu Phe Arg Lys Asp Lys Ser Thr Phe Thr Phe Glu
 385 390 395 400
 Lys Gly Trp Ala Phe Pro Arg Arg Ile Tyr Phe Asn Gly Asp Asn Cys
 405 410 415
 Val Met Pro Pro Pro Asp Ser Tyr Pro Trp Leu Pro Asn Ala Thr Ser
 420 425 430
 Arg Thr Ser Thr Ser Leu Leu Thr Leu Ile Met Val Leu Leu Ser Ala
 435 440 445
 Leu Leu Leu Tyr Ala His Gly Tyr Asp Asn Phe Ile Gly Lys Phe Tyr
 450 455 460
 Met Gln Tyr Ala Lys
 465

<210> 154

<211> 456

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (60)..(224)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157341291

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 964,1 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 154

Met Gly Phe Cys Leu Ser Leu Ile Ser Arg Ser Ile Ser Ser Phe Cys
1 5 10 15

Gly Cys Thr Ile Leu Leu Leu Phe Leu Leu Ser Cys Ser Cys Phe Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Ala Tyr Asp Ala Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile
35 40 45

Lys Trp Asp Ile Met Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Val Val
50 55 60

Thr Met Tyr Asn Phe Gln Gln Tyr Arg His Ile Gln Ser Pro Gly Trp
65 70 75 80

Ser Leu Gln Trp Thr Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Leu
85 90 95

Gly Gly Gln Thr Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Arg Phe Lys Gly Asn
100 105 110

Val Pro His Cys Cys Lys Lys Asp Pro Thr Val Val Asp Leu Leu Pro
115 120 125

Gly Thr Pro Tyr Asn Gln Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys Gly Gly Val
130 135 140

Val Ser Ser Trp Val Gln Asp Pro Ala Asn Ala Ala Ser Ser Phe Gln
145 150 155 160

Val Ser Val Gly Ser Ala Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Arg Val Pro
165 170 175

Lys Asn Phe Thr Leu Lys Ala Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Pro
180 185 190

Ala Lys Ile Val Lys Pro Thr Arg Phe Val Thr Gln Asp Gly Arg Arg
195 200 205

Val Thr Gln Ala Leu Met Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln
210 215 220

Phe Leu Ser Gln Lys Thr Pro Thr Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe
225 230 235 240

Tyr Asn Asp Thr Ile Val Pro Cys Pro Thr Cys Thr Cys Gly Cys Gln
245 250 255

Asn Asn Ile Thr Gln Pro Gly Ser Cys Val Glu Glu Asp Ser Pro Tyr
260 265 270

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

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

<210> 155
 <211> 448
 <212> белок
 <213> Phaseolus vulgaris

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (53)..(217)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 38194916

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 965,0 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 3

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 155
 Met Gly Phe Ser Leu Leu Pro Lys Ala Thr Pro Cys Ile Leu Leu Leu
 1 5 10 15

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

Asn Asp Thr Ala Met Leu Trp Gly Val Lys Phe Tyr Asn Asp Phe Leu
355 360 365

Ser Gln Ala Gly Pro Asn Gly Asn Val Gln Ser Glu Leu Leu Phe Arg
370 375 380

Lys Asp Lys Ala Thr Phe Thr Phe Asp Lys Gly Trp Ala Phe Pro Arg
385 390 395 400

Arg Ile Tyr Phe Asn Gly Asp Asn Cys Val Met Pro Pro Pro Asp Ala
405 410 415

Tyr Pro Trp Leu Pro Asn Ala Gly Ser Arg Gln Glu Val Ser Leu Phe
420 425 430

Ala Leu Val Ile Ala Tyr Leu Val Ala Leu Val Phe Tyr Ala His Ala
435 440 445

<210> 156

<211> 456

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (60)..(224)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157356291

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 962,1 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 156

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

Ser Tyr Ala Ile Leu Leu Val Leu Leu Phe Ser Cys Ser Ile Phe Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Ala Tyr Asp Ser Leu Asp Pro Glu Gly Asn Ile Thr Ile
35 40 45

Lys Trp Asp Val Met Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Val Val
50 55 60

Thr Met Phe Asn Phe Gln Gln Tyr Arg His Ile Gln Ala Pro Gly Trp
65 70 75 80

Ser Leu Gly Trp Ser Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Met
85 90 95

Gly Gly Gln Thr Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Arg Phe Lys Gly Asn
100 105 110

Val Pro His Cys Cys Lys Lys Asp Pro Thr Val Val Asp Leu Leu Pro
 115 120 125

Gly Thr Pro Tyr Asn Gln Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys Gly Gly Val
 130 135 140

Ile Asn Ser Trp Val Gln Asp Pro Ala Asn Ala Ala Ser Ser Phe Gln
 145 150 155 160

Val Ser Val Gly Ala Ala Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Lys Leu Pro
 165 170 175

Lys Asn Phe Thr Leu Arg Ala Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Pro
 180 185 190

Ala Lys Ile Val Lys Pro Thr Lys Phe Thr Thr Ala Asp Gln Arg Arg
 195 200 205

Val Thr Gln Ala Leu Met Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln
 210 215 220

Phe Leu Ala Gln Lys Thr Pro Thr Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe
 225 230 235 240

Tyr Asn Asn Thr Ile Val Ser Cys Pro Thr Cys Thr Cys Gly Cys Gln
 245 250 255

Asn Asn Leu Thr His Pro Gly Ser Cys Val Asp Pro Asn Asn Pro Tyr
 260 265 270

Leu Ala Ser Val Val Glu Gly Ser Gly Lys Thr Ser Tyr Gln Pro Leu
 275 280 285

Val Gln Cys Thr Ser His Met Cys Pro Ile Arg Val His Trp His Val
 290 295 300

Lys Leu Asn Tyr Lys Asp Tyr Trp Arg Val Lys Ile Thr Ile Thr Asn
 305 310 315 320

Phe Asn Tyr Arg Met Asn Tyr Thr Gln Trp Asn Leu Val Val Gln His
 325 330 335

Pro Asn Phe Asp Asn Leu Thr Gln Ile Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Ser
 340 345 350

Leu Thr Pro Tyr Ala Ala Ile Asn Asp Thr Ala Met Leu Trp Gly Val
 355 360 365

Lys Phe Tyr Asn Asp Leu Leu Ser Gln Ala Gly Pro Leu Gly Asn Val
 370 375 380

Gln Ser Glu Leu Leu Phe Arg Lys Asp Lys Ala Thr Phe Thr Phe Asp
 385 390 395 400

Lys Gly Trp Ala Phe Pro Arg Arg Ile Tyr Phe Asn Gly Asp Asn Cys
 405 410 415

Val Met Pro Pro Pro Asp Ala Tyr Pro Trp Leu Pro Asn Ala Ser Ser
 420 425 430

Arg Pro Thr Val Ser Leu Leu Tyr Ser Ile Leu Thr Ile Leu Ala Val
 435 440 445

Ser Val Ile Val Leu Ala Tyr Ala
450 455

<210> 157

<211> 1834

<212> ДНК

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1883580

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 158

<400> 157

ataatttaaa agaaaaaagg cgttttacag tgagattaaa gtgttccact acttaaactc 60
aaagtcttaa actttcgtgt catgtcctgt tggacgaaaa agctactcat ctccgttctt 120
ctctctgagt cttccctgtc tgccacagat cttgaaccga agtcaataac aaaagaagac 180
tcctaaaatc ctacagaaat gtctaactct tttttgttca ttgctagatc tttcttcaac 240
ctaagctctt tcagcgtctt gcttctgttt ttgctctctt tctcaagttt cactgcaaca 300
gaagcctatg atcctttgga tcctaattgga aatatcacia tcaaatggga tatcatgagt 360
tggactgctg atggctatgt tgcagttgtc acaatcttta acttccagca gtaccgtcac 420
atccaagcac caggggtggac attaggttgg aaatgggtcta agaaggaggt gatttggagt 480
atgatgggag gacaaacaac tgaacaaggg gattgttcaa gattcaaagg gaacattcca 540
cattgttgta agaaggacc aacagtcgtg gatttattgc caggaacacc ttataatcag 600
cagattgcca attgctgtaa aggggggagt ctaaactcat ggggtacaaga tccagctacg 660
gcagcaagct cattccaggt gagtgtgggg caagctggaa ctacaaaca gacagttaga 720
gttccaaaaa acttactttt gaaggcacca gggcccgggt atacttgtgg tccagcgaaa 780
attgtgaaac ccagtagatt tgttaccgcg gacaaaagaa gagtcacaca agctttgatg 840
acttggaaatg ttacttgcac gtattcacia tttctagctc agaaaacacc tacttgttgc 900
gtctctctct catcattcta taatgaaacc atagtacctt gcccgcaatg tgcttgtggc 960
tgccaaaata cttctcagcc tgggagctgt gtagacccca aagctccgca tatagcatcg 1020
gttgttccaa gtacagggaa gaataactat gcacctttgg tccaatgtac aagtcatatg 1080
tgtccgggtcc gagttcattg gcatgttaag ctaaactaca aggagtattg gcgggttaag 1140
gtcacaatta ctaatttcaa ttataatatg aactatacac agtgggaactt agttgtgcaa 1200
catcccaact tcgacaatct caccagatt ttcagcttta actacaagtc tttaactccg 1260
tatactgcaa taaatgatac tgccatgtta tgggggtgta aatTTTTTcaa cgattttgctt 1320
tcccaagctg gtcagctcgg taatgtgcag tcagagctac ttttccgaaa ggacaaagca 1380

actttcactt ttgagaaggg ttgggctttc gctcgaagaa tctacttcaa tggagataat 1440
 tgtgttatgc caccgcccga cgcctatcct tggttgccta acggcagttc ccatcagctt 1500
 atctccacac ttagtttggt gacaactctc ttggcagcaa tggcattttt attgggatat 1560
 gcataaagtt caaccatttt tatactggga aatctgggat gtcctaaaat tttgactgaa 1620
 tcagttcgat gtagaatgta cggcgtgaga agttgcagtt tgtgtcagtt agaggaagtc 1680
 aatgtgcagt ggtgtcgttt taatgtatgg tcagtgaatt cactcgtgct gttgtatgta 1740
 tgcattgttcg tttatgtact taaacaaaa acaatgttga ttgtagaatt cccacgatat 1800
 tttattacag tagtaacaga cataaatcat tgac 1834

<210> 158
 <211> 455
 <212> белок
 <213> *Gossypium hirsutum*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (60)..(224)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1883580

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 955,3 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 3

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 158
 Met Ser Asn Leu Phe Leu Phe Ile Ala Arg Ser Phe Phe Asn Leu Ser
 1 5 10 15
 Ser Phe Ser Val Leu Leu Leu Phe Leu Leu Ser Phe Ser Ser Phe Thr
 20 25 30
 Ala Thr Glu Ala Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile
 35 40 45
 Lys Trp Asp Ile Met Ser Trp Thr Ala Asp Gly Tyr Val Ala Val Val
 50 55 60
 Thr Ile Phe Asn Phe Gln Gln Tyr Arg His Ile Gln Ala Pro Gly Trp
 65 70 75 80
 Thr Leu Gly Trp Lys Trp Ser Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Met
 85 90 95
 Gly Gly Gln Thr Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Arg Phe Lys Gly Asn
 100 105 110

Ile Pro His Cys Cys Lys Lys Asp Pro Thr Val Val Asp Leu Leu Pro
 115 120 125

Gly Thr Pro Tyr Asn Gln Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys Gly Gly Val
 130 135 140

Leu Asn Ser Trp Val Gln Asp Pro Ala Thr Ala Ala Ser Ser Phe Gln
 145 150 155 160

Val Ser Val Gly Gln Ala Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Arg Val Pro
 165 170 175

Lys Asn Phe Thr Leu Lys Ala Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Pro
 180 185 190

Ala Lys Ile Val Lys Pro Ser Arg Phe Val Thr Ala Asp Lys Arg Arg
 195 200 205

Val Thr Gln Ala Leu Met Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln
 210 215 220

Phe Leu Ala Gln Lys Thr Pro Thr Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe
 225 230 235 240

Tyr Asn Glu Thr Ile Val Pro Cys Pro Gln Cys Ala Cys Gly Cys Gln
 245 250 255

Asn Thr Ser Gln Pro Gly Ser Cys Val Asp Pro Lys Ala Pro His Ile
 260 265 270

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

Gln Cys Thr Ser His Met Cys Pro Val Arg Val His Trp His Val Lys
 290 295 300

Leu Asn Tyr Lys Glu Tyr Trp Arg Val Lys Val Thr Ile Thr Asn Phe
 305 310 315 320

Asn Tyr Asn Met Asn Tyr Thr Gln Trp Asn Leu Val Val Gln His Pro
 325 330 335

Asn Phe Asp Asn Leu Thr Gln Ile Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Ser Leu
 340 345 350

Thr Pro Tyr Thr Ala Ile Asn Asp Thr Ala Met Leu Trp Gly Val Lys
 355 360 365

Phe Phe Asn Asp Leu Leu Ser Gln Ala Gly Gln Leu Gly Asn Val Gln
 370 375 380

Ser Glu Leu Leu Phe Arg Lys Asp Lys Ala Thr Phe Thr Phe Glu Lys
 385 390 395 400

Gly Trp Ala Phe Ala Arg Arg Ile Tyr Phe Asn Gly Asp Asn Cys Val
 405 410 415

Met Pro Pro Pro Asp Ala Tyr Pro Trp Leu Pro Asn Gly Ser Ser His
 420 425 430

Gln Leu Ile Ser Thr Leu Ser Leu Leu Thr Thr Leu Leu Ala Ala Met
 435 440 445

Ala Phe Leu Leu Gly Tyr Ala
450 455

<210> 159
<211> 1877
<212> ДНК
<213> *Gossypium hirsutum*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1848658

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 160

<400> 159
aataaccgac agcttgcacc catatggatg gagcatgtac ctctctgtct cagactctgt 60
actaaattgc ttttataagc ttcacttgca actcaacagc tgacctctct cttctccatt 120
tgatgtgaga aggatctttc tttctttatt ctgcacatct taaccttaac cacatcataa 180
gatagagatc tcttaaacga tcgagttatg gagactgtct tttcagcagc aagtagatcc 240
atttccaagc tcattagctt caccgctttg cttcttttct tgttttctctg ctctactttc 300
acttctactg aagcttatga tgcgcttgat ccaactggca atatcactat caaatgggac 360
gtaataagtt ggaccccaga tggctatggt gctgttggtta caatgtacaa tttccaacag 420
tatcgccata ttcaggcacc tggttggaca ttgggggtgga catggggcaa aaaggaagta 480
atctggagca tgatgggaag ccaaaccacg gaacaagggg attggtcaaa atacaaagga 540
aacgtccctc attgctgtaa aaaggatccc acagttgtgg atttattgcc tggaaactcct 600
tataaccagc agattgcaaa ttgctgcaaa ggcgggtgat taaattcatg ggttcaagac 660
ccagccaatg cagcaagctc atttcagggt agtgtgggag ctgcaggaac aacgaacaaa 720
actgtgagag tgcctagaaa ctttaccctg aaagcaccag gtccaggata tacttgtggg 780
cctgccaaga ttgtgaaacc cactaaattc ataacggctg ataaaaggag aataactcaa 840
gctatgatga catggaatgt tacatgcaca tattcccaat ttctgggtca aaagactcct 900
acatgttgcg tctcgctctc ttccttctat aataacacta tcgtgaattg cccgacatgt 960
gcttgtggct gtcagaataa ctcaactgaa tctgggagtt gtgtaagcga aaggctctca 1020
catttagctt cagctgttcc gggcaaatct accaatgcac cacctctgct tcagtgtacg 1080
agccatatgt gtccagttcg aattcactgg catgttaagc tcaactacaa ggaatactgg 1140
cgtgtgaaga tcacaatcac caatttcaat tacgcattga actacagtca gtggaatcta 1200
gttgtgcaac accccaactt tgacaatctt acacaacttt tcagcttcaa ttacaaacca 1260
ttaactcctt atgctggctt aatgatact gccatgttat ggggacttaa gttttataat 1320
gatttcctca acgaagccgg tcctcttggg aatgtgcagt cagaactatt attcagaaaa 1380

gatgcatcaa cttttacttt tgaaaagggg tgggcttttc cacggagaat atatttcaat 1440
ggtgataact gtgtcatgcc acctcccgat gcctaccctt ggttgccgaa tactgggttg 1500
aagccagtta tctctctggt tcagccagtc atgacgatct tggcatcatg tgttttctta 1560
tgggctaata tgtgatgaat gctgtctgcg gaaaccgcta aaactatttg ttcgacatcc 1620
tgcaatttgc atctgggttc atattatcac actgaagctt ttggtgatcg attcaatggt 1680
gttggaatag tttggtgctg caatgtaaca cgctaaagag tggatcaagg tgcacaatct 1740
ctggtccta tagcatgtgg tgtattatct atatgttggg gtttgtaatt tacaccattt 1800
ccttttgag ttaactgctt tgttgtatgt ttcattcaca tcatacacat gatcgattta 1860
ttttagaat atccttg 1877

<210> 160
<211> 455
<212> белок
<213> *Gossypium hirsutum*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (60)..(224)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1848658

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 946,6 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 160
Met Glu Thr Val Phe Ser Ala Ala Ser Arg Ser Ile Ser Lys Leu Ile
1 5 10 15
Ser Phe Thr Ala Leu Leu Leu Phe Leu Phe Ser Cys Ser Thr Phe Thr
20 25 30
Ser Thr Glu Ala Tyr Asp Ala Leu Asp Pro Thr Gly Asn Ile Thr Ile
35 40 45
Lys Trp Asp Val Ile Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Val Val
50 55 60
Thr Met Tyr Asn Phe Gln Gln Tyr Arg His Ile Gln Ala Pro Gly Trp
65 70 75 80
Thr Leu Gly Trp Thr Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Met
85 90 95
Gly Ser Gln Thr Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Lys Tyr Lys Gly Asn
100 105 110

Val Pro His Cys Cys Lys Lys Asp Pro Thr Val Val Asp Leu Leu Pro
 115 120 125

Gly Thr Pro Tyr Asn Gln Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys Gly Gly Val
 130 135 140

Leu Asn Ser Trp Val Gln Asp Pro Ala Asn Ala Ala Ser Ser Phe Gln
 145 150 155 160

Val Ser Val Gly Ala Ala Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Arg Val Pro
 165 170 175

Arg Asn Phe Thr Leu Lys Ala Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Pro
 180 185 190

Ala Lys Ile Val Lys Pro Thr Lys Phe Ile Thr Ala Asp Lys Arg Arg
 195 200 205

Ile Thr Gln Ala Met Met Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln
 210 215 220

Phe Leu Ala Gln Lys Thr Pro Thr Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe
 225 230 235 240

Tyr Asn Asn Thr Ile Val Asn Cys Pro Thr Cys Ala Cys Gly Cys Gln
 245 250 255

Asn Asn Ser Thr Glu Ser Gly Ser Cys Val Ser Glu Arg Ser Ser His
 260 265 270

Leu Ala Ser Ala Val Pro Gly Lys Ser Thr Asn Ala Pro Pro Leu Leu
 275 280 285

Gln Cys Thr Ser His Met Cys Pro Val Arg Ile His Trp His Val Lys
 290 295 300

Leu Asn Tyr Lys Glu Tyr Trp Arg Val Lys Ile Thr Ile Thr Asn Phe
 305 310 315 320

Asn Tyr Ala Leu Asn Tyr Ser Gln Trp Asn Leu Val Val Gln His Pro
 325 330 335

Asn Phe Asp Asn Leu Thr Gln Leu Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Pro Leu
 340 345 350

Thr Pro Tyr Ala Gly Leu Asn Asp Thr Ala Met Leu Trp Gly Leu Lys
 355 360 365

Phe Tyr Asn Asp Phe Leu Asn Glu Ala Gly Pro Leu Gly Asn Val Gln
 370 375 380

Ser Glu Leu Leu Phe Arg Lys Asp Ala Ser Thr Phe Thr Phe Glu Lys
 385 390 395 400

Gly Trp Ala Phe Pro Arg Arg Ile Tyr Phe Asn Gly Asp Asn Cys Val
 405 410 415

Met Pro Pro Pro Asp Ala Tyr Pro Trp Leu Pro Asn Thr Gly Leu Lys
 420 425 430

Pro Val Ile Ser Leu Phe Gln Pro Val Met Thr Ile Leu Ala Ser Cys
 435 440 445

Val Phe Leu Trp Ala Asn Met
450 455

<210> 161
<211> 1362
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1450185

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 162

<400> 161
atgggctttc ttgtctctcc catgatgagt ttgttctcaa aattcactgt cctgctgctt 60
tttgtgcttt ggtgcgctag ttttacttca acagaagcct atgacacctt tgaccctact 120
gggaatatta caatcaaatg ggacatcata agctggactg ctgatggcta tgctgctggt 180
gtcacgattt acaacttcca gcagtatcgt cacattcaag caccaggatg gtcactggga 240
tggacatggg caaagaagga ggtaatatgg agcatgctgg gaggccaagc aaccgaccaa 300
ggagattggt caaaattcaa aggaaacggt ccacattggt gtaaaaagag tccgacgggt 360
gtagatttat tgccaggaac tccttataac cagcagactg caaattgctg caagggggga 420
gttatcagct catgggcgca agatccagcc aatgcagcaa gtccttcca gcttagcgtg 480
ggttcagctg gaaccagtaa caaacagtg agattaccaa aaaacttcac tctgaaggca 540
ccaggacctg gttatacttg tgctcgtgca aaaattgtta agcctactag atttatgtct 600
acagataaaa ggagaatcac tcaagctttg atgacatgga acgttacttg cacatattca 660
caattcctgg ctcagaagac tcctagttgc tgtgtctccc tctcatcatt ctacaacgac 720
actatagttc cttgtcctaa atgcacctgt ggctgctaaa gaaacaattc ggattcgggg 780
ggttgtggtg atccaaatgc accacattta gcttcgggtg tttcagagtct aggggaataac 840
aacctatgc ctcttgctca atgcacaagt cacatgtgcc cgatcagagt tcaactggcat 900
gtaagctta actacaagca atactggcgc gtaaggtca caattacaaa tttcaattat 960
aacatgaact atacgcaatg gaacttagtt gtgcaacacc ccaactttga caactctgacc 1020
cagagtttca gttttaaacta ccagtcatta tctccttatt cagctattaa tgatactgcc 1080
atgttgtggg gagtaaagtt ctacaatgac ttgcttatgc aagccgggtc ttctggtaat 1140
gttcagtcag agctactttt tcgaaaggac aagtcaactt ttacctttga taaaggctgg 1200
gccttcctc ggagaatcta tttcaatggt gacaattgct ttatgcctcc tccagatgct 1260
tatccatggt tgcctaatgc aagttcacgc cagcttactt caccgcttat gctaatagata 1320
gccttctttt ctgttttggc tttcttatat ggatacgcgt ag 1362

<210> 162
<211> 453
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (57)..(221)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1450185

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 940,5 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 162
Met Gly Phe Leu Val Ser Pro Met Met Ser Leu Phe Ser Lys Phe Thr
1 5 10 15
Val Leu Leu Leu Phe Val Leu Trp Cys Ala Ser Phe Thr Ser Thr Glu
20 25 30
Ala Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Thr Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp
35 40 45
Ile Ile Ser Trp Thr Ala Asp Gly Tyr Val Ala Val Val Thr Ile Tyr
50 55 60
Asn Phe Gln Gln Tyr Arg His Ile Gln Ala Pro Gly Trp Ser Leu Gly
65 70 75 80
Trp Thr Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Leu Gly Gly Gln
85 90 95
Ala Thr Asp Gln Gly Asp Cys Ser Lys Phe Lys Gly Asn Val Pro His
100 105 110
Cys Cys Lys Lys Ser Pro Thr Val Val Asp Leu Leu Pro Gly Thr Pro
115 120 125
Tyr Asn Gln Gln Thr Ala Asn Cys Cys Lys Gly Gly Val Ile Ser Ser
130 135 140
Trp Ala Gln Asp Pro Ala Asn Ala Ala Ser Ser Phe Gln Leu Ser Val
145 150 155 160
Gly Ser Ala Gly Thr Ser Asn Lys Thr Val Arg Leu Pro Lys Asn Phe
165 170 175
Thr Leu Lys Ala Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Ala Arg Ala Lys Ile
180 185 190
Val Lys Pro Thr Arg Phe Met Ser Thr Asp Lys Arg Arg Ile Thr Gln
195 200 205

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

<210> 163

<211> 442

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (50)..(214)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 13477083

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 931,3 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 163

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

Val His Trp His Val Lys Thr Ser Tyr Lys Glu Tyr Trp Arg Val Lys
290 295 300

Val Ala Ile Thr Asn Phe Asn Tyr Asn Met Asn Tyr Ser Gln Trp Asn
305 310 315 320

Leu Val Val Gln His Pro Asn Phe Asp Asn Leu Thr Lys Leu Phe Ser
325 330 335

Phe Asn Tyr Lys Pro Leu Asn Pro Tyr Leu Asn Ile Asn Asp Thr Ala
340 345 350

Met Leu Trp Gly Ile Lys Phe Tyr Asn Asp Phe Leu Ser Gln Ala Gly
355 360 365

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

Glu Phe Thr Phe Glu Lys Gly Trp Ala Phe Pro Arg Arg Ile Tyr Phe
385 390 395 400

Asn Gly Asp Asn Cys Val Met Pro Pro Pro Asp Ser Tyr Pro Trp Leu
405 410 415

Pro Asn Ala Ser Pro Asn Ile Ala Thr Ser Pro Phe Val Ile Leu Leu
420 425 430

Ile Thr Phe Leu Ser Val Leu Ile Leu Met
435 440

<210> 164

<211> 457

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (60)..(224)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 115463639

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 955,6 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 164

Met Ala Val Gly Gly Ala Gly Ser Ser Arg Ser Val Ala Pro Cys Cys
1 5 10 15

Cys Cys Ala Val Leu Leu Ala Ala Ala Leu Leu Phe Ser Ala Pro Ala
20 25 30

Thr Thr Glu Ala Tyr Asp Ala Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile
 35 40 45

Lys Trp Asp Val Met Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Val Val
 50 55 60

Thr Met Phe Asn Tyr Gln Gln Phe Arg His Ile Gln Ala Pro Gly Trp
 65 70 75 80

Gln Leu Gly Trp Thr Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Val
 85 90 95

Gly Ala Gln Thr Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Lys Phe Lys Gly Gly
 100 105 110

Thr Pro His Cys Cys Lys Lys Asp Pro Thr Val Val Asp Leu Leu Pro
 115 120 125

Gly Thr Pro Tyr Asn Met Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys Ala Gly Val
 130 135 140

Ile Asn Thr Phe Asn Gln Asp Pro Ser Asn Ala Ala Ser Ser Phe Gln
 145 150 155 160

Ile Ser Val Gly Leu Ala Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Lys Leu Pro
 165 170 175

Lys Asn Phe Thr Leu Lys Ala Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Arg
 180 185 190

Ala Met Ile Val Arg Pro Thr Lys Phe Phe Thr Gly Asp Gly Arg Arg
 195 200 205

Ala Thr Gln Ala Leu Met Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln
 210 215 220

Phe Leu Ala Gln Lys Thr Pro Ser Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe
 225 230 235 240

Tyr Asn Asp Thr Ile Val Asn Cys Pro Thr Cys Ser Cys Gly Cys Gln
 245 250 255

Asn Asn Gly Thr Ser Pro Gly Ser Cys Val Asn Glu Asn Ser Pro Tyr
 260 265 270

Leu Gln Ser Ala Ile Asp Gly Pro Gly Lys Trp Thr Gly Gln Pro Leu
 275 280 285

Val Gln Cys Thr Ser His Met Cys Pro Ile Arg Ile His Trp His Val
 290 295 300

Lys Leu Asn Tyr Lys Glu Tyr Trp Arg Val Lys Ile Thr Ile Thr Asn
 305 310 315 320

Phe Asn Tyr Arg Met Asn Tyr Thr Gln Trp Asn Leu Val Ala Gln His
 325 330 335

Pro Asn Phe Asn Asn Ile Thr Gln Leu Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Pro
 340 345 350

Leu Thr Pro Tyr Gly Ser Lys Ile Asn Asp Thr Ala Met Phe Trp Gly
 355 360 365

Val Lys Phe Tyr Asn Asp Leu Leu Met Gln Ala Gly Pro Leu Gly Asn
 370 375 380
 Ala Gln Ser Glu Leu Leu Leu Arg Lys Asp Ser Lys Asp Phe Thr Phe
 385 390 395 400
 Asp Lys Gly Trp Ala Phe Pro His Arg Val Tyr Phe Asn Gly Asp Asn
 405 410 415
 Cys Val Met Pro Pro Pro Asp Ala Tyr Pro Trp Leu Pro Asn Ala Ser
 420 425 430
 Pro Leu Thr Lys Gln Pro Leu Thr Leu Ser Val Leu Val Phe Ser Ile
 435 440 445
 Val Leu Ala Thr Leu Leu Ala Tyr Ala
 450 455

<210> 165
 <211> 1503
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 98007

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 166

<400> 165
 cttctctttc ctctctctca cacacatctt cgagaagttt cgcgccggcgg gagagatcaa 60
 agacaactgc tgatcagaaa tcagagatca gagatatgaa cattctcttc tccagattct 120
 cctttttgct tctgtttctc tgttcttgga ccattttcac tttcaccaca acagaagctt 180
 atgatgcact tgatccatat ggaacatta ctataaatg ggatattatg agctggactg 240
 gtgatggtta tgtggctggt gtaacaatct ttaatttcca acaataccgt cacatagagg 300
 cgccgggggtg gcaattagga tggagttgga tgaagaagga agtaatatgg agtatggttg 360
 gtggtcaagc aacagaacaa ggagattggt ctaagtttaa gggtaacatt cctcattgct 420
 gcaagaaaac tccggctatc gttgatttgt taccgggaac tccttataac cagcagatat 480
 ccaactgttg tagagggggt gtgattagcg cgtgggcaca agaccccgca accgcgattt 540
 cttcgtttca gatcagtgtt ggccagtctg gaacaactaa tactacgggt agagcaccta 600
 ggaatataac tttgaaggct ccaggacctg gttacacttg cgggcctgca aaactcgtta 660
 agccgagtag attcatttcc gcggataaac gaagaaagac tcagtctttg cttacatgga 720
 acattacttg cacatattcg cagtttctag cacggaaaac tccgacttgt tgtgtctcac 780
 tctcagcctt ctacaatgaa actatagtac catgtccaac ttgttcttgt ggatgtcaaa 840
 atagttctca agctggtaca tgtgttgacc ctaaaatagc ttcagtagta ccagccttag 900
 ggaagaacaa cctcgaacct ctcttgcaat gtacgcaaca tatgtgtccc attcgagttc 960

attggcatgt aaaaactagc tacaagagt actggagagt gaaggttgcc atcacaact 1020
 ttaactacaa tatgaactac tctcagtgga acttagtctt tcagcatccc aacttcgaca 1080
 atctcactca gcttttcagt ttcaactaca aaccgcttaa tccttacttg aacataaatg 1140
 acacggccat gctatgggga atcaagttct acaatgattt ttttaagccaa gctgggtccag 1200
 taggcaatgt acagtcagag cttctcttcc aaaagaaccc attggagttc acattcgaga 1260
 aaggatgggc gtttccgagg cgcataact tcaacgggtga taactgcggt atgccacctc 1320
 cagactctta tccatggctt ccaaagccta gtccaaacat tgcaacctcg ccatttgtca 1380
 tacttctcat cactttctta tctgttttga ttcttatgta aatggatatac tatataccgt 1440
 catggacatg tttggtgatg tttacattat aagtgagtgt gttattagga aatcattctt 1500
 tgc 1503

<210> 166
 <211> 441
 <212> белок
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (52)..(216)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 98007

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 914,3 в SMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 3

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 166
 Met Asn Ile Leu Phe Ser Arg Phe Ser Phe Leu Leu Leu Phe Leu Cys
 1 5 10 15
 Ser Trp Thr Ile Phe Thr Phe Thr Thr Thr Glu Ala Tyr Asp Ala Leu
 20 25 30
 Asp Pro Tyr Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Ile Met Ser Trp Thr
 35 40 45
 Gly Asp Gly Tyr Val Ala Val Val Thr Ile Phe Asn Phe Gln Gln Tyr
 50 55 60
 Arg His Ile Glu Ala Pro Gly Trp Gln Leu Gly Trp Ser Trp Met Lys
 65 70 75 80
 Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Val Gly Gly Gln Ala Thr Glu Gln Gly
 85 90 95

Asp Cys Ser Lys Phe Lys Gly Asn Ile Pro His Cys Cys Lys Lys Thr
 100 105 110

Pro Ala Ile Val Asp Leu Leu Pro Gly Thr Pro Tyr Asn Gln Gln Ile
 115 120 125

Ser Asn Cys Cys Arg Gly Gly Val Ile Ser Ala Trp Ala Gln Asp Pro
 130 135 140

Ala Thr Ala Ile Ser Ser Phe Gln Ile Ser Val Gly Gln Ser Gly Thr
 145 150 155 160

Thr Asn Thr Thr Val Arg Ala Pro Arg Asn Ile Thr Leu Lys Ala Pro
 165 170 175

Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Pro Ala Lys Leu Val Lys Pro Ser Arg
 180 185 190

Phe Ile Ser Ala Asp Lys Arg Arg Lys Thr Gln Ser Leu Leu Thr Trp
 195 200 205

Asn Ile Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Phe Leu Ala Arg Lys Thr Pro Thr
 210 215 220

Cys Cys Val Ser Leu Ser Ala Phe Tyr Asn Glu Thr Ile Val Pro Cys
 225 230 235 240

Pro Thr Cys Ser Cys Gly Cys Gln Asn Ser Ser Gln Ala Gly Thr Cys
 245 250 255

Val Asp Pro Lys Ile Ala Ser Val Val Pro Ala Leu Gly Lys Asn Asn
 260 265 270

Leu Glu Pro Leu Leu Gln Cys Thr Gln His Met Cys Pro Ile Arg Val
 275 280 285

His Trp His Val Lys Thr Ser Tyr Lys Glu Tyr Trp Arg Val Lys Val
 290 295 300

Ala Ile Thr Asn Phe Asn Tyr Asn Met Asn Tyr Ser Gln Trp Asn Leu
 305 310 315 320

Val Phe Gln His Pro Asn Phe Asp Asn Leu Thr Gln Leu Phe Ser Phe
 325 330 335

Asn Tyr Lys Pro Leu Asn Pro Tyr Leu Asn Ile Asn Asp Thr Ala Met
 340 345 350

Leu Trp Gly Ile Lys Phe Tyr Asn Asp Phe Leu Ser Gln Ala Gly Pro
 355 360 365

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

Phe Thr Phe Glu Lys Gly Trp Ala Phe Pro Arg Arg Ile Tyr Phe Asn
 385 390 395 400

Gly Asp Asn Cys Val Met Pro Pro Pro Asp Ser Tyr Pro Trp Leu Pro
 405 410 415

Asn Ala Ser Pro Asn Ile Ala Thr Ser Pro Phe Val Ile Leu Leu Ile
 420 425 430

Thr Phe Leu Ser Val Leu Ile Leu Met
435 440

<210> 167
<211> 1326
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1326475

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 168

<400> 167
atgaacattc tcttctccag attctccttt ttgcttctgt ttctctgttc ttggaccagt 60
ttcactttca ccacaacaga agcttatgat gcacttgatc catatggaaa cactactata 120
aaatgggata ttatgagctg gactggatgat ggttatgtgg ctggttgaac aatcctttaat 180
ttccaacaat accgtcacat tgaggcgccg ggggtggcaat taggatggag ttggatgaag 240
aaggaagtaa tttggagtat ggttgggtgg caagcaacag aacaaggaga ttgttctaag 300
ttaaagggta acattcctca ttgctgcaag aaaactccgg ctatcgttga tttgttaccg 360
ggaactcctt ataaccaaca gatatcaaac tgttgtagag gcggtgtgat tagcgcgtgg 420
gcgcaagacc ccgcaaccgc gatttcttcg tttcagatta gtggtggcca gtctggaaca 480
actaatacta cggttagagc acctaggaat ataactttga aggctccagg acctgggttac 540
acttgccggc ctgcaaaact cgttaagccg agtagattca tttccgcgga taaacgaaga 600
aagactcagt ctttgcttac atggaacatt acttgcacat attcgcagtt tctagcacgg 660
aaaactccga cttgttgtgt ctcaactctca gccttctaca atgaaactat agtaccatgt 720
ccaacttggt cttgtggatg tcaaaatagt tctcaagctg gtacatgtgt tgaccctaaa 780
atagcttcag tagtaccagc cttaggggaag aacaacctcg aacctctctt gcaatgtacg 840
caacatattg gtcccattcg agttcattgg catgtaaaaa ctagctacaa agagtactgg 900
agagtgaagg ttgccatcac aaactttaac tacaatatga actactctca gtggaactta 960
gtcgttcagc atcccaactt cgacaatctc actaagcttt tcagtttcaa ctacaaccg 1020
cttaatcctt acttgaacat aatgacacg gccatgctat ggggaatcaa gttctacaat 1080
gattttttta gccaaagctgg tccagtaggc aatgtacagt cagagcttct cttccaaaag 1140
aaccattgg agttcacatt cgagaaagga tgggcgtttc cgaggcgcac atacttcaac 1200
ggtgataact gcgttatgcc acctccagac tcttatccat ggcttccaaa cgctagtcca 1260
aacattgcaa cctcgccatt tgtcatactt ctcatcactt tcttatctgt tttgattctt 1320
atgtaa 1326

<210> 168
<211> 441
<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (52)..(216)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1326475

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 916,0 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 168
Met Asn Ile Leu Phe Ser Arg Phe Ser Phe Leu Leu Leu Phe Leu Cys
1 5 10 15
Ser Trp Thr Ser Phe Thr Phe Thr Thr Thr Glu Ala Tyr Asp Ala Leu
20 25 30
Asp Pro Tyr Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Ile Met Ser Trp Thr
35 40 45
Gly Asp Gly Tyr Val Ala Val Val Thr Ile Phe Asn Phe Gln Gln Tyr
50 55 60
Arg His Ile Glu Ala Pro Gly Trp Gln Leu Gly Trp Ser Trp Met Lys
65 70 75 80
Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Val Gly Gly Gln Ala Thr Glu Gln Gly
85 90 95
Asp Cys Ser Lys Phe Lys Gly Asn Ile Pro His Cys Cys Lys Lys Thr
100 105 110
Pro Ala Ile Val Asp Leu Leu Pro Gly Thr Pro Tyr Asn Gln Gln Ile
115 120 125
Ser Asn Cys Cys Arg Gly Gly Val Ile Ser Ala Trp Ala Gln Asp Pro
130 135 140
Ala Thr Ala Ile Ser Ser Phe Gln Ile Ser Val Gly Gln Ser Gly Thr
145 150 155 160
Thr Asn Thr Thr Val Arg Ala Pro Arg Asn Ile Thr Leu Lys Ala Pro
165 170 175
Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Pro Ala Lys Leu Val Lys Pro Ser Arg
180 185 190
Phe Ile Ser Ala Asp Lys Arg Arg Lys Thr Gln Ser Leu Leu Thr Trp
195 200 205

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

<210> 169

<211> 473

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (45)..(231)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 115473243

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 971,0 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 169

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

Ala Pro Leu Leu Gln Cys Thr Thr His Met Cys Pro Val Arg Val His
305 310 315 320

Trp His Val Lys Leu Asn Tyr Arg Glu Tyr Trp Arg Ala Lys Ile Thr
325 330 335

Ile Val Asn Phe Asn Tyr Arg Met Asn Tyr Thr Gly Trp Thr Leu Val
340 345 350

Ala Gln His Pro Asn Leu Asp Asn Ile Thr Glu Val Phe Ser Phe Asp
355 360 365

Tyr Lys Pro Val Val Ser Tyr Gly Ser Ile Asn Asp Thr Ala Met Phe
370 375 380

Tyr Gly Leu Lys Tyr Phe Asn Asp Gln Leu Met Glu Ala Gly Pro His
385 390 395 400

Gly Asn Val Gln Ser Glu Val Leu Met Arg Lys Asp Ala Arg Thr Phe
405 410 415

Thr Phe Arg Gln Gly Trp Ala Phe Pro Arg Lys Val Tyr Phe Asn Gly
420 425 430

Asp Glu Cys Gln Met Pro Pro Pro Asp Ser Tyr Pro Tyr Leu Pro Asn
435 440 445

Ala Ala Pro Pro Ala Ala Ala Ser Leu Val Gly Ser Ala Val Ala Met
450 455 460

Ala Ala Leu Val Phe Phe Leu Met Ala
465 470

<210> 170
<211> 1575
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 870466

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 171

<400> 170
acttgtcaga gacagaagat taaagaagaa gaggcgtttc tctctctttt tttgcttcag 60
aaaaaatggg gtttttcttg tgttcctctt cttcaatctt cttcaagttc ggaatctcta 120
taatctttct agtttctttc tctggtttaa ctccttcaga agcttatgat cctttggacc 180
cgagtgggaa cattactgtc aaatgggata tcataacctg gactggagat ggctatgtgg 240
cgactgtaac ggtatataat tttcagcaat atcgacacat tcaagctcca ggttggactc 300
ttggatggtc atgggcaaag agagaggtta tatggggaat gaatggagga caaacacag 360
aacaaggaga ttgttctaaa ttcaaaggaa ccattcctca ttgctgtaaa aagacacctt 420
ctgttggtga tctcttacct ggatctcctt acaatcagca gattgctaata tgttgcagag 480


```

ggggtgtgct taactcgtgg gctcaagatc cgcgaactgc tgtttccgct ttccagctta 540
ctgttggaca agctggaacc acaataaga cagttagggt acctaagaat ttcactctca 600
aagctcctgg accgggatat acttgtagcc ccgcgaagat tgtaaaaccg actagattca 660
tcggtactga taaacgaaga gttactcaag cattaatgac ttggaatgta acttgcacat 720
actcgcagtt cttagctcag aaaacaccaa cttgctgtgt atctctttca tcgttttata 780
acaagacaat agtttcttgt ccaacatgct cttgtggatg cagaaacact tctcagccag 840
ggaattgtgt agacccaaaa ggtccacgga tagcatcagt cattccaaat ccggggaaga 900
acgcatatat accgcctctg gtccaatgta caaagcatat gtgtccagtt agaatccact 960
ggcatgtgaa agtcaactac aaacagtact ggagagttaa agtcaccatc acaaatttca 1020
actacaacat gaactattca cagtggaatc tcgtcgtgca gcatccgaat ttcgacaatc 1080
taactcagac ttttagcttc aactataaac ctctgactcc ttatgcttcc ataaatgata 1140
ctgggattct ctggggaata aagttctaca atgatctggt gatgcaagct gggccatttg 1200
gtaatgtaca atctgagcta cttttccaga aagaagcatc agctttcaca tttgagaaag 1260
gttgggcggt tccaagaaga atctatttca atggagataa ctgtgtgatg cctcctcctg 1320
attcttacc ttggctgccc aataccggct cgcacaaatc agtcgggttc ctgtttgcag 1380
caatggcctt gttactgatt gtgttcttac atggaaactt gtaagaatca tcaagtgtag 1440
aattcttctg ctgcagtttt tcgaactgat ataaccatc aagagagagt tggtagctta 1500
gttttttgtg ttctctcttg tctgtcctct tcctgtacaa cgctttaata ttagatgggt 1560
aactagatcc ccttg 1575

```

<210> 171

<211> 452

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (57)..(221)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 870466

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 929,7 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 171

Met Gly Phe Phe Leu Cys Ser Ser Ser Ser Ile Phe Phe Lys Phe Gly
1 5 10 15

Ile Ser Ile Ile Phe Leu Val Ser Phe Ser Gly Leu Thr Pro Ser Glu
20 25 30

Ala Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Ser Gly Asn Ile Thr Val Lys Trp Asp
35 40 45

Ile Ile Thr Trp Thr Gly Asp Gly Tyr Val Ala Thr Val Thr Val Tyr
50 55 60

Asn Phe Gln Gln Tyr Arg His Ile Gln Ala Pro Gly Trp Thr Leu Gly
65 70 75 80

Trp Ser Trp Ala Lys Arg Glu Val Ile Trp Gly Met Asn Gly Gly Gln
85 90 95

Thr Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Lys Phe Lys Gly Thr Ile Pro His
100 105 110

Cys Cys Lys Lys Thr Pro Ser Val Val Asp Leu Leu Pro Gly Ser Pro
115 120 125

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

Trp Ala Gln Asp Pro Ala Thr Ala Val Ser Ala Phe Gln Leu Thr Val
145 150 155 160

Gly Gln Ala Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Arg Val Pro Lys Asn Phe
165 170 175

Thr Leu Lys Ala Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Ser Pro Ala Lys Ile
180 185 190

Val Lys Pro Thr Arg Phe Ile Gly Thr Asp Lys Arg Arg Val Thr Gln
195 200 205

Ala Leu Met Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Phe Leu Ala
210 215 220

Gln Lys Thr Pro Thr Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe Tyr Asn Lys
225 230 235 240

Thr Ile Val Ser Cys Pro Thr Cys Ser Cys Gly Cys Arg Asn Thr Ser
245 250 255

Gln Pro Gly Asn Cys Val Asp Pro Lys Gly Pro Arg Ile Ala Ser Val
260 265 270

Ile Pro Asn Pro Gly Lys Asn Ala Tyr Ile Pro Pro Leu Val Gln Cys
275 280 285

Thr Lys His Met Cys Pro Val Arg Ile His Trp His Val Lys Val Asn
290 295 300

Tyr Lys Gln Tyr Trp Arg Val Lys Val Thr Ile Thr Asn Phe Asn Tyr
305 310 315 320

Asn Met Asn Tyr Ser Gln Trp Asn Leu Val Val Gln His Pro Asn Phe
325 330 335

Asp Asn Leu Thr Gln Thr Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Pro Leu Thr Pro
 340 345 350
 Tyr Ala Ser Ile Asn Asp Thr Gly Ile Leu Trp Gly Ile Lys Phe Tyr
 355 360 365
 Asn Asp Leu Leu Met Gln Ala Gly Pro Phe Gly Asn Val Gln Ser Glu
 370 375 380
 Leu Leu Phe Gln Lys Glu Ala Ser Ala Phe Thr Phe Glu Lys Gly Trp
 385 390 395 400
 Ala Phe Pro Arg Arg Ile Tyr Phe Asn Gly Asp Asn Cys Val Met Pro
 405 410 415
 Pro Pro Asp Ser Tyr Pro Trp Leu Pro Asn Thr Gly Ser His Lys Ser
 420 425 430
 Val Gly Ser Leu Phe Ala Ala Met Ala Leu Leu Leu Ile Val Phe Leu
 435 440 445
 His Gly Asn Leu
 450

<210> 172
 <211> 1823
 <212> ДНК
 <213> *Panicum virgatum*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1806851

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 173

<400> 172
 ctgcaccса caааatаgс tсааaccсgс gtgсatgtct gсatccccgg gcggacacgg 60
 cgcgcgссag aаgсctcgса tсgсcatcgc gcataсааac tggсaggсса gacaccacag 120
 gacgagagac аgаgaggааа cctctgcttc tccctctgac cсactcctcg ttcttctgag 180
 ctctgttgс cttctccgc acggagagса gacacgссga gagcgatcag ggcagggagg 240
 ggtctgctgc ttacttctg агctctgссg ggссggggсса tggсgggacg gcggacggcg 300
 ccctgcgсc tgtgсgcctc cgtcgсgctg ctсgtсgtсg ccgtctcctc tctgacgcct 360
 tcgtcagatg catacgatcc actcgatccg аatgggааса таасаатсаа gtgggatgта 420
 atgcagtgga ctccagatgg ctatgtggct gttgtttccc tataсаatta ccagcagtac 480
 cgccacatcc ааgсgссggg ctggaaactc ggatgggттt gggсаааgаа ggagataatc 540
 tgggсаatga ccggtgгсса агссactgag саaggсgatt gctcсааatt сааааgсаac 600
 attccccatt gctgсааgаа ggatcctgag gttgtggacc tgcttcctgg cacaccttat 660
 аасatgcаga tcgссаactg ctgсаaggga ggagtcctca ccgсatgggc acaggacct 720
 gасaatgctg tggcttcgтт ссаagtсagt gttggtcagg ctgggacgac саасааgact 780

gtgaagggtgc ccaagaatth cactctgaag gctccccgggc caggggtatac ctgcccgcct 840
 gccaaactag tgaaacctac taagttcata tcgccggatg ggagaagatc aactcaagca 900
 cacatgactt ggaatgtgac ctgtacatac tcacagtttg ttgcccaaag atctccaacc 960
 tgctgtgttt cgctttcatc gttttacaac gacaccattg tcaactgccc aacatgctct 1020
 tgtggatgcc agaataacag cactgcacca ggaagctgtg tagagggtaa ttcaccttat 1080
 ctggcctctg tcgtgaacga tcctaacaag aacagcttgg cacctctagt ccaatgact 1140
 tctcacatgt gcccaataag agtgcattgg catgtcaaag tgaactaca ggagtactgg 1200
 agggtaaga tcaccgtgac aaacttcaac taccggatga actactcgca gtggaacctc 1260
 gttgcgcagc accccaactt cgacaacctg actaccattt tcagcttcaa ctacaaatct 1320
 ctgaaccct atggcgtaat aaacgacacc gcgatgttat ggggcatcaa gtactacaac 1380
 gatctgctga tgacggctgg gccggacggg aatgttcagt ctgagcttct gttccggaag 1440
 gagccctca ccttcacctt ccagaaaggc tgggctttcc caagacgagt gtacttcaat 1500
 ggcgacaact gcgtgatgcc gccgccggac gcgtacccat ggctgccca cgcctctcca 1560
 cggcagtcag ctteggttct cctcacattt gttgctgttt gggcagcatt ggcgatccta 1620
 ctggccaatc ctagtgatg tagtacatgt ttcacagaaa gttttgacct gattgcattg 1680
 gatgctattg ctttctgatc attgagtttc ttgcgatggg gttcaaagt acagttacgt 1740
 actcaaggat gtacattccc gtacttgtaa attttagcaa agactgactg gcgagaaata 1800
 aagctgtttc ctcgcatca tgc 1823

<210> 173

<211> 451

<212> белок

<213> Panicum virgatum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (55)..(219)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1806851

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 944,6 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 173

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

Leu Thr Thr Ile Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Ser Leu Asn Pro Tyr Gly
 340 345 350
 Val Ile Asn Asp Thr Ala Met Leu Trp Gly Ile Lys Tyr Tyr Asn Asp
 355 360 365
 Leu Leu Met Thr Ala Gly Pro Asp Gly Asn Val Gln Ser Glu Leu Leu
 370 375 380
 Phe Arg Lys Glu Pro Ser Thr Phe Thr Phe Gln Lys Gly Trp Ala Phe
 385 390 395 400
 Pro Arg Arg Val Tyr Phe Asn Gly Asp Asn Cys Val Met Pro Pro Pro
 405 410 415
 Asp Ala Tyr Pro Trp Leu Pro Asn Ala Ser Pro Arg Gln Ser Ala Ser
 420 425 430
 Val Leu Leu Thr Phe Val Ala Val Trp Ala Ala Leu Ala Ile Leu Leu
 435 440 445
 Ala Asn Pro
 450

<210> 174

<211> 446

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (52)..(216)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 75133695

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 926,5 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 174

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

Ala Phe Phe Ser Ser Leu Ile Pro Ser Ser Glu Ala Tyr Asp Pro Leu
 20 25 30

Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Val Leu Gln Trp Thr
 35 40 45

Pro Asp Gly Tyr Val Ala Val Val Ser Leu Tyr Asn Tyr Gln Gln Tyr
 50 55 60

Arg His Ile Gln Ser Pro Gly Trp Lys Leu Gly Trp Val Trp Ala Lys
 65 70 75 80

Lys Glu Ile Ile Trp Ala Met Asn Gly Gly Gln Ala Thr Glu Gln Gly
 85 90 95

Asp Cys Ser Lys Phe Lys Ser Asn Ile Pro His Cys Cys Lys Lys Asp
 100 105 110

Pro Glu Ile Val Asp Leu Leu Pro Gly Thr Pro Tyr Asn Met Gln Ile
 115 120 125

Ala Asn Cys Cys Lys Gly Gly Val Leu Asn Ser Trp Ala Gln Asp Pro
 130 135 140

Ala Asn Ala Ile Ala Ser Phe Gln Val Ser Val Gly Gln Ala Gly Thr
 145 150 155 160

Thr Asn Lys Thr Val Arg Val Pro Arg Asn Phe Thr Leu Lys Ser Pro
 165 170 175

Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Ser Ala Lys Val Val Arg Pro Thr Lys
 180 185 190

Phe Phe Ser Gln Asp Gly Arg Arg Thr Thr Gln Ala His Met Thr Trp
 195 200 205

Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Ile Val Ala Gln Arg Ser Pro Thr
 210 215 220

Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe Tyr Asn Asp Thr Ile Val Asn Cys
 225 230 235 240

Pro Thr Cys Ser Cys Gly Cys Gln Asn Asn Lys Pro Gly Ser Cys Val
 245 250 255

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

Asp Ser Leu Thr Pro Leu Val Gln Cys Thr Ser His Met Cys Pro Ile
 275 280 285

Arg Val His Trp His Val Lys Val Asn Tyr Lys Glu Tyr Trp Arg Val
 290 295 300

Lys Ile Thr Val Thr Asn Phe Asn Tyr Arg Met Asn Tyr Ser Gln Trp
 305 310 315 320

Asn Leu Val Thr Gln His Pro Ser Phe Asp Asn Leu Thr Thr Ile Phe
 325 330 335

Ser Phe Asn Tyr Lys Ser Leu Asn Pro Tyr Gly Val Ile Asn Asp Thr
 340 345 350

Ala Met Leu Trp Gly Ile Lys Tyr Tyr Asn Asp Leu Leu Met Thr Ala
 355 360 365

Gly Pro Asp Gly Asn Val Gln Ser Glu Leu Leu Phe Lys Lys Asp Pro
 370 375 380

Lys Ser Phe Thr Phe Glu Lys Gly Trp Ala Phe Pro Arg Arg Val Tyr
 385 390 395 400

Phe Asn Gly Asp Asn Cys Val Met Pro Pro Pro Asp Ala Tyr Pro Trp
 405 410 415

Leu Pro Asn Ala Ser Thr Arg Val Met Ser Ser Ile Leu Leu Pro Phe
420 425 430

Ile Thr Ile Trp Thr Ala Leu Thr Phe Leu Met Val Tyr Ala
435 440 445

<210> 175
<211> 1948
<212> ДНК
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1788775

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 176

<400> 175
aagggagcag cgcctgcgga gcagagtgtc gcgctgccgc cgcggtaaaa acaggggagg 60
agggagagac gcggccgcac ccgcacatgc tttaagtccc actccccacc gccccagatc 120
tccgccctcc tccctctgcc cccacattc cccggcgcgc cacctctgcc cgcggccgcc 180
gccgctgtcc ggagcgagat cggcgtgggt gcacgggcgc agctcctgta tctgtcgggtg 240
ggagaccccg cgcgtgtcgg tgggagcggg tggggaggaa gcgaaggatg gcggcggggcg 300
gcagatccgt cgcgtgtcgc accgccgtgc tgctcgcggc cgcgctgctc ctctccgcgc 360
cgactgccac agaggcttat gattccttgg atccgaacgg caacatcact ataaaatggg 420
atattatgca gtggactcct gatggatatg tcgctgttgt cacaatgttc aactatcaac 480
aattccggca cattggggca cctgggtggc agcttgggtg gacatgggca aagaaagagg 540
tcatatggtc aatggttggg gcacagacta ccgaacaggg tgactgctcg aaattcaagg 600
gcaacactcc cactgctgc aagaaagatc ccacgatcgt cgatttactt ccgggcactc 660
catacaacat gcaaattgcc aattgctgca aagcaggagt tataaataca tttaatcagg 720
accagcaaa tgctgcttcc tccttcaga ttagttagg tcttgctggg actaccaata 780
agactgttaa ggtgccgaag aacttcactc ttaagactcc aggtcctggg tacacctgtg 840
ggcgtgccat tgttggcagg ccgacaaagt tttcacctc ggatggacgc agggcaacct 900
aagctctaat gacgtggaat gtgacttgca catattccca atttctagcc cagaagactc 960
cgtcctgctg tgtatctctc tcatcatttt acaatgacac aattgtgaac tgcccaacat 1020
gctcttgtgg ctgccaaaat ccaagtggct ccaactgtgt gaatgaggat tcaccgaatc 1080
tacaatctgc aattgatggc cctgggaaat ggactggca gcctcttgta caatgcacct 1140
cccacatgtg cccgataaga atccactggc atgtgaagct caattacaag gaatactgga 1200
gagtgaaaat cactatcaca aacttcaact tccgcatgaa ttacacgcag tggaaacttag 1260
tcgttcagca tccaaacttt gataatatca ctcagctgtt cagtttcaac tacaaccac 1320

ttaccccata tgggtggtggc ataaatgata cggcaatggt ctgggggtgta aaattctaca 1380
 acgatttgct gatgcaagct ggtaaacttg ggaatgtgca atcagaacta cttcttcgca 1440
 aggactccca ggctttcacc ttcgaaaagg gatgggcctt cccacgccga gtgtacttca 1500
 atggtgataa ctgtgtcatg ccatctcctg aaaattatcc atggctgccc aatgcaagcc 1560
 ctctaacaaa acaaccattg acaactccac tcttagtatt ctgggttggtg ttgggtactc 1620
 tgttggctta tgcgtgatga gtgggatcaa gagatttagc gagcttcaag ttgatgtcag 1680
 attccatgag gtgcactgca gcaggccatt tgttcattca cttccatggt tgcacagaag 1740
 agatgacacc acgccgagaa aagaaagttt atatgtgtgt gtgtttttgg aagttaaggc 1800
 ccaaaatgta tttcttgtct ggtatatact ggccccacag cactttgggtg aacttagtta 1860
 ctgcaaatta ggtaattaca gttgcacctt ttgtatttta tagcaaactc agaatttttc 1920
 attgaattat gactgctctt cttgtagc 1948

<210> 176

<211> 449

<212> белок

<213> *Panicum virgatum*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (54)..(218)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1788775

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 935,6 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 176

Met Ala Ala Gly Gly Arg Ser Val Ala Cys Cys Thr Ala Val Leu Leu
 1 5 10 15

Ala Ala Ala Leu Leu Leu Ser Ala Pro Thr Ala Thr Glu Ala Tyr Asp
 20 25 30

Ser Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Ile Met Gln
 35 40 45

Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Val Val Thr Met Phe Asn Tyr Gln
 50 55 60

Gln Phe Arg His Ile Gly Ala Pro Gly Trp Gln Leu Gly Trp Thr Trp
 65 70 75 80

Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Val Gly Ala Gln Thr Thr Glu
 85 90 95

Gln Gly Asp Cys Ser Lys Phe Lys Gly Asn Thr Pro His Cys Cys Lys
 100 105 110

Lys Asp Pro Thr Ile Val Asp Leu Leu Pro Gly Thr Pro Tyr Asn Met
 115 120 125

Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys Ala Gly Val Ile Asn Thr Phe Asn Gln
 130 135 140

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

Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Lys Val Pro Lys Asn Phe Thr Leu Lys
 165 170 175

Thr Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Arg Ala Ile Val Gly Arg Pro
 180 185 190

Thr Lys Phe Phe Thr Ser Asp Gly Arg Arg Ala Thr Gln Ala Leu Met
 195 200 205

Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Phe Leu Ala Gln Lys Thr
 210 215 220

Pro Ser Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe Tyr Asn Asp Thr Ile Val
 225 230 235 240

Asn Cys Pro Thr Cys Ser Cys Gly Cys Gln Asn Pro Ser Gly Ser Asn
 245 250 255

Cys Val Asn Glu Asp Ser Pro Asn Leu Gln Ser Ala Ile Asp Gly Pro
 260 265 270

Gly Lys Trp Thr Gly Gln Pro Leu Val Gln Cys Thr Ser His Met Cys
 275 280 285

Pro Ile Arg Ile His Trp His Val Lys Leu Asn Tyr Lys Glu Tyr Trp
 290 295 300

Arg Val Lys Ile Thr Ile Thr Asn Phe Asn Phe Arg Met Asn Tyr Thr
 305 310 315 320

Gln Trp Asn Leu Val Val Gln His Pro Asn Phe Asp Asn Ile Thr Gln
 325 330 335

Leu Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Pro Leu Thr Pro Tyr Gly Gly Gly Ile
 340 345 350

Asn Asp Thr Ala Met Phe Trp Gly Val Lys Phe Tyr Asn Asp Leu Leu
 355 360 365

Met Gln Ala Gly Lys Leu Gly Asn Val Gln Ser Glu Leu Leu Leu Arg
 370 375 380

Lys Asp Ser Gln Ala Phe Thr Phe Glu Lys Gly Trp Ala Phe Pro Arg
 385 390 395 400

Arg Val Tyr Phe Asn Gly Asp Asn Cys Val Met Pro Ser Pro Glu Asn
 405 410 415

Tyr Pro Trp Leu Pro Asn Ala Ser Pro Leu Thr Lys Gln Pro Leu Thr
420 425 430

Leu Pro Leu Leu Val Phe Trp Val Val Leu Ala Thr Leu Leu Ala Tyr
435 440 445

Ala

<210> 177
<211> 1849
<212> ДНК
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1546455

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 178

<400> 177
gccctcctca ccactgcccc cccattcccc ggcgcccagc acccggcgcc gcaaccgccc 60
cagtccggag caagatcggg gggtagacgg acgggcgaca ggcggggcggg cgcggtctctg 120
tctgtatcta tctgtttggg ggagaccggg tgtgtcgggtt aggcggcgcc ggggtgggaag 180
gaagaatggc ggcggggcggc agatccatcg cgtgcggttc cgccgtgctg ctccgcccgcg 240
cgctgctcct ctccgcaccg accaccacag aggcctacga ttcgctggat ccaaaccggca 300
acatcactat aaaatgggat atcatgcagt ggactcctga cggatatgtc gctggtgtca 360
caatgttcaa ttatcaaaa tttcggcaca tcggggcacc tggatggcag cttgggtgga 420
catgggcaaa aaaggagggtt atatggtcaa tgggtggggc tcagaccact gaacaggggtg 480
actgctcaaa gttcaagggc aacaccccc attgctgcaa gaaagatcca acaattgttg 540
atttacttcc aggactcca tacaacatgc aaattgcaa ttgctgcaag gcaggagtta 600
taaatacctt taaccaggac ccagcaaatg ctgcttctc cttccagatc agtgtttggtc 660
ttgctggaac taccaataaa actgttaagg tgccgaagaa tttcactctt aagactccag 720
gcctgggta cacatgtggg cgtgctattg ttggcaggcc aacgaagttt ttctctgcag 780
atgggcgag ggtaaccbaa gctctaata gaatggaatgt gacctgcaca tattcccaat 840
ttcttgctca gaagactcca tcctgctgtg tatctctctc atcattttat aatgacacaa 900
ttgtgaactg cccgacatgc tcatgtggct gccagaacct aagtgggtca aactgtgtga 960
acgaggattc acctaacta caagccgcaa ttgatggtcc tggtaaattg actggccagc 1020
ctcttgta ca atgcacttct cacatgtgcc caataagaat ccaactggcat gtgaagctca 1080
actacaagga atactggaga gtgaaaatca ctatcacgaa cttcaacttc cgcatagaatt 1140
acacacagtg gaacttagtt gctcagcatc caaactttga taatatcact cagttgttca 1200

gcttcaacta caaaccactt actccatgatg ggggtggcat aaatgatacg gcaatgttct 1260
ggggtgtaaa gttctacaat gatttgctga tgcaagccgg caaacttggg aatgtgcaat 1320
cagaactgct tctccgcaag gactcacgga ctttcacatt cgaaaagggg tgggccttcc 1380
cacgccgagt gtacttcaat ggtgataatt gtgtcatgcc atctcctgaa aattatccat 1440
ggctgccgaa tgcaagccct ctaacaaaac aagcattgac actcccactc ttgatattct 1500
gggttgccct ggctgttctg ttggcttatg catgatgagt gggatcaaga tgttttagcaa 1560
gcttcaagtt gatgtcggat tccatgaggt gcaactgcaac gggatattta ttcattcaat 1620
tccatagcgg cacaggagag atgaggcgaa gccaaagaaa agtggatgtg tgtgtgtgtg 1680
tgtttgtaag ttaaagggcc aaaatgtatt tcttgtctgg tagtatatag cagctctaca 1740
acactttggg gaacttagtt actgcaaatt aggcaattac agttgcacct tttgtatttt 1800
atagcaaacc cagacttcta ttggattcta tgactgcccc tcttgtagc 1849

<210> 178
<211> 449
<212> белок
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (54)..(218)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1546455

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 936,8 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 178
Met Ala Ala Gly Gly Arg Ser Ile Ala Cys Val Ala Ala Val Leu Leu
1 5 10 15
Ala Ala Ala Leu Leu Leu Ser Ala Pro Thr Thr Thr Glu Ala Tyr Asp
20 25 30
Ser Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Ile Met Gln
35 40 45
Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Val Val Thr Met Phe Asn Tyr Gln
50 55 60
Gln Phe Arg His Ile Gly Ala Pro Gly Trp Gln Leu Gly Trp Thr Trp
65 70 75 80

Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Val Gly Ala Gln Thr Thr Glu
 85 90 95

Gln Gly Asp Cys Ser Lys Phe Lys Gly Asn Thr Pro His Cys Cys Lys
 100 105 110

Lys Asp Pro Thr Ile Val Asp Leu Leu Pro Gly Thr Pro Tyr Asn Met
 115 120 125

Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys Ala Gly Val Ile Asn Thr Phe Asn Gln
 130 135 140

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

Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Lys Val Pro Lys Asn Phe Thr Leu Lys
 165 170 175

Thr Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Arg Ala Ile Val Gly Arg Pro
 180 185 190

Thr Lys Phe Phe Ser Ala Asp Gly Arg Arg Val Thr Gln Ala Leu Met
 195 200 205

Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Phe Leu Ala Gln Lys Thr
 210 215 220

Pro Ser Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe Tyr Asn Asp Thr Ile Val
 225 230 235 240

Asn Cys Pro Thr Cys Ser Cys Gly Cys Gln Asn Pro Ser Gly Ser Asn
 245 250 255

Cys Val Asn Glu Asp Ser Pro Asn Leu Gln Ala Ala Ile Asp Gly Pro
 260 265 270

Gly Lys Trp Thr Gly Gln Pro Leu Val Gln Cys Thr Ser His Met Cys
 275 280 285

Pro Ile Arg Ile His Trp His Val Lys Leu Asn Tyr Lys Glu Tyr Trp
 290 295 300

Arg Val Lys Ile Thr Ile Thr Asn Phe Asn Phe Arg Met Asn Tyr Thr
 305 310 315 320

Gln Trp Asn Leu Val Ala Gln His Pro Asn Phe Asp Asn Ile Thr Gln
 325 330 335

Leu Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Pro Leu Thr Pro Tyr Gly Gly Gly Ile
 340 345 350

Asn Asp Thr Ala Met Phe Trp Gly Val Lys Phe Tyr Asn Asp Leu Leu
 355 360 365

Met Gln Ala Gly Lys Leu Gly Asn Val Gln Ser Glu Leu Leu Leu Arg
 370 375 380

Lys Asp Ser Arg Thr Phe Thr Phe Glu Lys Gly Trp Ala Phe Pro Arg
 385 390 395 400

Arg Val Tyr Phe Asn Gly Asp Asn Cys Val Met Pro Ser Pro Glu Asn
 405 410 415

Tyr Pro Trp Leu Pro Asn Ala Ser Pro Leu Thr Lys Gln Ala Leu Thr
420 425 430

Leu Pro Leu Leu Ile Phe Trp Val Ala Leu Ala Val Leu Leu Ala Tyr
435 440 445

Ala

<210> 179
<211> 1771
<212> ДНК
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1902642

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 180

<400> 179
agggagcagc cgctgcggag cagagtgtgt cgcgctgccg ccgcggtaaa aaacagggga 60
gggcgaggcg cggccgcaca tgctttaagt cccactcccc accgccccag atctccgccc 120
ccctcccact ccggcactcc cccccacatt ccccggcgcg ccacctctgc ccgcgggccgc 180
cgccgccgccc gtccggagcg agatcggcgt gggcgcacgg gcgcggtctcc tgtatctgtc 240
ggtgggagac cccgcgtgtc ggtgggagcg ggtggggacc aagcgaagga tggcgccggg 300
cggcagatcc gtcgcgtgct gcgccgccgt gctgctcgcg gccgcgctgc tcctctccgc 360
gccgactgct acagaggctt atgattcctt ggatccgaac ggcaacatca ctataaaatg 420
ggatattatg cagtggactc ctgatggata tgctgctggt gtcacaatgt tcaactatca 480
acaattccgg cacattgggg cacctgggtg gcagcttggg tggacatggg caaagaaaga 540
ggtcatatgg tcaatggttg gggcacagac tactgagcag ggtgactgct cgaaattcaa 600
aggcaacact cccactgct gcaagaaaga tcccacgctc gtcgatttac ttccggggcac 660
tccgtacaac atgcaaattg ccaattgctg caaagcagga gttataaata catttaataca 720
ggaccagca aatgctgctt cctccttcca gattagtgtg ggtcttgctg ggaccaccaa 780
taagactggt aagggtccga agaacttcac tcttaagact ccaggctctg ggtacacatg 840
tgggcgctgcc attggtggca ggccgacaaa gtttttcaca tcagatggac gcagggcaac 900
ccaagctcta atgacatgga atgtgacttg cacatattcc caatttctag ccagaagac 960
tccgtcctgc tgtgtatctc tctcatcatt ttacaatgac acaattgtga actgccccaac 1020
atgctcttgt ggctgcaaaa atccaactgg ctcaaactgt gtgaatgagg attcaccgaa 1080
tctacaatca gcaattgatg gccctgggaa atggactggt cagcctcttg tacaatgcac 1140
ctcccacatg tgcccgataa gaatccactg gcatgtgaag ctcaattaca aggaatactg 1200

gagagtghaa ataactatca ccaacttcaa cttccgcatg aattacacgc aatghaactt 1260
agttgttcag catccaaact ttgataatat cactcagctg ttcagtttca actacaaacc 1320
acttacccca tatggtggtg gcataaatga tacggcaatg ttctggggtg taaaattcta 1380
caatgatttg ctgatgcaag ctggtaaact tgggaatgtg caatcagaac tacttcttcg 1440
aaaggattct caggctttca ccttcgaaaa gggatgggcc ttcccacgtc gagtgtactt 1500
caatggtgat aactgtgtca tgccgtcccc tgaaaattat ccatggctgc ccaatgcaag 1560
ccctctaaca aaacaacat tgacactccc actctttgta ttctggggtg tgttggtac 1620
tctgttggtt tatgcatgat gagtgggatc aagagattta gcgagcttca agttgatgtc 1680
agattccatg aggtgactg caacaggcca tttgttcatt caattccatg gttgcacttc 1740
ttaatgaaaa acgtgctcag gcacggtcgc g 1771

<210> 180

<211> 449

<212> белок

<213> Panicum virgatum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (54)..(218)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1902642

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 935,1 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 180

Met Ala Pro Gly Gly Arg Ser Val Ala Cys Cys Ala Ala Val Leu Leu
1 5 10 15

Ala Ala Ala Leu Leu Leu Ser Ala Pro Thr Ala Thr Glu Ala Tyr Asp
20 25 30

Ser Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Ile Met Gln
35 40 45

Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Val Val Thr Met Phe Asn Tyr Gln
50 55 60

Gln Phe Arg His Ile Gly Ala Pro Gly Trp Gln Leu Gly Trp Thr Trp
65 70 75 80

Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Val Gly Ala Gln Thr Thr Glu
85 90 95

Gln Gly Asp Cys Ser Lys Phe Lys Gly Asn Thr Pro His Cys Cys Lys
 100 105 110

Lys Asp Pro Thr Leu Val Asp Leu Leu Pro Gly Thr Pro Tyr Asn Met
 115 120 125

Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys Ala Gly Val Ile Asn Thr Phe Asn Gln
 130 135 140

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

Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Lys Val Pro Lys Asn Phe Thr Leu Lys
 165 170 175

Thr Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Arg Ala Ile Val Gly Arg Pro
 180 185 190

Thr Lys Phe Phe Thr Ser Asp Gly Arg Arg Ala Thr Gln Ala Leu Met
 195 200 205

Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Phe Leu Ala Gln Lys Thr
 210 215 220

Pro Ser Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe Tyr Asn Asp Thr Ile Val
 225 230 235 240

Asn Cys Pro Thr Cys Ser Cys Gly Cys Gln Asn Pro Thr Gly Ser Asn
 245 250 255

Cys Val Asn Glu Asp Ser Pro Asn Leu Gln Ser Ala Ile Asp Gly Pro
 260 265 270

Gly Lys Trp Thr Gly Gln Pro Leu Val Gln Cys Thr Ser His Met Cys
 275 280 285

Pro Ile Arg Ile His Trp His Val Lys Leu Asn Tyr Lys Glu Tyr Trp
 290 295 300

Arg Val Lys Ile Thr Ile Thr Asn Phe Asn Phe Arg Met Asn Tyr Thr
 305 310 315 320

Gln Trp Asn Leu Val Val Gln His Pro Asn Phe Asp Asn Ile Thr Gln
 325 330 335

Leu Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Pro Leu Thr Pro Tyr Gly Gly Gly Ile
 340 345 350

Asn Asp Thr Ala Met Phe Trp Gly Val Lys Phe Tyr Asn Asp Leu Leu
 355 360 365

Met Gln Ala Gly Lys Leu Gly Asn Val Gln Ser Glu Leu Leu Leu Arg
 370 375 380

Lys Asp Ser Gln Ala Phe Thr Phe Glu Lys Gly Trp Ala Phe Pro Arg
 385 390 395 400

Arg Val Tyr Phe Asn Gly Asp Asn Cys Val Met Pro Ser Pro Glu Asn
 405 410 415

Tyr Pro Trp Leu Pro Asn Ala Ser Pro Leu Thr Lys Gln Pro Leu Thr
 420 425 430

Leu Pro Leu Phe Val Phe Trp Val Val Leu Ala Thr Leu Leu Ala Tyr
435 440 445

Ala

<210> 181
<211> 1350
<212> ДНК
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8632643

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 182

<400> 181
atggcgggcg gcggcagatc cgtcgcgtgc tgtgccgccg tgctgctcgc ggccgcgctg 60
ctcctctccg caccgactac cacagaggct tatgattcgc tggatccaac cggcaacatc 120
actataaaat gggatattat gcagtggact cctgacggat atgctcgtgt tgtcacaatg 180
tataattttc aacaatttcg gcacatcggc gcacctgggt ggcagcttgg gtggacatgg 240
gcaaagaagg aggttatatg gtcaatgggt ggggctcaga ccaactgaaca gggtgactgc 300
tcaaagttca agggcaacac cccccattgc tgcaagaaag atccaacaat tgtcgaattta 360
ctaccaggca ctccatacaa catgcaaatt gccaatgct gcaaggcagg agtcataaat 420
acctttaacc aggaccagc aatgctgct tcctccttcc agatcagtgt tggctcttgc 480
ggaactacca ataaaactgt taagggtgcca aagaacttca ctcttaagac tccaggccct 540
gggtacacat gtgggcgtgc cattgttggc aggccgacaa agttttggag cgcagatggg 600
cgcagggcaa cccaagctct aatgacatgg aatgtgacct gcacatattc ccaatttctt 660
gctcagaaga ctccatcctg ctgtgtctct ctctcatcgt tttataatga cacaattgtg 720
aactgccccaa catgctcatg tggctgccag aaccgaagt ggtcaaactg tgtgaatgag 780
gattcaccta atctacaagc tgcaattgat ggtcctggca aatggactgg ccagcctctt 840
gtacaatgca cttcccacat gtgcccgata agaatccact ggcattgtgaa gctcaactac 900
aaggaatact ggagagtgaa aatcactatc acaaacttca acttccgcat gaattacacg 960
cagtggaact tagtagctca gcatccaaac tttgataaca tcaactcagtt gttcagcttc 1020
aactacaaac cacttactcc atatgggggt ggcataaatg atacggcaat gttctgggggt 1080
gtaaaattct acaatgattt gctgatgcaa gccggcaaac ttggaaatgt gcaatcggaa 1140
ctgcttctcc gcaaggactc ccggactttc accttcgata aggggtgggc cttcccacgc 1200
cgggtgtact tcaatggatg taattgtgtc atgccatctc ctgaaaatta tccatggctg 1260
ccgaatgcaa gccctctaac aagacaacca ttgacactcc cactcttgggt attctggggt 1320

gccttgctg ctctgttggc ttatgcatga

1350

<210> 182

<211> 449

<212> белок

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (54)..(218)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8632643

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 933,1 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 182

Met Ala Ala Gly Gly Arg Ser Val Ala Cys Cys Ala Ala Val Leu Leu
1 5 10 15

Ala Ala Ala Leu Leu Leu Ser Ala Pro Thr Thr Thr Glu Ala Tyr Asp
20 25 30

Ser Leu Asp Pro Thr Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Ile Met Gln
35 40 45

Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Val Val Thr Met Tyr Asn Phe Gln
50 55 60

Gln Phe Arg His Ile Gly Ala Pro Gly Trp Gln Leu Gly Trp Thr Trp
65 70 75 80

Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Val Gly Ala Gln Thr Thr Glu
85 90 95

Gln Gly Asp Cys Ser Lys Phe Lys Gly Asn Thr Pro His Cys Cys Lys
100 105 110

Lys Asp Pro Thr Ile Val Asp Leu Leu Pro Gly Thr Pro Tyr Asn Met
115 120 125

Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys Ala Gly Val Ile Asn Thr Phe Asn Gln
130 135 140

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

Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Lys Val Pro Lys Asn Phe Thr Leu Lys
165 170 175

Thr Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Arg Ala Ile Val Gly Arg Pro
180 185 190

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

Ala

<210> 183
 <211> 1845
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 236876

<220>
 <221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 184

<400> 183

```
gagtgctctcg tgctgctgct tccgctgcag taaaatacgg ggaagaggag gggagggaga 60
cgcggcccgct gcctgccgca catgctttaa gtcccactcc ccacctcccc agatctccgc 120
cctcctcccc accgccccca ttcctcccct cggccgcaac cgtagccgcc gcactacgga 180
gcaagatcgt cgggtagacg gacgggcggg cgggcgggcg cggctctgta tctatctgtc 240
ggtgggagac cgcgtgtgtc ggtagggcg cgggtggcaa ggaagaatgg cggcgagcgg 300
cagatccgtc gcgtgctgtg ccgccgcgct gctcgcggcc gcgttgctcc tctccgcacc 360
gactgcaaca gaggcttatg attcgtgga tccaaatggc aacatcacca taaaatggga 420
tatcatgcag tggactcctg atggatatgt cgctgttgct acaatgttta attatcaaca 480
atttcggcat atcggcgcac ctggttggca gcttgggtgg acatgggcaa agaaggagg 540
tatatgggtca atggttgggg ctgagaccac tgaacagggc gactgctcaa agttcaagag 600
cagcccacc cattgctgca agaaagatcc aacaattgtc gatttacttc caggcactcc 660
atacaacatg caaattgcca attgctgcaa ggcaggagtt gtaaatacct ttaaccagga 720
cccagcaaat gctgcttctt cttccagat cagtgttggc cttgctggaa ctaccaataa 780
aactgttaag gtgcccagga acttcaactt taagactcca ggccttgggt acacatgtgg 840
gcgtgccatt gttggcaggc ctacgaagtt tttaccgcg gacgggcgca gggcaaccca 900
agctctaatag acatggaatg tgacctgcac atattcccaa tttcttgctc agaagactcc 960
atcctgctgt gtatctctat catcgtttta taatgacaca attgtgaact gcccaacatg 1020
ctcatgtggc tgccagaacc caagtgggtc aaactgtgtg aatgaggatt cacctaactt 1080
acaagctgca attgatggcc ctggcaaatg cactggtcag ccccttgtag aatgcacttc 1140
ccacatgtgc ccgataagaa tccactggca tgtgaagctc aactacaagg attactggag 1200
agtgaaaatc actatcacia acttcaactt ccgcatgaat tacacgcagt ggaacttagt 1260
agcccagcat ccaaactttg ataatatcac tcagttgttc agcttcaact acaaacact 1320
tactccatat ggtggtggca taaatgatac ggcaatgttc tggggtgtaa aattctacia 1380
tgatctgctg atgcaagccg gcaaacttgg gaatgtgcaa tcagagctgc ttctccgcaa 1440
ggactcccgg actttcactt tcgaaaaggg atgggccttc ccacgccgag tttacttcaa 1500
tggtgataat tgtgtcatgc catctcctga aaattatcca tggctgccga atgcaagccc 1560
tctaacaaaa ccattggcac tcccattctt ggtattctgg gttgccttgg ctgctctggt 1620
ggcttatgca tgattagtgg gatcaagagg ttagcaagt ttcaagttga tgtcagattc 1680
catgaggtgc actgcaacia gtcatttgtt cattcaattc catggttgca cagaaaagat 1740
gaggcgatgc caagaaaaag tcgatatgtc tatgtgttta agttaaaggg ccaaaatgta 1800
tttcttgttt ggtatataac agccctacia cactttgggtg aactg 1845
```

<210> 184
<211> 448
<212> белок
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (54)..(218)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 236876

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 928,6 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 184

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

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

<210> 185

<211> 436

<212> белок

<213> *Cleome spinosa*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (40)..(204)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 90657629

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 893,8 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 185

Met Ala Trp Ser Leu Asp Ser Ser Gly Leu Thr Leu Leu Gln Glu Ala
1 5 10 15

Tyr Asp Ala Leu Asp Pro Asp Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Ile
20 25 30

Met Thr Trp Thr Ala Asp Gly Tyr Val Ala Val Val Thr Ile Tyr Asn
35 40 45

Phe Gln Gln Tyr Arg His Ile Gln Ala Pro Gly Trp Ser Leu Gly Trp
50 55 60

Thr Trp Ala Lys Arg Glu Val Ile Trp Gly Met Asn Gly Gly Gln Thr
65 70 75 80

Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Arg Phe Lys Gly Asn Ile Pro His Cys
85 90 95

Cys Lys Gln Asp Pro Thr Val Val Asp Leu Met Pro Gly Thr Pro Tyr
100 105 110

Asn Gln Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys Gly Gly Val Ile Asn Ser Phe
115 120 125

Ala Gln Asp Pro Ala Thr Thr Val Ser Ala Phe Gln Leu Thr Val Gly
130 135 140

Gln Ala Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Arg Val Pro Lys Asn Phe Thr
145 150 155 160

Leu Lys Ala Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Ser Pro Gly Asn Ile Val
165 170 175

Lys Pro Ser Arg Phe Ile Ser Ala Asp Lys Arg Arg Ile Thr Gln Ala
180 185 190

Leu Met Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Phe Leu Ala Gln
195 200 205

Lys Thr Pro Thr Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe Tyr Thr Asn Thr
210 215 220

Ile Val Ser Cys Pro Thr Cys Ala Cys Gly Cys Arg Lys Thr Ser Glu
225 230 235 240

Thr Gly Thr Cys Val Asp Pro Lys Gly Pro Arg Ile Ala Ser Val Ile
245 250 255

Gln Ser Pro Gly Lys Asn Ser Tyr Met Pro Pro Leu Val Gln Cys Thr
260 265 270

Asn His Met Cys Pro Ile Arg Ile His Trp His Val Lys Val Asn Tyr
275 280 285

Lys Glu Tyr Trp Arg Val Lys Ile Ser Ile Thr Asn Phe Asn Tyr Val
 290 295 300
 Met Asn Tyr Ser Gln Trp Asn Val Val Val Gln His Pro Asn Phe Asp
 305 310 315 320
 Asn Leu Thr Gln Ile Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Pro Leu Thr Pro Tyr
 325 330 335
 Ala Ser Ile Asn Asp Thr Gly Ile Leu Trp Gly Val Lys Tyr Tyr Asn
 340 345 350
 Asp Leu Leu Met Gln Ala Gly Pro Ser Gly Asn Val Gln Ser Glu Leu
 355 360 365
 Leu Phe Arg Lys Asp Pro Leu Ser Phe Thr Leu Glu Lys Gly Trp Ala
 370 375 380
 Phe Pro Arg Arg Ile Tyr Phe Asn Gly Asp Asn Cys Val Met Pro Pro
 385 390 395 400
 Pro Asp Ser Tyr Pro Arg Leu Pro Asn Phe Gly Ser Ser Leu Ile Gly
 405 410 415
 Ser Arg Pro Val Ala Val Leu Thr Phe Leu Ser Val Thr Ala Phe Leu
 420 425 430
 His Arg Asn Leu
 435

<210> 186

<211> 457

<212> белок

<213> Triticum monococcum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (59)..(223)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 30090032

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 917,6 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 186

Met Ala Pro Val Gly Gly Val Ala Gly Ser Ser Arg Ser Ala Ala Cys
 1 5 10 15

Cys Ala Val Leu Leu Ala Ala Val Leu Phe Phe Ser Ala Pro Ala Thr
 20 25 30

Thr Glu Ala Tyr Asp Ser Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile Lys
 35 40 45

Trp Asp Ile Ile Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Thr Val Thr
 50 55 60

Met Phe Asn Tyr Gln Gln Phe Arg His Ile Pro Ala Pro Gly Trp Gln
 65 70 75 80

Leu Gly Trp Ser Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Val Gly
 85 90 95

Ala Gln Ala Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Lys Phe Lys Ser Ala Pro
 100 105 110

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

Thr Pro Phe Asn Gln Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys Ala Gly Val Ile
 130 135 140

Lys Thr Phe Asn Gln Asp Pro Gly Asn Ala Ala Ser Ser Phe Gln Ile
 145 150 155 160

Ser Val Gly Leu Ala Gly Thr Thr Asn Lys Thr Val Lys Met Pro Lys
 165 170 175

Asn Phe Thr Leu Arg Ala Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Arg Ala
 180 185 190

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

Thr Gln Ala Leu Met Ser Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Phe
 210 215 220

Leu Ala Gln Lys Thr Pro Thr Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe Tyr
 225 230 235 240

Asn Asp Thr Ile Val Asn Cys Pro Thr Cys Ser Cys Gly Cys Gln Asn
 245 250 255

Asn Ile Thr Arg Pro Gly Ser Cys Val Asn Asp Asn Ser Pro Tyr Leu
 260 265 270

Gln Ser Ala Ile Asn Gly Pro Gly Lys Leu Thr Gly Gln Pro Leu Val
 275 280 285

Gln Cys Thr Ser His Met Cys Pro Ile Arg Ile His Trp His Val Lys
 290 295 300

Leu Asn Tyr Lys Asp Tyr Trp Arg Val Lys Val Thr Ile Thr Asn Phe
 305 310 315 320

Asn Tyr Arg Met Asn Tyr Thr Asp Trp Asn Met Val Ala Gln His Pro
 325 330 335

Asn Phe Asp Asn Ile Thr Lys Leu Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Pro Leu
 340 345 350

Thr Pro Tyr Gly Gly Arg Ile Asn Asp Thr Ala Met Phe Trp Gly Met
 355 360 365

Lys Phe Tyr Asn Asp Leu Leu Asn Gln Ala Gly Pro Leu Gly Asn Ala
 370 375 380

Gln Ser Glu Leu Leu Met Arg Lys Asp Ser Glu Thr Phe Thr Phe Gln
 385 390 395 400
 Lys Gly Trp Ala Phe Pro Arg Arg Val Tyr Phe Asn Gly Asp Asn Cys
 405 410 415
 Val Met Pro Ser Pro Asp Asp Tyr Pro Trp Leu Pro Ser Ala Ser Pro
 420 425 430
 Leu Thr Lys Gln Pro Trp Thr Leu Pro Leu Leu Val Phe Trp Thr Ala
 435 440 445
 Leu Ala Thr Leu Leu Ala Tyr Tyr Val
 450 455

<210> 187
 <211> 1380
 <212> ДНК
 <213> Sorghum bicolor

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8640602

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 188

<400> 187
 atggcgaggc tgcgactcct actgctccgg catctggctg ccgccgctgc tctgctcgcc 60
 ggcttctctt ctctgccacc tttggcagaa gcatatgatc ctcttgatcc aaatgggaat 120
 atcacaataa aatgggatat cattcagtggt acttcagatg gttatggtgc tgttgtttcc 180
 atatacaatt accataaata ccgacatata caagcacccg ggtggaacct tggatgggtg 240
 tgggcaaaga aggagatcat ctggaccata gttggcgggc agaccacaga gcaaggggat 300
 tgctctcagt tcaaaggcag tataccacac tgctgcaaga gggatccagc agttggtgac 360
 ttgcttctctg ggacacctta caacatgcag gatgcaaatt gttgcaaagg aggagtgctt 420
 aactcatggg ttcaagacct agtcagtgca gtggcatcgt ttcagatcag tgtcggccga 480
 tctgggtacta ccaactacac agtgaaagcg ccaactaaact tcaactctgaa ggccccagga 540
 ccaggataca gttgtggagt agctcatgtg gtgaagcctc ctacgaagtt catttcccag 600
 gacggaagga gaaccactca agctcatgtg acatggaacg tgacatgtac atattcccaa 660
 tttgttgctc agcgggctcc aacttggtgt gtttactctt catcatttta caatgaaacc 720
 atagttaact gcccaaatg ttcatgtggc tgtcagaata ccagaccggg aagttgtggt 780
 gagggtgatt caccttattt ggcttctgtc gtgaatggac cgggcaagag cagcatgact 840
 cctctagttc agtgcacgcc ccatatgtgc ccgataagag tgcattggca tgttaagctc 900
 aactacaggg aatactggag ggtgaagatc acggttacaa actggaatta ccggatgaat 960
 tactcacaat ggaacttggg agttcagcac ccaaatttcg acaaagttac cactatcttc 1020

agcttcaact acaagcctct gaaccctat ggagtaataa atgatactgg aatgctgtgg 1080
 ggtatcaagt actacaatga cctgctcatg gtggctgggc cagatggaaa tgtgcaatct 1140
 gagcttctgt tccggaagga cccgtcgaca ttcactttcg agaaaggctg ggcgttccca 1200
 aggcggatat acttcaatgg cgacagctgt gtcatgcctc caccagatgc gtacccatgg 1260
 ctaccaaact cttcccctgt actcctactg aagagctcat ccctcgttct gcccatcgtg 1320
 atttgacgg cgatgctggt cttacggctt ggtatgtact caatccatcc caaattgtaa 1380

<210> 188
 <211> 459
 <212> белок
 <213> Sorghum bicolor

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (55)..(220)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8640602

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 896,0 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 3

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 188
 Met Ala Arg Leu Arg Leu Leu Leu Arg His Leu Ala Ala Ala Ala
 1 5 10 15
 Ala Leu Leu Ala Gly Phe Ser Ser Leu Pro Pro Leu Ala Glu Ala Tyr
 20 25 30
 Asp Pro Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Ile Ile
 35 40 45
 Gln Trp Thr Ser Asp Gly Tyr Val Ala Val Val Ser Ile Tyr Asn Tyr
 50 55 60
 His Lys Tyr Arg His Ile Gln Ala Pro Gly Trp Asn Leu Gly Trp Val
 65 70 75 80
 Trp Ala Lys Lys Glu Ile Ile Trp Thr Ile Val Gly Gly Gln Thr Thr
 85 90 95
 Glu Gln Gly Asp Cys Ser Gln Phe Lys Gly Ser Ile Pro His Cys Cys
 100 105 110
 Lys Arg Asp Pro Ala Val Val Asp Leu Leu Pro Gly Thr Pro Tyr Asn
 115 120 125
 Met Gln Asp Ala Asn Cys Cys Lys Gly Gly Val Leu Asn Ser Trp Val
 130 135 140

Gln Asp Pro Val Ser Ala Val Ala Ser Phe Gln Ile Ser Val Gly Arg
 145 150 155 160
 Ser Gly Thr Thr Asn Tyr Thr Val Lys Ala Pro Leu Asn Phe Thr Leu
 165 170 175
 Lys Ala Pro Gly Pro Gly Tyr Ser Cys Gly Val Ala His Val Val Lys
 180 185 190
 Pro Pro Thr Lys Phe Ile Ser Gln Asp Gly Arg Arg Thr Thr Gln Ala
 195 200 205
 His Val Thr Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Phe Val Ala Gln
 210 215 220
 Arg Ala Pro Thr Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe Tyr Asn Glu Thr
 225 230 235 240
 Ile Val Asn Cys Pro Lys Cys Ser Cys Gly Cys Gln Asn Thr Arg Pro
 245 250 255
 Gly Ser Cys Val Glu Gly Asp Ser Pro Tyr Leu Ala Ser Val Val Asn
 260 265 270
 Gly Pro Gly Lys Ser Ser Met Thr Pro Leu Val Gln Cys Thr Pro His
 275 280 285
 Met Cys Pro Ile Arg Val His Trp His Val Lys Leu Asn Tyr Arg Glu
 290 295 300
 Tyr Trp Arg Val Lys Ile Thr Val Thr Asn Trp Asn Tyr Arg Met Asn
 305 310 315 320
 Tyr Ser Gln Trp Asn Leu Val Val Gln His Pro Asn Phe Asp Lys Val
 325 330 335
 Thr Thr Ile Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Pro Leu Asn Pro Tyr Gly Val
 340 345 350
 Ile Asn Asp Thr Gly Met Leu Trp Gly Ile Lys Tyr Tyr Asn Asp Leu
 355 360 365
 Leu Met Val Ala Gly Pro Asp Gly Asn Val Gln Ser Glu Leu Leu Phe
 370 375 380
 Arg Lys Asp Pro Ser Thr Phe Thr Phe Glu Lys Gly Trp Ala Phe Pro
 385 390 395 400
 Arg Arg Ile Tyr Phe Asn Gly Asp Ser Cys Val Met Pro Pro Pro Asp
 405 410 415
 Ala Tyr Pro Trp Leu Pro Asn Ser Ser Pro Val Leu Leu Leu Lys Ser
 420 425 430
 Ser Ser Leu Val Leu Pro Ile Val Ile Trp Thr Ala Met Leu Phe Leu
 435 440 445
 Arg Leu Gly Met Tyr Ser Ile His Pro Lys Leu
 450 455

<210> 189

<211> 458

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

<210> 190
 <211> 460
 <212> белок
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (57)..(223)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 162462330

<220>
 <221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 900,6 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 190

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

Val His Trp His Val Lys Val Ser Tyr Lys Glu Tyr Trp Arg Val Lys
 305 310 315 320
 Ile Thr Val Thr Asn Phe Asn Tyr Arg Met Asn Tyr Ser Gln Trp Asn
 325 330 335
 Leu Val Ala Gln His Pro Asn Phe Asp Asn Leu Thr Thr Ile Phe Ser
 340 345 350
 Phe Asn Tyr Arg Pro Leu Asn Pro Tyr Gly Val Ile Asn Asp Thr Ala
 355 360 365
 Met Leu Trp Gly Ile Lys Tyr Tyr Asn Asp Leu Leu Met Thr Ala Gly
 370 375 380
 Pro Asp Gly Asn Val Gln Ser Glu Leu Leu Phe Arg Lys Glu Pro Ser
 385 390 395 400
 Thr Phe Thr Phe His Lys Gly Trp Ala Phe Pro Arg Arg Val Tyr Phe
 405 410 415
 Asn Gly Asp Asn Cys Val Met Pro Pro Pro Asp Ala Tyr Pro Trp Leu
 420 425 430
 Pro Asn Ala Ala Ser Pro Arg Leu Ser Pro Ser Leu Leu Leu Pro Leu
 435 440 445
 Val Ala Ala Ala Trp Thr Ala Phe Ala Val Leu Ser
 450 455 460

<210> 191
 <211> 456
 <212> белок
 <213> Triticum aestivum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (59)..(222)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 38230578

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 900,3 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 3

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 191
 Met Ala Pro Val Gly Gly Val Ala Gly Ser Ser Arg Ser Ala Ala Cys
 1 5 10 15
 Cys Ala Val Leu Leu Ala Ala Val Leu Phe Phe Ser Ala Pro Ala Thr
 20 25 30

Thr Glu Ala Tyr Asp Ser Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile Lys
 35 40 45

Trp Asp Ile Ile Ser Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Thr Val Thr
 50 55 60

Met Phe Asn Tyr Gln Gln Phe Arg His Ile Pro Ala Pro Gly Trp Gln
 65 70 75 80

Leu Gly Cys Ser Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Val Gly
 85 90 95

Ala Gln Ala Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser Lys Phe Lys Ser Ala Pro
 100 105 110

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

Thr Pro Phe Asn Gln Gln Ile Ala Asn Cys Cys Lys Ala Gly Val Ile
 130 135 140

Lys Thr Phe Asn Gln Asp Pro Gly Asn Ala Ala Ser Ser Phe Gln Ile
 145 150 155 160

Ser Val Gly Leu Ala Gly Thr Thr Asn Lys Ala Val Lys Met Pro Lys
 165 170 175

Asn Phe Thr Leu Arg Ala Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Gly Arg Ala
 180 185 190

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

Gln Ala Leu Met Ser Trp Asn Val Thr Cys Thr Tyr Ser Gln Phe Leu
 210 215 220

Ala Gln Lys Thr Pro Thr Cys Cys Val Ser Leu Ser Ser Phe Tyr Asn
 225 230 235 240

Asp Thr Ile Val Asn Cys Pro Thr Cys Ser Cys Gly Cys Gln Asn Asn
 245 250 255

Ile Thr Arg Pro Gly Ser Cys Val Asn Asp Asn Ser Pro Tyr Leu Gln
 260 265 270

Ser Ala Ile Asn Gly Pro Gly Lys Leu Thr Gly Gln Pro Leu Val Gln
 275 280 285

Cys Thr Ser His Met Cys Pro Ile Arg Ile His Trp His Val Lys Leu
 290 295 300

Asn Tyr Lys Asp Tyr Trp Arg Val Lys Val Thr Ile Thr Asn Phe Asn
 305 310 315 320

Tyr Arg Met Asn Tyr Thr Asp Trp Asn Met Val Ala Gln His Pro Asn
 325 330 335

Phe Asp Asn Ile Thr Lys Leu Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Pro Leu Thr
 340 345 350

Pro Tyr Gly Gly Arg Ile Asn Asp Thr Ala Met Phe Trp Gly Met Lys
 355 360 365

Phe Tyr Asn Asp Leu Leu Asn Gln Ala Gly Pro Leu Gly Asn Ala Gln
 370 375 380
 Ser Glu Leu Leu Met Arg Lys Asp Ser Glu Thr Phe Thr Phe Gln Lys
 385 390 395 400
 Gly Trp Ala Phe Pro Arg Arg Val Tyr Phe Asn Gly Asp Asn Cys Val
 405 410 415
 Met Pro Ser Pro Asp Asp Tyr Pro Trp Leu Pro Ser Ala Ser Pro Leu
 420 425 430
 Thr Lys Gln Pro Trp Thr Leu Pro Leu Leu Val Phe Trp Thr Val Leu
 435 440 445
 Ser Thr Leu Leu Ala Tyr Tyr Val
 450 455

<210> 192
 <211> 1278
 <212> ДНК
 <213> Sorghum bicolor

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8632641

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 193

<400> 192
 atggcgacgg gcggcagact ggccgtcact tgctccgccg ccgtgctgct cgccgtggcg 60
 ctgctgatct ccgcaccgga cgccgcagag gcttatgatt ctctagatcc aaacggcaac 120
 atcactataa aatgggatgt tatgcaatgg actcctgatg gatatgtcgc tgttgtcaca 180
 atgtacaatt accaacaatt tcggcacatt gggccacccg gatggcagct tgggtggaca 240
 tgggcaaaga aggaggttat atgggtcaatg gttggggctc aggccaccga acagggtgac 300
 tgctcaaagt tcaagggcaa cattcctcac agctgcaaga aagatcccgt gatcgttgat 360
 ttacttccaa gcacaccata tgacatgcaa attgccaaatt gctgcaaggc aggagttata 420
 agtacaatta gtcaggatcc agcaaagtct gcttcctcat ttcagctcag tgtaggtcct 480
 tctgggtcta cactaagac tgtcaagggtg ccgaagaact tcacccttag gactcctggc 540
 cccggttaca cctgtggggc tgctattggt ggcaagccta ctatattttt ctctgcagat 600
 ggccgcaggg caaccaagc tctaattgaca tggaatgtga cctgcacgta ttcccaattt 660
 cttgctcaga agactccgtc ctgctgtgta tctctttcat cgttttataa caaactact 720
 gtgaactgcc caacatgctc ctgtggctgc cagaaccxaa gtggatcaaa ctgtgtgaat 780
 aagggttcgc ctgcctacg atctgctatt gatggcctg gcaaatggag tggcgagcct 840
 cttgtggagt gcacttccca catgtgcccc gtaaaaatca actggcacgt gaagcagaac 900
 agcaaggact actggagagt gaagatcacc atcacaacc tcaacttccg aatgaactac 960

agcgagtgga acctggttgt tcagcatcca aacttcgata acatcactca gttggttcggc 1020
 ctcaactaca aaccactcac tccatatggg ggtgacataa atgacacggc aatgttcttg 1080
 ggtgtgaagt cctacaatga tgtgctgatg caagacggta agcttgggat ggtgcagtca 1140
 gagctccttc tccgtaaaga ctcccggact ttcacattcg aaaagggatg ggccttccca 1200
 cgccgggtgt acttcaatgg tgataactgt gtcatgccag ctctgaaaa ttacccatcg 1260
 ttgccaatgc aagcctag 1278

<210> 193
 <211> 425
 <212> белок
 <213> Sorghum bicolor

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (55)..(219)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8632641

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 808,3 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 3

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 193
 Met Ala Thr Gly Gly Arg Leu Ala Val Thr Cys Ser Ala Ala Val Leu
 1 5 10 15
 Leu Ala Val Ala Leu Leu Ile Ser Ala Pro Asp Ala Ala Glu Ala Tyr
 20 25 30
 Asp Ser Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile Lys Trp Asp Val Met
 35 40 45
 Gln Trp Thr Pro Asp Gly Tyr Val Ala Val Val Thr Met Tyr Asn Tyr
 50 55 60
 Gln Gln Phe Arg His Ile Gly Pro Pro Gly Trp Gln Leu Gly Trp Thr
 65 70 75 80
 Trp Ala Lys Lys Glu Val Ile Trp Ser Met Val Gly Ala Gln Ala Thr
 85 90 95
 Glu Gln Gly Asp Cys Ser Lys Phe Lys Gly Asn Ile Pro His Ser Cys
 100 105 110
 Lys Lys Asp Pro Val Ile Val Asp Leu Leu Pro Ser Thr Pro Tyr Asp
 115 120 125

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

<210> 194

<211> 465

<212> белок

<213> *Physcomitrella patens* subsp. *patens*

<220>

<221> отличающийся признак
<222> (69)..(234)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 168016456

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 760,2 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 194

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

Ala Thr Cys Cys Val Ser Phe Ser Ala Phe Tyr Asn Glu Thr Ile Val
245 250 255

Pro Cys Glu Lys Cys Ala Cys Asp Cys Pro Thr Asn Asn Thr Thr Pro
260 265 270

Ile Ile Thr Thr Asn Gly Ala Asp Thr Asn Asn Gln Arg Cys Ile Asn
275 280 285

Arg Thr Lys Asn Asn Asn Leu Gln Gln Gln Pro Asp Met Leu Tyr Cys
290 295 300

Thr Asn Asp Met Cys Pro Val Lys Ile His Trp His Ile Lys Leu Asn
305 310 315 320

Tyr Gln Glu Tyr Trp Arg Val Lys Ile Thr Ile Thr Asn Arg Asp Ile
325 330 335

Ser Arg Asn Tyr Thr Leu Trp Asn Leu Val Ala Arg His Pro Asn Phe
340 345 350

Lys Asn Phe Thr Glu Ser Phe Ser Phe Ser Tyr Lys Pro Leu Thr Ala
355 360 365

Tyr Gly Pro Thr Asn Asp Thr Ala Ile Phe Trp Gly Val Lys Tyr Tyr
370 375 380

Asn Asp Met Leu Met Gln Ala Gly Pro Ser Gly Asn Val Gln Ser Glu
385 390 395 400

Ile Leu Phe Arg Lys Asp Ser Ala Phe Thr Leu Ala Asn Gly Trp Gly
405 410 415

Phe Pro Ser His Val Leu Phe Asn Gly Asp His Cys Val Leu Pro His
420 425 430

Ala Asp His Tyr Pro Thr Leu Pro Ser Ser Ser Ser Thr Leu Arg Ala
435 440 445

Ala Thr Thr Thr Ile Ala Leu Leu Val Leu Phe Ala Val Ala Leu Leu
450 455 460

Ile
465

<210> 195
<211> 425
<212> белок
<213> *Oryza sativa* subsp. *indica*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (51)..(217)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 125532513

<220>
<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 660,7 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 195

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

Tyr Arg Val Lys Ile Thr Val Thr Asn Leu Asn Tyr Arg Met Asn Phe
305 310 315 320

Thr Glu Trp Asn Leu Val Val Gln Tyr His Pro Ile Leu Asp Ile Thr
325 330 335

Gln Ile Ser Gly Phe Asn Tyr Lys Ser Ile Gln Val Gly Lys Ile Asn
340 345 350

Asp Thr Thr Met Leu Trp Gly Val Lys Pro Tyr Tyr Asp Leu Leu Met
355 360 365

Gln Ala Gly Pro Leu Gly Asn Val Gln Gly Glu Leu Ile Val Arg Lys
370 375 380

Asp Phe Arg Ala Ser Ser Thr Ser Asn Asn Asn Lys Gly Arg Ala Phe
385 390 395 400

Pro Val Arg Val Tyr Phe Asn Gly Asp Asn Cys Val Met Pro Pro Pro
405 410 415

Asp Ala Tyr Pro Val Ser Ile Thr Ala
420 425

<210> 196

<211> 437

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (50)..(213)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157354382

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 638,0 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 196

Met Phe Phe Ser Leu Phe Thr Phe Met Ser Pro Ser Cys Lys Ile Gln
1 5 10 15

Leu Asn Phe Leu Ile Gly Asn Ala Asp Gly Tyr Asp Pro Leu Asp Pro
20 25 30

Asn Gly Asn Ile Ala Ile Lys Trp Asp Val Leu Gln Trp Ser Ser Ser
35 40 45

Ser Tyr Asp Ala Arg Val Ser Ile Ile Asn Tyr Gln Leu Tyr Arg His
50 55 60

Ile Glu Thr Pro Gly Trp Lys Leu Ser Trp Thr Trp Pro Gly Asp Glu
 65 70 75 80

Val Ile Trp Asp Met Trp Gly Ala Leu Ala His Glu Gln Gly Asn Cys
 85 90 95

Ser Glu Phe Lys Gly Glu Gln Leu Pro Tyr Cys Cys Glu Lys Thr Pro
 100 105 110

Leu Ile Leu Asp Arg Gly Pro Gly Thr Pro Phe Asn Lys Gln Val Ala
 115 120 125

Asn Cys Cys Arg Asp Gly Leu Leu Thr Ser Met Ile Gln Asp Pro Ser
 130 135 140

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

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

Tyr Thr Cys Gly Asp Pro Phe Gln Val Pro Pro Ser Arg Phe Pro Glu
 180 185 190

Glu Gly Gly Arg Arg Trp Thr Gln Ala Leu Met Thr Trp Asn Val Ser
 195 200 205

Cys Ser Tyr Ser Gln Phe Leu Ala Ser Thr Ala Pro Thr Cys Cys Val
 210 215 220

Ser Leu Ser Ala Phe Tyr Asn Ser Thr Ile Val Pro Cys Pro Gln Cys
 225 230 235 240

Ser Cys Gly Cys Glu Gly Ile Pro Gly Thr Lys Cys Ala Lys Pro Gly
 245 250 255

Glu Thr Pro Leu Leu Leu Pro Gln Gly Asp Gly Gln Gln Pro Asp Leu
 260 265 270

Val Arg Cys Ser Arg His Met Cys Pro Ile Arg Val His Trp His Val
 275 280 285

Lys Thr Ser Tyr Arg Glu Tyr Trp Arg Val Lys Ile Thr Val Thr Asn
 290 295 300

Leu Asn Leu Val Lys Asn Tyr Ser Ala Trp Asn Leu Val Val Leu His
 305 310 315 320

Pro Asn Leu Gln Ser Ile Thr Gln Val Phe Ser Phe Asn Tyr Arg Ser
 325 330 335

Leu Asn Glu His Gly Thr Ile Asn Asp Thr Gly Met Phe Trp Gly Ile
 340 345 350

Gln Tyr Tyr Asn Glu Leu Leu Leu Gln Ala Gly Glu Ser Gly Asn Val
 355 360 365

Gln Thr Glu Met Leu Leu His Lys Asp Pro Gly Ile Phe Thr Phe Arg
 370 375 380

Glu Gly Trp Ala Phe Pro Arg Lys Ile Ser Phe Asn Gly Asp Gln Cys
 385 390 395 400

Val Met Pro Ser Pro Asp Glu Tyr Pro Arg Leu Pro Asn Thr Gly Pro
405 410 415

Ser Ala Thr Pro Pro Ser Leu Cys Ile Ile Leu Leu Leu Ser Leu Ser
420 425 430

Val Ile Val Met Leu
435

<210> 197
<211> 1296
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1481980

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 198

<400> 197
atgggcatgg tcttgatddd gatcttcttc ttcttctatc tcattagctc tatatcacct 60
tcttatgggt ttgaccact tgatccttat ggcaacataa ccatcaaatg ggatcttctt 120
ctatcgaatt ccggtacaaa taatctgatg gtatcaattd acaacttcca acaatatcgc 180
catgtggaac caccaggctg gaaattgaat tgggcatgga aaggcaaaga ggtgatatgg 240
tcaatgcagg gagctgaggc tactgagcaa ggaaactgca ctgaattcaa ggaatcaacc 300
cttctcatt gttgtgagaa ggagccattc attgtagacc ttcttcccgg aaccaattat 360
aatgctcaaa cccaaaattg ttgcaaggga ggtgtactgt catccatgaa gcaagatcct 420
tccaagtatg ttgctacttt tcagatggct gtcggagggt ctggtaccaaa ttcccaattd 480
aaaatgccgg aaaatttcaa acttgaggtt ccaggctata gttgtggggg tgcagttaag 540
gtagaaccca gcaggtacac aacagatgga ggccggcgat ggacacaggc tcttgcgaca 600
tggaatgtga cctgcatgta ctcccagagt ttagcatcac ctacaccaag atgttgtggt 660
tccttgtctg cattctacaa tcaaactatt gtttcgtgcc ccagatgcag ctgcccgtgc 720
caaggacaac ctggaacaaa atgtgtaaag tatggtgaga cccaccatt gctgaaacaa 780
aatcaagatc caacacctgt agtaagggtc tcagagcata tgtgcccaat aagggtgcat 840
tggcatctga aagaaagtta caacaatat tggagggcta aatgacagt tacaattdc 900
cacatcatga aaaattattd agaatggaac ttggtggtgc tacatcccaa cctgcaaagt 960
ctgacacagg ttttcagctt caactacgca ccctcaatc gatacggata tatcaatgat 1020
actgggatgt tttgggggct tcctttttac aatgacattd tactacaaga aggaaaggat 1080
gggaattdac agactgaaat tttactacgc aaagatccag ggattdttac tttcagagaa 1140
ggttgggggtt tcctagaaa gattcaattd aatggatgat aatgtgtcat gcctccaccg 1200

gatgaatatc catcgctgcc caacaagggg catagtgctt ctgctaccac acctttcata 1260
attcttttct ctttgtttct cgcatttatg ctctaa 1296

<210> 198
<211> 429
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (48)..(207)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1481980

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 637,4 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 198
Met Val Leu Ile Leu Ile Phe Phe Phe Phe Tyr Leu Ile Ser Ser Ile
1 5 10 15
Ser Pro Ser Tyr Gly Phe Asp Pro Leu Asp Pro Tyr Gly Asn Ile Thr
20 25 30
Ile Lys Trp Asp Leu Leu Leu Ser Asn Ser Gly Thr Asn Asn Leu Met
35 40 45
Val Ser Ile Tyr Asn Phe Gln Gln Tyr Arg His Val Glu Pro Pro Gly
50 55 60
Trp Lys Leu Asn Trp Ala Trp Lys Gly Lys Glu Val Ile Trp Ser Met
65 70 75 80
Gln Gly Ala Glu Ala Thr Glu Gln Gly Asn Cys Thr Glu Phe Lys Glu
85 90 95
Ser Thr Leu Pro His Cys Cys Glu Lys Glu Pro Phe Ile Val Asp Leu
100 105 110
Leu Pro Gly Thr Asn Tyr Asn Ala Gln Thr Gln Asn Cys Cys Lys Gly
115 120 125
Gly Val Leu Ser Ser Met Lys Gln Asp Pro Ser Lys Tyr Val Ala Thr
130 135 140
Phe Gln Met Ala Val Gly Gly Ser Gly Thr Asn Ser Gln Phe Lys Met
145 150 155 160
Pro Glu Asn Phe Lys Leu Gly Val Pro Gly Tyr Ser Cys Gly Gly Ala
165 170 175

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

<210> 199
 <211> 1263
 <212> ДНК
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1535466

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 200

<400> 199
 atgggcatgg tcttgatttt gatcttcttc ttcttctatc tcattagctc tatatcacct 60

tcttatgggt ttgaccact tgatccttat ggcaacataa ccatcaaatg ggatcttctt 120
ctatcgaatt ccggtacaaa taatctgatg gtatcaattht acaacttcca acaatatcgc 180
catgtggaac caccaggctg gaaattgaat tgggcatgga aaggcaaaga ggtgatatgg 240
tcaatgcagg gagctgaggc tactgagcaa ggaaactgca ctgaattcaa ggaatcaacc 300
cttctcatt gttgtgagaa ggagccattc attgtagacc ttcttcccgg aaccaattat 360
aatgctcaaa cccaaaattg ttgcaaggga ggtgtactgt catccatgaa gcaagatcct 420
tccaagtatg ttgctacttht tcagatggct gtcggaggtht ctggtaccah tthccaattht 480
aaaatgccgg aaaatthtcaa acttgaggtht ccaggctata gttgtggggg tgcagthtaag 540
gtagaaccca gcaggtaaac aacagatgga ggccggcgat ggacacaggc tcttgcgaca 600
tggaatgtga cctgcatgta ctcccagagt ttagcatcac ctacaccaag atgthtgtgtht 660
tccttgtctg cattctacaa tcaaactattht gthtctgtgcc ccagatgcag ctgcccgtgc 720
caaggacaa ctggaacaaa atgtgthaaag tatggtgaga ccccaccattht gctgaaacaa 780
aatcaagatc caaacactgt agthaggthc tcagagcata tgtgcccath aagggtgcat 840
tgcatctga aagaaagtht caaacathat tggagggcta aathgacagt tacaaththt 900
cacatcatga aaaththtcc agaatggaac ttggtggtgc tacatcccah cctgcaathg 960
ctgacacagg thttcagctth caactacgca cccctcaatc gatacggata tatcaatgat 1020
actgggatgt thtgggggct thctththtcc aathgacathh tactacaaga aggaaaggat 1080
gggaaththt agactgaaath thtactacgc aaagatccag ggathththt thttcagagaa 1140
ggttggggtht thcctagaaa gathcaathh aathggtgatg aathgtgcat gcctccaccg 1200
gatgaathatc catcgctgcc caaacagggg catagthgct cthaggthatt accgacaaaa 1260
taa 1263

<210> 200
<211> 418
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (48)..(207)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1535466

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 618,3 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 200

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

Gln Val Phe Ser Phe Asn Tyr Ala Pro Leu Asn Arg Tyr Gly Tyr Ile
 325 330 335
 Asn Asp Thr Gly Met Phe Trp Gly Leu Pro Phe Tyr Asn Asp Ile Leu
 340 345 350
 Leu Gln Glu Gly Lys Asp Gly Asn Leu Gln Thr Glu Ile Leu Leu Arg
 355 360 365
 Lys Asp Pro Gly Ile Phe Thr Phe Arg Glu Gly Trp Gly Phe Pro Arg
 370 375 380
 Lys Ile Gln Phe Asn Gly Asp Glu Cys Val Met Pro Pro Pro Asp Glu
 385 390 395 400
 Tyr Pro Ser Leu Pro Asn Lys Gly His Ser Ala Ser Lys Val Leu Pro
 405 410 415

Thr Lys

<210> 201
 <211> 1365
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1297618

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 202

<400> 201
 atgggtgcaa tgctaaatct tttgctcgtc gttactgtca ttctctgttc aatcttatca 60
 cccacacggg ttatgattat gattgataaa atggttgcag atggatacga tcctcttgat 120
 ccgttcggaa aaatcattat caaatgggat cttcttttat catcacctgg ccaacaccac 180
 gtacaagtaa cgttagagaa catgcaagag tatcgacacg tggaaaagcc aggggtggaag 240
 cttagctggc attggctcaa ccaagaagtg atatgggaca tgaaaggagc tgagacgacg 300
 gagcaaggta attgctctgc ctttgctctc agcggtaacc ttctcactg ctgtctcgag 360
 cgaccaacca tagtcgacct tcttcccggt gcttctctca acggtcaagt tgccaattgt 420
 tgccgtggag gcgtcttgac ttccatgtct caggaccacg ccaatcacgt ctctgctttt 480
 cacatgacag ttggaagctc tcctgatggc cctgaggagt tcaatatgcc ttctaatttc 540
 gatatagggg tcccgggtta tagctgcgac aatgctacat ccgtgtcccc gactaagttt 600
 agtactgata agggccgtcg caaacacaa gctctagcaa catgggaggc agtgtgtgta 660
 tactcgcagt ttcggtcac accatcgcca aaatgctgcg tttcactctc tgccttctac 720
 taccaaaaca ttgttccttg tcctacctgt agctgcggtc gctcgagttc ccattgtgtc 780
 aaggatggag agttgccgcc atatcttgaa cagaaacatg atccagatga ggaagtatcg 840

cctgtcgtga agtgttcggg tcatatgtgt cccatccgca tccactggca tgtgaaagtg 900
aactatagag agtattggag ggttaagatc acagcaacaa atttcaacac aatgaagaat 960
tacactaatt ggaacttagt ggtgcttcat ccaaacttga aaagcgtcca acaagtcttt 1020
agctttaact acaaactctt gacaccatat caaaacagca tcaatgacac agggatgttt 1080
tggggagtcc agttttataa tgatgttttg cttcaagaag gaaagattgg gaatgttcaa 1140
acagagttat tgctgaagaa ggatatggga aatttcactt tcagagaagg ttgggctttc 1200
ccaaggagaa tcttgttcaa tggatgataa tgtgttatgc cttctccaga tgactttcca 1260
aggctgcaa aatctgctca ttcctcttcg tcttctctg ctgttattag ctctgtttca 1320
gtcgttttct gttttctcct tcatcatctt cttctactag tttga 1365

<210> 202

<211> 454

<212> белок

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (59)..(223)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1297618

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 629,4 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 202

Met Gly Ala Met Leu Asn Leu Leu Leu Val Val Thr Val Ile Leu Cys
1 5 10 15

Ser Ile Leu Ser Pro Thr Arg Phe Met Ile Met Ile Asp Lys Met Val
20 25 30

Ala Asp Gly Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Phe Gly Lys Ile Ile Ile Lys
35 40 45

Trp Asp Leu Leu Leu Ser Ser Pro Gly Gln His His Val Gln Val Thr
50 55 60

Leu Glu Asn Met Gln Glu Tyr Arg His Val Glu Lys Pro Gly Trp Lys
65 70 75 80

Leu Ser Trp His Trp Leu Asn Gln Glu Val Ile Trp Asp Met Lys Gly
85 90 95

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

Ser Ala Val Ile Ser Ser Val Ser Val Val Phe Cys Phe Leu Leu His
435 440 445

His Leu Leu Leu Leu Val
450

<210> 203
<211> 444
<212> белок
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (49)..(224)
<223> Название Pfam: Phytochel_synth
Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 119040466

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 590,5 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 203
Met Gly Arg Phe Val Phe Val Leu Leu Ile Leu Met Cys Cys Ser Ser
1 5 10 15
Ser Arg Phe Thr Gly Ala Tyr Asp Pro Ile Asp Pro Asn Gly Asn Ile
20 25 30
Thr Ile Val Trp Asp Phe Gln Ser Leu Asp Val Ala Gly Met Thr Pro
35 40 45
Tyr Thr Val Met Val Ser Ile His Asn Tyr Gln Met Tyr Arg His Ile
50 55 60
Glu Arg Pro Gly Trp Arg Leu Ser Trp Ser Trp Ala Gly Lys Glu Val
65 70 75 80
Ile Trp Ser Thr Thr Gly Ala Glu Thr Thr Glu Gln Gly Asp Cys Ser
85 90 95
Arg Val Gly Ser Gly Gly Ser Arg Pro His Cys Cys Gln Lys Arg Pro
100 105 110
Val Met Val Asp Leu Pro Pro Gly Thr Pro Tyr Asn Met Gln Val Ala
115 120 125
Asn Cys Cys Arg Gly Gly Val Leu Ser Ser Leu Val Gln Ser Asp Leu
130 135 140
Thr Ser Ala Ala Ala Phe Gln Met Val Val Gly Glu Phe Ala Leu Ala
145 150 155 160
Arg Asp Ser Gly Gly Lys Glu Pro Glu Lys Pro Trp Gln Phe Asp Met
165 170 175

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

<210> 204

<211> 437

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *indica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (45)..(212)

<223> Название Pfam: Phytochel_synth

Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 116310381

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 603,0 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 3

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 204

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

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

<210> 205
<211> 1329
<212> ДНК
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8702104

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 206

<400> 205
atggccgcgc aatccgcgat tattgctgat cgttttcacc gcgtcgaatc agatgcctac 60
gaccccgtag atccgaacgg gaacatcacg atcaactggg attttcaggt cctcaacgtc 120
aaggacatgt ccccgtaac ggtcatggtg agcatccaca actaccagat gtaccggcac 180
atcgagcacc cggggtggcg gctgagctgg aactggaccg gcaaggaggt catctggaac 240
acggtgggcg cggagacgac ggagcagggc gactgctccc gcgtcggcgc cgccaacgcc 300
cgcccgcatt gctgcctgag gcggcccgtc atgggtggacc tcccgcccgg caccctgtac 360
aacaggcagg tcgccaactg ctgccgcggc ggcgtgctgt cgtccttctg ccagaacaat 420
ctgacgtcca ccgccgcggt ccagatggtc gtcggcgagt tcgccctcgc caaggacgac 480

ggcggcggta gtatggagcc cgagaagccg tggcatttcg acatcggcgt gccaggggtac 540
 acctgcagca acgccaccac ggtagccccg accaggggtca aggtcgacaa gaaccgctac 600
 gaacaagtgc tcctgacatg gcaggtgacc tgctcgtact ctcagtaccg ggcgtcgggg 660
 gtgccgtcgt gctgctctc catgtcgacg ttctacagcg agacgatcgt ggattgcccg 720
 cgctgcagct gcgcctgcc aaggtcccca acgccaacgt cgccacaatg cgtcagcgtc 780
 gaccaaccac ggacaccagc gttgccggcg agcagcgacg acgagccggc ggcgccgatc 840
 gtctggtgct cggagcatat gtgcccgatc cgggtgcact ggcacgtgaa ggtgaactac 900
 cggcagtact ggcgggtgaa agtgacggtg tccaactaca acctggtgaa gaactacagc 960
 gactggaacc tggtgctgca gcacccaac ctgcggagcc tcacgcagct gttcagcttc 1020
 aattacaagc ctctcgtcga gtacggcagc ttcaatgaca cggggatggt ctgggggtta 1080
 cgtttctaca acgagatgct gctgcaggac gggaacgtgc agacggagat gattctggag 1140
 aaggagagcg acttcaccta ttccggcggc tgggcgttcc cgaggagggt ctacttcaac 1200
 ggccaagagt gcgtcatgcc gccggcggac cagtaccca aactgccaa cggggcctcg 1260
 gaattgcggg ggtcgtcgt gatcgccggc aattgcttgc tgctgctatt cttcttctgt 1320
 ctctgttag 1329

<210> 206
 <211> 442
 <212> белок
 <213> Sorghum bicolor

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (46)..(215)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8702104

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 589,8 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 3

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 206
 Met Ala Ala Gln Ser Ala Ile Ile Ala Asp Arg Phe His Arg Val Glu
 1 5 10 15
 Ser Asp Ala Tyr Asp Pro Val Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile Asn
 20 25 30

Trp Asp Phe Gln Val Leu Asn Val Lys Asp Met Ser Pro Tyr Thr Val
 35 40 45

Met Val Ser Ile His Asn Tyr Gln Met Tyr Arg His Ile Glu His Pro
 50 55 60

Gly Trp Arg Leu Ser Trp Asn Trp Thr Gly Lys Glu Val Ile Trp Asn
 65 70 75 80

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

Ala Ala Asn Ala Arg Pro His Cys Cys Leu Arg Arg Pro Val Met Val
 100 105 110

Asp Leu Pro Pro Gly Thr Pro Tyr Asn Arg Gln Val Ala Asn Cys Cys
 115 120 125

Arg Gly Gly Val Leu Ser Ser Phe Val Gln Asn Asn Leu Thr Ser Thr
 130 135 140

Ala Ala Phe Gln Met Val Val Gly Glu Phe Ala Leu Ala Lys Asp Asp
 145 150 155 160

Gly Gly Gly Ser Met Glu Pro Glu Lys Pro Trp His Phe Asp Ile Gly
 165 170 175

Val Pro Gly Tyr Thr Cys Ser Asn Ala Thr Thr Val Ala Pro Thr Arg
 180 185 190

Val Lys Val Asp Lys Asn Arg Tyr Glu Gln Val Leu Leu Thr Trp Gln
 195 200 205

Val Thr Cys Ser Tyr Ser Gln Tyr Arg Ala Ser Gly Val Pro Ser Cys
 210 215 220

Cys Val Ser Met Ser Thr Phe Tyr Ser Glu Thr Ile Val Asp Cys Pro
 225 230 235 240

Arg Cys Ser Cys Ala Cys Gln Gly Ser Pro Thr Pro Thr Ser Pro Gln
 245 250 255

Cys Val Ser Val Asp Gln Pro Arg Thr Pro Ala Leu Pro Ala Ser Ser
 260 265 270

Asp Asp Glu Pro Ala Ala Pro Ile Val Trp Cys Ser Glu His Met Cys
 275 280 285

Pro Ile Arg Val His Trp His Val Lys Val Asn Tyr Arg Gln Tyr Trp
 290 295 300

Arg Val Lys Val Thr Val Ser Asn Tyr Asn Leu Val Lys Asn Tyr Ser
 305 310 315 320

Asp Trp Asn Leu Val Leu Gln His Pro Asn Leu Arg Ser Leu Thr Gln
 325 330 335

Leu Phe Ser Phe Asn Tyr Lys Pro Leu Val Glu Tyr Gly Ser Phe Asn
 340 345 350

Asp Thr Gly Met Phe Trp Gly Leu Arg Phe Tyr Asn Glu Met Leu Leu
 355 360 365

Gln Asp Gly Asn Val Gln Thr Glu Met Ile Leu Glu Lys Glu Ser Asp
 370 375 380

Phe Thr Tyr Ser Gly Gly Trp Ala Phe Pro Arg Arg Val Tyr Phe Asn
 385 390 395 400

Gly Gln Glu Cys Val Met Pro Pro Ala Asp Gln Tyr Pro Lys Leu Pro
 405 410 415

Asn Gly Ala Ser Glu Leu Arg Gly Ser Ser Leu Ile Ala Gly Asn Cys
 420 425 430

Leu Leu Leu Leu Phe Phe Phe Val Leu Val
 435 440

<210> 207
 <211> 433
 <212> белок
 <213> Vitis vinifera

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (40)..(203)
 <223> Название Pfam: Phytochel_synth
 Описание Pfam: подобный фитохелатинсинтетазе

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 157340500

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 535,8 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 3

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 117

<400> 207
 Met Phe Phe Asn Lys Leu Phe Tyr Ser Phe Ser Val Phe Ala Asp Cys
 1 5 10 15

Tyr Asp Pro Leu Asp Pro Asn Gly Asn Ile Thr Ile Thr Phe Asp Thr
 20 25 30

His Lys Trp Thr Asp Asp Gly Tyr Val Ala Arg Val Thr Ile Gln Asn
 35 40 45

Tyr Tyr Gln Tyr Arg His Val Glu Lys Gln Gly Trp Lys Leu Gly Trp
 50 55 60

Thr Trp Ala Lys Asp Glu Val Ile Trp Ser Met Ser Gly Ala Phe Ala
 65 70 75 80

Thr Gln Gln Gly Asn Cys Ser Ser Phe Ile Val Gln Thr Pro His Ser
 85 90 95

Cys Leu Lys Asn Pro Val Ile Val Asp Leu Glu Pro Thr Ala Ala Pro
 100 105 110

Glu Asn Met Thr Glu Asp Cys Cys His Gly Gly Ile Leu Ser Ala Trp
 115 120 125

Ala Ile Ile Pro Ser Asn Ser Phe Ser Ser Phe Glu Ile Met Val Gly
130 135 140

Asn Leu Glu Gly Asn Thr His Gly Asn Lys Pro Leu Asn Leu Thr Leu
145 150 155 160

Met Ala Pro Gly Pro Gly Tyr Thr Cys Ser Pro Ile Glu Asp Thr Asp
165 170 175

Pro Thr Val Ser Leu Val Ile Gly Gly Arg Arg Glu Ile Gln Val Phe
180 185 190

Arg Thr Trp Lys Ser Thr Cys Thr Tyr Ser Thr Phe Leu Ser Asn Lys
195 200 205

Val Pro Val Cys Cys Val Ser Leu Ser Thr Phe Tyr Ser Pro Thr Ile
210 215 220

Thr Thr Cys Pro Gln Cys Ser Cys Gly Cys Arg Asp Ala Asn Pro Ser
225 230 235 240

Thr Asp Ser Cys Ile Arg Glu Gly Ser Ser Leu Ser Gln Leu Ser Ser
245 250 255

Ser Gly Lys Leu Asp Ile Val Gln Cys Thr Asp His Met Cys Pro Ile
260 265 270

Arg Val His Trp His Val Lys Asn Asn Tyr Met Ser His Trp Arg Val
275 280 285

Lys Leu Thr Ile Ser Asn Tyr Asn Leu Ala Lys Asn Tyr Ser Asp Trp
290 295 300

Asn Ile Leu Val Gln His Pro Gly Phe Ser Gln Asn Thr Thr Thr Tyr
305 310 315 320

Ser Phe Asn Ser Thr Ala Leu Pro Thr Val Gly Phe Ala Asp Glu Ile
325 330 335

Ala Leu Phe Trp Gly Val Thr Phe Tyr Asn Asn Glu Leu Leu His Ala
340 345 350

Asp Asp Lys Lys Leu Gly Ser Val Thr Thr Glu Ile Leu Leu Gly Lys
355 360 365

Asp Ser Asn Ser Phe Thr Leu Asn Gly Gly Trp Ala Phe Pro Arg Arg
370 375 380

Ile Tyr Phe Asn Gly Glu Asn Cys Glu Met Pro Leu Pro Asp Thr Tyr
385 390 395 400

Pro Met Leu Pro Asn Gly Ser Ser Thr Gln Lys Leu Thr His Pro Gln
405 410 415

Phe Phe Leu Leu Leu Leu Cys Leu Thr Val Lys Val Leu Ala Ile Trp
420 425 430

Leu

<210> 208

<211> 576

<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 847799

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 209

<400> 208
atgtcttcg atcgtcacac accgacgaaa gatccaccgg atcatccgtc ttcttctctcc 60
aaccassaca agcaassact tcctcctcaa ccgacgcaac cactcagccg ctatgaatcg 120
cagaaacgcc gcgactggaa cacgttcgtc caatacctaa aatcacaaaa tccaccgttg 180
atgatgtctc aattcgacta cacgcacgtg ctaagtttcc taaggactt agatcagttt 240
ggtaagacca aagtacatca tcaagcttgt gtcttcttcg gacaaccgga tccaccaggt 300
ccgtgcacgt gtcctctcaa acaagcttgg ggaagcctag atgctttgat cggacggcta 360
agagctgctt acgaggaaca cggtgccggg tcacctgata ctaaccggtt tgcaaaccggg 420
tcgatccggg ttcacttgag ggaagtgaga gaatctcaag ccaaggctcg tgggattccg 480
tacaggaaga agaaaaggag gaagactaaa aacgaggtcg ttgttgtaaa gaaggatggt 540
gcaaactctt cgactcctaa tcagtcgctt acttga 576

<210> 209
<211> 191
<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (19)..(152)
<223> Название Pfam: DUF640
Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 847799

<220>
<221> отличающийся признак
<223> локус ID no. At4G18610

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 353,9 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 10

<400> 209
Met Ser Ser Asp Arg His Thr Pro Thr Lys Asp Pro Pro Asp His Pro
1 5 10 15
Ser Ser Ser Ser Asn His His Lys Gln Pro Leu Pro Pro Gln Pro Gln
20 25 30

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

<210> 210

<211> 226

<212> белок

<213> *Picea sitchensis*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (25)..(157)

<223> Название Pfam: DUF640

Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 116780542

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 354,7 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 10

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 210

Met Ser Ala Glu Val Val Val Gly Gln Gly Gly Ser Ser Ala Thr Ala
 1 5 10 15

Ala Gln Leu Ala Pro Ser Ser Ser Ser Asn Gly Ile Asn Glu Gly Ser
 20 25 30

Arg Glu Leu Ala Ala Ser Pro Ala Pro Ser Arg Tyr Glu Ser Gln Lys
 35 40 45

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

<210> 211

<211> 919

<212> ДНК

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1848017

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 212

<400> 211

attcctttca cctccccttt ccccagcccc cttataattt cttcttgcct tatttagcaa 60
 aagataatta atcaatctgc ctcgatctca acaatatgtc gagtgaaaga gggaaggata 120
 tagcggaagg accatcaagg gttaatcccg gtgatcaaca gctgccccca acacctagcc 180
 gctatgagtc acagaagaga agggactgga atactttcgg gcagtacctg aagaaccaga 240
 ggccccagt tcctctttct cagtgcaact gcaacatgt gctggacttc cttcgatata 300
 tggatcagtt cggaaagacc aagggttcacc tgcagggatg catgttctat ggacagcctg 360

agccgcctgc tccttgacaca tgccccctta ggcaagcctg gggcagcctc gatgctctaa 420
 ttgggaggct tcgagctgct tatgaagaga atggagggtc acctgagacc aacccttttg 480
 ccagcgggtgc tattcgggtt tatctcagag aggtcagggg gtgtcaagcc aaggcaaggg 540
 ggatccctta taagaagaaa aagaagaagc cgcacatcaagg caagggaggt gatgaatcca 600
 gctccacat tcacttctct taatctttgg acgatgtatg ggattacatg agaaaaagaa 660
 tcaaatggaa gggaatataa tatgataaaa tccatcgaag attcagctca gtttggggggt 720
 ttcggccttc tttattagta tttttctttt tcgggtatttg gcaatagcta taatgaaggg 780
 atcagttgag tgtacataac tctcttgatc agtttctact ttgtttgcgt tttctctttt 840
 catgaatgct cattttatgt ctaagcttcc tacgcaaac attcatatcg tattgataat 900
 aattagtcac tttagtcgt 919

<210> 212

<211> 175

<212> белок

<213> Gossypium hirsutum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (11)..(143)

<223> Название Pfam: DUF640

Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1848017

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 373,1 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 10

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 212

Met Ser Ser Glu Arg Gly Lys Asp Ile Ala Glu Gly Pro Ser Arg Val
 1 5 10 15

Asn Pro Gly Asp Gln Gln Leu Pro Pro Thr Pro Ser Arg Tyr Glu Ser
 20 25 30

Gln Lys Arg Arg Asp Trp Asn Thr Phe Gly Gln Tyr Leu Lys Asn Gln
 35 40 45

Arg Pro Pro Val Pro Leu Ser Gln Cys Asn Cys Asn His Val Leu Asp
 50 55 60

Phe Leu Arg Tyr Leu Asp Gln Phe Gly Lys Thr Lys Val His Leu Gln
 65 70 75 80

Gly Cys Met Phe Tyr Gly Gln Pro Glu Pro Pro Ala Pro Cys Thr Cys
 85 90 95

Pro Leu Arg Gln Ala Trp Gly Ser Leu Asp Ala Leu Ile Gly Arg Leu
100 105 110

Arg Ala Ala Tyr Glu Glu Asn Gly Gly Ser Pro Glu Thr Asn Pro Phe
115 120 125

Ala Ser Gly Ala Ile Arg Val Tyr Leu Arg Glu Val Arg Glu Cys Gln
130 135 140

Ala Lys Ala Arg Gly Ile Pro Tyr Lys Lys Lys Lys Lys Lys Pro His
145 150 155 160

Gln Gly Lys Gly Gly Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ile His Phe Ser
165 170 175

<210> 213
<211> 534
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1466494

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 214

<400> 213
atgtcagggtg atcaaaggcc taaagattct gctgagggct cttcacgatac tggcggcgat 60
cactaccagc ctcaaccggc tcctttgagc aggtatgagt cgcagaaacg gcgagactgg 120
aacacttttg ggcagtactt gaagaatcag agacccccag tttcactatc tcagagtaat 180
tgcaaccacg tccttgattt ccttcggtat ctcgatcagt ttggcaagac taagggtccat 240
ctacatggct gtgtcttttt tggacaacct aatcctcctg ctccttgtac ctgccctcta 300
aggcaagctt ggggaagcct tgatgcccta atcggacggc ttcgagcagc ttatgaggag 360
catggaggat ctgcagagac taaccctttt ggaaatggag ctattcgggt ttatttgcgt 420
gaagtgaaag agtgccaagc taaggcaagg gggattccat acaagaagaa aacgaagaag 480
aagactcaaa taagggcaag aatgaagcg aagcctccta tgcagtcagc ttaa 534

<210> 214
<211> 177
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (13)..(145)
<223> Название Pfam: DUF640
Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1466494

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 368,7 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 10

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 214

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

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

Glu Ser Gln Lys Arg Arg Asp Trp Asn Thr Phe Gly Gln Tyr Leu Lys
35 40 45

Asn Gln Arg Pro Pro Val Ser Leu Ser Gln Ser Asn Cys Asn His Val
50 55 60

Leu Asp Phe Leu Arg Tyr Leu Asp Gln Phe Gly Lys Thr Lys Val His
65 70 75 80

Leu His Gly Cys Val Phe Phe Gly Gln Pro Asn Pro Pro Ala Pro Cys
85 90 95

Thr Cys Pro Leu Arg Gln Ala Trp Gly Ser Leu Asp Ala Leu Ile Gly
100 105 110

Arg Leu Arg Ala Ala Tyr Glu Glu His Gly Gly Ser Ala Glu Thr Asn
115 120 125

Pro Phe Gly Asn Gly Ala Ile Arg Val Tyr Leu Arg Glu Val Lys Glu
130 135 140

Cys Gln Ala Lys Ala Arg Gly Ile Pro Tyr Lys Lys Lys Thr Lys Lys
145 150 155 160

Lys Thr Gln Ile Arg Ala Arg Asn Glu Ala Lys Pro Pro Met Gln Ser
165 170 175

Ala

<210> 215

<211> 534

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1449022

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 216

<400> 215

atgtcagggtg atcaaaggcc taaagattct gctgaaggct cttcgcgatc tggaggcgat 60

caccaccagc ttcaatcagc tcctttgagc cggtatgagt cgcagaaacg gcgagactgg 120

aacacttttcg ggcagtactt gaagaatcag agacccccag tttcattatc tcagtgtaat 180
tgcaatcatg tgcttgattt ccttcggtat cttgatcagt ttggcaagac taaggttcat 240
ctacatgggt gcgtcttctt tggacaacct gatcctcctg ctccttgtac atgccctcta 300
aggcaagcct gggggagcct tgatgcccta atcggacgcc ttcgagcagc ttttgaggag 360
catggaggat cagcggagac taaccctttt ggaaatggag ctattcgggt ttatttgcgt 420
gaagtgaaag agtgtcaagc taaggcaaga gggattcctt acaagaagaa gaagaagaag 480
aagactcaaa taaggccaag agacgaagca aagccttcga tgcagacagc ttaa 534

<210> 216
<211> 177
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (13)..(145)
<223> Название Pfam: DUF640
Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1449022

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 365,2 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 10

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 216
Met Ser Gly Asp Gln Arg Pro Lys Asp Ser Ala Glu Gly Ser Ser Arg
1 5 10 15
Ser Gly Gly Asp His His Gln Leu Gln Ser Ala Pro Leu Ser Arg Tyr
20 25 30
Glu Ser Gln Lys Arg Arg Asp Trp Asn Thr Phe Gly Gln Tyr Leu Lys
35 40 45
Asn Gln Arg Pro Pro Val Ser Leu Ser Gln Cys Asn Cys Asn His Val
50 55 60
Leu Asp Phe Leu Arg Tyr Leu Asp Gln Phe Gly Lys Thr Lys Val His
65 70 75 80
Leu His Gly Cys Val Phe Phe Gly Gln Pro Asp Pro Pro Ala Pro Cys
85 90 95
Thr Cys Pro Leu Arg Gln Ala Trp Gly Ser Leu Asp Ala Leu Ile Gly
100 105 110
Arg Leu Arg Ala Ala Phe Glu Glu His Gly Gly Ser Ala Glu Thr Asn
115 120 125

Pro Phe Gly Asn Gly Ala Ile Arg Val Tyr Leu Arg Glu Val Lys Glu
130 135 140

Cys Gln Ala Lys Ala Arg Gly Ile Pro Tyr Lys Lys Lys Lys Lys Lys
145 150 155 160

Lys Thr Gln Ile Arg Pro Arg Asp Glu Ala Lys Pro Ser Met Gln Thr
165 170 175

Ala

<210> 217
<211> 531
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1482911

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 218

<400> 217
atgtcaagca ataaagggaa agatgtagcg gaaggttcat caagagctgt tgctatggct 60
cccgatcagc aaaatccacc tccttgagt cgatacgaat cgcagaagag gcgcgattgg 120
aacacctttg gtcagtactt gaggaaccag agacccccag ttgcattatc acagtgcaac 180
gcaaatcatg tgcttgaatt tcttcgatac ctcgatcaat ttggcaagac taaggtgcac 240
ttacaagggt gtgtcttttt tggacaacct gagccgccag ggcctgtac ttgcccactt 300
aagcaagcct ggggtagcct tgatgcactc atcggccggc ttagggctgc ttatgaagaa 360
aatgggtggct tgcctgagac aaaccctttt gcaagtgggtg ctattagagt atatctacgt 420
gaagtgaggg actctcaggc caaggcaaga ggaattcctt ataagaagaa gaagaagaag 480
aggaatccga tgaaagctaa cgatgagagc tcaagctttc atatgcagta a 531

<210> 218
<211> 158
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (1)..(127)
<223> Название Pfam: DUF640
Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1482911

<220>
<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 378,4 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 10

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 218

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

<210> 219

<211> 799

<212> ДНК

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1118987

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 220

<400> 219

aaattctcga ttcgcttata ttctcaaaac caacgctaaa taaaaaacact ctcaaagaaa 60
aacaacaaaa aaaccctagt tttgatggaa tcgactgatt cggggtcaca acaacatgga 120
ggtgaccag gtccgtcctc cgtaacgcc tcttcacctc cggcgacgcc gcctagcagg 180
tacgagtcgc aaaaacgacg tgactggaac acgttcttgc agtacctcaa gaaccacaag 240
ccgcctctcg cgttatcacg atgtagcgga gcgcacgtga tcgagttcct caagtaccta 300
gatcagttcg gtaagaccaa agtccacgtg gcgacctgcc cttacttcgg acatcagcag 360

```

cctccctctc cttgcgcttg tcctctcaag caagcctggg gatctctcga tgctctgatc 420
ggacggttga gagctgcgta cgaggagcac ggtgggaggg ctgattccaa ccctttcgcc 480
gcacgtgceg tcaggattta cttgagagaa gtcagagaaa gtcaagccaa ggcacgtggg 540
attccatacg agaagaagaa acggaacgg gcaccaactg tcaactaccgc tagaattgac 600
gttgctccgt cgagacaaag tgaaggaggt ggtggttgta acgacagtga tccgtctgtc 660
gccgaagctg taccgcctta aattaaatta ttatatcata ttaattagtt ttcttggttat 720
attaagcatg gaactcacac ctttcgtact ataatgtatt ttatttttct atatgaacta 780
ttaagagttt tcttttgcc 799

```

<210> 220

<211> 198

<212> белок

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (13)..(146)

<223> Название Pfam: DUF640

Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1118987

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 367,1 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 10

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 220

```

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

```

```

Pro Ser Ser Val Thr Pro Ser Ser Pro Pro Ala Thr Pro Pro Ser Arg
          20           25           30

```

```

Tyr Glu Ser Gln Lys Arg Arg Asp Trp Asn Thr Phe Leu Gln Tyr Leu
          35           40           45

```

```

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

```

```

Val Ile Glu Phe Leu Lys Tyr Leu Asp Gln Phe Gly Lys Thr Lys Val
65           70           75           80

```

```

His Val Ala Thr Cys Pro Tyr Phe Gly His Gln Gln Pro Pro Ser Pro
          85           90           95

```

```

Cys Ala Cys Pro Leu Lys Gln Ala Trp Gly Ser Leu Asp Ala Leu Ile
          100          105          110

```

Gly Arg Leu Arg Ala Ala Tyr Glu Glu His Gly Gly Arg Pro Asp Ser
 115 120 125
 Asn Pro Phe Ala Ala Arg Ala Val Arg Ile Tyr Leu Arg Glu Val Arg
 130 135 140
 Glu Ser Gln Ala Lys Ala Arg Gly Ile Pro Tyr Glu Lys Lys Lys Arg
 145 150 155 160
 Lys Arg Ala Pro Thr Val Thr Thr Ala Arg Ile Asp Val Ala Pro Ser
 165 170 175
 Arg Gln Ser Glu Gly Gly Gly Gly Cys Asn Asp Ser Asp Pro Ser Val
 180 185 190
 Ala Glu Ala Val Pro Pro
 195

<210> 221
 <211> 828
 <212> ДНК
 <213> Brassica napus

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1073674

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 222

<400> 221
 acactctttc tctcaatttc tctctctttt aaaacactaa tcactaaaat cttgattcac 60
 tatatcgtca aaaccaacgc taaatcaatt aaactctctc aaagaaaaca agacaaagcc 120
 ctacttttga tggattcagg gtcacaacga ccggggcctg ttagcgaagg cgatccgggt 180
 ccgtccatcg taacccttc ttcaccgct gcgacgccta gcaggtacga gtcgcagaaa 240
 cgacgtgact ggaccacggt cttgcagtac ctcaagaacc acaagccgcc tctttccttg 300
 tcacggtgta gcggagcaca tgccatcgag ttctcaagt acttagatca gttcggtaag 360
 accaaagtcc acgtggcggc atgtccttac tttggccatc agcaacctcc gtctccttgc 420
 gcttgctctc tcaagcaagc ctgggggtct ctcgatgccc tgatcggacg gttgagagca 480
 gcctacgaag agaacggtgg acggcccagag tcgaaccctg tcgcggcacg tgcggttagg 540
 atttacttga gggaagtcag agaaagtcaa gccaaaggccc gtgggagacc ctacgagaaa 600
 aagaaacgga aacggccaac aactgttacc accgtgagag ttgacgttgc ttcgtcgaga 660
 caaagtgaag gagatggttg taacatcggg gatccgctgt atgtggccga ggctgtacct 720
 ccttaattaa gttattatta ttgtcatgat atattaaata cattatatat gtctggaact 780
 cacatcacct tcttgagtta actattgaaa atatttttgt tctagttc 828

<210> 222
 <211> 198

<212> белок
<213> Brassica napus

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (14)..(146)
<223> Название Pfam: DUF640
Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1073674

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 353,3 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 10

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 222

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

<210> 223

<211> 939
<212> ДНК
<213> Brassica napus

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1084747

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 224

<400> 223
acactctttc tctcattttc tctctctttt aaaacactaa tcaactaaaat cttgattcac 60
tgtatcctca aaaccaactc taaatcaaac tctctcaag aaaacaagcc aaagccctac 120
tttggatgga ttcagggtca caacgaccgg ggcctgtcag cgaaggcgat ccgggtccgt 180
ccatcgtaac cccctcttca ccgcctgctg cgcctagcag gtacgagtca cagaaaacgac 240
gtgactggac cacgttctta cagtacctca agaaccacaa gccgcctctt tccttgtcac 300
gggtgtagcgg ggcacatgcc atcgagttcc tcaagtactt agatcagttc ggtaagacca 360
aagtccacgt ggcggcgtgt ccttacttct gccatcagca acctccgtct ccttgcgctt 420
gtcctctcaa gcaagcctgg gggctctctc atgccctgat cggacggctg agagcagcct 480
atgaggagaa cgggtggacgg cccgagtcga acccgttctgc ggcacgtgct gtcaggattt 540
acttgaggga agtcagagaa agtcaagcca aggcccgctgg gagaccctac gagaaaaaga 600
aacggaaacg gccacaact gttaccaccg tgagagttga cgttgctccg tcgagacaaa 660
gtgaaggaga tggttgtaac atcgggtgat cgtcgtctct ggccgaggct gtacctcctt 720
aattacgtta ttattattgt catgatatat taaatacatt atacatgtct ggaactcaca 780
tcaccaaaaa aaaactcaca tcaccttctt gagttaacta tcgaaaatat atttttgttc 840
tagttcagtt gatctttgat gaattacgtt cttgaatttt tcttttaatt cttatgaatt 900
ccacacattt ttaaggacta attaacgagg ttttcatctc 939

<210> 224
<211> 198
<212> белок
<213> Brassica napus

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (14)..(146)
<223> Название Pfam: DUF640
Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1084747

<220>
<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 353,0 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 10

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 224

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

<210> 225

<211> 1036

<212> ДНК

<213> Glycine max

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 536345

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 226

<400> 225

gggtctatttg tctttctctt ccttccccac caaaatttcc ctttccact tcacaaaaa 60

gaaatactaa atgatttgtc agtagcagca aacatgtcca gcaagggaaa ggagatagca 120
 gaaggatcat caacaacaac aacagcaaca agatcctctc atggaggtga cgatcatcat 180
 catcaccaca atcagcagca gcagcaacaa caacaacagt taccactgag tcgctatgag 240
 tctcagaaga gaagggattg gaacactttt ggacagtacc tgaggaacca aaggcctcca 300
 gtggcacttt ctcagtgcag ctccaacat gttcttgagt tccttcgcta cttggaccag 360
 tttgggaaga ccaaagtgca ctcaacaagg tgcttgttct ttgggcaaac tgagccgcca 420
 ggaccctgca cttgccctct cagacaagct tgggggagcc ttgatgcact cattggaaga 480
 ttgagagctg catatgaaga aatggagggc cttcctgaga ccaatccttt tgcaagtggc 540
 accataagag tctatcttag agaggtgaga gattctcagg ctaaggctag aggaatccct 600
 tataagaaga aaaagaaga gaggaatggt atcaggccca acggagacac ctccctctca 660
 aacttgcta tgcagtaata ataattaaag aggagcatgt gatattctta aattgtttca 720
 aagtcgtgaa tctgttgcta ggccttggat ataacttcag ctgcaaactt ggaattctgg 780
 ttataattga ctatctggac atatccctgg gtcaacttta acccttcggt ggtctttatg 840
 tgtcaaggag tgtattttgt tatttcgaat gagagttag aatgaagttg acgaaaagtt 900
 taacattggg ggtaagtccc tgtattatat ttacttatat atatttacac tatcaagcat 960
 attatatagt catgaaaata atgtgtatga tattgcatat ggtattggta tcgtttgatt 1020
 aattctctgg gaagct 1036

<210> 226
 <211> 194
 <212> белок
 <213> Glycine max

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (29)..(161)
 <223> Название Pfam: DUF640
 Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 536345

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 370,0 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 10

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 226
 Met Ser Ser Lys Gly Lys Glu Ile Ala Glu Gly Ser Ser Thr Thr Thr
 1 5 10 15

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

<210> 227
 <211> 1127
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1650005

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 228

<400> 227
 attccttctc tcactcaccc tcttatttct tcccaaaact ccatatacat ccatatctct 60
 atagccatta attcttctac catagcacac agttaccaaa ccaaaacatg tctactcaaa 120
 ttcaaaatgg ttcttctctc tcatcacaac aaccactgag tcgctatgag tcacaaaagc 180
 ggcgagactg gaacaccttt ggacagtacc tgaggaatca gagtccccca gttccactct 240
 ctcagtgcaa cttcaacat gtgttgatt tccttcggta cctcgatcaa tttgggaaaa 300
 ccaaggtcca cttgcacggt tgcattcttct ttggccagcc caccctctct gcaccctgtg 360
 cctgccctct caggcaagca tggggtagcc tcgatgcct cataggccgg cttcgcgctg 420

cctatgagga gcatggcgga tcgccagaga ctaatccctt tggaggagga gccattcggg 480
tgtacctgcg tgaggtcaag gagtgtcagg caaaggctag agggatccca tataagaaga 540
agaagaagaa gagaaacca atttctcaagg ggactcaaag agctaaagat atcgagcaac 600
aagcttcttg agatgatata tatctatata tatatatata tatatatgat atgaacgggc 660
catatacgag cgagttaatt ggatatagca gatttggcac tttgaaaaaa gagcatctca 720
gctgcttggga ccaaaaattg ttacagaaaa tcagtgatat ttcactaagt agttcagaac 780
agaaaaatcc ttttaggccc atttactcgc agtaaactctt aaaatgcatg ttagagatgt 840
acaaccttgt aacttcttct aacatatgag acctctactc caaaatagaa acaacaagaa 900
tggctggctt tacattcttg cagtagtttt tccttatagt actttcaagc attatcaact 960
acgcaaatat atctaggcat tatattgaaa gagttggaat ttacattaat ttggattaat 1020
tagtacgttg tagtatgatg tcttaactctt gatgtgaact tcttggattt caacttgatg 1080
catatactgc tgaaaatatt caatgtaaac ttaattagca gagttgc 1127

<210> 228
<211> 167
<212> белок
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (1)..(133)
<223> Название Pfam: DUF640
Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1650005

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 358,8 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 10

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 228
Met Ser Thr Gln Ile Gln Asn Gly Ser Ser Ser Ser Ser Gln Gln Pro
1 5 10 15
Leu Ser Arg Tyr Glu Ser Gln Lys Arg Arg Asp Trp Asn Thr Phe Gly
20 25 30
Gln Tyr Leu Arg Asn Gln Ser Pro Pro Val Pro Leu Ser Gln Cys Asn
35 40 45
Phe Asn His Val Leu Asp Phe Leu Arg Tyr Leu Asp Gln Phe Gly Lys
50 55 60

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

<210> 229
 <211> 618
 <212> ДНК
 <213> Solanum lycopersicum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8453882

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 230

<400> 229
 atgtcaaatg atcaaataat aatcgaaggc gaaggaggag gaggaggagg agaaggatca 60
 tcatcgagat ccaaaaccac tatacttata gcaccatctg acgatcatca tcatcatcat 120
 cagctaccac cagtaccacc tcaactgagt agatatgagt ctcagaaacg tcgcgattgg 180
 aatacttttg gacaatactt gaaaaatcaa aggccacctg ttcctttatc ccagtgtaac 240
 tataaccacg tgctagagtt tctccgatac ctagatcaat ttggaaaaac taaggtagat 300
 ttacatgggtt gccctttttt tgggtcaacca gaggcctccag ggccttgtac ttgtcctctt 360
 agacaagcat ggggaagtct tgatgcactt attggtaggc ttagagctgc ctatgaagaa 420
 aatgggtggct tacctgagaa taatccattc gcgagtggag ctatacgcgt ttatcttaga 480
 gaggtaagag attttcaagc taaagcaaga ggaatttggt ataagaagaa gaagaagaag 540
 aggaaaatgc aaaacaaacc tacttctagt aatgctcatg agccaactac aactaccttt 600
 caattccaat cttcttga 618

<210> 230
 <211> 205
 <212> белок
 <213> Solanum lycopersicum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (33)..(165)
<223> Название Pfam: DUF640
Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8453882

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 374,4 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 10

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

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

<210> 231
<211> 639
<212> ДНК
<213> Oryza sativa

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1373087

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 232

<400> 231
atggatccgt ctggccccgg tccgtcctct gcggcggtcg gcggcgcgcc ggccgtggcg 60
gcggcgccgc agccgccggc gcagctgagc aggtacgagt cgcagaagcg gagggactgg 120
aacacgttcc tgcagtacct gcggaaccac cggccgccgc tgacgctggc gcggtgcagc 180
ggcgcgcacg tgatcgagtt cctgaggtac ctggaccagt tcgggaagac caaggtgcac 240
gcgtcggggg gcgccttcta cggccagccc agcccgccgg ggccgtgccc gtgcccgctg 300
cgtcaggcgt ggggatccct cgacgcgctc atcggccgcc tccgcgccgc gtacgaggag 360
agcggcggca cggccgagtc caaccggttc gccgcgcgcg ccgtccggat ctacctccgc 420
gaggtgcggg actcgcaggc caaggcgcgc ggcattccgt acgagaagaa gaagcgcgaag 480
cgctcgcagg cggcgcagcc cgccggcgtc gagccgtccg gctcgtcttc tgctgcagct 540
gcagctgccg gtgggtggaga cgcgggcagc ggtggcggtg cagctgctac taccacagct 600
caacctggag ggagtggcac tgcaccaagc gcctcctga 639

<210> 232
<211> 212
<212> белок
<213> *Oryza sativa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (13)..(145)
<223> Название Pfam: DUF640
Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1373087

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 377,4 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 10

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 232
Met Asp Pro Ser Gly Pro Gly Pro Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Ala
1 5 10 15
Pro Ala Val Ala Ala Ala Pro Gln Pro Pro Ala Gln Leu Ser Arg Tyr
20 25 30

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

<210> 233

<211> 648

<212> ДНК

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8669372

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 234

<400> 233

atggatccct ccgggcctgg cccgtcgtcg gtcattggggg cagcaggcgg cggcgaggca 60
 ccggccgtgg cgccgccgcg tccggcgcag ctgagcaggt acgagtcgca gaagcggagg 120
 gactggaaca cgttcctgca gtacctgcca aaccaccggc cgccgctgac gctggcgcgg 180
 tgcagcggcg cgcacgtgat cgagttctc cggtagctgg accagttcgg caagaccaag 240
 gtgcacgccg ccgggtgcgc ctactacggc cagccggcac cgccggggcc ctgcccgtgc 300
 ccgctgcgcc aggcgtgggg ctccctcgac gcgctcatcg gccgctgcg cgcggcgtag 360
 gaggagagcg gcggcacgcc cgagtccaac cccttcgccg cgcgcgccgt gcggatctac 420

ctccgcgagg tgcgcgactc gcaggccaag gcgcgcggca tcccctacga gaagaagaag 480
 cgcaagcgcg cgcagcagca gcaggccgcc gccgccgcgg atcctgcttc gacgagctcg 540
 tccgctgctg ctgccggcgg gagcgggact agcggcaggg ctgctgctgc agctgccgcg 600
 tccgccgctc aggccggagg gagtagcgct gcaccgagca ccacttga 648

<210> 234
 <211> 215
 <212> белок
 <213> Sorghum bicolor

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (15)..(147)
 <223> Название Pfam: DUF640
 Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8669372

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 377,8 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 10

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 234
 Met Asp Pro Ser Gly Pro Gly Pro Ser Ser Val Met Gly Ala Ala Gly
 1 5 10 15
 Gly Gly Glu Ala Pro Ala Val Ala Pro Pro Arg Pro Ala Gln Leu Ser
 20 25 30
 Arg Tyr Glu Ser Gln Lys Arg Arg Asp Trp Asn Thr Phe Leu Gln Tyr
 35 40 45
 Leu Arg Asn His Arg Pro Pro Leu Thr Leu Ala Arg Cys Ser Gly Ala
 50 55 60
 His Val Ile Glu Phe Leu Arg Tyr Leu Asp Gln Phe Gly Lys Thr Lys
 65 70 75 80
 Val His Ala Ala Gly Cys Ala Tyr Tyr Gly Gln Pro Ala Pro Pro Gly
 85 90 95
 Pro Cys Pro Cys Pro Leu Arg Gln Ala Trp Gly Ser Leu Asp Ala Leu
 100 105 110
 Ile Gly Arg Leu Arg Ala Ala Tyr Glu Glu Ser Gly Gly Thr Pro Glu
 115 120 125
 Ser Asn Pro Phe Ala Ala Arg Ala Val Arg Ile Tyr Leu Arg Glu Val
 130 135 140
 Arg Asp Ser Gln Ala Lys Ala Arg Gly Ile Pro Tyr Glu Lys Lys Lys
 145 150 155 160

Arg Lys Arg Ala Gln Gln Gln Gln Ala Ala Ala Ala Ala Asp Pro Ala
165 170 175

Ser Thr Ser Ser Ser Ala Ala Ala Ala Gly Gly Ser Gly Thr Ser Gly
180 185 190

Arg Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Ala Ala Gln Ala Gly Gly Ser
195 200 205

Ser Ala Ala Pro Ser Thr Thr
210 215

<210> 235
<211> 1184
<212> ДНК
<213> Triticum aestivum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1048839

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 236

<400> 235
attctctctc tctctctcgc tgcttgcca ggtagcttct ctctctctc cacgctctc 60
ccgacaaaa caagaacga cgtagcacgg tagcagcaaa gagaaagaga gagagaccac 120
tggtagccaa gggtaggaga gaagcaggag tgccgctgcc gatcgaccat ggagccgggc 180
cccgacgcg ctcgcggcga gggagcgagc gcgccggagg agtctggacc gtcctcatcc 240
tcggtggccg tggagaaagc tgaagagcca caggcacaag cgcagccgcc ggaaggagga 300
ggccagcaag tcgactgca ggagcacctg cagccgcagc cgctgtcgca gcagccgccg 360
gtgccagcgg ggctgagccg ctacgagtcg cagaagcgcc gcgactggaa cacgttctc 420
cagtacctgc gcaaccacaa gccgccgctg aactcgcgc ggtgcagcgg cgcgcacgtc 480
atcgagttcc tcaagtacct ggaccagttc ggcaagacca aggtgcacgc cgacggctgc 540
gcctacttcg gccagccaa cccgccggct ccgtgcgctg gcccgctccg acaggcatgg 600
ggcagcctc acgcgctcat tggccgctc cgcgccgct acgaggagtc cggcggccgc 660
cctgagtcca accccttcgc cgcgcgcgcc gtgcgcatct atctgcgcga ggtgcgcgag 720
gcgcaggcca aggcgcgcgg gataccctac gagaagaaga agcgcaagcg cggcagcacg 780
tccgccccg cggcgcgcc tcccgttgtc accgccgcgg aggcggcagc gacctccgga 840
ggcggcgagg acgacgagga cgagccgtca cagtccgctg agcaacagca cacaacgcca 900
gcgtctctc cgactagaat tagtagcgcc ggcgctacta gtaccaccgc agcggcggca 960
gccacaacga cgacgacgac aacgagaggg aaggagaagg aagcggcaga aggatcagcg 1020
tgataagtgt agaccatcaa attaccctt tgattattcc atcgcatcca aattctaate 1080

tctgcacat cataatttta gttgtttggtt attataatta ctgtgctggtt atgatttggtt 1140
ggatatatat atatatataa gagagagggtc taagtaggttc gtac 1184

<210> 236
<211> 284
<212> белок
<213> Triticum aestivum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (51)..(185)
<223> Название Pfam: DUF640
Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1048839

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 373,6 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 10

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 236
Met Glu Pro Gly Pro Asp Ala Pro Arg Gly Glu Gly Ala Ser Ala Pro
1 5 10 15
Glu Glu Ser Gly Pro Ser Ser Ser Ser Val Ala Val Glu Lys Ala Glu
20 25 30
Glu Pro Gln Ala Gln Ala Gln Pro Pro Glu Gly Gly Gly Gln Gln Val
35 40 45
Ala Leu Gln Glu His Leu Gln Pro Gln Pro Leu Ser Gln Gln Pro Pro
50 55 60
Val Pro Ala Gly Leu Ser Arg Tyr Glu Ser Gln Lys Arg Arg Asp Trp
65 70 75 80
Asn Thr Phe Leu Gln Tyr Leu Arg Asn His Lys Pro Pro Leu Thr Leu
85 90 95
Ala Arg Cys Ser Gly Ala His Val Ile Glu Phe Leu Lys Tyr Leu Asp
100 105 110
Gln Phe Gly Lys Thr Lys Val His Ala Asp Gly Cys Ala Tyr Phe Gly
115 120 125
Gln Pro Asn Pro Pro Ala Pro Cys Ala Cys Pro Leu Arg Gln Ala Trp
130 135 140
Gly Ser Leu Asp Ala Leu Ile Gly Arg Leu Arg Ala Ala Tyr Glu Glu
145 150 155 160
Ser Gly Gly Arg Pro Glu Ser Asn Pro Phe Ala Ala Arg Ala Val Arg
165 170 175

Ile Tyr Leu Arg Glu Val Arg Glu Ala Gln Ala Lys Ala Arg Gly Ile
180 185 190

Pro Tyr Glu Lys Lys Lys Arg Lys Arg Gly Ser Thr Ser Ala Pro Ala
195 200 205

Ala Pro Pro Pro Val Val Thr Ala Ala Glu Ala Ala Ala Thr Ser Gly
210 215 220

Gly Gly Glu Asp Asp Glu Asp Glu Pro Ser Gln Ser Ala Glu Gln Gln
225 230 235 240

His Thr Thr Pro Ala Ser Pro Pro Thr Arg Ile Ser Ser Ala Gly Ala
245 250 255

Thr Ser Thr Thr Ala Ala Ala Ala Ala Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr
260 265 270

Arg Gly Lys Glu Lys Glu Ala Ala Glu Gly Ser Ala
275 280

<210> 237
<211> 1203
<212> ДНК
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 281322

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 238

<400> 237
agcttgattc tctctggctg gtacgcggta gcctcgctct ctctcctacc tacacggcta 60
cacttaaacg gcagcaggca cctgcaggca gggagagctg ctaacggacc gatcggggag 120
ctgctggcca tggagcctgg tccggatgcg cccgctggtg gtggtggcgg aggaggaacc 180
agtattagtg agccagcaga ggccgggccc tcgccgtcgt cgtcctcggc cgccgcagca 240
gcctcgtcgt cgagccggca gcaggcagag caggaagcac agcagcaaca aggagcacag 300
cagaggggaac agccagcagt aagggcccag gcgcagccgc agccgcagcc gcatcagcag 360
cagcctccgg cggggctcag ccggtacgag tcgcagaagc gccgggactg gaacacgttc 420
ctgcagtacc tgcggaacca caagccgccg ctgacgctgg cacgctgcag cggcgcacac 480
gtcatcgagt tcctccgcta cctggaccag ttcggcaaga cgaaggtgca cgctgagggc 540
tgcgectact tcgggcagcc gaaccgccg gcgccctgca cgtgcccgtc gcgccaggcc 600
tggggtagcc tcgacgcgt catcggcccgc ctccgcgccg cgtacgagga gtccggcggc 660
cgccccgagt ccaaccggtt cgcggccaag gccgtgca tctacctccg cgacgtgcgg 720
gaggcgcagg ccaaggcccg cggcatcccg tacgagaaga agaagcggaa gcgcggggagc 780
gccgccgcgc ctccggtcgc gccgcctcct gttgtgactg cagaggccgc cgggacgtcg 840

tcaggggcccg gcggtggtga tgacgaggac gacgacgaac caccgccatc tgcagatgaa 900
ccacgacgac agcagaccgc cgcgccgact cctcctcctc ctgcaagtat gatttccagc 960
actagtgcaa gcagtagcag tgtcgccccca gtcacgacga cgacgacgac aagcaaggag 1020
aaagaaggat ccgcgccaag ctcgtgataa gtttgtagat catctactag ccttctgatt 1080
caattctatc atcgccggcc tccaaattat aatcccaacc gcctccatct taaattttta 1140
gttgctcact attactatat attggtattg tttactggca tatataagag agaggtctaa 1200
ggg 1203

<210> 238
<211> 305
<212> белок
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (67)..(199)
<223> Название Pfam: DUF640
Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 281322

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 372,9 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 10

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 238
Met Glu Pro Gly Pro Asp Ala Pro Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly
1 5 10 15
Thr Ser Ile Ser Glu Pro Ala Glu Ala Gly Pro Ser Pro Ser Ser Ser
20 25 30
Ser Ala Ala Ala Ala Ala Ser Ser Ser Ser Arg Gln Gln Ala Glu Gln
35 40 45
Glu Ala Gln Gln Gln Gln Gly Ala Gln Gln Arg Glu Gln Pro Ala Val
50 55 60
Arg Ala Gln Ala Gln Pro Gln Pro Gln Pro His Gln Gln Gln Pro Pro
65 70 75 80
Ala Gly Leu Ser Arg Tyr Glu Ser Gln Lys Arg Arg Asp Trp Asn Thr
85 90 95
Phe Leu Gln Tyr Leu Arg Asn His Lys Pro Pro Leu Thr Leu Ala Arg
100 105 110
Cys Ser Gly Ala His Val Ile Glu Phe Leu Arg Tyr Leu Asp Gln Phe
115 120 125

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

<210> 239

<211> 175

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (11)..(143)

<223> Название Pfam: DUF640

Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 147795605

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 380,4 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 10

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (175)..(175)

<223> Xaa означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<400> 239

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

<210> 240

<211> 1062

<212> ДНК

<213> *Panicum virgatum*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 2004419

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 241

<400> 240

actcatcgcg atcgatcgct gctagctagc tcccagctgc gattctgatc cttcgtgctc 60
cctcagttgt cgtcgctgct ggctcgctcg cttgcttgcc agctctctct ctcatagtag 120
ctagctgctt gcatggatcc gtccggggccc ggcccgtcgc cggtcgcttg cggaggaggc 180
ggcggtgacg cgccggccgt ggtgccgcag cagcggccgg cgcagctgag caggtacgag 240
tcgcagaagc ggcgggactg gaacacgttc ctgcagtacc tgcggaacca ccgcccgcgc 300
ctgacgctgg cgcggtgcag cggcgcgcac gtgatcgagt tcctcaggta cctggaccag 360
ttcggcaaga ccaaggtgca cgccgccggg tgcgcctact acggccagcc cgcgccgccc 420

```

gggcctgcc cgtgccact gcggcaggcc tggggctccc tcgacgcgct catcggccgc 480
ctgcgcgccg cgtacgagga gagcggcgcc acgcccagagt ccaaccctt cgccgcgcgc 540
gccgtgcgga tctacctccg cgaggtgcgc gactcgcagg ccaaggcgcg cggcatcccc 600
tacgagaaga agaagcgcaa gcgcgcgcag caggccgccg agccgtcgtc gagctcgtcc 660
gccgccccgg ccggtgggag cgggagcatc agcagagctg ctgcgacggc cgccgctcat 720
caggctggag ggagcagcgc tgcaccgagc aacacctgag tacagtagat ctgcagatct 780
tgtttaatta tcgtctccgc atcgcaagat ttgagcttag ctttctactg cttttgctat 840
atatatgtgc tttgcgttgc ttcttttctc tgcccatttc atccttttct taccagggtt 900
ttggatcccc cttttttttt ttccggttta ttaggtcaag tatatggcta gatattggag 960
tagtagtagc tgaaagggga agaagttggc gattaatcgg tgcaagggca actgtgtgtt 1020
catgatctga tacatatata ttaatatata tatgttcttg gt 1062

```

```

<210> 241
<211> 208
<212> белок
<213> Panicum virgatum

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (16)..(148)
<223> Название Pfam: DUF640
        Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 2004419

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 380,3 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 10

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

```

```

<400> 241
Met Asp Pro Ser Gly Pro Gly Pro Ser Pro Val Val Gly Gly Gly Gly
1          5          10          15

Gly Gly Asp Ala Pro Ala Val Val Pro Gln Gln Arg Pro Ala Gln Leu
          20          25          30

Ser Arg Tyr Glu Ser Gln Lys Arg Arg Asp Trp Asn Thr Phe Leu Gln
          35          40          45

Tyr Leu Arg Asn His Arg Pro Pro Leu Thr Leu Ala Arg Cys Ser Gly
50          55          60

Ala His Val Ile Glu Phe Leu Arg Tyr Leu Asp Gln Phe Gly Lys Thr
65          70          75          80

```

Lys Val His Ala Ala Gly Cys Ala Tyr Tyr Gly Gln Pro Ala Pro Pro
 85 90 95
 Gly Pro Cys Pro Cys Pro Leu Arg Gln Ala Trp Gly Ser Leu Asp Ala
 100 105 110
 Leu Ile Gly Arg Leu Arg Ala Ala Tyr Glu Glu Ser Gly Gly Thr Pro
 115 120 125
 Glu Ser Asn Pro Phe Ala Ala Arg Ala Val Arg Ile Tyr Leu Arg Glu
 130 135 140
 Val Arg Asp Ser Gln Ala Lys Ala Arg Gly Ile Pro Tyr Glu Lys Lys
 145 150 155 160
 Lys Arg Lys Arg Ala Gln Gln Ala Ala Glu Pro Ser Ser Ser Ser Ser
 165 170 175
 Ala Ala Pro Ala Gly Gly Ser Gly Ser Ile Ser Arg Ala Ala Ala Thr
 180 185 190
 Ala Ala Ala His Gln Ala Gly Gly Ser Ser Ala Ala Pro Ser Asn Thr
 195 200 205

<210> 242

<211> 212

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *indica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (13)..(145)

<223> Название Pfam: DUF640

Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 125543059

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 377,9 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 10

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 242

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

Ala Ser Gly Cys Ala Phe Tyr Gly Gln Pro Ser Pro Pro Gly Pro Cys
85 90 95

Pro Cys Pro Leu Arg Gln Ala Trp Gly Ser Leu Asp Ala Leu Ile Gly
100 105 110

Arg Leu Arg Ala Ala Tyr Glu Glu Ser Gly Gly Thr Pro Glu Ser Asn
115 120 125

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

Ser Gln Ala Lys Ala Arg Gly Ile Pro Tyr Glu Lys Lys Lys Arg Lys
145 150 155 160

Arg Ser Gln Ala Ala Gln Pro Ala Gly Val Glu Pro Ser Gly Ser Ser
165 170 175

Ser Ala Ala Ala Ala Ala Ala Gly Gly Gly Asp Thr Gly Ser Gly Gly
180 185 190

Gly Ala Ala Ala Thr Thr Thr Ala Gln Pro Gly Gly Ser Gly Thr Ala
195 200 205

Pro Ser Ala Ser
210

<210> 243
<211> 164
<212> белок
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (5)..(137)
<223> Название Pfam: DUF640
Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 285,6 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 10

<220>
<221> отличающийся признак
<223> локус ID NO. At1G16910

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 243
Met Thr Ser Thr Asn Thr Arg Asn Lys Gly Lys Cys Ile Val Glu Gly
1 5 10 15

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

Asn Thr Phe Cys Gln Tyr Leu Met Thr Lys Met Pro Pro Val His Val
35 40 45

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

<210> 244

<211> 195

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (22)..(154)

<223> Название Pfam: DUF640

Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 323,0 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 10

<220>

<221> отличающийся признак

<223> локус ID NO. At1G78815

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 244

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

Asp Gln Phe Gly Lys Thr Lys Val His Ile His Gly Cys Val Phe Phe
 85 90 95
 Gly Gln Val Glu Pro Ala Gly Gln Cys Asn Cys Pro Leu Lys Gln Ala
 100 105 110
 Trp Gly Ser Leu Asp Ala Leu Ile Gly Arg Leu Arg Ala Ala Phe Glu
 115 120 125
 Glu Asn Gly Gly Leu Pro Glu Arg Asn Pro Phe Ala Gly Gly Gly Ile
 130 135 140
 Arg Val Phe Leu Arg Glu Val Arg Asp Ser Gln Ala Lys Ala Arg Gly
 145 150 155 160
 Val Pro Tyr Lys Lys Arg Lys Lys Arg Lys Lys Arg Asn Pro Met Lys
 165 170 175
 Ser His Asp Gly Glu Asp Gly Thr Thr Gly Thr Ser Ser Ser Ser Asn
 180 185 190
 Leu Ala Ser
 195

<210> 245
 <211> 219
 <212> белок
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (36)..(168)
 <223> Название Pfam: DUF640
 Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 345,9 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 10

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> локус ID NO. At2G31160

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 245
 Met Asp Met Ile Pro Gln Leu Met Glu Gly Ser Ser Ala Tyr Gly Gly
 1 5 10 15
 Val Thr Asn Leu Asn Ile Ile Ser Asn Asn Ser Ser Ser Val Thr Gly
 20 25 30
 Ala Thr Gly Gly Glu Ala Thr Gln Pro Leu Ser Ser Ser Ser Ser Pro
 35 40 45
 Ser Ala Asn Ser Ser Arg Tyr Glu Asn Gln Lys Arg Arg Asp Trp Asn
 50 55 60

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

<210> 246

<211> 177

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (7)..(139)

<223> Название Pfam: DUF640

Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 363,4 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 10

<220>

<221> отличающийся признак

<223> локус ID NO. At2G42610

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 246

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

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

Ser

<210> 247

<211> 201

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (15)..(147)

<223> Название Pfam: DUF640

Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 326,7 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 10

<220>

<221> отличающийся признак

<223> локус ID NO. At3G04510

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 247

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

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

<210> 248

<211> 195

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (30)..(162)

<223> Название Pfam: DUF640

Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 348,0 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 10

<220>

<221> отличающийся признак

<223> локус ID NO. At3G23290

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 248

Met Asp His Ile Ile Gly Phe Met Gly Thr Thr Asn Met Ser His Asn
 1 5 10 15
 Thr Asn Leu Met Ile Ala Ala Ala Thr Thr Thr Thr Thr Ser Ser
 20 25 30
 Ser Ser Ser Ser Ser Ser Gly Gly Ser Gly Thr Asn Gln Leu Ser Arg
 35 40 45

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

<210> 249
 <211> 190
 <212> белок
 <213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (7)..(139)
 <223> Название Pfam: DUF640
 Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 330,1 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 10

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> локус ID NO. At5G28490

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 249
 Met Asp Leu Ile Ser His Gln Pro Asn Lys Asn Pro Asn Ser Ser Thr
 1 5 10 15
 Gln Leu Thr Pro Pro Ser Ser Ser Arg Tyr Glu Asn Gln Lys Arg Arg
 20 25 30

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

<210> 250

<211> 182

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (1)..(134)

<223> Название Pfam: DUF640

Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 338,4 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 10

<220>

<221> отличающийся признак

<223> локус ID NO. At5G58500

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 250

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

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

<210> 251

<211> 196

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (13)..(145)

<223> Название Pfam: DUF640

Описание Pfam: белок с неизвестной функцией (DUF640)

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 365,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 10

<220>

<221> отличающийся признак

<223> локус ID NO. At1G07090

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 209

<400> 251

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

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

<210> 252
 <211> 449
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1356785

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 253

<400> 252
 ggcattttta agattctttt aattatatca gacagagaga tatgactttt gtagttcgtc 60
 ttcttggtg tctcttattg acgcttaca ttacatcttc tctagcccgc aaccctgttt 120
 ccgtttcagg tgggtttgag aattctggat tccaaaggag tttggtgatg gtgaacgttg 180
 aggactacgg tgaccatct gcaaactcta agcagcacc cggcgttcct ccgtcagcaa 240
 ccggccaacg tgtcgtcggc agaggctgac gtaatgtttt agttaacgca gaaggaaaga 300
 actcttcttg tttacatttt cagtttgtct gagattaaat ctcagttcat atagctttct 360
 ctaatctgtc tatatagata ttttctcgta atctccatac aacttcattt atttttttct 420
 tatggcaatg actttgtacc ttattttcc 449

<210> 253
 <211> 75

<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1356785

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 202,6 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 6

<400> 253
Met Thr Phe Val Val Arg Leu Leu Val Cys Leu Leu Leu Thr Leu Thr
1 5 10 15
Ile Thr Ser Ser Leu Ala Arg Asn Pro Val Ser Val Ser Gly Gly Phe
20 25 30
Glu Asn Ser Gly Phe Gln Arg Ser Leu Leu Met Val Asn Val Glu Asp
35 40 45
Tyr Gly Asp Pro Ser Ala Asn Pro Lys His Asp Pro Gly Val Pro Pro
50 55 60
Ser Ala Thr Gly Gln Arg Val Val Gly Arg Gly
65 70 75

<210> 254
<211> 418
<212> ДНК
<213> Brassica napus

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 951785

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 255

<400> 254
ctgagtctct ctgaccaaag gagagatgag ttttggtgta cttcgtcttg ctgtgtttct 60
tctgttgacg cttacagtta catattcatc ccctagttcc gtttctgttc cagttgttaa 120
gattggaatc gaaaggaggt cgttgatagt caacgtcaag gattatgatg gtcctgcccgc 180
aaaccsaaa cacaatcccg gcactcctcc gggtactacc agccaacgca gccccggcag 240
agggtgacct acctctttaa ttaaccaca agggaagaag aaatgaatct ctcagtttta 300
catgttcagt ttgtccgaga tgaagtgaaa tttctctggt tctacacctt tctccaatat 360
gtatattgat atcaatatgt gtcttagtca tttctcacac aatttcttat aaataaag 418

<210> 255
<211> 73
<212> белок
<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 951785

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 188,0 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 6

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 253

<400> 255
Met Ser Phe Val Val Leu Arg Leu Ala Val Phe Leu Leu Leu Thr Leu
1 5 10 15
Thr Val Thr Tyr Ser Ser Pro Ser Ser Val Ser Val Pro Val Val Lys
20 25 30
Ile Gly Ile Glu Arg Arg Ser Leu Ile Val Asn Val Lys Asp Tyr Asp
35 40 45
Gly Pro Ser Ala Asn Pro Lys His Asn Pro Gly Thr Pro Pro Val Thr
50 55 60
Thr Ser Gln Arg Ser Pro Gly Arg Gly
65 70

<210> 256
<211> 228
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1440346

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 257

<400> 256
atggcatttg gagttcgctt gtgtttgtgt ctctgcttg tctttgctgt aacatcttca 60
gctcgaaaca ccatttcatt ctcaataaac gaaatggcct tggctataaa ggggaggtcc 120
ttgaagatta cactgaacga ttacggtgac ccaatagcaa accgtgggca cgatccttca 180
caaagaaca agaattgggg tggcagcggc ggtggccgta aaggctga 228

<210> 257
<211> 75
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1440346

<220>
<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 203,3 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 6

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 253

<400> 257

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

<210> 258

<211> 448

<212> ДНК

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1085177

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 259

<400> 258

aaacsaaat gagatgagtt ttggagttcg tcttcttttg tttctcatac taacccttcc 60
acttgttaca tcctctggcc gcaacactct ttgtgtttca ggaattggga agacaggggt 120
agcaaaaaga ttattgatgg tgagcatcga ggattatggt gatccatctg caaacaccag 180
acacgatccc agcgttccaa ccaatgcaaa ggctgacaca acaccttaaa agtcgttgat 240
tttacttttg tactctatgt ttttttttgg ggtaaaattg tgtactctat gttgaatata 300
tatgtaataa tatctgcttt gagcgagttg tattacagtc atctgagtag aaaacacgca 360
aatcttttg aaaaccatgt aagatatgta tcaatccaac actttgggga caataaggca 420
tggtttttgg gtcaacataa aacatgac 448

<210> 259

<211> 71

<212> белок

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1085177

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 80,7 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 6

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 253

<400> 259
Met Ser Phe Gly Val Arg Leu Leu Leu Phe Leu Ile Leu Thr Leu Pro
1 5 10 15
Leu Val Thr Ser Ser Gly Arg Asn Thr Leu Cys Val Ser Gly Ile Gly
20 25 30
Lys Thr Gly Val Ala Lys Arg Leu Leu Met Val Ser Ile Glu Asp Tyr
35 40 45
Gly Asp Pro Ser Ala Asn Thr Arg His Asp Pro Ser Val Pro Thr Asn
50 55 60
Ala Lys Ala Asp Thr Thr Pro
65 70

<210> 260
<211> 400
<212> ДНК
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 157151

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 261

<400> 260
aaactgcaat tggataacca caaccagaat cgattttgaa tcatcatttc tataaatata 60
tacgactcat acatacatat acatacctct taaacaaaac tgagatgagt tttggaactc 120
gtcttctttt gtttctcata ctaaacacttc cacttgtaac atcttcatcc ccaaacactc 180
ttcatgtttc aggaattgtg aagacagggga ctacaagtag attcttgatg atgaccatcg 240
aggattatga cgatccatct gcaaacacca gacacgatcc cagcgttccg accaatgcaa 300
aggctgacac aacaccttaa aactcttctg ggtttacttg tttagtctat gttgaataaa 360
taaatatata tataataatc tctctctttt gactgagctc 400

<210> 261
<211> 71
<212> белок
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 157151

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 67,1 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 6

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 253

<400> 261
Met Ser Phe Gly Thr Arg Leu Leu Leu Phe Leu Ile Leu Thr Leu Pro
1 5 10 15
Leu Val Thr Ser Ser Ser Pro Asn Thr Leu His Val Ser Gly Ile Val
20 25 30
Lys Thr Gly Thr Thr Ser Arg Phe Leu Met Met Thr Ile Glu Asp Tyr
35 40 45
Asp Asp Pro Ser Ala Asn Thr Arg His Asp Pro Ser Val Pro Thr Asn
50 55 60
Ala Lys Ala Asp Thr Thr Pro
65 70

<210> 262
<211> 1191
<212> ДНК
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 544549

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 263

<400> 262
atgtggctct ctcatctctt catgtccctc tctaagctga cgtgtaattt ctccattttc 60
tctgtcttta tggcttgtgg ctctattggt atgtctcaag ttagagatac tccggttaaa 120
ttgtttggct ggacaattac accggtttct catgatccat actcttcttc gtcccatggt 180
cttctgatt cttcctcgtc ttctcgtct tcttctctat cacttcgacc acacatgatg 240
aataaccaat ctgttactga caatacaagt cttaagctgt catctaactt taacaacgag 300
tcaaaagaaa catctgagaa cagtgatgac caacacagcg agatcacaac aattacatcg 360
gaagaagaga aaacaactga actgaagaaa ccagacaaga ttcttccatg tccgagatgc 420
aacagcgcag acaccaaatt ctgttactac aacaactaca acgttaacca gccacgtcac 480
ttctgtagaa aatgccagag gtattggacc gctgggtggat ccatgaggat cgtcccgggt 540
ggctcaggcc gtcgcaagaa caagggatgg gtttcttcag accagtacct gcacatcact 600
tccgaggata ctgacaatta caatagctcc tcaacaaaga ttctaagctt cgagtcttcg 660
gactctttgg taactgagag gcctaagcat caatcaaacy aagtgaagat aaacgctgaa 720

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

<210> 264

<211> 385

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (114)..(176)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157355009

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 840,4 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 264

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

Pro Thr Ser Ser Ser Pro Ile His Ser Ala Leu Ala Thr Asn His Asn
 290 295 300
 Ser Pro Thr Leu Gly Lys His Ala Arg Asp Gly Glu Thr Leu Arg Ile
 305 310 315 320
 Asp Asp Pro Asn Glu Ala Ala Lys Ser Ser Ile Trp Thr Thr Leu Gly
 325 330 335
 Ile Lys Asn Asp Gly Ser Asn Gly Gly Ser Leu Leu Lys Ala Phe Gln
 340 345 350
 Ser Lys Gly Asp Glu Lys Lys Arg Ile Ala Glu Met Ser Pro Val Leu
 355 360 365
 Gln Ala Asn Pro Ala Ala Leu Ser Arg Ser Leu Asn Phe His Glu Arg
 370 375 380
 Ala
 385

<210> 265
 <211> 1491
 <212> ДНК
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1464457

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 266

<400> 265
 atgtcggatt tggcgatcaa gttgtttggg aagacgattc cactgcaagt caatcagctg 60
 gagggggatg tgtcttgtgc tattaacaag cacgagtctt cctcaggaac accagttgcc 120
 ccaccgagc ctgaggagta ctgttacct gctactactt gcttgcacga aaaagacaag 180
 gaagagcaag aaggcaacca cagggagtct tcaggagagg aaattgcca cgagaaacaa 240
 gaagatgtta cctcgtgtca gatcaccgag gattcaaaag atccaacatc atcaggaatt 300
 agtgagaatc caaagactcc ctgagttgag agggaaactt catcactgaa aagcagtaag 360
 gatgaagaac aaaggagac aagcatctca caagaaaaga ctctgaagaa gcctgataaa 420
 atacttccat gccctcgatg taatagcatg gatactaaat tctgttatta caacaattac 480
 aacgtcaatc agcctcgtca tttctgtaaa aagtgtcaga gatactggac tgctggagga 540
 accatgagga atgtgcctgt gggagcagga cggcgcaaga ataagagctc ttcagcttca 600
 cattatcgtc acttaatgg atcagaagct ctccgaacag ttcaagtcca tgccatgaat 660
 ggagttcata acccctcttt cggaaacaac accactgtcc ttgcatttgg ttccgattct 720
 cctctttgtg attctgttgc ctctgtgttg aatctttcag agaaaacgca aaatagtggt 780
 cgaaatgagt atcacaggcc tgaacataga atctttgttc cttgtggagg ggcgggaagt 840

```

aatggggatg atcgctcaag tggatctccc gccacagctt cggattcatc agagaagggga 900
tgtaatggta attcgagaga agcagttaat aaggattatc aatcctttcc tccccaggtt 960
ccctgcttcc ccgggcctcc ttggccatat caatggaact ctgcgctgcc tccacctacg 1020
ttttaccccc caggctttcc agtatcgttt taccctgcac caacttactg gggttgtact 1080
gtccccagcc cttggaatgt accgccatgt gtatcccctc catcaacctc tctaaagcac 1140
tgtaccctag actccagtcc tactttctaca ctgggtaaac attcaagggga tggcagcatc 1200
cttcatccag cctacttaaa agagccctcg agggaggggca ccaaatcagt aaaaggtggt 1260
ttggttccga agacatcgag gattgatgat cctagtgaag ctgcaaagag ctctatatgg 1320
gcgaccctcg ggatcatgag tgaaaaatcc aattctatta atggaggagg tctctttaag 1380
ggctttcaat caaaaaacga agacaaaaat gacatggctg ggagaacttc agtgttgcaa 1440
gcgaaccctg ctgcattgtc ccggtctctc aatttccatg agaacaattg a 1491

```

```

<210> 266
<211> 496
<212> белок
<213> Populus balsamifera subsp. trichocarpa

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (137)..(199)
<223> Название Pfam: zf-Dof
        Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1464457

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1090,1 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 2

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

```

```

<400> 266
Met Ser Asp Leu Ala Ile Lys Leu Phe Gly Lys Thr Ile Pro Leu Gln
1           5           10           15

Val Asn Gln Leu Glu Gly Asp Val Ser Cys Ala Ile Asn Lys His Glu
          20           25           30

Ser Ser Ser Gly Thr Pro Val Ala Pro Pro Glu Pro Glu Glu Tyr Cys
          35           40           45

Tyr Thr Ala Thr Thr Cys Leu His Glu Lys Asp Lys Glu Glu Gln Glu
50           55           60

Gly Asn His Arg Glu Ser Ser Gly Glu Glu Ile Ala Asn Glu Lys Gln
65           70           75           80

```

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

Ser Ser Gly Ile Ser Glu Asn Pro Lys Thr Pro Ser Val Glu Arg Glu
 100 105 110

Thr Ser Ser Leu Lys Ser Ser Lys Asp Glu Glu Gln Arg Glu Thr Ser
 115 120 125

Ile Ser Gln Glu Lys Thr Leu Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu Pro Cys
 130 135 140

Pro Arg Cys Asn Ser Met Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Tyr Asn Asn Tyr
 145 150 155 160

Asn Val Asn Gln Pro Arg His Phe Cys Lys Lys Cys Gln Arg Tyr Trp
 165 170 175

Thr Ala Gly Gly Thr Met Arg Asn Val Pro Val Gly Ala Gly Arg Arg
 180 185 190

Lys Asn Lys Ser Ser Ser Ala Ser His Tyr Arg His Leu Met Val Ser
 195 200 205

Glu Ala Leu Arg Thr Val Gln Val His Ala Met Asn Gly Val His Asn
 210 215 220

Pro Ser Phe Gly Asn Asn Thr Thr Val Leu Ala Phe Gly Ser Asp Ser
 225 230 235 240

Pro Leu Cys Asp Ser Val Ala Ser Val Leu Asn Leu Ser Glu Lys Thr
 245 250 255

Gln Asn Ser Val Arg Asn Glu Tyr His Arg Pro Glu His Arg Ile Phe
 260 265 270

Val Pro Cys Gly Gly Ala Gly Ser Asn Gly Asp Asp Arg Ser Ser Gly
 275 280 285

Ser Pro Ala Thr Ala Ser Asp Ser Ser Glu Lys Gly Cys Asn Gly Asn
 290 295 300

Ser Arg Glu Ala Val Asn Lys Asp Tyr Gln Ser Phe Pro Pro Gln Val
 305 310 315 320

Pro Cys Phe Pro Gly Pro Pro Trp Pro Tyr Gln Trp Asn Ser Ala Leu
 325 330 335

Pro Pro Pro Thr Phe Tyr Pro Pro Gly Phe Pro Val Ser Phe Tyr Pro
 340 345 350

Ala Pro Thr Tyr Trp Gly Cys Thr Val Pro Ser Pro Trp Asn Val Pro
 355 360 365

Pro Cys Val Ser Pro Pro Ser Thr Ser Leu Lys His Cys Thr Leu Asp
 370 375 380

Ser Ser Pro Thr Ser Thr Leu Gly Lys His Ser Arg Asp Gly Ser Ile
 385 390 395 400

Leu His Pro Ala Tyr Leu Lys Glu Pro Ser Arg Glu Gly Thr Lys Ser
 405 410 415

Val Lys Gly Val Leu Val Pro Lys Thr Ser Arg Ile Asp Asp Pro Ser
420 425 430

Glu Ala Ala Lys Ser Ser Ile Trp Ala Thr Leu Gly Ile Met Ser Glu
435 440 445

Lys Ser Asn Ser Ile Asn Gly Gly Gly Leu Phe Lys Gly Phe Gln Ser
450 455 460

Lys Asn Glu Asp Lys Asn Asp Met Ala Gly Arg Thr Ser Val Leu Gln
465 470 475 480

Ala Asn Pro Ala Ala Leu Ser Arg Ser Leu Asn Phe His Glu Asn Asn
485 490 495

<210> 267
<211> 1904
<212> ДНК
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1584660

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 268

<400> 267
tcccgatcga tccatccatc gatcgcccac gcttccgtcc atccagactc cagagagata 60
aaatctaatt cctggacctg gagtgcagac cgatcgccgc caccgccgcc gcgttgtttc 120
ttgtctgctg agctgtggtg atggtgctgg aaaagaaggc tgctcgatca ctccaacaaa 180
aaaaaaaggt cgagatcgca cgcggcaggc gacaagcagt ttccaaagag aaggggaagcc 240
tagaggaagg gagctagaga tgggggaggg cagagcagga gacggcctca tcaagctggt 300
cgggaagacc atccccgtgc cggagacggc cgccgtcggc gaggctgcca aggacatgca 360
acaagcggc ggcagcggca gcggtacgac tgatccgaaa gggcaagaga acaacgttca 420
ggactccaca ggctcgcttc cgcagcagga ggtcgcggac accgaagact cgtcggcaga 480
caaacagcag ggcgagggcg gcaacccaaa ggagaagctc aagaagcccg acaagatcct 540
gccgtgcccg cggtgcaaca gcatggacac caagttctgc tactacaaca actacaacat 600
caaccagccg cgccacttct gcaagaactg ccagaggtac tggactgccg gcggtgccat 660
gcgcaacgtg cccgtgggcg caggccggcg caagagcaag agcgcgtcgg ccaactccca 720
cttctccag agggtcaggg ccggtctgcc cgtcgaccgc ctcgtctgcg cggcagccaa 780
gactaacggc acggtgctca gcttcggctc tgccatgtcc agcttagacc tcacggagca 840
gatgaaacag ctcaagaaa agctcgtccc gatagcgggg gacgagcgtc cagttgggtc 900
tcgactcaa ggaccttctg ccaaggcaga agaccggac cggaaggaga atgttacagc 960
agataaatcc gcgagagttg ttcagcatcc atgcatgacg aacgggggtgg ccatgtggcc 1020

atttagctgt gcgccaccag taccggcctc tgcctgttac ggcccaggca gcatcgcaat 1080
 cccgttctac ccggcagcag ctgctgctgc tgcctactgg ggttgcatgg ttccaggagc 1140
 ttggagtggc gcatggccgc ctcaactcgg ccagtcaggag acgggctcgt ccattacctc 1200
 cgcctctcca gcagcatcca ccaagtccaa catctgcttc acgccaggaa agcacccctag 1260
 agaccgcgac gaggaaggag gcgccaaagg aaatggcaag gtgtgggtgc ccaagatgat 1320
 ccggatcgac gacgtggacg aggtggccag gagctctatc ctgtcgctaa tcgggatcgg 1380
 cggcgacaag gcaggcaaag atggcggcag aggctgcaag ctcgcaaggg tttttgagca 1440
 gaacgaagag gcggcaagga cggcaactcc tcaactcggca gccatcagcg gcttgccggt 1500
 cttgcagggg aaccagctg cgctctcgcg gtcactgacc ttccaggagg ggtcttgagc 1560
 ctctcgctcg attcacagct gagaattttg tacattagag ggttgatgt aatctaact 1620
 aggtgggggg tggggctcat agctgccagc ggacattgaa actatacaat agatagatat 1680
 ttgtagatag ccaatatata tgggtcgggg gaggaaaaaa aggataatga gagcaagtcc 1740
 cttatttgt atatattata atggattgga atatttggtt gccaaagtgg cttccagcaa 1800
 tagcgccaga tgttctgatc cactggctgt tggcccatcg atttcagtgg acaaaaagtg 1860
 tccaccttat tctgggaaat ttcagcatat attcagtttg tttc 1904

<210> 268
 <211> 432
 <212> белок
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (89)..(151)
 <223> Название Pfam: zf-Dof
 Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1584660

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 940,2 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 268
 Met Gly Glu Gly Arg Ala Gly Asp Gly Leu Ile Lys Leu Phe Gly Lys
 1 5 10 15
 Thr Ile Pro Val Pro Glu Thr Ala Ala Val Gly Glu Ala Ala Lys Asp
 20 25 30
 Met Gln Gln Ser Gly Gly Ser Gly Ser Gly Thr Thr Asp Pro Lys Gly
 35 40 45

Gln Glu Asn Asn Val Gln Asp Ser Thr Gly Ser Pro Pro Gln Gln Glu
 50 55 60

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

Gly Asn Pro Lys Glu Lys Leu Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu Pro Cys
 85 90 95

Pro Arg Cys Asn Ser Met Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Tyr Asn Asn Tyr
 100 105 110

Asn Ile Asn Gln Pro Arg His Phe Cys Lys Asn Cys Gln Arg Tyr Trp
 115 120 125

Thr Ala Gly Gly Ala Met Arg Asn Val Pro Val Gly Ala Gly Arg Arg
 130 135 140

Lys Ser Lys Ser Ala Ser Ala Thr Ser His Phe Leu Gln Arg Val Arg
 145 150 155 160

Ala Gly Leu Pro Val Asp Pro Leu Val Cys Ala Ala Ala Lys Thr Asn
 165 170 175

Gly Thr Val Leu Ser Phe Gly Ser Ala Met Ser Ser Leu Asp Leu Thr
 180 185 190

Glu Gln Met Lys Gln Leu Lys Glu Lys Leu Val Pro Ile Ala Gly Asp
 195 200 205

Glu Arg Ser Val Gly Ser Arg Thr Gln Gly Pro Ser Ala Lys Ala Glu
 210 215 220

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

Val Gln His Pro Cys Met Thr Asn Gly Val Ala Met Trp Pro Phe Ser
 245 250 255

Cys Ala Pro Pro Val Pro Ala Ser Ala Cys Tyr Gly Pro Gly Ser Ile
 260 265 270

Ala Ile Pro Phe Tyr Pro Ala Ala Ala Ala Ala Tyr Trp Gly
 275 280 285

Cys Met Val Pro Gly Ala Trp Ser Gly Ala Trp Pro Pro His Ser Gly
 290 295 300

Gln Ser Glu Thr Gly Ser Ser Ile Thr Ser Ala Ser Pro Ala Ala Ser
 305 310 315 320

Thr Lys Ser Asn Ile Cys Phe Thr Pro Gly Lys His Pro Arg Asp Arg
 325 330 335

Asp Glu Glu Gly Gly Ala Lys Gly Asn Gly Lys Val Trp Val Pro Lys
 340 345 350

Met Ile Arg Ile Asp Asp Val Asp Glu Val Ala Arg Ser Ser Ile Leu
 355 360 365

Ser Leu Ile Gly Ile Gly Gly Asp Lys Ala Gly Lys Asp Gly Gly Arg
 370 375 380

Gly Cys Lys Leu Ala Arg Val Phe Glu Gln Asn Glu Glu Ala Ala Arg
385 390 395 400

Thr Ala Thr Pro His Ser Ala Ala Ile Ser Gly Leu Pro Phe Leu Gln
405 410 415

Gly Asn Pro Ala Ala Leu Ser Arg Ser Leu Thr Phe Gln Glu Gly Ser
420 425 430

<210> 269

<211> 476

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (103)..(165)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 115474149

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1037,6 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 269

Met Asp Asp Leu Ala Ala Ala Ser Pro Pro His Pro Pro Pro Pro Pro
1 5 10 15

Pro Glu Ser His Val Pro Pro Pro Pro Gln Thr Pro Glu Lys Asp Ser
20 25 30

Cys Glu Asp Thr Gly Asp Met Arg Ile Ser Glu Glu Lys Pro Cys Thr
35 40 45

Asp Gln Glu Leu Asp Ala Asp Gln Met Asn Ser Ser Ser Phe Asn Ser
50 55 60

Ser Ser Glu Cys Glu Asn Gln Thr Pro Ser Asn Asp Glu Met Thr Gly
65 70 75 80

Ser Glu Ser Lys Ser Glu Ala Ala Gln Thr Glu Gly Gly Gly Ser Ser
85 90 95

Glu Glu Lys Val Leu Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu Pro Cys Pro Arg
100 105 110

Cys Asn Ser Met Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Tyr Asn Asn Tyr Asn Ile
115 120 125

Asn Gln Pro Arg His Phe Cys Lys Ser Cys Gln Arg Tyr Trp Thr Ala
130 135 140

Gly Gly Ser Met Arg Asn Leu Pro Val Gly Ala Gly Arg Arg Lys Ser
145 150 155 160

Lys Ser Ser Thr Ala Asn Tyr Arg Ser Ile Leu Ile Thr Gly Ser Asn
 165 170 175
 Leu Ala Ala Pro Ala Gly Asp Ala Pro Leu Tyr Gln Leu Ser Ile Lys
 180 185 190
 Gly Asp Gln Thr Ala Thr Ala Val Lys Phe Ala Pro Asp Ser Pro Leu
 195 200 205
 Cys Asn Ser Met Ala Ser Val Leu Lys Ile Gly Glu Gln Ser Lys Asn
 210 215 220
 Ala Lys Pro Thr Ser Thr Ala Gln Pro Arg Asn Gly Glu Thr Gln Thr
 225 230 235 240
 Cys Pro Ala Ser Gly Thr Thr Ser Asp Ser Pro Arg Asn Glu Pro Val
 245 250 255
 Asn Gly Ala Val Ser Gly His Gln Asn Gly Ile Val Gly His Ser Gly
 260 265 270
 Val Pro Pro Met His Pro Ile Pro Cys Phe Pro Gly Pro Pro Phe Val
 275 280 285
 Tyr Pro Trp Ser Pro Ala Trp Asn Gly Ile Pro Ala Met Ala Pro Pro
 290 295 300
 Val Cys Thr Ala Pro Ala Glu Pro Ala Asn Ser Ser Asp Asn Gly Ser
 305 310 315 320
 Thr Ala Ser Val Gln Trp Ser Met Pro Pro Val Met Pro Val Pro Gly
 325 330 335
 Tyr Phe Pro Val Ile Pro Ser Ser Val Trp Pro Phe Ile Ser Pro Trp
 340 345 350
 Pro Asn Gly Ala Trp Ser Ser Pro Trp Ile Gln Pro Asn Cys Ser Val
 355 360 365
 Ser Ala Ser Ser Pro Thr Ser Thr Ser Thr Cys Ser Asp Asn Gly Ser
 370 375 380
 Pro Val Leu Gly Lys His Ser Arg Asp Ser Lys Pro Gln Gly Asp Asp
 385 390 395 400
 Lys Ala Glu Lys Asn Leu Trp Ile Pro Lys Thr Leu Arg Ile Asp Asp
 405 410 415
 Pro Asp Glu Ala Ala Lys Ser Ser Ile Trp Thr Thr Leu Gly Ile Glu
 420 425 430
 Pro Gly Asp Arg Ser Met Phe Arg Ser Phe Gln Ser Lys Pro Glu Ser
 435 440 445
 Arg Glu Gln Ile Ser Gly Ala Ala Arg Val Leu Gln Ala Asn Pro Ala
 450 455 460
 Ala Leu Ser Arg Ser Gln Ser Phe Gln Glu Thr Thr
 465 470 475

<210> 270
 <211> 1560

<212> ДНК
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8636233

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 271

<400> 270
atggatgctg gcaccgctcg acagttggag acgatcaagg tgatgagtgt cgtagcgggtg 60
tcgagtgtac ccctgtgttt ggagaagttg agtgcgtacc tcgacgagaa acgtgttgctg 120
gttggaagc ttgggtgctga tggtcagcag cagcaagcaa agccggggagc ttgtgtttgt 180
ttggatcggg gtgagaagaa gatgatggcg gagtgccaag gaggaggagg aggggatttc 240
ctcatcaagc tcttcgggaa gaccatcccc gtgccggagt cgggcgacgc caaggagaac 300
ccgaccccg actcctccga cccgtccccg cagccggagg tcgtggacgc agaggacccc 360
aagagctcac cggagacgac acaccagaag cccggccagg gcaacggcag cggcgacgct 420
gccagccaga gggagaagct gaagaagccc gacaagggtg tgccatgccc gcgctgcaac 480
agcatggaca ccaagttctg ctacttcaac aactacaacg tcaaccagcc gcgccacttc 540
tgcaagaact gccagcgcta ctggaccgcc ggcggcgcca tgcgcaacgt tcccgtcggg 600
gccggtcgcc gcaagaacaa gaacgccgtc gccgcctcgc acttcctcca cagggtcggg 660
gcggcctgcg gcggcggcgg cgacacgctc aagacgacca acggcacggt gctcagcttc 720
ggcggccatg gtggcggctg cgtgcctcct ggtcctgcat gcttggacct cgtcgagcag 780
ctcagccacc acctggcggc cccggtgatc aggaacgccg gcaacaacc gggtccttgc 840
agcgaaggat cgagcaactg cagggacgac aacaagacca tcaacgacag gtcttgtgta 900
gacgaagccg cagcagcaaa cggagacgac ggatcagtgc agcaccagc aagcatgaac 960
aacggcggcg caaccgtgtg gccgccgccc tacagctgcg cgccatctcc ggcggcgtat 1020
ttctcctcgg gcatcgcat cccgatatac ccagccgac caggttactg gggctgcatg 1080
gttcccggag cttggagcct gccatggccg gtgcaacagc ccccgtcgtc gcagtcgcag 1140
gggccggcgg cgggcctctc gtcgtcgacg tcgcccacca ccaccagtgc tccttcggtc 1200
tcatcatccg gggcagccga ctcccacacg ctggggctgg gcaagcacc cggggaccgg 1260
gaggaggggt acgacgggag aaacgccaag gtgtgggctc ccaagacat ccggatagac 1320
gacgtggacg aggtggccag gagctccatc tggtcgctca tcgggatcaa aggcgacaag 1380
gcgaagcagc aggacgacga tgctgctggt gggcacaagc agaagcagct tggtgggatg 1440
gtgttcgagc ccaagcgcga ggccaccaag aagccggcgg ccatgatgac aagctcgccg 1500
ctcctgcacg ccaaccccg cgcgctcacg cgctccgtgg ccttcaggga gggctcttga 1560

<210> 271
<211> 519
<212> белок
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (149)..(211)
<223> Название Pfam: zf-Dof
Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8636233

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 999,7 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 271
Met Asp Ala Gly Thr Ala Arg Gln Leu Glu Thr Ile Lys Val Met Ser
1 5 10 15
Val Val Ala Val Ser Ser Val Pro Leu Cys Leu Glu Lys Leu Ser Ala
20 25 30
Tyr Leu Asp Glu Lys Arg Val Ala Val Gly Lys Leu Gly Val Asp Gly
35 40 45
Gln Gln Gln Gln Ala Lys Pro Gly Ala Cys Val Cys Leu Asp Arg Ser
50 55 60
Glu Lys Lys Met Met Ala Glu Cys Gln Gly Gly Gly Gly Asp Phe
65 70 75 80
Leu Ile Lys Leu Phe Gly Lys Thr Ile Pro Val Pro Glu Ser Gly Asp
85 90 95
Ala Lys Glu Asn Pro His Pro Asp Ser Ser Asp Pro Ser Pro Gln Pro
100 105 110
Glu Val Val Asp Ala Glu Asp Pro Lys Ser Ser Pro Glu Thr Thr His
115 120 125
Gln Lys Pro Gly Gln Gly Asn Gly Ser Gly Asp Ala Ala Ser Gln Arg
130 135 140
Glu Lys Leu Lys Lys Pro Asp Lys Val Leu Pro Cys Pro Arg Cys Asn
145 150 155 160
Ser Met Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Phe Asn Asn Tyr Asn Val Asn Gln
165 170 175
Pro Arg His Phe Cys Lys Asn Cys Gln Arg Tyr Trp Thr Ala Gly Gly
180 185 190
Ala Met Arg Asn Val Pro Val Gly Ala Gly Arg Arg Lys Asn Lys Asn
195 200 205

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

<210> 272
 <211> 1567

<212> ДНК
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1777035

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 273

<400> 272
agccacagca cagcacggca cggccggtct ctcttcttc ttcttcttc ccggcgccag 60
cggacctgcg ggacctcgtc gtcgctcgcc gatccttcac tggcagggca gcagcgagct 120
gcaattaacg gcggcggcgg aggatcgggg aggaggacga cgaagatggt ggtggagtcc 180
gcggggggcg gcggagggga ctgcctcatc aagctgttcg ggaagaccat ccccgtgccg 240
gaggccgccg ccgacaagga gagcggcagc agcatcagct cctgcaccga atccgacacc 300
ccggagaacg cctcggagcc gtccccgcag ccggaggcca tggacgccga ggaccccaag 360
agctcgccgg agacgcagcc gccgcccggc gccggcgact tggccgggca gagggagaag 420
ctcaagaggc ccgacaaggt gctgcccgtc ccgcccgtca acagcatgga caccaagtcc 480
tgctacttca acaactacaa cgtcaaccag ccgcccact tctgcaagaa ctgccagcgc 540
tactggaccg ccggcgggtc catgcgcaac gtgcccgtcg gcgcccggccg ccgcaagaac 600
aagcacgccg tcgccgcctc ccacttctc cacagggctc gggccgcgct gcccgccgcc 660
gccggcgacc cgctcagggc caacgccacg gtgctcagct tcggcggcca cggccacggc 720
gcgctccccg cggcgctgca ggacctcgcc gagcaggtga cccacctgaa ggagaagctg 780
ctcgtccccg caaggaacgc cggcgacca tcgccgggtg gtccgtgcag cgaaggacca 840
agcagcacgg acgacaaggc ccatggcggc ggcacaaagg agaagcccgc cgtagacagg 900
cctgcaaacg gagcgcgcga gcttccggca agcatgaacg gagcaaccgt gtggccgtac 960
ggcggctgcg cgccatctcc ggcggcgtat ttctcgtcgg gcatecgcgat tccgatatac 1020
ccggccgcac cgggttactg gggctgcatg gttcccggcc ccggaccttg gagcctgcca 1080
tggtcgggtc agggcctctc gttgcccacc agtgctcctt cactcccgtc atcggggcct 1140
gaccccgacc tcacgctggg caagcaccac agggaggggg acgaggggag aagcgcccat 1200
ggtggtggca aggtgtgggc gcccaagacg atccggatcg acgacgccga cgaggtggcc 1260
aggagctcga tctggtccct catcgggatc aaaggcgaca ggaagcagga cgccgcggat 1320
catcacggcg ctgccgggca caagcacggg acggtgttcg agcagaagcg ggaggccaag 1380
aagcaaccgg cgatgatcgc aagctcgccg ctctgcaca ccaaccccgt cgcgctgaca 1440
cgctcgggtg cttccagga gggatcttga agcccatcga tcggcactac tgaaatTTTT 1500
gtaaatacaga gagaggattg taatataggt attgggggga agaaggaaac agagtgagtg 1560

<210> 273

<211> 434

<212> белок

<213> Panicum virgatum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (88)..(150)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1777035

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 965,1 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 273

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

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

Gly Ser

<210> 274

<211> 1719

<212> ДНК

<213> *Panicum virgatum*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1990929

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 275

<400> 274

agccacagca cagcacggca cggccgggtct ctcttcttctc ttcttcttctc tcttctcccc 60

cggcgccagc ggacctgcgg gacctcgtcg tcgtcggccg atccttcaact ggcagggcag 120
 cagcgagctg caattaacgg cggcggcgga ggatcgggga ggaggacgac gaagatggtg 180
 gtggagtccg cggggggcgg cggaggggac tgcctcatca agctgttcgg gaagaccatc 240
 cccgtgccgg aggccgccgc cgacaaggag agcggcagca gcatcagctc ctgcaccgaa 300
 tccgacacc cggagaacgc ctccggagccg tccccgcagc cggaggtcgt ggacgccgag 360
 gaccccaaga gctcgccgga gacgcagccg ccgcccggcg cgggcgactt ggccggggcag 420
 agggagaagc tcaagaggcc cgacaagggtg ctgccgtgcc cgcgctgcaa cagcatggac 480
 accaagttct gctacttcaa caactacaac gtcaaccagc cgcgccactt ctgcaagaac 540
 tgccagcgct actggaccgc cggcggcgcc atgcgcaacg tgcccgtcgg cgccggccgc 600
 cgcaagaaca agcacgccgt cgccgcctcc cacttcttgc acagggtcgg ggccgcgctg 660
 cccgccgccg ccggcgacc cgtcagggcc aacgccacgg tgctcagctt cggcggccac 720
 ggccacggcg cgcctcccgc ggcgctgcag gacctcggc agcaggtgac ccacctgaag 780
 gagaagctgc tcgtcccggc aaggaacgcc ggcgacccat cgccggtggg tccgtgcagc 840
 gaaggaccaa gcagcacgga cgacaaggcc catggcgggc gcatcaagga gaagcccgcc 900
 gtagacaggc ctgcaaacgg agcgcgcgag cttccggcaa gcatgaacgg agcaaccgtg 960
 tggccgtacg gcggctgcgc gccatctccg gcggcgtatt tctcgtcggg catcgcgatt 1020
 ccgatatacc cggccgcacc gggttactgg ggctgcatgg ttcccgcacc cggaccttgg 1080
 agcctgccat ggtcgggtgca gggcctctcg ttgcccacca gtgctcctt actctcgtca 1140
 tcggggcctg accccgacct cacgctgggc aagcacccca gggaggggga cgaggggaga 1200
 agcgcctatg gtggtggcaa ggtgtggggc cccaagacga tccggatcga cgacgccgac 1260
 gaggtggcca ggagctcgat ctggtccctc atcgggatca aaggcgacag gaagcaggac 1320
 gccgcggatc atcacggcgc tgccgggcac aagcacggga cggtgttcga gcagaagcgg 1380
 gaggccaaga agcaaccggc gatgatcgca agctcgccgc tcctgcacac caaccocgtc 1440
 gcgctgacac gctcgggtgac cttccaggag ggatcttgaa gcccatcgat cggcactact 1500
 gaaatTTTTg taaatcagag agaggattgt aatataggta ttggggggaa gaaggaaaca 1560
 gagtgagtgt atgtgtaaca tagctacttg tggacttgta ataggtatag ccgcatgtac 1620
 atagaattag ctatttgggt tggagaaaga ccaggagatc aatatggccc ctggtttag 1680
 ataatatata atatgaagga ggaatatatt gcttgaagt 1719

<210> 275

<211> 434

<212> белок

<213> *Panicum virgatum*

<220>

<221> отличающийся признак
<222> (88)..(150)
<223> Название Pfam: zf-Dof
Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1990929

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 965,0 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 275

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

Pro Ala Val Asp Arg Pro Ala Asn Gly Ala Pro Gln Leu Pro Ala Ser
 245 250 255
 Met Asn Gly Ala Thr Val Trp Pro Tyr Gly Gly Cys Ala Pro Ser Pro
 260 265 270
 Ala Ala Tyr Phe Ser Ser Gly Ile Ala Ile Pro Ile Tyr Pro Ala Ala
 275 280 285
 Pro Gly Tyr Trp Gly Cys Met Val Pro Ala Pro Gly Pro Trp Ser Leu
 290 295 300
 Pro Trp Ser Val Gln Gly Leu Ser Leu Pro Thr Ser Ala Pro Ser Leu
 305 310 315 320
 Ser Ser Ser Gly Pro Asp Pro Asp Leu Thr Leu Gly Lys His Pro Arg
 325 330 335
 Glu Gly Asp Glu Gly Arg Ser Ala His Gly Gly Gly Lys Val Trp Ala
 340 345 350
 Pro Lys Thr Ile Arg Ile Asp Asp Ala Asp Glu Val Ala Arg Ser Ser
 355 360 365
 Ile Trp Ser Leu Ile Gly Ile Lys Gly Asp Arg Lys Gln Asp Ala Ala
 370 375 380
 Asp His His Gly Ala Ala Gly His Lys His Gly Thr Val Phe Glu Gln
 385 390 395 400
 Lys Arg Glu Ala Lys Lys Gln Pro Ala Met Ile Ala Ser Ser Pro Leu
 405 410 415
 Leu His Thr Asn Pro Val Ala Leu Thr Arg Ser Val Thr Phe Gln Glu
 420 425 430

Gly Ser

<210> 276

<211> 432

<212> белок

<213> Zea mays

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (89)..(151)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 194692166

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 940,9 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 276

Met Gly Glu Gly Arg Ala Gly Asp Gly Leu Ile Lys Leu Phe Gly Lys
1 5 10 15

Thr Ile Pro Val Pro Glu Thr Ala Ala Val Gly Glu Ala Ala Lys Asp
20 25 30

Met Gln Gln Ser Gly Gly Ser Gly Ser Gly Thr Thr Asp Pro Lys Gly
35 40 45

Gln Glu Asn Asn Val Gln Asp Ser Thr Gly Ser Pro Pro Gln Gln Glu
50 55 60

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

Gly Asn Pro Lys Glu Lys Leu Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu Pro Cys
85 90 95

Pro Arg Cys Asn Ser Met Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Tyr Asn Asn Tyr
100 105 110

Asn Ile Asn Gln Pro Arg His Phe Cys Lys Asn Cys Gln Arg Tyr Trp
115 120 125

Thr Ala Gly Gly Ala Met Arg Asn Val Pro Val Gly Ala Gly Arg Arg
130 135 140

Lys Ser Lys Ser Ala Ser Ala Thr Ser His Phe Leu Gln Arg Val Arg
145 150 155 160

Ala Gly Leu Pro Val Asp Pro Leu Val Cys Ala Ala Ala Lys Thr Asn
165 170 175

Gly Thr Val Leu Ser Phe Gly Ser Ala Met Ser Ser Leu Asp Leu Thr
180 185 190

Glu Gln Met Lys Gln Leu Lys Glu Lys Leu Val Pro Ile Ala Gly Asp
195 200 205

Glu Arg Ser Val Gly Ser Arg Thr Gln Gly Pro Ser Ala Lys Ala Glu
210 215 220

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

Val Gln His Pro Cys Met Thr Asn Gly Val Ala Met Trp Pro Phe Ser
245 250 255

Cys Ala Pro Pro Val Pro Ala Ser Ala Cys Tyr Gly Pro Gly Ser Ile
260 265 270

Ala Ile Pro Phe Tyr Pro Ala Ala Ala Ala Ala Ala Tyr Trp Gly
275 280 285

Cys Met Val Pro Gly Ala Trp Ser Gly Ala Trp Pro Pro His Ser Gly
290 295 300

Gln Ser Glu Thr Gly Ser Ser Ile Thr Ser Ala Ser Pro Ala Ala Ser
305 310 315 320

Thr Lys Ser Asn Ile Cys Phe Thr Pro Gly Lys His Pro Arg Asp Arg
325 330 335

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

<210> 277
 <211> 1554
 <212> ДНК
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1458507

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 278

<400> 277
 atgtcagatt tggcgataaa gctgtttggc aagacgattc cactgcaagt caatcagcag 60
 gaggatgttt cttgtgctgc taacaagtac gagtcctcct caggaacgcc tcccagagtcc 120
 gaggactggt atgataatac tgctactgca acttcctcac aggaaaacca caactctcat 180
 aaggaacgag gagagcaaga agggaacaac aacagggggc cacaagctct gtatcagtat 240
 ttcactgtta ctttgcattt tgaaacggag acttcaggag aggaaattgc caatgataaa 300
 caagaagatg ttacctcgaa tcagatcaac aaggactcaa aagggtccaac atcatcaggc 360
 attagtgaga acccaaagac tcctcagct gagagggaaa cttcatcact gaaaagcagc 420
 aagaatgaag aacaaagtga gacaagcatc tcgcaagaga agactttgaa gaagcctgac 480
 aaaatacttc catgccctcg atgtaatagc atggacacta aattctgtta ttacaacaat 540
 tacaatgtca atcagcctcg tcatttctgt aaaaactgtc agagatactg gactgctgga 600
 ggaacatga ggaatgtgcc tgtgggagct ggaaggcgca agaataagag ctcttctgct 660
 tcacactatc gtcacttaat ggtatcagaa gctctccgaa cagctcaagt ccatgccatg 720
 aatggatttc ataaccctc tctgggaaac aacggcactg tccttacctt tggttccgat 780
 tctcctcttt gtgaatctgt tgcctctgtg ttgaaccttt cagagaaaac acaaaatagt 840
 gttcgaaacg ggtatcatag acctgaacat agaatccttg tgtcttgtgg agggacagga 900
 ggtgacgggg atgatcactc aagtgtatct tccgccaggg cttcaaattc atcagagaag 960

ggatgcaatg gtacttcgcg agaagcgggtt aacaaggatt atcaatcatt tcctccccag 1020
 gcaccctgct tcccggggcc tccttgcca tatccatgga actctgcat tactccacct 1080
 acgttttgcc cttcaggctt tccagtatcg tttttccctg caccagctta ctgggggttg 1140
 actgttccaa gcccttgaa tgtaccgcca tgtgcatcct ctccatcagc cactctaaac 1200
 cacagtacc aaagctccag tcctactttt ccaactggga aacattcaag ggatggcaac 1260
 atccttaatc cacctgctt agaagagccc tccagggagc gcaccaaatac agaaacgggt 1320
 gttttgggtc caaagacctt gaggattgat gatcctagtg aagctgcaaa gagctctata 1380
 tgggcgacc tcgggatcac gaatgagaaa tccagttcta ttaatggagg aggtctcttc 1440
 aagggtttc agtcaaaaag cgaagacaga aattacatgg caggaacaac ttcagtgttg 1500
 caagcgaacc ctgctgctt ttcccgtct ctcaatttcc atgagaacac ttga 1554

<210> 278
 <211> 517
 <212> белок
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (158)..(220)
 <223> Название Pfam: zf-Dof
 Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1458507

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 885,6 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 278
 Met Ser Asp Leu Ala Ile Lys Leu Phe Gly Lys Thr Ile Pro Leu Gln
 1 5 10 15
 Val Asn Gln Gln Glu Asp Val Ser Cys Ala Ala Asn Lys Tyr Glu Ser
 20 25 30
 Ser Ser Gly Thr Pro Pro Glu Ser Glu Asp Cys Tyr Asp Asn Thr Ala
 35 40 45
 Thr Ala Thr Ser Ser Gln Glu Asn His Asn Ser His Lys Glu Arg Gly
 50 55 60
 Glu Gln Glu Gly Asn Asn Asn Arg Gly Pro Gln Ala Leu Tyr Gln Tyr
 65 70 75 80
 Phe Thr Val Thr Leu His Phe Glu Thr Glu Thr Ser Gly Glu Glu Ile
 85 90 95

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

Asp Gly Thr Lys Ser Glu Thr Gly Val Leu Val Pro Lys Thr Leu Arg
 435 440 445
 Ile Asp Asp Pro Ser Glu Ala Ala Lys Ser Ser Ile Trp Ala Thr Leu
 450 455 460
 Gly Ile Thr Asn Glu Lys Ser Ser Ser Ile Asn Gly Gly Gly Leu Phe
 465 470 475 480
 Lys Gly Phe Gln Ser Lys Ser Glu Asp Arg Asn Tyr Met Ala Gly Thr
 485 490 495
 Thr Ser Val Leu Gln Ala Asn Pro Ala Ala Phe Ser Arg Ser Leu Asn
 500 505 510
 Phe His Glu Asn Thr
 515

<210> 279

<211> 475

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (118)..(180)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 147780712

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 829,6 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 279

Met Glu Thr Met Leu Pro Leu Leu Val Phe Leu Leu Ser Phe Val Pro
 1 5 10 15

Leu Leu Ile Ala Tyr Glu Lys Ser Ala Asn Lys Leu Ala Phe Val Ala
 20 25 30

Arg Phe Tyr Leu Leu Leu Gln His Lys Met Ala Val Lys Lys His Ser
 35 40 45

Gly Phe Leu Lys His Lys Pro Leu Glu Gly Gln Glu Phe Glu Gly Lys
 50 55 60

Glu Glu Asp Gly Thr Ser Arg Gln Thr Ser Glu Glu Leu Lys Asp Pro
 65 70 75 80

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

Lys Glu Thr Ser Lys Asp Gly Glu Gln Ser Glu Ile Ser Gly Ser Gln
 100 105 110

Glu Lys Thr Leu Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu Pro Cys Pro Arg Cys
 115 120 125

Asn Ser Met Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Tyr Asn Asn Tyr Asn Val Asn
 130 135 140

Gln Pro Arg His Phe Cys Lys Asn Cys Gln Arg Tyr Trp Thr Ala Gly
 145 150 155 160

Gly Thr Met Arg Asn Val Pro Val Gly Ala Gly Arg Arg Lys Asn Lys
 165 170 175

Asn Ser Ser Ala Ser Gln Tyr Arg His Ile Met Val Ser Glu Ala Leu
 180 185 190

Gln Thr Ala Arg Ala Ser Ala Ala Asn Gly Ile His His Pro Ala Leu
 195 200 205

Gly Asn Asn Gly Thr Val Leu Asn Phe Gly Ser Asp Gly Pro Leu Cys
 210 215 220

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

Met Gln Asn Gly Phe His Lys Ser Glu Gln Arg Ile Pro Ala Ser Cys
 245 250 255

Gly Gly Gly Glu Asn Gly Asp Asp His Ser Ser Ile Thr Leu Thr Asn
 260 265 270

Ser Ala Glu Lys Gly Asn Ile Ala Gly Leu Glu Pro Val Val Lys Asn
 275 280 285

Phe Gln Ala Phe Pro Pro His Val Pro Cys Phe Pro Gly Ala Ser Trp
 290 295 300

Ser Tyr Pro Trp Asn Pro Ala Gln Trp Ser Ser Lys Ile Pro Pro Pro
 305 310 315 320

Ala Phe Cys Pro Pro Gly Phe Pro Ile Ser Phe Tyr Pro Ala Pro Ala
 325 330 335

Tyr Trp Gly Cys Thr Val Pro Gly Ser Trp Asn Ile Pro Cys Ile Pro
 340 345 350

Pro Thr Ser Ser Ser Pro Ile His Ser Ala Leu Ala Thr Asn His Asn
 355 360 365

Ser Pro Thr Leu Gly Lys His Ala Arg Asp Gly Glu Val Leu Asn Pro
 370 375 380

Ala Asn Pro Gly Lys Glu Asp His Gln Lys Glu Asn Asn Pro Glu Arg
 385 390 395 400

Gly Val Trp Ile Pro Lys Thr Leu Arg Ile Asp Asp Pro Asn Glu Ala
 405 410 415

Ala Lys Ser Ser Ile Trp Thr Thr Leu Gly Ile Lys Asn Asp Gly Ser
 420 425 430

Asn Gly Gly Ser Leu Leu Lys Ala Phe Gln Ser Lys Gly Asp Glu Lys
 435 440 445

Lys Arg Ile Ala Glu Met Ser Pro Val Leu Gln Ala Asn Pro Ala Ala
450 455 460

Leu Ser Arg Ser Leu Asn Phe His Glu Arg Ala
465 470 475

<210> 280
<211> 1275
<212> ДНК
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8642924

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 281

<400> 280
atgggggagg gcagagcagg agacggcctc atcaagctgt tcggcaagac catccccgtg 60
ccggagacgc ccgccgsggg cgacgctgcc aaggacatcc aacaagcgg cagcagcggc 120
acgactgatc tgaaggggca agagaacacc cttcaggatt ccacaggctc gcctccgcag 180
caggaggttg cggacactga agactcgtcg gctgccaaaga actcctcggc agacaaacag 240
cagggcgagg cggccaacca gaaggagaag ctcaagaagc ctgacaagat cctgccttgc 300
ccccggtgca acagcatgga caccaagttc tgctactata acaactaca catcaaccag 360
ccacgccact tctgcaagaa ctgccagagg tactggactg ctggcggtgc catgcgcaac 420
gtccctgtgg gtgcaggccg gcgcaagagc aagagcgcgt cagctgcttc ccacttcctt 480
cagaggggtca gggccgcttt gcccatggat cccctctgca ctgcagccaa gacgaatggc 540
acggtgctca gcttcggctc agacatgtcc agcttagacc tcacagagca gatgaagcac 600
ctgaaggaga agctcatccc aatagcgggg atcaagaacg gcgatgaacg ttcagttggc 660
tcttgactg aaggacctgc gaaggcagaa gactcaaacc aaaaggagaa tgttacagca 720
gagaaatctg caaaacttgt tcagcatcca tgcataagc ggggtggccat gtggccattt 780
agctgtgcac caccacctgc ctgttacacc ccaggcagca tagcaattcc gttctacca 840
gcacctgctg cctactgggg ctgcatggtt ccaggagctt ggaatgcccc atggccgcct 900
cagtccccgt ccgagacagg ttcgaccctt agcactgctt caccagcatc cacgaagtcc 960
aattgcttca caccagaaa gcgccctaga gactgcaacg aggaaggaga taccaaagga 1020
aatggcaagg tgtgggtgcc aaagacgatc cgaatcgatg acgtggatga ggtggctagg 1080
agttctatct tgtcgctaат cgggatcaat ggcgacaagg caggcaaaga tggcaaaggg 1140
tgcaagcttg caagggtttt tgagcagaaa gaagaggcaa ggacggcaac tcaactcagtc 1200
atcaatggct tgccattctt gcaggggaac ccagctgcgc tctcacggtc attgaccttc 1260
caggagggat cttga 1275

<210> 281
<211> 424
<212> белок
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (93)..(155)
<223> Название Pfam: zf-Dof
Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8642924

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 807,1 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 281
Met Gly Glu Gly Arg Ala Gly Asp Gly Leu Ile Lys Leu Phe Gly Lys
1 5 10 15
Thr Ile Pro Val Pro Glu Thr Pro Ala Ala Gly Asp Ala Ala Lys Asp
20 25 30
Ile Gln Gln Ser Gly Ser Ser Gly Thr Thr Asp Leu Lys Gly Gln Glu
35 40 45
Asn Thr Leu Gln Asp Ser Thr Gly Ser Pro Pro Gln Gln Glu Val Ala
50 55 60
Asp Thr Glu Asp Ser Ser Ala Ala Lys Asn Ser Ser Ala Asp Lys Gln
65 70 75 80
Gln Gly Glu Ala Ala Asn Gln Lys Glu Lys Leu Lys Lys Pro Asp Lys
85 90 95
Ile Leu Pro Cys Pro Arg Cys Asn Ser Met Asp Thr Lys Phe Cys Tyr
100 105 110
Tyr Asn Asn Tyr Asn Ile Asn Gln Pro Arg His Phe Cys Lys Asn Cys
115 120 125
Gln Arg Tyr Trp Thr Ala Gly Gly Ala Met Arg Asn Val Pro Val Gly
130 135 140
Ala Gly Arg Arg Lys Ser Lys Ser Ala Ser Ala Ala Ser His Phe Leu
145 150 155 160
Gln Arg Val Arg Ala Ala Leu Pro Met Asp Pro Leu Cys Thr Ala Ala
165 170 175
Lys Thr Asn Gly Thr Val Leu Ser Phe Gly Ser Asp Met Ser Ser Leu
180 185 190

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

<210> 282

<211> 440

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (101)..(163)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 115451001

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 740,4 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 282

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

Val Pro Gly Ala Trp Asn Ala Pro Trp Pro Pro Gln Ser Gln Ser Gln
 305 310 315 320
 Ser Val Ser Ser Ser Ser Ala Ala Ser Pro Val Ser Thr Met Thr Asn
 325 330 335
 Cys Phe Arg Leu Gly Lys His Pro Arg Asp Gly Asp Glu Glu Leu Asp
 340 345 350
 Ser Lys Gly Asn Gly Lys Val Trp Val Pro Lys Thr Val Arg Ile Asp
 355 360 365
 Asp Val Asp Glu Val Ala Arg Ser Ser Ile Trp Ser Leu Ile Gly Ile
 370 375 380
 Lys Gly Asp Lys Val Gly Ala Asp His Gly Arg Gly Cys Lys Leu Ala
 385 390 395 400
 Lys Val Phe Glu Ser Lys Asp Glu Ala Lys Ala Ser Thr His Thr Ala
 405 410 415
 Ile Ser Ser Leu Pro Phe Met Gln Gly Asn Pro Ala Ala Leu Thr Arg
 420 425 430
 Ser Val Thr Phe Gln Glu Gly Ser
 435 440

<210> 283

<211> 366

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (100)..(162)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 712,8 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 283

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

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

<210> 284

<211> 1965

<212> ДНК

<213> Zea mays

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1573856

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 285

<400> 284

gagcagatat catccgttcg tttgtttgcc cttttttgcc ggcctcctcg tctcttccgg 60
ttccggctac aagtgaagtg agctcggccg tctgttgctt agcgtgctgc ttcggttcgtc 120
gttggtctgc agcagcttgc cgaagagaag aaagcagcag gccgggagct ttctgtttgt 180
ttggatccga gtgagaagaa gatggtggcc gagtgccacg gaggaggagc agcagcagca 240
ggaggggact tcctcatcaa gctcttcggg atgaccatcc ccgtgccgga gtgcggcgac 300
gccaaggata ttcagcagag caagagcaac aggtggaccg agcaggatca ggattcccat 360
ggcctggaga ccgccccgc gcccgcgcac acggacacgg acacggacac ctccgacctg 420
tccccgcagc cggaggtcgt ggacgccgag gacccacgg agacgcaaca gaggccccggc 480
aacggcgacg gcgagggcga tgctgccggc cagagggaga agctgaagaa gcccgacaag 540
gtgctgccgt gcccgcgctg caacagcatg gacaccaagt tctgctactt caacaactac 600
aacgtcaacc agccgcgcca cttctgcaag aactgccagc ggtactggac ggccggcggc 660
gccatgcgca acgtgcccgt gggggccggc cgccgcaaga acaagaacgc cgccgcctcg 720
cacttcttcc agaggggtccg ggcgaccaac gccacggtgc tcagcttcgg gggccatggt 780
ggcgcgcctc ctgctgcccg cttggacctg gacctcgccg agcagctgag ccaccagctg 840
gccccggtca ggagcgccgg cgacgcgggc cgcccttgca gcgaaggatc gagcagcagg 900
gacggcaacg gcagcaggtc ttctgtagac gaagctgcag caaacgcaga cgacgggtca 960
gtgcagcagc acccaggccc agcaagcatg aacagcagcg gggcaaccgt gtggccgccc 1020
tacagctgcg cccagctcc ggcggcgtac tccccccagg gcatcgcgat tccgatctac 1080
ccggccgcac cggcctactg gggctgcatg gttcccggag cttggagcct gccatggccg 1140
gtgcagcacc cgtcgtcgtc gtcgtcgccg tcgcccacca ccaccagtgc tccttcagtc 1200
gtctcgtcat ccggggcagc tgacgactca tcatcccacg cgctgggcaa gcgcccccg 1260
gaccgggagg gtgacgacgg gagaaacggc ggcaacgcca aggtgtgggc gccaagagc 1320
atccgatag acgacgtgga cgaggtggcc aggagctcaa tctggtcctt cgtcgggatc 1380
aaaggcgacc agacgaagca gcaggacgca gcagacgacc acgccggtgg gcacagcaag 1440
cagctcggga cgggtgttcga gcccaagcgc ggcgaggcca ccaagaaggc tatgatgaca 1500
agctcgccgc tccttcacgc gaaccccggt gcgctcacgc gctccgtggc cttccaggag 1560
gggtcttgat tcttcttcaa ggacatccat cagcagcagc aggaatttcc tcatgcaacg 1620
ttccttctca tctgaacttc tgaactgaac atgagctgat cagcctgaca gtacgtactg 1680
aattttgttt ttgtataaat catcatagga ttgtaatatc tatctatatg cttagtggga 1740

aacttagcta gcgtagtgt aagtggactt gtaatatagg cggcacgcag gatgtacata 1800
gaattaatta gctatatggg tttagaaaag accaggagat caataagagg tccttgggtg 1860
tagataaata acattagggg aaggaatgta ttgcttcagg tatttcactc ttcagcaact 1920
tgttgtcaaa gtccattcta taacaaagta ttctatTTTT tgttc 1965

<210> 285
<211> 455
<212> белок
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (110)..(172)
<223> Название Pfam: zf-Dof
Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1573856

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 673,2 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 285
Met Val Ala Glu Cys His Gly Gly Gly Ala Ala Ala Ala Gly Gly Asp
1 5 10 15
Phe Leu Ile Lys Leu Phe Gly Met Thr Ile Pro Val Pro Glu Cys Gly
20 25 30
Asp Ala Lys Asp Ile Gln Gln Ser Lys Ser Asn Arg Trp Thr Glu Gln
35 40 45
Asp Gln Asp Ser His Gly Leu Glu Thr Ala Pro Ala Pro Ala His Thr
50 55 60
Asp Thr Asp Thr Asp Thr Ser Asp Pro Ser Pro Gln Pro Glu Val Val
65 70 75 80
Asp Ala Glu Asp Pro Thr Glu Thr Gln Gln Arg Pro Gly Asn Gly Asp
85 90 95
Gly Glu Gly Asp Ala Ala Gly Gln Arg Glu Lys Leu Lys Lys Pro Asp
100 105 110
Lys Val Leu Pro Cys Pro Arg Cys Asn Ser Met Asp Thr Lys Phe Cys
115 120 125
Tyr Phe Asn Asn Tyr Asn Val Asn Gln Pro Arg His Phe Cys Lys Asn
130 135 140
Cys Gln Arg Tyr Trp Thr Ala Gly Gly Ala Met Arg Asn Val Pro Val
145 150 155 160

Gly Ala Gly Arg Arg Lys Asn Lys Asn Ala Ala Ala Ser His Phe Phe
 165 170 175
 Gln Arg Val Arg Ala Thr Asn Ala Thr Val Leu Ser Phe Gly Gly His
 180 185 190
 Gly Gly Ala Pro Pro Ala Ala Arg Leu Asp Leu Asp Leu Ala Glu Gln
 195 200 205
 Leu Ser His Gln Leu Ala Pro Val Arg Ser Ala Gly Asp Ala Gly Arg
 210 215 220
 Pro Cys Ser Glu Gly Ser Ser Ser Arg Asp Gly Asn Gly Ser Arg Ser
 225 230 235 240
 Ser Val Asp Glu Ala Ala Ala Asn Ala Asp Asp Gly Ser Val Gln Gln
 245 250 255
 His Pro Gly Pro Ala Ser Met Asn Ser Ser Gly Ala Thr Val Trp Pro
 260 265 270
 Pro Tyr Ser Cys Ala Pro Ala Pro Ala Ala Tyr Phe Pro Gln Gly Ile
 275 280 285
 Ala Ile Pro Ile Tyr Pro Ala Ala Pro Ala Tyr Trp Gly Cys Met Val
 290 295 300
 Pro Gly Ala Trp Ser Leu Pro Trp Pro Val Gln His Pro Ser Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Ser Pro Ser Pro Thr Thr Thr Ser Ala Pro Ser Val Val Ser Ser
 325 330 335
 Ser Gly Ala Ala Asp Asp Ser Ser Ser His Ala Leu Gly Lys Arg Pro
 340 345 350
 Arg Asp Arg Glu Gly Asp Asp Gly Arg Asn Gly Gly Asn Ala Lys Val
 355 360 365
 Trp Ala Pro Lys Ser Ile Arg Ile Asp Asp Val Asp Glu Val Ala Arg
 370 375 380
 Ser Ser Ile Trp Ser Leu Val Gly Ile Lys Gly Asp Gln Thr Lys Gln
 385 390 395 400
 Gln Asp Ala Ala Asp Asp His Ala Gly Gly His Ser Lys Gln Leu Gly
 405 410 415
 Thr Val Phe Glu Pro Lys Arg Gly Glu Ala Thr Lys Lys Ala Met Met
 420 425 430
 Thr Ser Ser Pro Leu Leu His Ala Asn Pro Val Ala Leu Thr Arg Ser
 435 440 445
 Val Ala Phe Gln Glu Gly Ser
 450 455

<210> 286

<211> 1521

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1476818

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 287

<400> 286
atgtcggagc caaaagacca ggcatttaag ctgttcggga agactattca agtgccagag 60
atctctgtta ctactgctac caccacagat gatgatgatg acgacgatag tcaagatcaa 120
gaccgtcctt cttgtgcaaa ctcttctctt gatgagacca atattactga cgattataat 180
aacaatgata aaagagatca tggagaagaa gatacagaaa ctgatgataa ggattcgggtg 240
ggtaaaacaa caattgagaa ccaggaagat ggagcttcac ctgtagctgc caaagagtct 300
tcaaacttag atgcaacttc agggacaagt gaaaacccta aaacaccttc cgttgagaaa 360
gagagcacgg cgttgaaaac ttcaaacact gaagaagaac agagtgatac aagtaattca 420
caagagaaaa ccctgaagaa accagacaag atcattccat gccccgctg taatagcatg 480
gacacaaagt tttgttacta caacaattac aacgtgaacc aaccccgaca cttctgcaag 540
aattgtcaga gatattggac agctggcggg accatgagga atgtgcctgt ggggtgctggg 600
cgtcgcaaaa acaagaactc agcttctcat taccgtcaca taaccattcc tgaagctctt 660
cagaatggtc gagctgatgt tccaaatgga gtccaccatc cttcactgaa aactaatgga 720
acagtgctaa cctttgggtc tgatgcacct cttcatgaat caatggcttc ggtattgaat 780
cttgctgata aaacaatgcg gaactgcaca atgaatgggt ttcataaacc tgaagcatta 840
aggggccag tttcttatgg aggtggtgaa aacggtgatg accattctaa tggatcttct 900
gtcactgtgt caaattcaag cgatgaagct ggcaaaagtg tgtcaaaaga atcagctatg 960
cagaattatc agggctaccc ccctcagata ccatgttttc ctggagttcc ctggccttac 1020
ccttgaatt cagctcaatg gagctcccca gtacccccac ctgccttttg cccttccagt 1080
tttctatgc cattctatcc tgcagcagct tattgggggt gtactgtacc aggtgcttgg 1140
aatgtccctt ggcttctca accatcttct ccaaaacaaa cctcctcgag ctctgacct 1200
aactctcaa ccctagggaa acattcaaga gatgaaaact tgctcaaacc tagcaactcc 1260
aaagaagagc tgggtgaacac tgaagatgc ctttgattc cgaaaacgct gaggattgat 1320
gaccaggag aagccgcaaa aagctctata tggacaacac ttgggattaa gaatgataag 1380
cctggctcat ttgggtggccg aggactcttt aaggcctttg attcaaagggt tgagaagaat 1440
cgcgagccg aaacctctcc agtcttgac gctaactctg cagcattgtc tagatctctc 1500
aaatttcagg agagctcata a 1521

<210> 287
<211> 506
<212> белок

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

<210> 288

<211> 1512

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1450024

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 289

<400> 288

```
atgtttggagc caaaagaccs ggctattaag ctgtttggga agactattca agtgacagag 60
atctcttcta ctaccactac agataatgat gatagtcaag atcaagaccg tccatcttgt 120
gcaagctctt ctctttatga cgccgattct gataataata agagatatca tggagaagaa 180
gatatagaag ctgatgataa ggactcggtg gaaaaaagcc tgactgagaa acaggaagat 240
ggagtttcac ccgtggctac tgaagagcct tcaaattccag atgcaacctc agggacaagt 300
gaaaacccta aaacaccttc cattgagaag gagagtgaag gattgcaaac ttcaaggaca 360
gaagaagaag atagtgatac aagtaattcg ccagaaaaga ccctgaaaaa acctgataag 420
atccttccat gccccgctg taatagcatg gacaccaagt tctgttacta caacaattac 480
aacgtgaacc aaccccgaca cttctgcaag aattgtcaga gatattggac agctggggga 540
accatgagga atgtgcctgt gggtgctggt cgtcgcaaaa acaagaactc agcttctcat 600
tatcgtcaca taaccattcc tgaagctctt cagaatgttc gagctgatgt tccaaatgga 660
gtctaccatc cttcaatgaa aactaatgga acagtgctaa cctttggctc tgacacacct 720
cttcatgaat caatggcttc tgtattgaac cttgcagata aaacaacgcg gaattgcaca 780
agaaacgggt ctcataaacc tgatgcagtg aggattccag tttcttatgg aagtggagaa 840
aacggtgatg accattctaa tggatcttca gtcacagtgt caaattcaat tgatgaggca 900
ggcaaaagca tgtcgaaaga atcagctatg cagaattgtc agggctttcc ccctgagata 960
ccatgttttc ctggagttcc ctggccttac ccttgggaatt cagctcaatg gagctcccca 1020
ttacccccac ctgccttttg ccctcccggt tttcctatgc cattctatcc tgcagcagca 1080
tactgggggt gcaccgtacc aggtgcttgg aatatccctt ggcttcctca gccatcttct 1140
ccaagcaaa cctcctcgag ctctggccca aactctccaa ccctagggaa acattcaagg 1200
gatgaaaaca tgctcaaate tagcaactct gaagaagggg agtcggcaaa agaaaataac 1260
actgaaagat gcctttggat cccaaaaacg ctcaggattg ttgaccagag tgaagctgca 1320
aaaagctcta tatggacgac tctggggatt aagaatgata agcctgactt gattgggtggg 1380
cgaggactgt ttaaggcgtt tgattcaaag gtcgaaaaga atcatgaagc cgaaacctct 1440
ccagtcttac aagctaatec tgcagcattg tctagatcac tcaaatttca ggagagctcg 1500
tattttgggt ag 1512
```

<210> 289

<211> 503

<212> белок

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

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

<210> 290

<211> 1362

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1503065

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 291

<400> 290
 atgttgagc caaaagacc ggctattaag ctgtttggga agactattca agactcgggtg 60
 gaaaaagcc tgactgagaa acaggaagat ggagtttcac ccgtggctac tgaagagcct 120
 tcaaaccag atgcaacctc agggacaagt gaaaacccta aaacaccttc cattgagaag 180
 gagagtgaag gattgcaaac ttcaaggaca gaagaagaag atagtgatac aagtaattcg 240
 ccagaaaaga ccctgaaaaa acctgataag atccttccat gcccccgctg taatagcatg 300
 gacaccaagt tctgttacta caacaattac aacgtgaacc aacccccgaca cttctgcaag 360
 aattgtcaga gatattggac agctggggga accatgagga atgtgcctgt ggggtgctggt 420
 cgtcgcaaaa acaagaactc agcttctcat tatcgtcaca taaccattcc tgaagctctt 480
 cagaatgttc gagctgatgt tccaaatgga gtctaccatc cttcaatgaa aactaatgga 540
 acagtgctaa cttttggctc tgacacacct cttcatgaat caatggcttc tgtattgaac 600
 cttgcagata aaacaacgcg gaattgcaca agaaacgggt ctcataaacc tgatgcagtg 660
 aggattccag tttcttatgg aagtggagaa aacggtgatg accattctaa tggatcttca 720
 gtcacagtgt caaattcaat tgatgaggca ggcaaaagca tgtcgaaaga atcagctatg 780
 cagaattgtc agggctttcc ccctgagata ccatgttttc ctggagttcc ctggccttac 840
 ccttgaatt cagctcaatg gagctcccca ttacccccac ctgccttttg ccctcccgggt 900
 tttcctatgc cattctatcc tgcagcagca tactgggggt gcaccgtacc aggtgcttgg 960
 aatatccctt ggcttctca gccatcttct cccaagcaaa cctcctcgag ctctggccca 1020
 aactctcaa ccctagggaa acattcaagg gatgaaaaca tgetcaaate tagcaactct 1080
 gaagaagggg agtcggcaaa agaaaataac actgaaagat gcctttggat cccaaaaacg 1140
 ctcaggattg ttgaccagg tgaagctgca aaaagctcta tatggacgac tctggggatt 1200
 aagaatgata agcctgactt gattggtggg cgaggactgt ttaaggcggt tgattcaaag 1260
 gtcgaaaaga atcatgaagc cgaaacctct ccagtcttac aagctaatcc tgcagcattg 1320
 tctagatcac tcaaatttca ggagagctcg tattttgggt ag 1362

<210> 291
 <211> 453
 <212> белок
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (87)..(149)
 <223> Название Pfam: zf-Dof
 Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1503065

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 644,5 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 291

Met Leu Glu Pro Lys Asp Pro Ala Ile Lys Leu Phe Gly Lys Thr Ile
1 5 10 15

Gln Asp Ser Val Glu Lys Ser Leu Thr Glu Lys Gln Glu Asp Gly Val
20 25 30

Ser Pro Val Ala Thr Glu Glu Pro Ser Asn Pro Asp Ala Thr Ser Gly
35 40 45

Thr Ser Glu Asn Pro Lys Thr Pro Ser Ile Glu Lys Glu Ser Glu Gly
50 55 60

Leu Gln Thr Ser Arg Thr Glu Glu Glu Asp Ser Asp Thr Ser Asn Ser
65 70 75 80

Pro Glu Lys Thr Leu Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu Pro Cys Pro Arg
85 90 95

Cys Asn Ser Met Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Tyr Asn Asn Tyr Asn Val
100 105 110

Asn Gln Pro Arg His Phe Cys Lys Asn Cys Gln Arg Tyr Trp Thr Ala
115 120 125

Gly Gly Thr Met Arg Asn Val Pro Val Gly Ala Gly Arg Arg Lys Asn
130 135 140

Lys Asn Ser Ala Ser His Tyr Arg His Ile Thr Ile Pro Glu Ala Leu
145 150 155 160

Gln Asn Val Arg Ala Asp Val Pro Asn Gly Val Tyr His Pro Ser Met
165 170 175

Lys Thr Asn Gly Thr Val Leu Thr Phe Gly Ser Asp Thr Pro Leu His
180 185 190

Glu Ser Met Ala Ser Val Leu Asn Leu Ala Asp Lys Thr Thr Arg Asn
195 200 205

Cys Thr Arg Asn Gly Ser His Lys Pro Asp Ala Val Arg Ile Pro Val
210 215 220

Ser Tyr Gly Ser Gly Glu Asn Gly Asp Asp His Ser Asn Gly Ser Ser
225 230 235 240

Val Thr Val Ser Asn Ser Ile Asp Glu Ala Gly Lys Ser Met Ser Lys
245 250 255

Glu Ser Ala Met Gln Asn Cys Gln Gly Phe Pro Pro Glu Ile Pro Cys
260 265 270

Phe Pro Gly Val Pro Trp Pro Tyr Pro Trp Asn Ser Ala Gln Trp Ser
275 280 285

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

<210> 292

<211> 473

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (116)..(178)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 147866358

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 590,0 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (423)..(423)

<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<400> 292

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

Val Thr Ala Pro Trp Asn Ile Pro Trp Leu Ser Pro Pro Ser Ser Ser
 340 345 350
 Ala Asn Gln Lys Thr Pro Asn Ser Arg Gln Asn Ser Pro Thr Leu Gly
 355 360 365
 Lys His Ser Arg Glu Gly Asp Ile Leu Lys Pro Ser Ile Val Glu Asp
 370 375 380
 Glu Glu Thr Pro Lys Gln Arg Ser Ser Glu Arg Cys Leu Trp Val Pro
 385 390 395 400
 Lys Thr Leu Arg Ile Asp Asp Pro Ala Glu Ala Ala Lys Ser Ser Ile
 405 410 415
 Trp Thr Thr Leu Gly Ile Xaa Asn Asp Lys Val Asp Ser Val Ser Gly
 420 425 430
 Gly Gly Leu Phe Asn Ala Phe His Leu Lys Gly Asp Asp Lys Asn His
 435 440 445
 Ala Met Asp Thr Ser Ala Val Leu Arg Ala Asn Pro Ala Ala Leu Ser
 450 455 460
 Arg Ser Leu Asn Phe Gln Glu Ser Ser
 465 470

<210> 293
 <211> 2046
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 230073

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 294

<400> 293
 gcgtcgccaa ctccacttgt cagatcttgc ccgatggta tggagctcgc cggagcagcc 60
 tcccctcacc cgccgccgga atcccacgtg gcgccgcccc gcccacctcc gcagccgccg 120
 gaagaggatt tatgtgaaga tagaggggac atgagagtca ccggcgaaaa gccatgcaca 180
 catcgggaat cagatgttgg tcagacaaat agttgtagcc ttaacaattc cagtgagtgt 240
 gagaatcata caccagcaa cgacgaaata tcggaaccag agtccaattt ggagatggcc 300
 aagactgatc agggcggcga tgtgccgagc ggagagaagg tcctgaagaa gccagacaag 360
 atcctgccgt gccctcgctg caacagcatg gacacgaagt tctgtacta caacaactac 420
 aacatcaagc agccaaggca tttctgcaag agctgtcaga ggtactggac cgcaggcgga 480
 agcatgagaa acatccccgt tgggtgctggg aggcgcaaga gcaagagctc cagcgcgagt 540
 tgccgcagcg tgttgattcc cgttccaggc agcagtagtg tagctaattc tggcggagag 600
 gcttcctgt ttccgttgtc cgtaaaagca aaccaagcag cagttagctt cgggcctgat 660

tccccctct gcacctccat ggcctccgtg ctgaagatcg gaggaggagg agagcagggt	720
aagagctgca gccctgcctc agcagcagca cagcccagga acggagaaaac ccagacccag	780
acgtgcgcac cttcttctgc tgctacaaca ccatcagatg gtccagggaa tggattgcag	840
aaaggagcag agagcgcaca ccaaaaccaa aaccaaacc aaaacggaat cattggggcac	900
agcaacggag tcaactccagt gcatcctata ccgttcttcc ccggaccgcc tttcgtgtac	960
ccctggagtc cagcatggaa cggcattccc gccatggcag cggcggtgtg cgcagcccca	1020
gcgacagccg aagcagcgat ttcacacaga cacggcaccg cgagcagcac cgtccagtgg	1080
aacgtgccac cagcgatcgt gcccggtgtg ccaccgggat tctgcggccc gatcccagtc	1140
ccggtaatcc cgccgccttc cgtctggcca ctgatcactc cctggcccaa cgcagcatgg	1200
agcgcgcegt ggctcgggcc tagcgctagc gtgccgcggg ggtcatctcg gagcagcggc	1260
agcagcacgt gtcgacag cggctgcggc tccggctccc ccgtcctggg aaagcactcg	1320
agggagtcca ggccgcaggg cgacgagaag gcggaacgac ggtgcctgtg gatccccaag	1380
acgctccgga tcgacgacc tgtcgaggcc gccaaagact cgatctggac gacgctcggg	1440
atcgagcctg gcgaccgggg catgttcagg ccgttccagt cgaagcatgg acggcagcag	1500
gagctgcaag cgtccggcgc cgctcgcgcc ctgcaggcca acccggcggc tctgtcgcgc	1560
tcgcagtctt ttcaggagac gacgtgatta ctacactaca gaccagagcg ttgctgaaac	1620
ctgtgtggca ttactattca gagacgattg tatttcaact tcaagggggg aaatgagaga	1680
gagagcgcga gagagagatt ggcctgtttg gttcactacc tcagttgcca cactttgcct	1740
aacttttctg actaaggtta gttattcaat tcgaacgact aacattaggc aaagtgtggc	1800
atatttagtc ataaaccaa catgccatat atgttctgta caatatgatt ggcaacatag	1860
gtgctgctgc tgtacaaggc agcggacacc gttactgtaa ctgtaacat tggaagagtg	1920
catcctcaaa cagtgtgttg tttccatgta gagcgtgccc ccaacatggt gggttggagg	1980
tgatcagggt tccagcgcgt gcgtgcttgg ttgtacaaga ataactgtca atagcttccc	2040
ttcgcc	2046

<210> 294
 <211> 515
 <212> белок
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (104)..(166)
 <223> Название Pfam: zf-Dof
 Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 230073

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 577,1 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 294

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

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

<210> 295

<211> 317

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (51)..(113)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 575,4 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 295

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

<210> 296
<211> 317
<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (51)..(113)
<223> Название Pfam: zf-Dof
Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 572,5 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 296
Met Asn Asn Gln Ser Val Thr Asp Asn Thr Ser Leu Lys Leu Ser Ser
1 5 10 15
Asn Leu Asn Asn Glu Ser Lys Glu Thr Ser Glu Asn Ser Asp Asp Gln
20 25 30
His Ser Glu Ile Thr Thr Ile Thr Ser Glu Glu Glu Lys Thr Thr Glu
35 40 45
Leu Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu Pro Cys Pro Arg Cys Asn Ser Ala
50 55 60
Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Tyr Asn Asn Tyr Asn Val Asn Gln Pro Arg
65 70 75 80
His Phe Cys Arg Lys Cys Gln Arg Tyr Trp Thr Ala Gly Gly Ser Met
85 90 95
Arg Ile Val Pro Val Gly Ser Gly Arg Arg Lys Asn Lys Gly Trp Val
100 105 110
Ser Ser Asp Gln Tyr Leu His Ile Thr Ser Glu Asp Thr Asp Asn Tyr
115 120 125
Asn Ser Ser Ser Thr Lys Ile Leu Ser Phe Glu Ser Ser Asp Ser Leu
130 135 140
Val Thr Glu Arg Pro Lys His Gln Ser Asn Glu Val Lys Ile Asn Ala
145 150 155 160
Glu Pro Val Ser Gln Glu Pro Asn Asn Phe Gln Gly Leu Leu Pro Pro
165 170 175
Gln Ala Ser Pro Val Ser Pro Pro Trp Pro Tyr Gln Tyr Pro Pro Asn
180 185 190
Pro Ser Phe Tyr His Met Pro Val Tyr Trp Gly Cys Ala Ile Pro Val
195 200 205
Trp Ser Thr Leu Asp Thr Ser Thr Cys Leu Gly Lys Arg Thr Arg Asp
210 215 220

Glu Thr Ser His Glu Thr Val Lys Glu Ser Lys Asn Ala Phe Glu Arg
 225 230 235 240
 Thr Ser Met Leu Leu Glu Ser Gln Ser Ile Lys Asn Glu Thr Ser Met
 245 250 255
 Ala Thr Asn Asn His Val Trp Tyr Pro Val Pro Met Thr Arg Glu Lys
 260 265 270
 Thr Gln Glu Phe Ser Phe Phe Ser Asn Gly Ala Glu Thr Lys Ser Ser
 275 280 285
 Asn Asn Arg Phe Val Pro Glu Thr Tyr Leu Asn Leu Gln Ala Asn Pro
 290 295 300
 Ala Ala Met Ala Arg Ser Met Asn Phe Arg Glu Ser Ile
 305 310 315

<210> 297
 <211> 437
 <212> белок
 <213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (90)..(152)
 <223> Название Pfam: zf-Dof
 Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 78708599

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 570,1 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 297
 Met Gly Glu Cys Arg Gly Gly Gly Gly Gly Gly Asp Gly Leu Ile Lys
 1 5 10 15
 Leu Phe Gly Lys Thr Ile Pro Val Gln Pro Asp Ala Lys Asp Val Gln
 20 25 30
 Gln His Ser Gly Ser Ser Ser Ser Ser Thr Glu Ser Asp Val Gln Glu
 35 40 45
 Thr Ala Ala Val Ala Val Ala Asp Pro Ser Pro Arg Ser Glu Val Val
 50 55 60
 Asp Gly Glu Ser Pro Pro Gln Pro Gly Gly Glu Ala Ala Ser His Gln
 65 70 75 80
 Gln Gln Gln Lys Glu Met Lys Leu Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu Pro
 85 90 95
 Cys Pro Arg Cys Ser Ser Met Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Phe Asn Asn
 100 105 110

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

<210> 298
<211> 486
<212> белок
<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (139)..(201)
<223> Название Pfam: zf-Dof
Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 15451553

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 566,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 298
Met Gly Gly Gly Gly Lys Cys Lys Arg Gly Lys Arg Gly Lys Ile Ala
1 5 10 15
Ala Lys Arg Arg Arg Gly Gln Cys Cys Ser Ser Ser Ser Ser Ser Gly
20 25 30
Gly Ala Arg Arg Arg Ala Arg Glu Arg Glu Ser Glu Glu Ser Leu Gly
35 40 45
Glu Met Gly Glu Cys Arg Gly Gly Gly Gly Gly Gly Asp Gly Leu Ile
50 55 60
Lys Leu Phe Gly Lys Thr Ile Pro Val Gln Pro Asp Ala Lys Asp Val
65 70 75 80
Gln Gln His Ser Gly Ser Ser Ser Ser Ser Thr Glu Ser Asp Val Gln
85 90 95
Glu Thr Ala Ala Val Ala Val Ala Asp Pro Ser Pro Arg Ser Glu Val
100 105 110
Val Asp Gly Glu Ser Pro Pro Gln Pro Gly Gly Glu Ala Ala Ser His
115 120 125
Gln Gln Gln Gln Lys Glu Met Lys Leu Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu
130 135 140
Pro Cys Pro Arg Cys Ser Ser Met Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Phe Asn
145 150 155 160
Asn Tyr Asn Val Asn Gln Pro Arg His Phe Cys Lys His Cys Gln Arg
165 170 175
Tyr Trp Thr Ala Gly Gly Ala Met Arg Asn Val Pro Val Gly Ala Gly
180 185 190
Arg Arg Lys Asn Lys Asn Ala Thr Ala Ala Ala His Phe Leu His Arg
195 200 205

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

<210> 299

<211> 338

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *indica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (101)..(163)

Val Trp Val Pro Lys Thr Val Arg Ile Asp Asp Val Asp Glu Val Ala
260 265 270

Arg Ser Ser Ile Trp Ser Leu Ile Gly Ile Lys Gly Asp Lys Val Gly
275 280 285

Ala Asp His Gly Arg Gly Cys Lys Leu Ala Lys Val Phe Glu Ser Lys
290 295 300

Asp Glu Ala Lys Thr Ser Thr His Thr Ala Ile Ser Ser Leu Pro Phe
305 310 315 320

Met Gln Gly Asn Pro Ala Ala Leu Thr Arg Ser Val Thr Phe Gln Glu
325 330 335

Gly Ser

<210> 300

<211> 367

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (109)..(171)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157342426

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 441,6 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 300

Met Gln Glu Pro Lys Asp Pro Ala Phe Lys Leu Phe Gly Lys Thr Ile
1 5 10 15

Pro Met Leu Ala Asp Gly Asp Ala Pro Val Ser Ser Gly Asp Val Gly
20 25 30

Asp Ser Gly Ala Ala Val Ala Arg Glu Asp Gly Leu Glu Glu Glu Thr
35 40 45

Glu Lys Asp Ala Leu Gly Gly Lys Pro Ala Glu Thr Lys Gly Glu Asp
50 55 60

Gly Ser Glu Glu Ser Arg Asn Ser Glu Thr Val Ala Glu Ser Asn Glu
65 70 75 80

Asn Pro Lys Thr Pro Ser Ile Ala Glu Glu Asn Ala Glu Lys Gly Gln
85 90 95

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

<210> 301

<211> 1802

<212> ДНК

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 538622

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 302

<400> 301

aaagacaaaa	aagcattccc	aattaacaaa	tctagaaatc	aaaactcaga	caaccaccga	60
taacaagaca	gtcgtttctc	tctctctttt	aaacaaataa	aaattggaac	ttttttcctc	120
tgtcttctca	aaaagtttcc	gctttttgct	cgctggagaa	gaaagaaaga	aagaagtgaa	180
aaggaatcat	taccatggct	gatccggcga	ttaagctctt	tggaaagacg	attcctttac	240
ctgagcttgg	tgttggtgat	tcttcttcta	gctataccgg	atttttaacc	gaaactcaga	300
ttcctgttcg	gttatcagat	tcgtgtaccg	gcgatgatga	tgatgaagag	atgggtgatt	360
ccggtttagg	acgagaagaa	ggtgatgatg	ttggtgatgg	tggaggagag	agcgagactg	420
ataaaaagga	agaaaaagat	agtgagtgtc	aggaagagtc	attgaggaat	gaatctaatz	480
atgttactac	tactacatcg	ggtataactg	aaaaaacgga	aacaacaaaa	gctgcaaaga	540
cgaatgaaga	gtcaggtggg	actgcttgct	ctcaagaggg	gaagttaaag	aaacctgata	600
agattctacc	gtgtccgcga	tgtaacagca	tggaaaccaa	gttctgttac	tacaacaact	660
ataatgttaa	ccaacctcgc	catttctgca	agaaatgtca	gagatattgg	acagctgggtg	720
gaacgatgag	gaatgttccg	gttggtgctg	ggagacgtaa	gaataagagt	ccagcttctc	780
attataaccg	tcatgtaagt	ataacatctg	cggaagctat	gcagaagggtg	gcgagaactg	840
atcttcaaca	tcctaatzgt	gcaaactctc	tcacttttgg	ctctgattct	gtgctttgtg	900
aatctatzgc	ttctggattg	aatcttggtg	agaagtcatt	gttgaagaca	caaactgtat	960
tgcaagaacc	caatgaaggc	ttgaagatta	cggttccggt	aaaccagaca	aacgaagaag	1020
ctggaacagt	cagcccgtta	ccaaaagttc	catgctttcc	aggaccacca	ccaacttggc	1080
cttacgcttg	gaacggagtt	tcgtggacga	ttttaccggt	ttaccctcca	ccggcttact	1140
ggagctgccc	gggggtttca	ccgggggcat	ggaacagctt	cacatzgatg	ccacaacca	1200
attcaccatc	tggttccaat	ccaaattctc	ctacactagg	taaacattca	cgtgacgaga	1260
acgctgctga	accaggaacc	gcttttgatg	aaaccgagtc	acttggtagg	gagaaaagca	1320
aacccgagag	atzcttggtg	gttcccaaga	cgctgaggat	tgatzgatcca	gaggaagctg	1380
ctaaaagttc	catctgggaa	acattagggg	tcaaaaaaga	cgaaaatzgcg	gatactttctg	1440
gagctttcag	atzcatcaacc	aaagaaaaaa	gcagtcctttc	tgaaggaaga	cttccgggaa	1500
gaagaccgga	gttgcaagcg	aatcctgctg	ctctttctag	gtcagcaaac	ttccatzgaga	1560
gctcatagaa	agaagaagaa	tctaagcagc	tgatttgatt	gtttttgggt	tcagtccttgt	1620
gttccaagaa	agcaggtgag	tccttttgta	catatzagcta	tatzatacaca	cacatzgtttg	1680
tgtatzatata	tataatzggtt	gacatzagtga	gggataagta	gtttttggatz	tgcagatzgta	1740
aagtttggtg	tatzcataaat	gaaaaaacct	caaaactgta	gttaaataaaa	tgtatzcttgc	1800
at						1802

<210> 302
<211> 457
<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (133)..(195)
<223> Название Pfam: zf-Dof
Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 538622

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 432,8 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 302
Met Ala Asp Pro Ala Ile Lys Leu Phe Gly Lys Thr Ile Pro Leu Pro
1 5 10 15
Glu Leu Gly Val Val Asp Ser Ser Ser Ser Tyr Thr Gly Phe Leu Thr
20 25 30
Glu Thr Gln Ile Pro Val Arg Leu Ser Asp Ser Cys Thr Gly Asp Asp
35 40 45
Asp Asp Glu Glu Met Gly Asp Ser Gly Leu Gly Arg Glu Glu Gly Asp
50 55 60
Asp Val Gly Asp Gly Gly Gly Glu Ser Glu Thr Asp Lys Lys Glu Glu
65 70 75 80
Lys Asp Ser Glu Cys Gln Glu Glu Ser Leu Arg Asn Glu Ser Asn Asp
85 90 95
Val Thr Thr Thr Thr Ser Gly Ile Thr Glu Lys Thr Glu Thr Thr Lys
100 105 110
Ala Ala Lys Thr Asn Glu Glu Ser Gly Gly Thr Ala Cys Ser Gln Glu
115 120 125
Gly Lys Leu Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu Pro Cys Pro Arg Cys Asn
130 135 140
Ser Met Glu Thr Lys Phe Cys Tyr Tyr Asn Asn Tyr Asn Val Asn Gln
145 150 155 160
Pro Arg His Phe Cys Lys Lys Cys Gln Arg Tyr Trp Thr Ala Gly Gly
165 170 175
Thr Met Arg Asn Val Pro Val Gly Ala Gly Arg Arg Lys Asn Lys Ser
180 185 190
Pro Ala Ser His Tyr Asn Arg His Val Ser Ile Thr Ser Ala Glu Ala
195 200 205

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

<210> 303

<211> 1479

<212> ДНК

<213> Solanum lycopersicum

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8460661

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 304

<400> 303

atgacttgtg attcagagat caagctgttt ggcaagatac tcccgggtggt cgtctccggc 60
gttggtaggg gtttgtctgg tagtgatggt gttatatatg atggaaatag aatgggtct 120
gatcttgatc gatgtttaga gggaaagtaa gcaagcagtg tagagaagga tgaaggaagt 180
gagtatgaaa agcaagaagc tgaaaaggat aatataactg gagagctcag tgaagctaaa 240
tctgaggagg gagacaaaa tcagatgata gaagaatcag aaaatcctaa gactccatca 300
gaatcagaga gcagtcctaa atcttcaact gaggaagacc ctcaagcagt aaaatcatcc 360
aagactgaga atgaaccgac taatgtgaca aattccgagc agaacaatct gaagaagcca 420
gacaaaatcc tcccatgccc tcgttgcaat agtttgata caaaattctg ttactataat 480
aacaacaatg tcaaccagcc tcgtcatttc tgcaggagct gccagaggta ttggactgcc 540
ggtggtacca tgaggaatct ccctgtggga gctggtcgtc gcaagaacaa gaatcttgca 600
tctcaatatc gtaatataag tatccctgaa ggattactag cagcaggaat tgaatctcca 660
aatgggttaa ttcacatcc attattcaaa ccaaatggca ctattctatc gtttgggtccc 720
gacttacccc tgtgtgaacc tatggcttct gcattaaatc aagcagagaa aagggtatca 780
actggtattc aaaacggttc tcataaatca gaagtcaaga attcttcttg caaagggtgga 840
gattctgggg atgagtgctg tagagggatt aacatccga ctccaaatat gatgggtgga 900
gaaggtaaag gagagccca caaggctggt atgcatagta taaatggcat cccgtctcct 960
gttccgtgcc tccatggagt accttggcct tttccatgga atgctgcagt tcctgtgtcg 1020
gctatttgcc ccattccctt ccctatgcca ttcttccta caccttattg gaattgcagt 1080
gtgcctcctt ggagtaatcc ttggttgagt ccacctctgc gagctgcaaa cgagaaaaca 1140
tcaggttctg atcctacttc ttctttaggg aaacattcaa gagaggggga tttgcttaag 1200
ccaagcaatc ctgggggcaa agaacaatca gaacaaaagt attcagaggg gtctattttg 1260
gtcccaaaaa cattgcggat tgatgatcct gatgaagctg ctaagagttc tatatggtca 1320
aacttggga ttaaatatga ttctactaac aggggagagt ttttcaaggc cttgcaacca 1380
aaaagcaatg acaagcaca caaagccaat acatttccag tattgcatac taaccctgca 1440
gccttatcta gatctatcac cttccaaca ggtgcctaa 1479

<210> 304

<211> 492

<212> белок

<213> *Solanum lycopersicum*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (139)..(201)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8460661

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 432,2 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 304

Met Thr Cys Asp Ser Glu Ile Lys Leu Phe Gly Lys Ile Leu Pro Val
1 5 10 15

Val Val Ser Gly Val Gly Arg Gly Leu Ser Gly Ser Asp Gly Val Ile
20 25 30

Tyr Asp Gly Asn Arg Asn Gly Ser Asp Leu Asp Arg Cys Leu Glu Gly
35 40 45

Ser Lys Ala Ser Ser Val Glu Lys Asp Glu Gly Ser Glu Tyr Glu Lys
50 55 60

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

Ser Glu Glu Gly Asp Gln Asn Gln Met Ile Glu Glu Ser Glu Asn Pro
85 90 95

Lys Thr Pro Ser Glu Ser Glu Ser Ser Pro Lys Ser Ser Thr Glu Glu
100 105 110

Asp Pro Gln Ala Val Lys Ser Ser Lys Thr Glu Asn Glu Pro Thr Asn
115 120 125

Val Thr Asn Ser Glu Gln Asn Asn Leu Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu
130 135 140

Pro Cys Pro Arg Cys Asn Ser Leu Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Tyr Asn
145 150 155 160

Asn Asn Asn Val Asn Gln Pro Arg His Phe Cys Arg Ser Cys Gln Arg
165 170 175

Tyr Trp Thr Ala Gly Gly Thr Met Arg Asn Leu Pro Val Gly Ala Gly
180 185 190

Arg Arg Lys Asn Lys Asn Leu Ala Ser Gln Tyr Arg Asn Ile Ser Ile
195 200 205

Pro Glu Gly Leu Leu Ala Ala Gly Ile Glu Ser Pro Asn Gly Leu Ile
210 215 220

His His Pro Leu Phe Lys Pro Asn Gly Thr Ile Leu Ser Phe Gly Pro
225 230 235 240

Asp Leu Pro Leu Cys Glu Pro Met Ala Ser Ala Leu Asn Gln Ala Glu
245 250 255

Lys Arg Val Ser Thr Gly Ile Gln Asn Gly Ser His Lys Ser Glu Val
260 265 270

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

<210> 305

<211> 457

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (133)..(195)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 15983797

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 432,1 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 305

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

Val Ser Pro Gly Ala Trp Asn Ser Phe Thr Trp Met Pro Gln Pro Asn
 325 330 335
 Ser Pro Ser Gly Ser Asn Pro Asn Ser Pro Thr Leu Gly Lys His Ser
 340 345 350
 Arg Asp Glu Asn Ala Ala Glu Pro Gly Thr Ala Phe Asp Glu Thr Glu
 355 360 365
 Ser Leu Gly Arg Glu Lys Ser Lys Pro Glu Arg Cys Leu Trp Val Pro
 370 375 380
 Lys Thr Leu Arg Ile Asp Asp Pro Glu Glu Ala Ala Lys Ser Ser Ile
 385 390 395 400
 Trp Glu Thr Leu Gly Ile Lys Lys Asp Glu Asn Ala Asp Thr Phe Gly
 405 410 415
 Ala Phe Arg Ser Ser Thr Lys Glu Lys Ser Ser Leu Ser Glu Gly Arg
 420 425 430
 Leu Pro Gly Arg Arg Pro Glu Leu Gln Ala Asn Pro Ala Ala Leu Ser
 435 440 445
 Arg Ser Ala Asn Phe His Glu Ser Ser
 450 455

<210> 306
 <211> 551
 <212> белок
 <213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (163)..(225)
 <223> Название Pfam: zf-Dof
 Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 115435804

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 428,4 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 306
 Met Cys Asp Lys Asp Pro Gly Ile Lys Leu Phe Gly Arg Val Ile Pro
 1 5 10 15
 Leu Ala Pro Glu Ala Glu Ala Ala Ala Ala Asp Gly Ser Asp Gln
 20 25 30
 Pro Glu Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Glu Val Glu Pro Ala Ala Gln
 35 40 45
 Asp Glu Asp His His Lys Glu Thr Glu Glu Arg Lys Tyr Asp Glu Met
 50 55 60

Lys Val Asp Val Pro Gln Glu Glu Glu Asp Asn Glu Met Lys Val Asp
 65 70 75 80

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

Glu Lys Gly Asn Asp Glu Met Arg Val Asp Ala Ser Glu Ser Ile Glu
 100 105 110

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

Gln Gly Gln Met Asn Asn Val Glu Glu Lys Ala Ala Ser Asp Ser Lys
 130 135 140

Asp Glu Asn Glu Lys Thr Ala Asn Asp Glu Ser Gly Gln Asp Lys Val
 145 150 155 160

Leu Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu Pro Cys Pro Arg Cys Asn Ser Met
 165 170 175

Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Tyr Asn Asn Tyr Asn Val Asn Gln Pro Arg
 180 185 190

His Phe Cys Lys Asn Cys Gln Arg Tyr Trp Thr Ala Gly Gly Thr Met
 195 200 205

Arg Asn Val Pro Val Gly Ala Gly Arg Arg Lys Ser Lys Ser Ser Ser
 210 215 220

Leu His Tyr Arg His Leu Leu Met Ala Pro Asp Cys Met Met Gly Ser
 225 230 235 240

Arg Val Glu Ile Ser Lys Ser Met Asn Pro Glu Ala Phe Ala Ser Ala
 245 250 255

His Ser Thr Pro Ile Gln Pro Ile Gly Arg Asn Glu Thr Val Leu Lys
 260 265 270

Phe Gly Pro Glu Val Pro Leu Cys Glu Ser Met Ala Ser Val Leu Asn
 275 280 285

Ile Gln Glu Gln Asn Gly Thr Asn Ala Ala Ala Val Pro Thr Gly Glu
 290 295 300

Asn Gln Glu Asp Asn Ser Cys Ile Ser Ser Ile Thr Ser His Asn Val
 305 310 315 320

Leu Pro Glu Asn Ala Ala Gln Val Asp Lys Asn Ser Thr Pro Val Tyr
 325 330 335

Cys Asn Gly Val Gly Pro Val Pro Gln Tyr Tyr Leu Gly Ala Pro Tyr
 340 345 350

Met Tyr Pro Trp Asn Ile Gly Trp Asn Asn Val Pro Met Met Val Pro
 355 360 365

Gly Thr Ser Met Pro Glu Ser Ala Ser Gln Ser Glu Ser Cys Ser Thr
 370 375 380

Ser Ser Ala Pro Trp Met Asn Met Asn Ser Pro Met Met Pro Val Ala
 385 390 395 400

Ser Arg Leu Ser Ala Pro Pro Phe Pro Tyr Pro Leu Val Pro Pro Ala
 405 410 415
 Leu Trp Gly Cys Leu Ser Ser Trp Pro Ala Thr Ala Trp Asn Ile Pro
 420 425 430
 Trp Ile Arg Thr Asn Gly Gly Cys Met Ser Pro Ser Ser Ser Ser Asn
 435 440 445
 Ser Ser Cys Ser Gly Asn Gly Ser Pro Leu Gly Lys His Ser Arg Asp
 450 455 460
 Ser Ser Leu Pro Leu Lys Glu Asp Lys Glu Glu Lys Ser Leu Trp Val
 465 470 475 480
 Pro Lys Thr Leu Arg Ile Asp Asp Pro Asp Glu Ala Ala Lys Ser Ser
 485 490 495
 Ile Trp Ala Thr Leu Gly Ile Lys Pro Gly Asp Pro Gly Ile Phe Lys
 500 505 510
 Pro Phe Gln Ser Lys Gly Glu Ser Lys Gly Gln Ala Ala Ser Glu Thr
 515 520 525
 Arg Pro Ala Arg Ala Leu Lys Ala Asn Pro Ala Ala Leu Ser Arg Ser
 530 535 540
 Gln Ser Phe Gln Glu Thr Ser
 545 550

<210> 307
 <211> 2039
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1599579

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 308

<400> 307
 gttttcccc aattccgcaa caccgccgta ctatatccat tactgcctca gctgtctct 60
 ctctccagc ttggttcctt cctctcgccg cttcgagagc gcgtagtcag cagcggcttg 120
 cgttcctgtc ggtctcgag gcgggagcag agcaggacga ggatgtcggg tcagaaggat 180
 cctgggatca agctcttcgg ccgggtgatc ccgtgggggc ctgaaaccgc cccgggaacc 240
 acggaagtgg aggaccgcc gcaggatgag ctgcagccac gggcgccgga ggttgccgcg 300
 gcggtggatg aggatgaaca caatgagaag gaagagaaaa atgctaata agtggttgct 360
 atgccacaag agaagggtaa agaaaccaag gttgacacgc cacaagagga gaagggtaat 420
 gaaatggagg ttgacgcgcc acaaaaggaa catgacgacg aatgaaaat tgacgcacaa 480
 cgagaggaaa aagacgaaca aacggatgcc aacgcatcac caacgcatgg aaatatagaa 540
 ccagccaatc tacctcctc aggcctgatg gacagtgccg aagataaagc agcatcagat 600

gcaaaggggg agaacgagaa gacatcaaat gaggaatcag gccaggacaa ggcacttaat 660
aagaagccag ataagatcct accttgcctt cgggtgcaaca gcatggatac aaagttctgc 720
tattacaaca actacaacgt gaatcaacca aggcacttct gcaagaactg ccagcgggtac 780
tggactgcag ggggcacat gaggaacgta cctggttggtg ccgggcgggcg caagagtaag 840
aacgcgtcat tgcactaccg tcaattactg atggcccctg actgtatgct ggggcctaga 900
gtggacatat caaagccagt gctccctgaa gctcttgcat catctccacc tgccccgaca 960
cagccagcca gtagaaatgg aacggctcta aaatttgggc ctgaggtacc attttgcgag 1020
tcaatggtgt cggcgctgaa cattgatgag cagaacgtga acagccctgg aggaccaaca 1080
gcaagaggtg aaaacagggg agataataat aaccctggat ccggcacacc accatacaac 1140
ggtgtgcctg aaaccatggc ccccgctcgtc ggcaagaacg gggcaccagt tcattgtaac 1200
ggggttgccc cagtgcctca gtattacctt ggaaccctt tcatgtacc ttggagtgta 1260
ggatggagca acgtgcctgt gatggtgcca ggtaaaagca tgcccgaacc tgctcctgct 1320
ccagagagct gcagtactag ctgagctgta tggatgaacc ctcccatgat gccgggctca 1380
agacctcta gcccagcgtt tccataacct ctggtgccac ccgggctctg gggctgtttt 1440
tccggatggc caccacggc ttggaacgta ccatggacca gaaccaacgt ctccgtgtcg 1500
ccgccgccat cgccatcaag caacagcagc agctgctcgg gcaacgggctc tctactctg 1560
ggcaagcatt ccagggacac caatccgctg agagaggaga aaagagagaa gtcgctgtgg 1620
gttccaaga cgctccggat cgatgaccct gatgacgccg ccaagagttc gatatgggcc 1680
accctcggca tcaagcccgg tgaccctggc actttcatca agcctttcca gtccaaggctc 1740
gagagcaagg gccagaggtc ggacgctgct caggtcttgc aggcgaacc agcggcgttg 1800
tcgcgcttac agtcgttcca ggagagctct tgacttcata cgcaaagtct gccttatata 1860
gttatatata gttttggtac tgtaatcctt acatgctggt agagttttgt ggcattgtgga 1920
aagtgacttc atacctgcag cctatcttat tgtttgtttc ggtactgtat tcttactgc 1980
atgctagtag agctgtgcgg tatgtggaaa ggtcaacaga gagcttcttg tttagccac 2039

<210> 308
<211> 556
<212> белок
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (168)..(230)
<223> Название Pfam: zf-Dof
Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1599579

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 418,6 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 308

Met Ser Asp Gln Lys Asp Pro Gly Ile Lys Leu Phe Gly Arg Val Ile
1 5 10 15

Pro Trp Gly Pro Glu Thr Ala Pro Gly Thr Thr Glu Val Glu Asp Pro
20 25 30

Pro Gln Asp Glu Leu Gln Pro Arg Ala Pro Glu Val Ala Ala Ala Val
35 40 45

Asp Glu Asp Glu His Asn Glu Lys Glu Glu Lys Asn Ala Asn Glu Val
50 55 60

Val Val Met Pro Gln Glu Lys Gly Lys Glu Thr Lys Val Asp Thr Pro
65 70 75 80

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

His Asp Asp Glu Met Lys Ile Asp Ala Gln Arg Glu Glu Lys Asp Glu
100 105 110

Gln Thr Asp Ala Asn Ala Ser Pro Thr His Gly Asn Ile Glu Pro Ala
115 120 125

Asn Leu Pro Pro Ser Gly Leu Met Asp Ser Ala Glu Asp Lys Ala Ala
130 135 140

Ser Asp Ala Lys Gly Glu Asn Glu Lys Thr Ser Asn Glu Glu Ser Gly
145 150 155 160

Gln Asp Lys Ala Leu Asn Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu Pro Cys Pro
165 170 175

Arg Cys Asn Ser Met Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Tyr Asn Asn Tyr Asn
180 185 190

Val Asn Gln Pro Arg His Phe Cys Lys Asn Cys Gln Arg Tyr Trp Thr
195 200 205

Ala Gly Gly Thr Met Arg Asn Val Pro Val Gly Ala Gly Arg Arg Lys
210 215 220

Ser Lys Asn Ala Ser Leu His Tyr Arg Gln Leu Leu Met Ala Pro Asp
225 230 235 240

Cys Met Leu Gly Pro Arg Val Asp Ile Ser Lys Pro Val Leu Pro Glu
245 250 255

Ala Leu Ala Ser Ser Pro Pro Ala Pro Thr Gln Pro Ala Ser Arg Asn
260 265 270

Gly Thr Val Leu Lys Phe Gly Pro Glu Val Pro Phe Cys Glu Ser Met
275 280 285

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

<210> 309

<211> 1485

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1469831

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 310

<400> 309

```
atgaaggggtg agtctaaga tccagctttc aagctctttg gtaggaagat tctgtacct 60
gatactcagt ttccggccga accactagcc aagggaaact gcagtgagat aacaagagta 120
gaaaccaagg gtcctagtga agacatctca gaagaacctg aaatgttctc tggttctgga 180
caaggcaagg aagaaagcca agctgcaatg cgagtgaatg aggcacaagt aattgctaag 240
cataaggaag gtccactgga gactaatggc acagaccaag agaaagtctt taagaagcca 300
gataaaattc taccatgtcc acgatgcaac agtttagaca caaaattctg ttacttcaat 360
aactataatg tcaaccaacc aaggcatttc tgcaagaatt gccaaagata ttggacagct 420
gggggatcaa tgagaaatgt ccctattggg gctggccggc ggaagaataa gcacttagcc 480
actcaatatc gtcagatatt agtatcttct gatgggatgc ctattgccag aatggaaaac 540
tcagactcaa tcggtcacca acttcaatct tctgttgaat ccggaaccac cttgagtccc 600
tcagtagcaa atggaatggg tctaaaattc ggtcatgaag cacctctttg tgattccatg 660
gagaatgtgc tgaatcttgg agaccaaaag agatatgttg agataagttc agtcaatcgt 720
caagataatg tagaagagcc gtcttcatgt ggatcctcca agacagcttc caatgcttgg 780
gcaaacgaat tgcgagaaaa tattatgcag aaagagcaag ttgatgtgcc agcatcttct 840
aacgaactca gcgcaccaa ttccctgctt tattattctg ttccttcatg ggttttctct 900
tggaaccggg gttggaataa tgttgcttcc atgaccgcag ctgagcactc cactggccag 960
gcttgcgatg caaatattcc caatcaagtt caattgtgct ccacaccaat gttggctggt 1020
cccagcattt gccctccaaa cattccttta caattgtac ccgcttctta ttgggggttg 1080
atgccacat gggctgctgg aacaagaaat gtatcattga gtggatcgaa tggctgcctt 1140
tctctatcaa cctctgctaa caccagttcc tgctcaggaa atggctcacc aaccctaggg 1200
aagcattcta gagattcaaa atttatggaa gaagagaagg cagaaaaatg tatattggtc 1260
ccaaaaacac taagaattga tgaccaagt gaggcttcaa agagtctttt atgggctaca 1320
ttaggtctta agcctgacca gaaggatccc gcatcaaaag gtactatctt caagaatttt 1380
gaaaccaag cagaatgcta tggccatgta tctgatatca ctcatgtact ggaagcaaac 1440
ccagcagctc tttctcgctc tcatacatc caggagagtg gctaa 1485
```

<210> 310

<211> 494

<212> белок

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (99)..(161)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1469831

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 411,8 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 310

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

Ile Pro Val Pro Asp Thr Gln Phe Pro Ala Glu Pro Leu Ala Lys Gly
20 25 30

Thr Cys Ser Glu Ile Thr Arg Val Glu Thr Lys Gly Pro Ser Glu Asp
35 40 45

Ile Ser Glu Glu Pro Glu Met Phe Ser Gly Ser Gly Gln Gly Lys Glu
50 55 60

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

His Lys Glu Gly Pro Leu Glu Thr Asn Gly Thr Asp Gln Glu Lys Val
85 90 95

Leu Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu Pro Cys Pro Arg Cys Asn Ser Leu
100 105 110

Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Phe Asn Asn Tyr Asn Val Asn Gln Pro Arg
115 120 125

His Phe Cys Lys Asn Cys Gln Arg Tyr Trp Thr Ala Gly Gly Ser Met
130 135 140

Arg Asn Val Pro Ile Gly Ala Gly Arg Arg Lys Asn Lys His Leu Ala
145 150 155 160

Thr Gln Tyr Arg Gln Ile Leu Val Ser Ser Asp Gly Met Pro Ile Ala
165 170 175

Arg Met Glu Asn Ser Asp Ser Ile Gly His Gln Leu Gln Ser Ser Val
180 185 190

Glu Ser Gly Thr Thr Leu Ser Pro Ser Val Ala Asn Gly Met Val Leu
195 200 205

Lys Phe Gly His Glu Ala Pro Leu Cys Asp Ser Met Glu Asn Val Leu
210 215 220

Asn Leu Gly Asp Gln Lys Arg Tyr Val Glu Ile Ser Ser Val Asn Arg
225 230 235 240

Gln Asp Asn Val Glu Glu Pro Ser Ser Cys Gly Ser Ser Lys Thr Ala
245 250 255

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

<210> 311

<211> 515

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (133)..(195)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 9758342

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 404,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 311

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

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

<210> 312

<211> 447

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (105)..(167)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 21536859

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 401,2 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 312

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

Ile Pro Met Ile Ser Pro Ser Pro His Gln Ser Ser Ser Pro Ile Ser
325 330 335

Gln Lys Asp Ser Asn Thr Asn Ser Pro Thr Leu Gly Lys Arg Ser Arg
340 345 350

Asp Glu Glu Ser Ser Lys Arg Asp Ser Glu Thr Glu Arg Lys Gln Arg
355 360 365

Thr Gly Cys Ile Leu Val Pro Lys Thr Leu Arg Ile Asp Asp Pro Asn
370 375 380

Glu Ala Ala Lys Ser Ser Ile Trp Thr Thr Leu Gly Ile Lys Asn Glu
385 390 395 400

Ala Met Cys Lys Ala Gly Gly Met Phe Lys Gly Phe Asp His Lys Thr
405 410 415

Lys Met Tyr Asn Asn Asp Lys Ala Glu Asn Ser Pro Val Leu Ser Ala
420 425 430

Asn Pro Ala Ala Leu Ser Arg Ser His Asn Phe His Glu Gln Ile
435 440 445

<210> 313
<211> 1535
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 113639

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 314

<400> 313
accaattcac actctcccaa atctctcttc tttaaataca acaaaaaaaaa aaatcacaga 60
gacatagaga gaagaagaaa cagagactcc aaaaaaatga tgatggagac tagagatcca 120
gctattaagc ttttcggtat gaaaatccct tttccgctcg tttttgaatc ggcagttacg 180
gtggaggatg acgaagaaga tgactggagc ggcggagatg acaaatcacc agagaaggta 240
actccagagt tatcagataa gaacaacaac aactgtaacg rcaacagttt taacaattcg 300
aaaccgaaa ccttgacaa agaggaagcg acatcaactg atcagataga gagtagtgag 360
acgcctgagg ataatcagca gacgacacct gatggtaaaa ccctgaagaa accgactaag 420
attctgccgt gtccgagatg taaaagcatg gagaccaagt tctgttatta caacaactac 480
aacataaacc agcctcgtca tttctgcaag gcttgtcaga gatattggac tgctggaggg 540
actatgagga atgttctctgt gggggcagga cgtcgtaaga acaaaagctc atctttctcat 600
taccgtcaca tcactatttc cgaggctctt gaggctgcga ggcttgatcc gggtttgcag 660
gcaaacacaa ggggtcttgag ttttgggtctc gaagctcatc agcagcatgt tgctcctatg 720

gcacctgtga tgaagctaca aggagatcaa aaggctctcaa acggagctag gaacggggtt 780
catgggttag cggatcaacg gctttagct cgggtagaga atggagatga ctgctcaagc 840
ggatcctctg tgaccacctc taacaatcac tcagtggatg aatcaagagc acaaagcggc 900
agaattgttg aaccacaaat gaacaacaat aacaacatga atggttatgc ttgcatccca 960
ggtgttccat ggccttacac gtggaatcca gcgatgcccc caccagggtt ttaccgcct 1020
ccagggtatc caatgccgtt ttacccttac tggaccatcc caatgatatc accgtcaccg 1080
catcaatcct catcgcctat cagccaaaag gattcaaata caaactctcc cactctcgga 1140
aaacgctcga gagatgaaga atcatcgaaa agggacagtg agacagagcg aaaacagagg 1200
accgggtgca ttctgggtccc gaaaacggtg agaatagatg atcctaacga agcagcaaag 1260
agctcgatat ggacaacatt gggaatcaag aacgaggcga tgtgcaaagc cggtggtatg 1320
ttcaaagggg ttgatcataa gacaaagatg tataacaacg acaaagccga gaactccct 1380
gttctttctg ctaaccctgc tgctctatca agatcacaca atttccatga acagatttag 1440
agttacatat gtatatgtat atatgtatga ttgattgtat gtatagatga tattggagaa 1500
tgatgagttt ttgagaatca aactcttttc ttctt 1535

<210> 314
<211> 447
<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (105)..(167)
<223> Название Pfam: zf-Dof
Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 113639

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 400,8 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (62)..(62)
<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<400> 314
Met Met Met Glu Thr Arg Asp Pro Ala Ile Lys Leu Phe Gly Met Lys
1 5 10 15
Ile Pro Phe Pro Ser Val Phe Glu Ser Ala Val Thr Val Glu Asp Asp
20 25 30

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

Thr Gly Cys Ile Leu Val Pro Lys Thr Leu Arg Ile Asp Asp Pro Asn
 370 375 380
 Glu Ala Ala Lys Ser Ser Ile Trp Thr Thr Leu Gly Ile Lys Asn Glu
 385 390 395 400
 Ala Met Cys Lys Ala Gly Gly Met Phe Lys Gly Phe Asp His Lys Thr
 405 410 415
 Lys Met Tyr Asn Asn Asp Lys Ala Glu Asn Ser Pro Val Leu Ser Ala
 420 425 430
 Asn Pro Ala Ala Leu Ser Arg Ser His Asn Phe His Glu Gln Ile
 435 440 445

<210> 315

<211> 448

<212> белок

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (105)..(167)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 15232818

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 399,6 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 315

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

Asn Ile Asn Gln Pro Arg His Phe Cys Lys Ala Cys Gln Arg Tyr Trp
 130 135 140
 Thr Ala Gly Gly Thr Met Arg Asn Val Pro Val Gly Ala Gly Arg Arg
 145 150 155 160
 Lys Asn Lys Ser Ser Ser Ser His Tyr Arg His Ile Thr Ile Ser Glu
 165 170 175
 Ala Leu Glu Ala Ala Arg Leu Asp Pro Gly Leu Gln Ala Asn Thr Arg
 180 185 190
 Val Leu Ser Phe Gly Leu Glu Ala Gln Gln Gln His Val Ala Ala Pro
 195 200 205
 Met Thr Pro Val Met Lys Leu Gln Glu Asp Gln Lys Val Ser Asn Gly
 210 215 220
 Ala Arg Asn Arg Phe His Gly Leu Ala Asp Gln Arg Leu Val Ala Arg
 225 230 235 240
 Val Glu Asn Gly Asp Asp Cys Ser Ser Gly Ser Ser Val Thr Thr Ser
 245 250 255
 Asn Asn His Ser Val Asp Glu Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Val
 260 265 270
 Glu Ala Gln Met Asn Asn Asn Asn Asn Asn Asn Met Asn Gly Tyr Ala
 275 280 285
 Cys Ile Pro Gly Val Pro Trp Pro Tyr Thr Trp Asn Pro Ala Met Pro
 290 295 300
 Pro Pro Gly Phe Tyr Pro Pro Pro Gly Tyr Pro Met Pro Phe Tyr Pro
 305 310 315 320
 Tyr Trp Thr Ile Pro Met Leu Pro Pro His Gln Ser Ser Ser Pro Ile
 325 330 335
 Ser Gln Lys Cys Ser Asn Thr Asn Ser Pro Thr Leu Gly Lys His Pro
 340 345 350
 Arg Asp Glu Gly Ser Ser Lys Lys Asp Asn Glu Thr Glu Arg Lys Gln
 355 360 365
 Lys Ala Gly Cys Val Leu Val Pro Lys Thr Leu Arg Ile Asp Asp Pro
 370 375 380
 Asn Glu Ala Ala Lys Ser Ser Ile Trp Thr Thr Leu Gly Ile Lys Asn
 385 390 395 400
 Glu Ala Met Cys Lys Ala Gly Gly Met Phe Lys Gly Phe Asp His Lys
 405 410 415
 Thr Lys Met Tyr Asn Asn Asp Lys Ala Glu Asn Ser Pro Val Leu Ser
 420 425 430
 Ala Asn Pro Ala Ala Leu Ser Arg Ser His Asn Phe His Glu Gln Ile
 435 440 445

<210> 316
 <211> 1989

<212> ДНК
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1571328

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 317

<400> 316
gcttgtggct gtgcaccctt cgccgtggcc cccaccacc ttcttcccct cttatacccg 60
ctcgcctgtc catagcaggc agcagcacac cataccagat ttgagatttc aatgaccttc 120
cttttgccgg cctcctcgtc tcctccggtt ccggctacct acctgcggga cgtcgcacctc 180
gtccgtctgt cgcctagcta gctgcctcgg ttttcgcttg aagcagcagc agcagcaagc 240
cgggagcttc tgtgtttggt tcgatcggag tgagaagaag atggttgccg agtgccaagg 300
aggaggagac ttctcatca agctcttcgg gaagaccatc cccgtgccgg agccggagcc 360
ggagtccggc gacgccaagg atcttcagca gagcagcagc aactggacgg agatcgtgga 420
cgccgatgac gacccaaga agcacagcga cggcgacgct gccaggcaga gggagaagct 480
gagggagccc gacaagggtg tgccgtgccc gcgctgtaac agcgcggaca ccaagttctg 540
ctacttcaac aactacaacg cgaagcagcc gcgccacttc tgcaagcgtc gccagcgcta 600
ctggaccgcg ggcggcgcca tgcgcaacgt gccagtgggg gccggccgcc gcaagaacaa 660
gaacgccgcc gcctcgcact cgcacctcct ccataggacg acgacgactg ccaacggcgc 720
gatgctcagc ttcgcccctc ccggtcctgg ccttgctcgc ctctgcctgg acctcgccgc 780
gcagttcggc cacctggccc cggtcagggg cggccgggg acccgtctc gtccttgcac 840
ttgcagcga gggtcgaccg acagggacgg cacgtcttcc gtcgtagacg aatctgcagc 900
aagcggggac ggaccagtgc agctgcacca ccaccagca agcgttaaca ccgggtggcc 960
gccatacagc agcccacctc cggcggcgcc gtatttctcg cggggcatct cgattccggt 1020
ataccccgcc gcgccgggggt actggggctg catggttccc ggggcttggg gcctgccatg 1080
gccgggtcag ccgcagcccc cgtcgtcgcg gtcgcagggg cagggcctct cgtcgtcgtc 1140
gtcgcggccg ccgcccacca ccaccacat cggctactct tcagtctcat catcatccgg 1200
ggccgctgac tttgactccc acgccctggg gctgggcctg ggcaagcacc cgcgggaccg 1260
ggacggcgac gacgggagga agaggaacgg cagtgcccat ggcagcggca gcgccaaggt 1320
gtgggctccc aagaccatcc ggatagacga tgtggacgag gtggccagga gctccatctg 1380
gtccctcgtc ggggtcagag gcgacagggg gcagcagggc gcagccgcgc aggtgacaag 1440
ctcgggacag tgttcagacc caggggcctg caggccacca agaaggccat ggcgacaagc 1500
tcgccgctcc ttcagccaa ccccgctcgc ctcacgcgtc cgggtggcgtt ccatgagggc 1560

tcttgat ttt gccatctcaa catgatgctc ctaatcagac tgacagcact gatttg tttt 1620
ggataaatca tcagaggacc cctcacatgc acgctgattc acatacctct ttgggttg cgt 1680
aggagaatca gactcctcgt atgcattgac cataactcga ctcatgttta gtacgctgca 1740
tcttaaaaac tgagcacaca tacactgggtg caaccta atg ttatttaggt gcacctgtag 1800
ataccagaa aacttacgta ttcggggcggc caggctcaca cgagcctccc atgcaagcag 1860
agatccaatc aactggtag ctacttggtg acggcggggc ggcacgcaat ttggatggga 1920
gaaagaacag gagatcaata agaggttcct gctcgtagat aaataaataa cattatctaa 1980
ctttttcat 1989

<210> 317
<211> 434
<212> белок
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (69)..(131)
<223> Название Pfam: zf-Dof
Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1571328

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 398,3 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 317
Met Val Ala Glu Cys Gln Gly Gly Gly Asp Phe Leu Ile Lys Leu Phe
1 5 10 15
Gly Lys Thr Ile Pro Val Pro Glu Pro Glu Pro Glu Ser Gly Asp Ala
20 25 30
Lys Asp Leu Gln Gln Ser Ser Ser Asn Trp Thr Glu Ile Val Asp Ala
35 40 45
Asp Asp Asp Pro Lys Lys His Ser Asp Gly Asp Ala Ala Arg Gln Arg
50 55 60
Glu Lys Leu Arg Glu Pro Asp Lys Val Leu Pro Cys Pro Arg Cys Asn
65 70 75 80
Ser Ala Asp Thr Lys Phe Cys Tyr Phe Asn Asn Tyr Asn Ala Lys Gln
85 90 95
Pro Arg His Phe Cys Lys Arg Cys Gln Arg Tyr Trp Thr Ala Gly Gly
100 105 110

Ala Met Arg Asn Val Pro Val Gly Ala Gly Arg Arg Lys Asn Lys Asn
 115 120 125

Ala Ala Ala Ser His Ser His Leu Leu His Arg Thr Thr Thr Ala
 130 135 140

Asn Gly Ala Met Leu Ser Phe Ala Pro Pro Gly Pro Gly Leu Ala Cys
 145 150 155 160

Leu Cys Leu Asp Leu Ala Ala Gln Phe Gly His Leu Ala Pro Val Arg
 165 170 175

Asp Ala Ala Gly Thr Pro Ser Arg Pro Cys Thr Cys Ser Glu Gly Ser
 180 185 190

Thr Asp Arg Asp Gly Thr Ser Ser Val Val Asp Glu Ser Ala Ala Ser
 195 200 205

Gly Asp Gly Pro Val Gln Leu His His His Pro Ala Ser Val Asn Thr
 210 215 220

Gly Trp Pro Pro Tyr Ser Ser Pro Pro Pro Ala Ala Pro Tyr Phe Ser
 225 230 235 240

Pro Gly Ile Ser Ile Pro Val Tyr Pro Ala Ala Pro Gly Tyr Trp Gly
 245 250 255

Cys Met Val Pro Gly Ala Trp Ser Leu Pro Trp Pro Val Gln Pro Gln
 260 265 270

Pro Pro Ser Ser Arg Ser Gln Gly Gln Gly Leu Ser Ser Ser Ser Ser
 275 280 285

Pro Pro Pro Pro Thr Thr Thr Thr Ile Gly Thr Pro Ser Val Ser Ser
 290 295 300

Ser Ser Gly Ala Ala Asp Phe Asp Ser His Ala Leu Gly Leu Gly Leu
 305 310 315 320

Gly Lys His Pro Arg Asp Arg Asp Gly Asp Asp Gly Arg Lys Arg Asn
 325 330 335

Gly Ser Ala His Gly Ser Gly Ser Ala Lys Val Trp Ala Pro Lys Thr
 340 345 350

Ile Arg Ile Asp Asp Val Asp Glu Val Ala Arg Ser Ser Ile Trp Ser
 355 360 365

Leu Val Gly Val Arg Gly Asp Arg Glu Gln Gln Gly Ala Ala Ala Gln
 370 375 380

Val Thr Ser Ser Gly Gln Cys Ser Ser Pro Gly Ala Cys Arg Pro Pro
 385 390 395 400

Arg Arg Pro Trp Arg Gln Ala Arg Arg Ser Phe Thr Pro Thr Pro Ser
 405 410 415

Arg Ser Arg Ala Arg Trp Arg Ser Met Arg Ala Leu Asp Phe Ala Ile
 420 425 430

Ser Thr

<210> 318
<211> 1288
<212> ДНК
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1868988

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 319

<400> 318
gacacaaatt gggcaaatct ttttaccctt tctggcgtcg ccaactccac ttgtcggatc 60
ttgcccatat gctatggagc tcgccggagc cgcgtcccct cggtcgccgg aatcccacgt 120
ggcgccgccc cgcccgcctc cgcagccgcc ggagaaggat gcatgcgaag atacagggga 180
catgagtatt actggggaaa agccatgcac acatcaggag ttagactttg gtcagacaaa 240
tagttctagc cttaacagtt ccagtgagcg tgagaatcag gcaccagca atgacgaaat 300
gactggatca gagtccaatt tggagacagc caagactgag ggcgatgtac cgagtggaga 360
gaaggtcctg aagaaaccag ataagatcct gccatgccct cgttgcaaca gcatggatac 420
aaagttctgt tattacaaca actacaacat taagcaacca aggcattttt gcaagagttg 480
tcagaggtac tggactgcag gtgggagcat gagaaatatt cctgtcggtg ctggtagggc 540
caagagcaag agctctagtt cgaattgccg cagcatattg attcccggca gtagtgtagc 600
cactcctgtg ggagagtcta ccctctttcc attgcctatc aacggaaatc aagcagcagt 660
taacttcggg cctgattccc ctctctgcaa ctccatggcc tcggtgctga agattggagg 720
ggagcagagt aagaatgcca accctgcctc aacagcacag ccaagaaatg gagaaacca 780
gatttgcca cttctacga caacatcaga cggtcctcgg agtgaatctc ataaaggaac 840
agtgagtgca catcagaatg gagttgttg gcatggcaac ggggtcactt ccatgcatcc 900
tatacattc ttccctggcc ctctcttgt gtaccatgg agtccagcat ggaatggcgt 960
tcctgccgcg gcagcaccgg tatgcccagc cccagcagaa gctgtgaatt cttcagaaaa 1020
tggaacagt agtagtagtg ttcaatggaa tttccacca ttggtgtcgg tactgccacc 1080
aggattctgc ggtgcaccta ttccagttcc tgtaatgcca tcttcagttt ggccattcat 1140
tacgccttgg cccaatggag catggaacac accatggctc ggacctggcg tgtcagcatc 1200
atctcccaca ggcagcacca catgttcaga tagcgggtca cctgtcctgg ggaaacactc 1260
aagagactcc agacctcaag gtgatgag 1288

<210> 319
<211> 405
<212> белок
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (101)..(163)
<223> Название Pfam: zf-Dof
Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1868988

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 389,4 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 2

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 319

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

Ser Thr Thr Thr Ser Asp Gly Pro Arg Ser Glu Ser His Lys Gly Thr
 245 250 255
 Val Ser Ala His Gln Asn Gly Val Val Gly His Gly Asn Gly Val Thr
 260 265 270
 Ser Met His Pro Ile Pro Phe Phe Pro Gly Pro Pro Phe Val Tyr Pro
 275 280 285
 Trp Ser Pro Ala Trp Asn Gly Val Pro Ala Ala Ala Ala Pro Val Cys
 290 295 300
 Pro Ala Pro Ala Glu Ala Val Asn Ser Ser Glu Asn Gly Asn Ser Ser
 305 310 315 320
 Ser Ser Val Gln Trp Asn Phe Pro Pro Leu Val Ser Val Leu Pro Pro
 325 330 335
 Gly Phe Cys Gly Ala Pro Ile Pro Val Pro Val Met Pro Ser Ser Val
 340 345 350
 Trp Pro Phe Ile Thr Pro Trp Pro Asn Gly Ala Trp Asn Thr Pro Trp
 355 360 365
 Leu Gly Pro Gly Val Ser Ala Ser Ser Pro Thr Gly Ser Thr Thr Cys
 370 375 380
 Ser Asp Ser Gly Ser Pro Val Leu Gly Lys His Ser Arg Asp Ser Arg
 385 390 395 400
 Pro Gln Gly Asp Glu
 405

<210> 320
 <211> 380
 <212> белок
 <213> Cucurbita maxima

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (35)..(97)
 <223> Название Pfam: zf-Dof
 Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 1669341

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 378,8 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 2

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 320
 Met Asn Pro Glu Val Leu Ser Thr Asp Glu Asn Asp Lys Leu Ala Thr
 1 5 10 15
 Arg Lys Thr Glu Lys Glu Gln Asn Asp Ala Pro Asn Ser Lys Glu Lys

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

Ala Leu Ser Arg Ser Leu Thr Phe His Glu Arg Ser
370 375 380

<210> 321

<211> 420

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (24)..(86)

<223> Название Pfam: zf-Dof

Описание Pfam: Домен Dof, цинковый палец

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157359317

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 346,9 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 2

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 263

<400> 321

Met Ser Gly Leu Gln Val His Lys Asp Gln Gly Glu Thr Asn Ser Ser
1 5 10 15

Ala Gln Glu Lys Val Leu Lys Lys Pro Asp Lys Ile Leu Pro Cys Pro
20 25 30

Arg Cys Asn Ser Leu Glu Thr Lys Phe Cys Tyr Phe Asn Asn Tyr Asn
35 40 45

Val Asn Gln Pro Arg His Phe Cys Lys Asn Cys Gln Arg Tyr Trp Thr
50 55 60

Ala Gly Gly Thr Met Arg Asn Val Pro Val Gly Ala Gly Arg Arg Lys
65 70 75 80

Asn Lys His Leu Ala Ser Gln Tyr Arg Gln Ile Met Val Ser Ser Asp
85 90 95

Gly Val Pro Thr Thr Val Ile Glu Ala Ser Asp Ser Ser Asn Gln Gln
100 105 110

Ile Leu Ser Cys Gly Glu Thr Ser Thr Thr Phe Arg Pro Ser Thr Ala
115 120 125

Ser Gly Thr Val Leu Lys Phe Gly Pro Glu Ala Pro Leu Cys Lys Ser
130 135 140

Met Glu Thr Val Leu Ser Ile Arg Glu Gln Lys Arg Cys Ala Glu Met
145 150 155 160

Arg Thr Val Asn Cys Gly Gly Asn Gly Glu Glu Pro Ser Ser Cys Ala
165 170 175

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

<210> 322
 <211> 458
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 638126

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 323

<400> 322
 tttatcagtc atggcgtcaa gctctctcag caaacaaga gcttctgact cctcttggac 60

accaaaacag aacaagctgt ttgaaaaagc acttgcaaaa tatgacaagg atacccctga 120
 ccgatggcag aatgtagcca aagcagtagg tggaaaatct gcagatgaag ttaagagaca 180
 ctatgaaatc ctcttgagg atctgagaca cattgagtct ggtcatgttc ctcttcccaa 240
 gtacaagtcc acaggaagca gcaccaatgt tgaggaagaa gagaggcttc tgaagtatct 300
 taaactgaat tgatggaagc aatgtttatg ttatcctcag ctattggcag aatttatgtg 360
 gccatccttg aatctgcgga aatatcttcc ctctctgttc tatttctctgc cattgtaatt 420
 tagattgttt caaatttcaa tgaattatcc tattctag 458

<210> 323
 <211> 100
 <212> белок
 <213> Glycine max

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (13)..(62)
 <223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
 Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 638126

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 196,0 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 7

<400> 323
 Met Ala Ser Ser Ser Leu Ser Lys Gln Lys Ala Ser Asp Ser Ser Trp
 1 5 10 15
 Thr Pro Lys Gln Asn Lys Leu Phe Glu Lys Ala Leu Ala Lys Tyr Asp
 20 25 30
 Lys Asp Thr Pro Asp Arg Trp Gln Asn Val Ala Lys Ala Val Gly Gly
 35 40 45
 Lys Ser Ala Asp Glu Val Lys Arg His Tyr Glu Ile Leu Leu Glu Asp
 50 55 60
 Leu Arg His Ile Glu Ser Gly His Val Pro Leu Pro Lys Tyr Lys Ser
 65 70 75 80
 Thr Gly Ser Ser Thr Asn Val Glu Glu Glu Arg Leu Leu Lys Tyr
 85 90 95
 Leu Lys Leu Asn
 100

<210> 324
 <211> 96
 <212> белок
 <213> Vitis vinifera

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (9)..(58)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 157340812

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 192,4 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 324

Met Ala Ser Gly Ser Arg Met Gly Ser Gly Leu Trp Thr Ser Lys Gln
1 5 10 15

Asn Lys Leu Phe Glu Lys Ala Leu Ala Leu Tyr Asp Lys Asp Thr Pro
20 25 30

Asp Arg Trp Gln Asn Val Ala Lys Ala Val Gly Gly Lys Ser Ala Glu
35 40 45

Glu Val Lys Arg His Tyr Glu Ile Leu Ile Glu Asp Leu Lys His Ile
50 55 60

Glu Ser Gly His Val Pro Ile Pro Asn Tyr Lys Ser Thr Gly Ser Asn
65 70 75 80

Ser Ile Gly Asp Gln Glu Gln Arg Leu Leu Lys Cys Ile Lys Leu Gln
85 90 95

<210> 325
<211> 375
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1460824

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 326

<400> 325

atgtcttcaa gctatcaagc ttccagaaat tctagatccg cttggacacc aagggaaaac 60
aaactgtttg aaaaggcact agccttgttt gataaggaca caccggacag gtggcaaaat 120
atagccaaag ctgttggtgg tgtgaaatct gccgaggaag tgaagaaca cstatgaaatc 180
cttattgaag atcttcaaca tatcgagtct ggccgcattc ctattcctaa gtacaagtct 240
agtggaagct gcaacaacac aaacgaagag gaaagtgaag ttaataagaa caaactgcag 300
atggcaactg gcaatctcca tattgactca ttgagagtcc tccaggattt catggcaggg 360

<210> 326
 <211> 124
 <212> белок
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (12)..(62)
 <223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
 Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1460824

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 189,9 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 326
 Met Ser Ser Ser Tyr Gln Ala Ser Arg Asn Ser Arg Ser Ala Trp Thr
 1 5 10 15
 Pro Arg Glu Asn Lys Leu Phe Glu Lys Ala Leu Ala Leu Phe Asp Lys
 20 25 30
 Asp Thr Pro Asp Arg Trp Gln Asn Ile Ala Lys Ala Val Gly Gly Val
 35 40 45
 Lys Ser Ala Glu Glu Val Lys Lys His Tyr Glu Ile Leu Ile Glu Asp
 50 55 60
 Leu Gln His Ile Glu Ser Gly Arg Ile Pro Ile Pro Lys Tyr Lys Ser
 65 70 75 80
 Ser Gly Ser Cys Asn Asn Thr Asn Glu Glu Glu Ser Glu Val Asn Lys
 85 90 95
 Asn Lys Leu Gln Met Ala Thr Gly Asn Leu His Ile Asp Ser Leu Arg
 100 105 110
 Val Leu Gln Asp Phe Met Ala Gly Cys Asn Gln His
 115 120

<210> 327
 <211> 100
 <212> белок
 <213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (11)..(60)
 <223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
 Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 145356202

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 191,8 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 327
Met Ala Ser Ser Ser Met Ser Ser Gln Ser Ser Gly Ser Trp Thr Ala
1 5 10 15
Lys Gln Asn Lys Ala Phe Glu Gln Ala Leu Ala Thr Tyr Asp Gln Asp
20 25 30
Thr Pro Asn Arg Trp Gln Asn Val Ala Lys Val Val Gly Gly Lys Thr
35 40 45
Thr Glu Glu Val Lys Arg His Tyr Glu Leu Leu Val Gln Asp Ile Asn
50 55 60
Ser Ile Glu Asn Gly His Val Pro Phe Pro Asn Tyr Arg Thr Ser Gly
65 70 75 80
Gly Cys Thr Asn Gly Arg Leu Ser Gln Glu Glu Lys Arg Met Arg Asn
85 90 95
Met Arg Leu Gln
100

<210> 328
<211> 729
<212> ДНК
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 477814

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 329

<400> 328
atcaactctt ccttgagtct gatcactata tacacactac tcttcagcct tttcatatth 60
cataacacc ctttgctacc aaaccaattc agtgatcttt ttgctttgct ctttctgag 120
tttgaaaacc ttagaaccat ttcagtacac aacactttct gttccttaat ggcattccagt 180
tcaatctcag cctctggctc atggagtgtt aaggacaaca aggcctttga aaaggcttta 240
gctgtttatg acaaggacac tcctgaccgt tggtaaatg ttgctcatgc tgttggtggc 300
aaaactccag aggaagtga aaggcactac gaactccttg ttcaggatgt taagcatatt 360
gagtctggac gtgtgccatt cccaattac aagaaaacta cttcagggtc aactgatcag 420

gaggaaaaaa ggctgaggaa tttgaatttg aacctccagt gacccccctc aagaacaaca 480
aattgatttt ctaattttca tatcaacca catcattaat ttccagcatc cctggtagta 540
ctacgtggtg ttatgtcaca cataattgct agtgcaatag catcttaggc tatattagtc 600
atcataagaa tcatatgtcc cgtgattcca tctggacttt tcttgtcgtt gaagcttctc 660
cttgaaaggg tcaacgaccg tttcagttcc tcatcgtcct aaataaattt ataattttat 720
aatatgctg 729

<210> 329
<211> 97
<212> белок
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (9)..(58)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 477814

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 185,2 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 329
Met Ala Ser Ser Ser Ile Ser Ala Ser Gly Ser Trp Ser Val Lys Asp
1 5 10 15
Asn Lys Ala Phe Glu Lys Ala Leu Ala Val Tyr Asp Lys Asp Thr Pro
20 25 30
Asp Arg Trp Tyr Asn Val Ala His Ala Val Gly Gly Lys Thr Pro Glu
35 40 45
Glu Val Lys Arg His Tyr Glu Leu Leu Val Gln Asp Val Lys His Ile
50 55 60
Glu Ser Gly Arg Val Pro Phe Pro Asn Tyr Lys Lys Thr Thr Ser Gly
65 70 75 80
Ser Thr Asp Gln Glu Glu Lys Arg Leu Arg Asn Leu Asn Leu Asn Leu
85 90 95
Gln

<210> 330
<211> 735
<212> ДНК

<213> Gossypium hirsutum

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1914387

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 331

<400> 330

```
accatcatcc ccttgacttc agtcttctcc cttgacgggg ggggcaatct cttcttcttc 60
ttcttccttc ttagctactt tctcttttgt cggttactct tcctttaaga tctcatcttg 120
aaagtcttac attccctttt ttattcaccc ccaacgtaaa aaatggcatc ctctattacg 180
ctttcacgtg attctaactc ctactggact ccaaagcaaa acaagctatt tgaaagggca 240
cttgctgtat atgacaagga cactccagac cgctggcaaa aggtggctgc agctgtgggg 300
gagaaatcag tcgaggaagt aagaaggcat tatgagatcc tagtgagggg tctcatgtat 360
atagaatctg gtcaaatccc tatacccaat taaaaagca ctgggagtaa cagaagatga 420
attgctgggg tgcaaagggt tatgaagaat ctaaggctcc aatgaagcac aagtttcagc 480
tgcaactgtc gagaatctgt aaaaactaaa ataaaaagaa taaattataa agaactggag 540
aatttgcac gtgattctcc ctgtcttatt ttacattgag tgatcgagtc agtttggttt 600
tttctttttg tgtgtgtgtg tcagtttggt aatatgacaa caaaagttga actctacaat 660
tattaaattt gtgagtattg tactgaagtt accagtttta aattaaaaaa aaaaggattt 720
actactaaat gctgg 735
```

<210> 331

<211> 85

<212> белок

<213> Gossypium hirsutum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (12)..(61)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1914387

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 158,6 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 331

Met Ala Ser Ser Ile Thr Leu Ser Arg Asp Ser Asn Ser Tyr Trp Thr
1 5 10 15

Pro Lys Gln Asn Lys Leu Phe Glu Arg Ala Leu Ala Val Tyr Asp Lys
20 25 30

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

Ser Val Glu Glu Val Arg Arg His Tyr Glu Ile Leu Val Arg Asp Leu
50 55 60

Met Tyr Ile Glu Ser Gly Gln Ile Pro Ile Pro Asn Tyr Lys Ser Thr
65 70 75 80

Gly Ser Asn Arg Arg
85

<210> 332

<211> 88

<212> белок

<213> Solanum lycopersicum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (11)..(60)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 7981380

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 162,1 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 332

Met Ser Ser Met Ser Ser Gln His Gly Ser Ser Gly Ser Trp Thr Ala
1 5 10 15

Lys Gln Asn Lys Ala Phe Glu Lys Ala Leu Ala Val Tyr Asp Lys Glu
20 25 30

Thr Arg Asp Arg Trp Ser Asn Val Ala Lys Ala Val Gly Gly Lys Thr
35 40 45

Ala Glu Glu Val Lys Arg His Tyr Glu Ile Leu Leu Arg Asp Val Phe
50 55 60

Phe Ile Asp Asn Gly Met Val Pro Phe Pro Lys Tyr Lys Thr Thr Gly
65 70 75 80

Gly Ser His Asn Ser Thr Ser Asp
85

<210> 333

<211> 749
<212> ДНК
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1910072

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 334

<400> 333
atcagctcat cagctcttga tctctagcta gctagagaga taagcttctt ctcttctctt 60
cggtcgaggg agtgatcctc tctcactctc accaggagct cagctcgggt agctcaagga 120
ggccagaaga agaaatggcg tcgctgtcga tgaccagcag ctcggtgctg gcgcagtggg 180
cgaagaagca gaacaagctc ttcgagcagg cgttggccgt gtacgacaag gacacccccg 240
accggtggca caacatcgcc cgcgccgtcg gcggcaagtc agccgaggag gtcaggcgct 300
actacgagat gctggaggag gatgtcaagc acatcgagtc cggcaagggtg cccctccccg 360
cctaccgctg ccccggcggc gccggcgccg gcgccctcgg ctacgaggcc gacaggatga 420
agcatctgaa gatctaggcg aacttcagag gatgggtcaag aagaggctgc gcaggcacac 480
gtgtatatat gattgggata gcatgcatgt ccatgctact cctacgcaag tgggtctggaa 540
gaagcaagaa gaatcagatg agatgcatgc atgtcataat taattaatta attaattaat 600
aattagtatg gggatgatcg agtagtatcc tagcctgtca cgcgagatcg accgacccat 660
cgatctccca gcatgtgtcc ttcgtacca cgcgcgatg tgtattatat cctagctgca 720
tctgtgtacc ataccaatca gaaacatga 749

<210> 334
<211> 100
<212> белок
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (12)..(61)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1910072

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 182,3 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 334

Met Ala Ser Leu Ser Met Thr Ser Ser Val Arg Ala Gln Trp Thr
1 5 10 15

Lys Lys Gln Asn Lys Leu Phe Glu Gln Ala Leu Ala Val Tyr Asp Lys
20 25 30

Asp Thr Pro Asp Arg Trp His Asn Ile Ala Arg Ala Val Gly Gly Lys
35 40 45

Ser Ala Glu Glu Val Arg Arg Tyr Tyr Glu Met Leu Glu Glu Asp Val
50 55 60

Lys His Ile Glu Ser Gly Lys Val Pro Leu Pro Ala Tyr Arg Cys Pro
65 70 75 80

Gly Gly Ala Gly Ala Gly Ala Leu Gly Tyr Glu Ala Asp Arg Met Lys
85 90 95

His Leu Lys Ile
100

<210> 335

<211> 675

<212> ДНК

<213> Zea mays

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 331755

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 336

<400> 335

agaatgcaaa ccacaaaaca aagtcaaac agctgcaacg atcaagagcg aggcttcctt 60
gtccagctct ccgctcagcc gacacacaca gattgacaga tggcgtctat gtcgctgagc 120
tcgtcgaggg cgcagtggac ggcgaagcag aacaagctgt tcgagcaggc gttggcggtg 180
tacgacaggg acacgccgga ccgctggcac aacatcgcg gcgccgtggg tggcaagtcg 240
gcgagcaggg tcagggccta ctacgagctg ctggtgaagg acttgagca catcgaggcc 300
ggcaaggtgg cttccccgc gtacaggtgc cccggcggct acgacgacgc cgacagcgac 360
aggctgaagc acctgacctg aagatctagg cggcaggcaa gcatcatgag aaccactgaa 420
caagtacgtc ctacatacgt aacttcgcg ccatgtgagt gtagcacgtg tggctacaaa 480
agaagcaagc caagcgagtg ggtcggacgg attatctggt caagcacgca tgtgaattag 540
aattactact agcaatagct ataggatggt gatcaatcga tctccgttcc ccccggtgtg 600
cgatgtaaaa tctcagcatc tgtagcatat atattctgag gagtgaata aaatacattc 660
actagtttgt ggacc 675

<210> 336

<211> 93

<212> белок
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (10)..(59)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 331755

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 175,6 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 336

Met Ala Ser Met Ser Leu Ser Ser Ser Arg Ala Gln Trp Thr Ala Lys
1 5 10 15

Gln Asn Lys Leu Phe Glu Gln Ala Leu Ala Val Tyr Asp Arg Asp Thr
20 25 30

Pro Asp Arg Trp His Asn Ile Ala Arg Ala Val Gly Gly Lys Ser Ala
35 40 45

Asp Glu Val Arg Arg Tyr Tyr Glu Leu Leu Val Lys Asp Leu Glu His
50 55 60

Ile Glu Ala Gly Lys Val Ala Phe Pro Ala Tyr Arg Cys Pro Gly Gly
65 70 75 80

Tyr Asp Asp Ala Asp Ser Asp Arg Leu Lys His Leu Thr
85 90

<210> 337
<211> 92
<212> белок
<213> Medicago truncatula

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (9)..(58)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 124360540

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 178,1 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 337

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

<210> 338

<211> 102

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (13)..(62)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157335318

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 170,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 338

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

Lys Asn Leu Lys Leu Arg
100

<210> 339
<211> 279
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1503394

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 340

<400> 339
atgtcttcca gccatcaaac tccaaggaat tctagctcct cttggacacc aagggaaaac 60
aaactgtttg aaaaggctct agccttgttt gataaggaca caccggaccg gtggcaaaat 120
atagccaaag ctgttggtgg cgtgaaatca gctgaggaaa tgaagagaca ctacgaaatc 180
ctcattgaag atcttaaaca tatcgagtcc ggccgtgttc ctattcctaa ttacaagtcc 240
agtagaagct acagcaatac aaacgaagaa gaaaggtaa 279

<210> 340
<211> 92
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (12)..(62)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1503394

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 163,2 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 340
Met Ser Ser Ser His Gln Thr Pro Arg Asn Ser Ser Ser Ser Trp Thr
1 5 10 15
Pro Arg Glu Asn Lys Leu Phe Glu Lys Ala Leu Ala Leu Phe Asp Lys
20 25 30
Asp Thr Pro Asp Arg Trp Gln Asn Ile Ala Lys Ala Val Gly Gly Val
35 40 45

Lys Ser Ala Glu Glu Met Lys Arg His Tyr Glu Ile Leu Ile Glu Asp
50 55 60

Leu Lys His Ile Glu Ser Gly Arg Val Pro Ile Pro Asn Tyr Lys Ser
65 70 75 80

Ser Arg Ser Tyr Ser Asn Thr Asn Glu Glu Glu Arg
85 90

<210> 341
<211> 315
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1442707

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 342

<400> 341
atgtcttatt tcacatcttc aaatggctcc ggctcctctt ggacagccaa acaaaataag 60
ctattcgcaga aggccttggc tgtatacgac aaagacaccc cagaccgctg gcaaaatgtg 120
gccaaggccg tgggtggcaa gtctcctgaa gaagttaaga ggcactatga tcgtctcgtg 180
gaagatctcg tgtacataga atccggccaa gccctctgac cgaattacaa gccctctggc 240
agcaatggta ggggacttgt tgaagagcaa aggctagcta tggcttatcc atcatcgatc 300
tattcaactt cctaa 315

<210> 342
<211> 104
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (11)..(60)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1442707

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 159,1 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 342
Met Ser Tyr Phe Thr Ser Ser Asn Gly Ser Gly Ser Ser Trp Thr Ala
1 5 10 15

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

<210> 343
 <211> 75
 <212> белок
 <213> Vitis vinifera

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (9)..(58)
 <223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
 Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 147784500

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 136,5 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 7

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 343
 Met Ala Ser Thr Ser Leu Lys Ser Ser Gly Ser Trp Thr Pro Lys Gln
 1 5 10 15
 Asn Lys Leu Phe Glu Lys Ala Leu Ala Leu Tyr Asp Arg Asp Thr Pro
 20 25 30
 Asp Arg Trp Gln Asn Val Ala Asn Ala Val Gly Gly Lys Ser Ala Glu
 35 40 45
 Glu Val Lys Gln His Tyr Glu Ile Leu Ile Arg Asp Leu Lys His Ile
 50 55 60
 Glu Ser Gly Arg Val Pro Ile Pro Asn Tyr Lys
 65 70 75

<210> 344
 <211> 273
 <212> ДНК

<213> Populus balsamifera subsp. trichocarpa

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1514100

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 345

<400> 344

```
atggcatcaa gctcaatgtc ctctcgcggt tcgggctcgt ggactgttca gcagaacaaa 60
gcctttgaaa gggctttggc tgtgtatgac agagacacgc cggatcgctg gtacaatgta 120
gccagggcag tcggtggaaa aaccgcagaa gaagtgaaaa ggcactatga actgcttgtg 180
gaggatgtga agcatattga gtcgggccat gttcccttcc ctaattacag gactaccggg 240
gcaaatggcc acgcaagaga cgggattggt tag 273
```

<210> 345

<211> 90

<212> белок

<213> Populus balsamifera subsp. trichocarpa

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (11)..(60)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1514100

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 165,2 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 345

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


<210> 346
<211> 294
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 850366

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 347

<400> 346
atggcatcaa gctcaatgtc ttctcagagc tctggctcgt ggactgctaa gcagaacaaa 60
gcctttgagc aggctctagc aacstatgac caggacactc ctaaccgttg gcaaaatggt 120
gcsaaagtcg tgggtggaaa aacaacagag gaggtaaaga gacactacga actcttagtg 180
caagacatca acagcataga gaacggtcac gttccattcc caaactacag gactagtggg 240
ggctgcacta atggcaggct tagtcaggag gaaaaaagggt atgtattgtc ctaa 294

<210> 347
<211> 97
<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (11)..(60)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 850366

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 174,5 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 347
Met Ala Ser Ser Ser Met Ser Ser Gln Ser Ser Gly Ser Trp Thr Ala
1 5 10 15
Lys Gln Asn Lys Ala Phe Glu Gln Ala Leu Ala Thr Tyr Asp Gln Asp
20 25 30
Thr Pro Asn Arg Trp Gln Asn Val Ala Lys Val Val Gly Gly Lys Thr
35 40 45
Thr Glu Glu Val Lys Arg His Tyr Glu Leu Leu Val Gln Asp Ile Asn
50 55 60

Ser Ile Glu Asn Gly His Val Pro Phe Pro Asn Tyr Arg Thr Ser Gly
65 70 75 80

Gly Cys Thr Asn Gly Arg Leu Ser Gln Glu Glu Lys Arg Tyr Val Leu
85 90 95

Ser

<210> 348
<211> 303
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 543794

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 349

<400> 348
atggcctcta gttctatgag ctcgagctct tcttggacgt ctaagcaaaa caagatgttc 60
gagagggcctt tagccgttta cgataaagac actccccgacc gttggcaaaa cgtggctaaa 120
gcagttggaa gtaaactctgc agaggaagtt aaacgtcact acgacatcct cgttgaagat 180
ctcatgaaca tcgaacaaga cttagtacct ttgcctaaat acaaaaccgt cgatgttgga 240
agtaaactca gaggcacgga tgattttgat ttgagggttaa tgaagaatat gagaatccag 300
tga 303

<210> 349
<211> 100
<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 543794

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (9)..(66)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 158,4 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 349
Met Ala Ser Ser Ser Met Ser Ser Ser Ser Ser Trp Thr Ser Lys Gln
1 5 10 15

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

<210> 350

<211> 327

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1495620

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 351

<400> 350

atgtcttatt tcacatcttc aaatggctcc ggctcctctt ggacagccaa acaaaataag 60
 ctattcgaga aggcctggc tgtatacgac aaagacaccc cagaccgctg gcaaaatgtg 120
 gccaaagccg tgggtggcaa gtctcctgaa gaagttaaga ggcaactatga tcgtctcgtg 180
 gaagatctcg tgtacataga atccggccaa gccctctgac cgaattaca gccctctggc 240
 agcaatggta ggggacttgt tgaagagcaa agaccattta atccaactcc aaaaagtttt 300
 gaatttgtag gatcctggtt tgcctag 327

<210> 351

<211> 108

<212> белок

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (11)..(60)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1495620

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 154,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 351

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

<210> 352

<211> 469

<212> ДНК

<213> Glycine max

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1653552

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 353

<400> 352

aacacatcag ctcttccttg agtctgatca ctacacacta ctcttcagcc ttttcatatc 60
accctttgct accaaacca ttcagtctct ttgcttgctc tacctgagtt tgaaacgtaa 120
ccttagaacc atttcacaca aacttttctg ttccttaatt cctgaaagaa aatggcatct 180
tggtcaatct cagcctcagg ctcatggagt gttaaggaca acaaggcctt tgaaaaggct 240
ctagctgttt atgacaagga caccctgac cgttggtaca atggtgctca tgctggtggc 300
ggcaaaactc cagaggaagt gaagaggcac tacgaactcc ttgttcagga tgtaagcat 360
attgagtcag gacgtgttcc attcccaaat tacaagaaaa ctacttcaga gtcaactgat 420
caggagaaa aaaggctgag gaatttgaat ttgaacctcc agtgacccc 469

<210> 353

<211> 97

<212> белок

<213> Glycine max

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (9)..(58)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1653552

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 184,1 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 353

Met Ala Ser Cys Ser Ile Ser Ala Ser Gly Ser Trp Ser Val Lys Asp
1 5 10 15

Asn Lys Ala Phe Glu Lys Ala Leu Ala Val Tyr Asp Lys Asp Thr Pro
20 25 30

Asp Arg Trp Tyr Asn Val Ala His Ala Val Gly Gly Lys Thr Pro Glu
35 40 45

Glu Val Lys Arg His Tyr Glu Leu Leu Val Gln Asp Val Lys His Ile
50 55 60

Glu Ser Gly Arg Val Pro Phe Pro Asn Tyr Lys Lys Thr Thr Ser Glu
65 70 75 80

Ser Thr Asp Gln Glu Glu Lys Arg Leu Arg Asn Leu Asn Leu Asn Leu
85 90 95

Gln

<210> 354

<211> 96

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (7)..(56)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 147767321

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 164,7 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 354

Met Ser Ser Arg Ser Ser Gly Ser Ser Trp Thr Ala Lys Gln Asn Lys
1 5 10 15

Ala Phe Glu Glu Ala Leu Ala Val Tyr Asp Lys Asp Thr Pro Asp Arg
20 25 30

Trp Tyr Asn Val Ala Arg Ala Val Gly Gly Lys Thr Val Glu Glu Val
35 40 45

Lys Arg His Tyr Glu Ile Leu Val Glu Asp Ile Lys Ser Ile Asp Ser
50 55 60

Asp Lys Val Pro Phe Pro Asn Tyr Lys Thr Thr Gly Ala Ser Ser Arg
65 70 75 80

Ser Asn Met Ser Asp Gln Glu Lys Arg Met Met Asn Leu Lys Leu Arg
85 90 95

<210> 355
<211> 237
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1510450

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 356

<400> 355

atgtcttcca attctctcac ctcttggaca cctaagcaaa acaaactatt cgaaaaggcc 60
ctggctttac atgacaagga cacccttgac cgctggcata atgttgccaa agctgtgggt 120
gggaaatctg cagaggaagt gaagaggcac tatgagattc tcatcaagga tgtcagggaa 180
attgagtctg gcagagttcc attcctaataac tacaggtcaa gtggaaacgg caactaa 237

<210> 356
<211> 78
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (6)..(55)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1510450

<220>
<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 137,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 356

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

<210> 357

<211> 97

<212> белок

<213> Glycine max

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (9)..(58)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 110931736

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 183,1 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (94)..(94)

<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<400> 357

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

Glu Val Lys Arg His Tyr Glu Leu Leu Val Gln Asp Val Lys His Ile
 50 55 60

Glu Ser Gly Arg Val Pro Phe Pro Asn Tyr Lys Lys Thr Thr Ser Glu
 65 70 75 80

Ser Thr Asp Gln Glu Glu Lys Arg Leu Arg Asn Leu Asn Xaa Asn Leu
 85 90 95

Gln

<210> 358
 <211> 665
 <212> ДНК
 <213> *Gossypium hirsutum*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1916884

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 359

<400> 358
 acacaccgca ccttgacttg aagtaacctt ttgagagaaa aagtccatct attcccttcc 60
 atcatcgttt caatttattc aacctttctc tcaaattcag tcacagggcat atttattttta 120
 agtttttagcc tgccattcac ccgagcttgt cgataaatcc tctgttttca atagttgcat 180
 ttggattttc atcaaatggc atcccattct ctcagttctt cacgtagctc taactcctcc 240
 tggacaccta agcaaaacaa aatgttcgag aaggctctgg ctgaatttga ccaggacact 300
 cctgagcgcct ggattaatat tgctaaagct gtgggtggaa agtcagctga ggaagtcaag 360
 cagcactatg agatcctagt cagggatgtc aaagagatcg agtctggacg gtacccttat 420
 ccatatccaa gtgggagcag caactaaagc agtgagttat cagcttaccg tatccaaagg 480
 gttctctgaa ggggtcaaaga tcatagttaa agaacattat attatgcaac cagagacctc 540
 aattgcagga agactattat agaatattcc ccaggaaaat attattattt gctttattta 600
 tctttttgta tttttctttg accttgctta gttagattaa atgttaaata tattttattg 660
 atatt 665

<210> 359
 <211> 83
 <212> белок
 <213> *Gossypium hirsutum*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (13)..(62)
 <223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
 Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1916884

<220>

<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 122,1 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 359

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

<210> 360

<211> 1123

<212> ДНК

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1847251

<220>

<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 361

<400> 360

ataccactcc cttaacttca aacaaaatct tcttttaaga gtcctttcca tcaccttgct 60
ttcacattca ggcacctgca tactttctttt aacttttcag ccctataatt ctctcactta 120
agattttcac caatggcatc taattctctc acttcctcac gtacctctgg ctcgctctgg 180
acggcaaagc aaaacaaact gttcgagaag gctctggcta aatatgacaa agacactcct 240
gaccgctggc ataacattgc caaggctgtg ggtggaaagt cagttgagga agtcaagctg 300
cactatgaga tcctagtcag ggatctcaaa gacattgagt ctggccgcta cccttatcca 360
tatccaacca actaaagcgc tatgagttta ctacttacta ttactacct atccacaatc 420
actatagata accaagaagt gaaggccact ttcatatgca tgaatcacat tcctaaaaat 480
gcagctgtca tgcttttttg ttgatgtagt tgtggattta aagaaaacgt ggttcttaga 540

attatcatac atgcgcatat ccatgacgtc cttgtccttc cagctccaca cacccacaac 600
 cccaaagtcc ttaagcattg aaaactctca agtacccaag tgggtccata aaagaaaatc 660
 cagaaaagta gggaaatcttc atgtgcctcc ccccccccc cccaaatttc tttctgtggt 720
 ctatcacttt aaattttttt cctttttcca ctgagcatat acagttcatt tgcatttaat 780
 gttcttatag acctaattcc ttacaattac tcaatcctaa tctcaaactt ttcgactctt 840
 tttgtctttt tggattttgg acaacatgcc gatgggtactt ttgtcatttc caacatattt 900
 tatcttaatt atctgcattt gttttttctca caggagcaaa tcaataaatt ccgtttctag 960
 agacttaact tgtcctactt gtcttttcagg ttagctgaag actatgaata tatatatgca 1020
 tctagagacc tcagttgctg agagactagc ctagttcccc acctaaagaa atccatacaa 1080
 aactaattat ccattgggtg taataactaaa tgctgttact acc 1123

<210> 361

<211> 80

<212> белок

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (13)..(62)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1847251

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 115,8 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 361

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

Thr Ala Lys Gln Asn Lys Leu Phe Glu Lys Ala Leu Ala Lys Tyr Asp
 20 25 30

Lys Asp Thr Pro Asp Arg Trp His Asn Ile Ala Lys Ala Val Gly Gly
 35 40 45

Lys Ser Val Glu Glu Val Lys Leu His Tyr Glu Ile Leu Val Arg Asp
 50 55 60

Leu Lys Asp Ile Glu Ser Gly Arg Tyr Pro Tyr Pro Tyr Pro Thr Asn
 65 70 75 80

<210> 362

<211> 339

<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1457249

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 363

<400> 362
atgtcttcca attctctcac ctcttggaca cctaagcaaa acaaactatt cgaaaaggcc 60
ctggctttac atgacaagga caccsctgac cgctggcata atgttgccaa agctgtgggt 120
gggaaatctg cagaggaagt gaagaggcac tatgagattc tcatcaagga tgtcagggaa 180
attgagtctg gcagagttcc attccctaatac tacagattaa tgatcatatac aagtattaaa 240
gcatcattta agccaggata caggcaacgt agattttctga tctttcagga caaattccat 300
gggaatggtc aatcaaattc tgcaccgtca ttcgcctaa 339

<210> 363
<211> 112
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (6)..(55)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1457249

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 146,4 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 363
Met Ser Ser Asn Ser Leu Thr Ser Trp Thr Pro Lys Gln Asn Lys Leu
1 5 10 15
Phe Glu Lys Ala Leu Ala Leu His Asp Lys Asp Thr Pro Asp Arg Trp
20 25 30
His Asn Val Ala Lys Ala Val Gly Gly Lys Ser Ala Glu Glu Val Lys
35 40 45
Arg His Tyr Glu Ile Leu Ile Lys Asp Val Arg Glu Ile Glu Ser Gly
50 55 60
Arg Val Pro Phe Pro Asn Tyr Arg Leu Met Ser Tyr Thr Ser Ile Lys
65 70 75 80

Ala Ser Phe Lys Pro Gly Tyr Arg Gln Arg Arg Phe Leu Ile Phe Gln
85 90 95

Asp Lys Phe His Gly Asn Gly Gln Ser Asn Ser Ala Pro Ser Phe Ala
100 105 110

<210> 364
<211> 518
<212> ДНК
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1113584

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 365

<400> 364
aatcacacct ctttaattag taacacttaa ttttcattac cgtcgtttta ttaagtgtgt 60
gttgctacaa caatggcctc aagtcagggt tggactccga agcagaacaa gagatttgag 120
aatgcccttg ccatcttcga caaggacacc ccagacaggt ggcacacggt ggccagggcc 180
gtcggaggaa aaacgggtgga ggaagtgaaa aggcattatg agaagctcgt ggaagatgtg 240
aaggagattg aggaaggtca cgtgccctc cccaattacc gaagtgtctg aagaggccac 300
ggttacatgg atgaagaaa caggatgaag gttctgagtc tgcagtgaag tgtgatttat 360
caataatata tataatatat gctggatgct tggcttagaa ctactataaa atatatttatt 420
tgctttttcg ttttttcttt ccatatata atatatcaa agcatcgatg ccttgtattt 480
ctgtttctat aaatgtaaag atgaaatgaa attgtccc 518

<210> 365
<211> 91
<212> белок
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (4)..(53)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1113584

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 141,8 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 365

Met Ala Ser Ser Gln Gly Trp Thr Pro Lys Gln Asn Lys Arg Phe Glu
1 5 10 15

Asn Ala Leu Ala Ile Phe Asp Lys Asp Thr Pro Asp Arg Trp His Thr
20 25 30

Val Ala Arg Ala Val Gly Gly Lys Thr Val Glu Glu Val Lys Arg His
35 40 45

Tyr Glu Lys Leu Val Glu Asp Val Lys Glu Ile Glu Glu Gly His Val
50 55 60

Pro Leu Pro Asn Tyr Arg Ser Ala Ala Arg Gly His Gly Tyr Met Asp
65 70 75 80

Glu Glu Asn Arg Met Lys Val Leu Ser Leu Gln
85 90

<210> 366

<211> 656

<212> ДНК

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1927753

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 367

<400> 366

aagtaatttt ctttgagaga aataacccca tcttttcctt ttatacaagt ttcaatttat 60
tcactctttc aaattcagga actgacatag ttctctaaat ttttagcctg tcattctgat 120
ccgaagcttg ttaaaaagac cctctgtttt cagttgtact tattttcact tatgtcatcc 180
aattttctca ataattcacg ctgctctagc tcttcctgga cacctaaaca aaacaaaacg 240
ttcgagaagg ctctggctaa atatgaccag gacactcctg accgctggca caatgttgcc 300
aaggctgtgg gtggaaagtc tgctgaggaa gtcaagctgc actatgatgc cctagtcagg 360
gatctcaaag acattgagtc tggccgctac ctttatccat atccaagtgg aagcaacagc 420
taaagtggtt cccaagagt caagtactaa aatgaaaaag aacatgatac tcacaaaacc 480
agagacctca gtcgcacagt cgcagaaatc tagcattgga tgatattccc ccagaaaaaa 540
agaaaatccc tactgtaatt gtacatgctg ctattactat tttctgtatt atcactttgt 600
attttccttt gaccttgctt agttaaatta aaatattaa tatttatata gtaatt 656

<210> 367

<211> 83

<212> белок

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак
<222> (13)..(62)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1927753

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 110,7 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 367
Met Ser Ser Asn Phe Leu Asn Asn Ser Arg Cys Ser Ser Ser Ser Trp
1 5 10 15
Thr Pro Lys Gln Asn Lys Thr Phe Glu Lys Ala Leu Ala Lys Tyr Asp
20 25 30
Gln Asp Thr Pro Asp Arg Trp His Asn Val Ala Lys Ala Val Gly Gly
35 40 45
Lys Ser Ala Glu Glu Val Lys Leu His Tyr Asp Ala Leu Val Arg Asp
50 55 60
Leu Lys Asp Ile Glu Ser Gly Arg Tyr Pro Tyr Pro Tyr Pro Ser Gly
65 70 75 80
Ser Asn Ser

<210> 368
<211> 551
<212> ДНК
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 857342

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 369

<400> 368
aaaatcacag ctctttaatt tgtaaacactt aattttcatt gattgagtgt gtgttgctac 60
aacaatggcc tcaagccagg gttggactcc gaagcagaac aagagatttg agaatgcct 120
tgccatcttc gacaaggaca cccagatag gtggcacacg gtggccaggg ccgtcggagg 180
aaaaacggtg gaggaagtga aaaggcatta tgagaagctc gtggaagatg tgaagaagat 240
agaggaaggt cacgtgcccc tccccaatca ccgaagtgtc gcaagaggct acggttacat 300
ggatgaagaa accaggatga aggctctgag tctgcagtga agtgtgattt accaataaat 360

aatatatggtt ggatgcttgg cttagtagca taagatattt tattcacttt tttgtttttt 420
 ctttccatat aatatatagg caaagcatcg ttgccttgtg tttctgtttc tataaatgta 480
 aagatgaaat tgtcccaaag acgggcccac tagttaatag taaaaacagc cattgaatat 540
 catattttca c 551

<210> 369
 <211> 91
 <212> белок
 <213> Glycine max

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (4)..(53)
 <223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
 Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 857342

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 139,8 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 7

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 369
 Met Ala Ser Ser Gln Gly Trp Thr Pro Lys Gln Asn Lys Arg Phe Glu
 1 5 10 15
 Asn Ala Leu Ala Ile Phe Asp Lys Asp Thr Pro Asp Arg Trp His Thr
 20 25 30
 Val Ala Arg Ala Val Gly Gly Lys Thr Val Glu Glu Val Lys Arg His
 35 40 45
 Tyr Glu Lys Leu Val Glu Asp Val Lys Lys Ile Glu Glu Gly His Val
 50 55 60
 Pro Leu Pro Asn Tyr Arg Ser Ala Ala Arg Gly Tyr Gly Tyr Met Asp
 65 70 75 80
 Glu Glu Thr Arg Met Lys Ala Leu Ser Leu Gln
 85 90

<210> 370
 <211> 489
 <212> ДНК
 <213> Gossypium hirsutum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 100068619

<220>
 <221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 371

<400> 370

```
ctctttttct tttcttctct tttctttggc ctcagaccct taatttcgat tgttaattat 60
cactgttctg caatggcgtc aggttcgaac tggacgccaa agcaaaacaa gttgttcgag 120
aacgctttag ctatctacga caaggataca ccagaccggg gccacaagct agccagggct 180
gtcggggggga agaccgtgga ggaagtgaag ttgcattacc agaaccttgt ggatgacatc 240
aagcagatag agtctgggca cgtgcctttg ccccttata agaaagctgg agggaaccaa 300
ggatacaaca atttcatgga cgatgaagaa ccaaggatga ggaatctcag gctttagtga 360
agtatgaacc agaaatagct gtagaatatc aacctttcaa taaaaggaaa tgcaaagcag 420
caaacatata aattatctct taatttcggt tacatttcct gctcatatat atgttttttg 480
tgtgcttga 489
```

<210> 371

<211> 94

<212> белок

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (4)..(53)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 100068619

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 130,0 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 371

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


<210> 372
<211> 97
<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (9)..(54)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 145327247

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 153,0 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 372
Met Ala Ser Asn Ser Arg Ser Ser Ile Ser Pro Trp Thr Phe Ser Gln
1 5 10 15
Asn Lys Met Phe Glu Arg Ala Leu Ala Val Tyr Asp Lys Asp Thr Pro
 20 25 30
Asp Arg Trp His Asn Val Ala Lys Ala Val Gly Gly Lys Thr Val Glu
 35 40 45
Glu Val Lys Arg His Tyr Asp Ile Leu Val Glu Asp Leu Ile Asn Ile
 50 55 60
Glu Thr Gly Arg Val Pro Leu Pro Asn Tyr Lys Thr Phe Glu Ser Asn
65 70 75 80
Ser Arg Ser Ile Asn Asp Phe Asp Thr Arg Lys Met Lys Asn Leu Lys
 85 90 95
Ile

<210> 373
<211> 276
<212> ДНК
<213> Solanum lycopersicum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8461532

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 374

<400> 373
atggcctcgt ggactgcaag gcaaaacaag aagttcgaag aggctttggc gttatatgac 60

agagacacac ctgatcggtg gcataacatt gcaaggtgtg taggtggaaa atcagctgca 120
gaagtgaaga ggcattatga agtacttgtg aaggatatca tgcaaataga aaatgggtcaa 180
gtacctttac caaattacaa agccgcggtc gaaaccaata acagatcagg ttatgccaat 240
gaacatagggc ttctgaagaa cctgaagtta cagtga 276

<210> 374
<211> 91
<212> белок
<213> Solanum lycopersicum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (1)..(50)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8461532

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 135,9 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 374
Met Ala Ser Trp Thr Ala Arg Gln Asn Lys Lys Phe Glu Glu Ala Leu
1 5 10 15
Ala Leu Tyr Asp Arg Asp Thr Pro Asp Arg Trp His Asn Ile Ala Arg
20 25 30
Cys Val Gly Gly Lys Ser Ala Ala Glu Val Lys Arg His Tyr Glu Val
35 40 45
Leu Val Lys Asp Ile Met Gln Ile Glu Asn Gly Gln Val Pro Leu Pro
50 55 60
Asn Tyr Lys Ala Ala Ala Glu Thr Asn Asn Arg Ser Gly Tyr Ala Asn
65 70 75 80
Glu His Arg Leu Leu Lys Asn Leu Lys Leu Gln
85 90

<210> 375
<211> 776
<212> ДНК
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1722230

<220>

<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 376

<400> 375
atcagctcat cacaactctt gatctctagc tagctaaaga gataagcttc ctctcttct 60
ctcggtcgaa ggagtgatcc tctctcactc tcaccaggag ctcagctcgg gtagctcaag 120
gaggccagaa gaagaaatgg cgtcgcctgtc gatgaccagc agctcgggtgc gggcgcagtg 180
gacgaagaag cagaacaagc tcttcgagca ggcgttggcc gtgtacgaca aggacacccc 240
cgaccgggtgg cacaacatcg cccgcgccgt cggcggcaag tccgccgagg aggtcaggcg 300
ctactacgag ctgctggagg aggatgtcaa gcacatcgag tccggcaagg tgcccttccc 360
cgcctaccgc tgccccggcg gcgccggcgc cggcgccttc ggctacgagg ccgacaggat 420
gaagcatctg aagatctagg cgaacttcag agtatggctc agaagaggct gcgcaggcac 480
gtgtattagt gtatatatga ttgggacagc atgcatgtcc atgctactcc tacgcaagtg 540
gtctggaaga agcaagaaga atcagatgag atgcatgcat gtcataatta attaattaat 600
taattaatta ataattagta tgggatgata gagtagtata ctagcctgtc acgcgagatc 660
gaccgacca tcgatctccc agcatgtgtc cttcgtaccc acgcgcgtat gtgtattata 720
tcctagctgc atctgtgtac cataccaatc aagaaacatg aacttgatat tgatgc 776

<210> 376
<211> 100
<212> белок
<213> *Panicum virgatum*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (12)..(61)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1722230

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 183,0 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 376
Met Ala Ser Leu Ser Met Thr Ser Ser Ser Val Arg Ala Gln Trp Thr
1 5 10 15
Lys Lys Gln Asn Lys Leu Phe Glu Gln Ala Leu Ala Val Tyr Asp Lys
20 25 30
Asp Thr Pro Asp Arg Trp His Asn Ile Ala Arg Ala Val Gly Gly Lys
35 40 45

Ser Ala Glu Glu Val Arg Arg Tyr Tyr Glu Leu Leu Glu Glu Asp Val
50 55 60

Lys His Ile Glu Ser Gly Lys Val Pro Phe Pro Ala Tyr Arg Cys Pro
65 70 75 80

Gly Gly Ala Gly Ala Gly Ala Leu Gly Tyr Glu Ala Asp Arg Met Lys
85 90 95

His Leu Lys Ile
100

<210> 377
<211> 574
<212> ДНК
<213> Gossypium hirsutum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1897493

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 378

<400> 377
cttctacacc tctttttctt ttctttttttt ggcctcagac cctgaatttc gattgttaat 60
tatcactgtt ctgcaatggc gtcaggttcg aactggacgc caaagcaaaa caagttgttc 120
gagaacgctt tagctatcta cgacaaggat acaccagacc ggtggcaca gctagccagg 180
gctgttgggg ggaagaccgt ggaggaagtg aagttgcatt accagaacct tttggatgac 240
atcaagcaga tagagtctgg gcacgtgcct ttgccccctt acaagaaagc tggaggaaca 300
aaggatacaa caatttcatg gacgatgaag aaccaaggat gaggaatctc aggcttttagt 360
gaagtatgaa ccagaaatag cctgtagaat atcaaccttt caataaaagg aaatgcaaag 420
cagcaaacat ataaattatt gctcttaatt tcgtttacat ttcccgtca tatatatata 480
tatgtttttt gtgtgcttga atgtaacaag cagccacaac gttcctatac ttgcatgtat 540
caagtatgaa attatagcat tgggtgccttg tttt 574

<210> 378
<211> 88
<212> белок
<213> Gossypium hirsutum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (4)..(53)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1897493

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 124,3 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 378
Met Ala Ser Gly Ser Asn Trp Thr Pro Lys Gln Asn Lys Leu Phe Glu
1 5 10 15
Asn Ala Leu Ala Ile Tyr Asp Lys Asp Thr Pro Asp Arg Trp His Lys
 20 25 30
Leu Ala Arg Ala Val Gly Gly Lys Thr Val Glu Glu Val Lys Leu His
 35 40 45
Tyr Gln Asn Leu Leu Asp Asp Ile Lys Gln Ile Glu Ser Gly His Val
 50 55 60
Pro Leu Pro Pro Tyr Lys Lys Ala Gly Gly Thr Lys Asp Thr Thr Ile
65 70 75 80
Ser Trp Thr Met Lys Asn Gln Gly
 85

<210> 379
<211> 381
<212> ДНК
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 838426

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 380

<400> 379
atggcgtcaa actcaagaag ttcaatctca ccatggacgt ttagtcaaaa caagatgttc 60
gagagggcct tggcagttta cgacaaggac acacccgacc gatggcacia tgtggcaaaa 120
gctgtcggag ggaaaactgt agaagaagtg aagcgccact atgacattct cgtcgaggat 180
ctcatcaaca tcgagactgg tcgtgtcctt ttgcccaatt acaagacctt cgaatctaac 240
tcaagaagca tcaatgactt tgacacaagg tatataacta aatatctata tatgatgctc 300
tcgatatatt ttgataatca ttctagtgat tttgagaaat tctctcaaaa agttcttgta 360
agttatattt ctttggttta a 381

<210> 380
<211> 126
<212> белок
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак
<222> (9)..(54)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 838426

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 147,8 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 380
Met Ala Ser Asn Ser Arg Ser Ser Ile Ser Pro Trp Thr Phe Ser Gln
1 5 10 15
Asn Lys Met Phe Glu Arg Ala Leu Ala Val Tyr Asp Lys Asp Thr Pro
 20 25 30
Asp Arg Trp His Asn Val Ala Lys Ala Val Gly Gly Lys Thr Val Glu
 35 40 45
Glu Val Lys Arg His Tyr Asp Ile Leu Val Glu Asp Leu Ile Asn Ile
 50 55 60
Glu Thr Gly Arg Val Pro Leu Pro Asn Tyr Lys Thr Phe Glu Ser Asn
65 70 75 80
Ser Arg Ser Ile Asn Asp Phe Asp Thr Arg Tyr Ile Thr Lys Tyr Leu
 85 90 95
Tyr Met Met Leu Ser Ile Tyr Phe Asp Asn His Ser Ser Asp Phe Glu
 100 105 110
Lys Phe Ser Gln Lys Val Leu Val Ser Tyr Ile Ser Leu Val
 115 120 125

<210> 381
<211> 306
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 827713

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 382

<400> 381
atggcatcag gctcaatgtc ttcttatggc tctggctcat ggactgttaa gcagaacaaa 60
gcctttgagc gtgctctagc agtctatgac caagacactc cggaccgttg gcacaatggt 120
gctagagctg ttgggtggtaa aacaccagaa gaagctaaga gacagtatga ccttctagtt 180

cgtagacatcg aaagcatcga gaatgggtcac gtgccattcc ctgactacaa gactactaca 240
ggaaacagca acagaggcag gctgcgtgat gaggaaaaga ggatgagaag catgaagctg 300
cagtga 306

<210> 382
<211> 101
<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (11)..(60)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 827713

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 171,4 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 382
Met Ala Ser Gly Ser Met Ser Ser Tyr Gly Ser Gly Ser Trp Thr Val
1 5 10 15
Lys Gln Asn Lys Ala Phe Glu Arg Ala Leu Ala Val Tyr Asp Gln Asp
20 25 30
Thr Pro Asp Arg Trp His Asn Val Ala Arg Ala Val Gly Gly Lys Thr
35 40 45
Pro Glu Glu Ala Lys Arg Gln Tyr Asp Leu Leu Val Arg Asp Ile Glu
50 55 60
Ser Ile Glu Asn Gly His Val Pro Phe Pro Asp Tyr Lys Thr Thr Thr
65 70 75 80
Gly Asn Ser Asn Arg Gly Arg Leu Arg Asp Glu Glu Lys Arg Met Arg
85 90 95
Ser Met Lys Leu Gln
100

<210> 383
<211> 776
<212> ДНК
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1763593

<220>

<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 384

<400> 383
atcagctcat cacagctctc ttgatctcta gctagagata agcaagcttc ctcttctct 60
cggctcagcg agcagtgat cctctctcac tcccaccagg agctcgggta actcaaggag 120
gccagaagaa gaaatggcgt cgctgtcgat gaccagtagc tcggtgcggg cgcagtgagc 180
gaagaagcag aacaagctgt tcgagcaggc tctggccgtg tacgacaagg acacgcccga 240
ccggtggcac aacatcgccc gcgccgtcgg cggcaagtcc gccgaggagg tcagggcgcta 300
ctacgagctg ctggaggagg acgtcaagca catcgagtcc ggcaagggtgc ctttccccgc 360
ctaccgctgc cccggcggcg cggcgccgg cgccggcgcc ctcgggtacg aggccgacag 420
gatgaagcat ctgaagatct aggcgaactt cagaggatga tgatggtcga gaagaggctg 480
ctcagtgtc acgcacgtgt atatatgatt gggacagcat gcatgtccat gctactctta 540
gcaagtggtc tggagaagca agaagaatca gatgagatgc atgcatgtta caatcaatta 600
ataatttgta tggggtgatc gagtagtadc ctagcctgtc acgcacgca gatcgaccga 660
cccatcgatc tcccagcatg tgtccttcgt acccacgct atctgtatta taccctagct 720
gcatctgtgt accataccea tcaagaaca tgaacttgat attgatgcat ttctac 776

<210> 384
<211> 102
<212> белок
<213> *Panicum virgatum*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (12)..(61)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1763593

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 181,2 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 384
Met Ala Ser Leu Ser Met Thr Ser Ser Ser Val Arg Ala Gln Trp Thr
1 5 10 15
Lys Lys Gln Asn Lys Leu Phe Glu Gln Ala Leu Ala Val Tyr Asp Lys
20 25 30
Asp Thr Pro Asp Arg Trp His Asn Ile Ala Arg Ala Val Gly Gly Lys
35 40 45

Ser Ala Glu Glu Val Arg Arg Tyr Tyr Glu Leu Leu Glu Glu Asp Val
50 55 60

Lys His Ile Glu Ser Gly Lys Val Pro Phe Pro Ala Tyr Arg Cys Pro
65 70 75 80

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

Met Lys His Leu Lys Ile
100

<210> 385
<211> 508
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 143475

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 386

<400> 385
aaaatcaagt cttttttcat caagtcatac atacatcttc cttcttcttt ttttctccct 60
cccaagaagc agatcttgta ctctcgatat acaaacttat tcgtgatatg gcttccaact 120
caatgagctc tagcgcttct tggacacgta aggagaacaa attatattgaa agggcggttg 180
ctacatatga ccaggacact cctgaccggt ggcataacgt tgcaagagcc gttggcggca 240
aatcagctga agaagtaagg cgacactacg agctcctcat tagggatgtc aatgacattg 300
agtcagggcg ttatccacat cccaattacc gttcaaatgg aaacaatcac tgaaagcatt 360
gaaggaactc caaaaggctc tactgaagtg gacatggttc caaaaccatt cacaaagcac 420
atctaagcaa agatatctaa atgtatttac ttgtttttgt gttacgaata tgtaagaatt 480
atctaaatca atcaatgtgg tttcatat 508

<210> 386
<211> 81
<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (9)..(58)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 143475

<220>
<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 140,1 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 386

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

<210> 387

<211> 237

<212> ДНК

<213> Solanum lycopersicum

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8456508

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 388

<400> 387

atggcatcaa attcactcac tgcttgact ccaagagaaa acaagaaatt cgagcaggca 60
ctcgcggtct acgataagga cacatctgat cgatggcaaa acattgctag atacgttggt 120
gggaaatcag ttgaagaagt taaacatcac tatgctatac ttgtagagga tcttaagcac 180
attgaatctg gtagcgtccc attcccaaaa tacaagtcag gtggaaagtc tcgttaa 237

<210> 388

<211> 78

<212> белок

<213> Solanum lycopersicum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (6)..(55)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8456508

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 124,5 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 388

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

Phe	Glu	Gln	Ala	Leu	Ala	Val	Tyr	Asp	Lys	Asp	Thr	Ser	Asp	Arg	Trp
			20					25					30		

Gln	Asn	Ile	Ala	Arg	Tyr	Val	Gly	Gly	Lys	Ser	Val	Glu	Glu	Val	Lys
		35					40					45			

His	His	Tyr	Ala	Ile	Leu	Val	Glu	Asp	Leu	Lys	His	Ile	Glu	Ser	Gly
	50					55					60				

Asp	Val	Pro	Phe	Pro	Lys	Tyr	Lys	Ser	Gly	Gly	Lys	Ser	Arg
65					70					75			

<210> 389

<211> 505

<212> ДНК

<213> Gossypium hirsutum

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 100002959

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 390

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (24)..(24)

<223> n означает а, с, t, g, неизвестен или прочее

<400> 389

```

cattccaaat tttgattatt ttcnttcttt tttatttttt ttatttataaa tttgaaactg   60
ctaacattat tacattttca ttagcctcaa gagaagaaaa aaaaatgtca tcgaattcaa   120
tgtctgcttc atggacagcc aagcaaaaca aagatttcga aagggcttta gctggttacg   180
acaaggacac accagatcgt tggtaaatg ttgctaaagc tgtgggaggg aaaactggtg   240
aggaagtgaa gaagcactat gagcttcttc tggaagatgt tagacacatc gagtcggggtc   300
gggttccttt ccccgactat tggaccgtta ccgggaatcg tcaagcatga aagattccga   360
agctcaaatg aagaagaaaa aatgggtggac ttgcatggat ctaccctta tatgtgtgtg   420
tgtgtgtgtg gcagtaattg tagtacttaa gaatagccat aaatgtattt aggaagagga   480
agaagagctt aatgggtgat cattg                                           505

```

<210> 390
<211> 81
<212> белок
<213> Gossypium hirsutum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (7)..(56)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 100002959

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 141,4 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 390
Met Ser Ser Asn Ser Met Ser Ala Ser Trp Thr Ala Lys Gln Asn Lys
1 5 10 15
Asp Phe Glu Arg Ala Leu Ala Val Tyr Asp Lys Asp Thr Pro Asp Arg
20 25 30
Trp Tyr Asn Val Ala Lys Ala Val Gly Gly Lys Thr Val Glu Glu Val
35 40 45
Lys Lys His Tyr Glu Leu Leu Leu Glu Asp Val Arg His Ile Glu Ser
50 55 60
Gly Arg Val Pro Phe Pro Asp Tyr Trp Thr Val Thr Gly Asn Arg Gln
65 70 75 80
Ala

<210> 391
<211> 93
<212> белок
<213> Antirrhinum majus

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (8)..(57)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 118137433

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 157,9 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 391
Met Ala Ser Thr Arg Gly Ser Gly Arg Pro Trp Ser Ala Lys Glu Asn
1 5 10 15
Lys Ala Phe Glu Arg Ala Leu Ala Val Tyr Asp Lys Asp Thr Pro Asp
20 25 30
Arg Trp Ala Asn Val Ala Arg Ala Val Glu Gly Arg Thr Pro Glu Glu
35 40 45
Val Lys Lys His Tyr Glu Ile Leu Val Glu Asp Ile Lys Tyr Ile Glu
50 55 60
Ser Gly Lys Val Pro Phe Pro Asn Tyr Arg Thr Thr Gly Gly Asn Met
65 70 75 80
Lys Thr Asp Glu Lys Arg Phe Arg Asn Leu Lys Ile Arg
85 90

<210> 392
<211> 747
<212> ДНК
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1523182

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 393

<400> 392
gctcagcata cacaacatca tcatcatcat cttctcgcta gtcgagcgag cccttatagt 60
taattaagct agtcgatcga tccaagagaa gaagaagcag cagacaggaa tggcgtcgct 120
ctcgatgacg acgagcgag cggcccgcgc gcagtggacg cctaggcaga acaagctggt 180
cgagcaggcg ctggcggtgt acgacaagga cacgcccgc acgctggcaca acatcgcttg 240
cgccgctcggc ggcgggaagt ccgcgagcga cgtcagggcg tactacgagc tgctggagga 300
ggacgctcggc cacatcgagt ccggcaaggt gcccttcccc gcctaccgct accccgccgg 360
ctacggggcc gccgacaggc tgaaacagct gaagatctag gaggtcaatt gaacatatag 420
gacgaacgat cgatgatcca gaagatgcaa acatgtgtgt atataggatt aatgggacag 480
tatcagtatg catgcaatgg tccatgctgc aagtgcgatgc aagtgggtgtg tgaaagcaag 540
aatcagatta gatgcatgca tatgcatgtg ttaatttagt agtaataatt gtagtatggg 600
atgagtccta tactagccag tcacgcgcga tcgaccgacc gaccatcga tctccaatgc 660
ttctgttccc tctcctctct acttgtccac ttgtgtgtat atataaatat tatgtatttt 720
tattattata tatactctac ctgttct 747

<210> 393
<211> 96
<212> белок
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (13)..(63)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1523182

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 154,2 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 393
Met Ala Ser Leu Ser Met Thr Thr Ser Ala Ala Ala Arg Ala Gln Trp
1 5 10 15
Thr Pro Arg Gln Asn Lys Leu Phe Glu Gln Ala Leu Ala Val Tyr Asp
20 25 30
Lys Asp Thr Pro Asp Arg Trp His Asn Ile Ala Cys Ala Val Gly Gly
35 40 45
Gly Lys Ser Ala Asp Asp Val Arg Arg Tyr Tyr Glu Leu Leu Glu Glu
50 55 60
Asp Val Gly His Ile Glu Ser Gly Lys Val Pro Phe Pro Ala Tyr Arg
65 70 75 80
Tyr Pro Ala Gly Tyr Gly Ala Ala Asp Arg Leu Lys Gln Leu Lys Ile
85 90 95

<210> 394
<211> 752
<212> ДНК
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1761808

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 395

<400> 394
atcagctcat cacagctctt gatctctagc tagctagaga gataagcttc ctctcttctc 60
ctcggctcgag ggagtgatcc tctctcactc tcaccaggag ctcagctcgg gtagctcaag 120

gaggccagaa gaagaaatgg cgtcgctgtc gatgaccagc agctcgggtgc gggcgcagag 180
gacgaagaag cagaacaagc tcttcgagca ggcgttgccc gtgtacgaca aggacacccc 240
cgaccggtgg cacaacatcg cccgcgccgt cggcggcaag tccgccgagg aggtcaggcg 300
ctactacgag ctgctggagg aggatgtcaa gcacatcgag tccggcaagg tgccccctccc 360
cgcctaccgc tgccccggcg gcgccggcgc cggcgcctc ggctacgagg ccgacaggat 420
gaagcatctg aagatctagg cgaacttcaa aggatggctc agaagaggct gcgcaggcac 480
gtgtatatat gattgggata gcatgcatgt ccatgctact cctacgcaag tggctctggaa 540
gaagcaagaa gaatcagatg agatgcatgc atgtcataat taattaataa ttagtatggg 600
atgatcgagt agtatcctag cctgtcacgc gagatcgacc gacccatcga tctcccagca 660
tgtgtccttc gtaccacgc gcgtatgtgt attatattct agctgcatct gtgtaccata 720
ccaatcaaga aacatgaact tgatattgat gc 752

<210> 395

<211> 100

<212> белок

<213> *Panicum virgatum*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (9)..(58)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1761808

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 174,9 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 395

Met Ala Ser Leu Ser Met Thr Ser Ser Ser Val Arg Ala Gln Arg Thr
1 5 10 15

Lys Lys Gln Asn Lys Leu Phe Glu Gln Ala Leu Ala Val Tyr Asp Lys
20 25 30

Asp Thr Pro Asp Arg Trp His Asn Ile Ala Arg Ala Val Gly Gly Lys
35 40 45

Ser Ala Glu Glu Val Arg Arg Tyr Tyr Glu Leu Leu Glu Glu Asp Val
50 55 60

Lys His Ile Glu Ser Gly Lys Val Pro Leu Pro Ala Tyr Arg Cys Pro
65 70 75 80

Gly Gly Ala Gly Ala Gly Ala Leu Gly Tyr Glu Ala Asp Arg Met Lys
85 90 95
His Leu Lys Ile
100

<210> 396
<211> 517
<212> ДНК
<213> Brassica napus

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1069222

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 397

<400> 396
aaaatcaact catacatata tctttcttct tttactccct ccaaagaaac cagatttcca 60
ttttcaaaac actcttttcg atcttttact aaatggcttc caactccatg agttctaaca 120
cttcttggac gcgtaaggag aacaaactat ttgaaagggc tttggctata tatgagcagg 180
aactcctga ccgatggcat aacgttgcta gagcagttgg tgggaaatcg gctgaagaag 240
taaggagaca ctacgagctc ctcgtaaggg atgtcaatga cattgagtca gggcgttatc 300
cgcatcctac ttaccgttca aatggaaact gaaagcattt aagctactca aaaaggttcc 360
tctgaaacca acatgattcg aaaaccagaa acaaacagag aggatctaaa caaagatata 420
tcaaatgat ttacgtctat tgtgttatat gtatacgact atgtaagaat tttatgcttt 480
catgctaata ttaatgaatc aacgtgagtt tcacatg 517

<210> 397
<211> 79
<212> белок
<213> Brassica napus

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (9)..(58)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1069222

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 129,8 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 397

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

<210> 398

<211> 267

<212> ДНК

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8734209

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 399

<400> 398

atggcgctcga tgcagtcgat gacgagcgcga gcggcgcgcg cgcagtgggac gccgaagcag 60
aacaagctgt tcgagcaggc gctggccggt tacgacaagg acacgccgga ccggtggcac 120
aacatcgccc gcgccgtcgg cggcggcaag tccgccgagg acgtcaggcg ctactacgac 180
ctgctggagg aggacgtcgg ccacatcgag tccggcaagg tgcccttccc ggcctaccgc 240
tgcgccaccg gctacggggc cgcctga 267

<210> 399

<211> 88

<212> белок

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (13)..(63)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8734209

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 144,2 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 399

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

<210> 400

<211> 282

<212> ДНК

<213> Solanum lycopersicum

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8461540

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 401

<400> 400

atggccacaa attcaacgtg gagtcatcat caaaacaagt tatttgagaa tgcattggcc 60
atttacgaca tcgatacacc agatcgatgg cgtaaattag ccaatgcagt tgggtggaaaa 120
acagaagaag aagtgaaaaa tcaactatgaa aaacttgttg aagatattaa gcgtatcgaa 180
tctggaaata ttccattacc taattataat ggtggtcgta ataataaagg ctacaatttc 240
atggatgaag aacaaaggct gaagtatttg aagctccaat ga 282

<210> 401

<211> 93

<212> белок

<213> Solanum lycopersicum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (4)..(53)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8461540

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 121,3 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 401

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

<210> 402

<211> 408

<212> ДНК

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1086604

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 403

<400> 402

gcaaatcaac attttcatcg ttaatacaaaa ccaacttctc taacgctcgct cttttggtat 60
tctacatttt cacactaatg gcttccaact caattatcag cacttcccgg agctctacct 120
cgtcatggac agcgaaacag gacaaacagt tcgaaatggc tttggctaag ttcgagaagg 180
aactctctga ccgatggcaa aatgtggcaa gagtagttgg tggaaaatca gctgaagagg 240
taaaaagacg ctatgaattg ctcgttagag atgttaatga cattgaatca ggacgttacg 300
accacaacc taggtaccgt aacactaatt gaagccattg agattctttg tgagctccgg 360
aaaaaataac tatgtgcctt taaactctat tgagatggag acattaag 408

<210> 403

<211> 84

<212> белок

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (14)..(63)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1086604

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 105,3 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 403

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

Trp Thr Ala Lys Gln Asp Lys Gln Phe Glu Met Ala Leu Ala Lys Phe
20 25 30

Glu Lys Asp Thr Pro Asp Arg Trp Gln Asn Val Ala Arg Val Val Gly
35 40 45

Gly Lys Ser Ala Glu Glu Val Lys Arg Arg Tyr Glu Leu Leu Val Arg
50 55 60

Asp Val Asn Asp Ile Glu Ser Gly Arg Tyr Asp Pro Gln Pro Arg Tyr
65 70 75 80

Arg Asn Thr Asn

<210> 404

<211> 481

<212> ДНК

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 41695

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 405

<400> 404

aattcaagtc atctctatcc gtcaacaata caaaccaacc ttctcaattc ctctcttttc 60
atccacattt ttagtagcta atggcttcta gttcaatgag cacctcatca tggacagcta 120
gagaggaca gcaattcgaa atggcgttgg cgaaattcga caaggacact cctgaccggt 180
ggcaaaaaat tgcaagggca gttggtggga aatcaactga agaagtaaag cgacactatg 240
aattgctcct tagggatgtg aatgacattg agtcaggacg ctatccaca cctaggtacc 300
gtaacactaa ttgaagccat taataaaatg cttttctatc aagaagagga catttgagag 360
aatctataaa gaactaagaa tttcgatgta tttcttatat tctatgtgct ttcttttttt 420

gttttttttt taatttctgt ttggttttca gatataaat aatctctctc aatatccatc 480

c 481

<210> 405

<211> 77

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (8)..(57)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 41695

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 112,6 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 405

Met Ala Ser Ser Ser Met Ser Thr Ser Ser Trp Thr Ala Arg Glu Asp
1 5 10 15

Lys Gln Phe Glu Met Ala Leu Ala Lys Phe Asp Lys Asp Thr Pro Asp
20 25 30

Arg Trp Gln Lys Ile Ala Arg Ala Val Gly Gly Lys Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Val Lys Arg His Tyr Glu Leu Leu Leu Arg Asp Val Asn Asp Ile Glu
50 55 60

Ser Gly Arg Tyr Pro Gln Pro Arg Tyr Arg Asn Thr Asn
65 70 75

<210> 406

<211> 83

<212> белок

<213> *Antirrhinum majus*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (13)..(62)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 112292440

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 109,3 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 406

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

<210> 407

<211> 78

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (8)..(57)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 116830269

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 117,6 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 407

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

Ser Gly Arg Tyr Pro Gln Pro Arg Tyr Arg Asn Thr Asn Gly
65 70 75

<210> 408
<211> 663
<212> ДНК
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1775942

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 409

<400> 408
acaagccaca caggccaagc gagcgatcaa gagccagcca tcagctctcg cgcgctcagt 60
ttagctagct gcttcttctg agagaaatta aagatacata tagctagtag gagatagatg 120
gcgtc gatgt caatgagatc gtcgagggcg cagtggacga agaagcagga caagctgttc 180
gagcaggcgc tggcgggtgta cgacaaggac acgccggacc ggtggcaca catcgcgcgc 240
gccgtggggg gcaagtcggc ggaggaggtc aggcgctact acgagctgct ggaagaggac 300
gtcaagcgca tcgaggccgg caaggtgccc ttccccgtct ataggtgccc gccggcgccg 360
cccccaatta ctagctaggc ccacaggctg aagcaccaga agatctacgt acgtacttcg 420
gcaacaatca tgacatacag tgggtttggc taaaaacag taactcaacc aagtggccgg 480
agcatccgtg cacatatatg aataactacc gctacctcta gttaccgcag atcaatcgat 540
ctcccatgta tgtagtagta tacgtgttca tctggattct caatttctca tgtaagatca 600
tctctgtatt tgtattatgt atcttgagaa aaagtgaagt aaaaaagtcc ttcatttccc 660
ctt 663

<210> 409
<211> 86
<212> белок
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (10)..(59)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1775942

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 143,9 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 409

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

<210> 410

<211> 563

<212> ДНК

<213> Musa acuminata

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1723374

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 411

<400> 410

acacagatca gctagctcca ccagagaagc aaagcaaacc cttcttcctt gagatggcat 60
ccggttcgat gagctcctcc tggaccgcca aggagaacaa gatgttcgag aaggcactgg 120
cgggtgacga cagggacacc cccgaccgct ggcacaagat cgcccgggccc atcggcgggga 180
agacggcgga cgaagtgaag cgctactacg acctgctcgt ggaggacgtg cgccgcatcg 240
aggctggcca aatgccgtac gcccaattacc ggtcctctaa tggcagaggt tgagagtgtt 300
tggagctcaa ccggagaacg aacaagaagc aaggagcatt tcaactgttct ggatatcagt 360
taccacaatc ttaattatag gactatatga actctacatg tctgtggact tacaagtagt 420
ttcttctatg cagtcttctt tctcccttct atcgtgtact cccagatata tcgaagactg 480
ccatcataaa catatatatg gctagtcttc ttgtaatcgg ttatcttgct tgctaatgaa 540
cgcttagtat tgttctattc tag 563

<210> 411

<211> 79

<212> белок

<213> Musa acuminata

<220>

<221> отличающийся признак
<222> (7)..(56)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1723374

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 122,5 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 411
Met Ala Ser Gly Ser Met Ser Ser Ser Trp Thr Ala Lys Glu Asn Lys
1 5 10 15
Met Phe Glu Lys Ala Leu Ala Val Tyr Asp Arg Asp Thr Pro Asp Arg
 20 25 30
Trp His Lys Ile Ala Arg Ala Ile Gly Gly Lys Thr Ala Asp Glu Val
 35 40 45
Lys Arg Tyr Tyr Asp Leu Leu Val Glu Asp Val Arg Arg Ile Glu Ala
 50 55 60
Gly Gln Met Pro Tyr Ala Asn Tyr Arg Ser Ser Asn Gly Arg Gly
65 70 75

<210> 412
<211> 285
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1457230

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 413

<400> 412
atggcatcaa gttctttccc gcagcccgagc acaaattggt cagccgaaca aaacaagttg 60
ttcgaaaatg ctcttgcatg atatgataag gacactccgg atcgttgggg gaaaatagcc 120
aagattgtca aaggaacaac cgaggatgaa gtaaagcagc aatacgagat ccttcttgat 180
gatataaaga gcattgagtc ggacaaagtc ccgctaccga attacaagaa cgaaggaagc 240
agcaaggaaa acatcatcgg taatgaagag gagaggctgc agtaa 285

<210> 413
<211> 94
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (10)..(59)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1457230

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 124,4 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 413
Met Ala Ser Ser Ser Phe Pro Gln Pro Ser Thr Asn Trp Ser Ala Glu
1 5 10 15
Gln Asn Lys Leu Phe Glu Asn Ala Leu Ala Ile Tyr Asp Lys Asp Thr
20 25 30
Pro Asp Arg Trp Gly Lys Ile Ala Lys Ile Val Lys Gly Thr Thr Glu
35 40 45
Asp Glu Val Lys Gln Gln Tyr Glu Ile Leu Leu Asp Asp Ile Lys Ser
50 55 60
Ile Glu Ser Asp Lys Val Pro Leu Pro Asn Tyr Lys Asn Glu Gly Ser
65 70 75 80
Ser Lys Glu Asn Ile Ile Gly Asn Glu Glu Glu Arg Leu Gln
85 90

<210> 414
<211> 270
<212> ДНК
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8667653

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 415

<400> 414
atgtcgtgta gctcgacgag ggcgcagtg gacggcgaagc agaacaagct gttcgcgacgag 60
gcgctggcgg tgtacgacag ggacacgccg gaccgggtggc acaacatcgc gcgcgccgctc 120
gggggcggca agtcggcgga cgaggtcagg cgctactacg agctgctggt gaaggacgtg 180
gagcacatcg aggccggcaa ggtgcccttc ccggcctaca ggtgccccgc cggctacgac 240
gccgacaggc tgaagcacct gaagatctag 270

<210> 415
<211> 89
<212> белок
<213> *Sorghum bicolor*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (7)..(57)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8667653

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 152,6 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 415
Met Ser Leu Ser Ser Thr Arg Ala Gln Trp Thr Ala Lys Gln Asn Lys
1 5 10 15
Leu Phe Glu Gln Ala Leu Ala Val Tyr Asp Arg Asp Thr Pro Asp Arg
 20 25 30
Trp His Asn Ile Ala Arg Ala Val Gly Gly Gly Lys Ser Ala Asp Glu
 35 40 45
Val Arg Arg Tyr Tyr Glu Leu Leu Val Lys Asp Val Glu His Ile Glu
 50 55 60
Ala Gly Lys Val Pro Phe Pro Ala Tyr Arg Cys Pro Ala Gly Tyr Asp
65 70 75 80
Ala Asp Arg Leu Lys His Leu Lys Ile
 85

<210> 416
<211> 90
<212> белок
<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (6)..(56)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 115465643

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 143,4 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 416

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

<210> 417
<211> 126
<212> белок
<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (24)..(74)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 5091605

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 130,9 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 417

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

Glu Ser Gly Arg Val Pro Phe Pro Arg Tyr Ser Ser Ser Ser Ser Ser
85 90 95

Arg Gly Ala Asp Asp Gly Asn Arg Leu Leu Thr Val Phe His Leu Ser
100 105 110

Ser Val Pro Arg Thr Arg Asn Ala Asn His Lys Phe Asn Thr
115 120 125

<210> 418

<211> 111

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *indica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (24)..(74)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 125553458

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 130,2 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 418

Met Ala Ser Ala Ala Gly Ser Lys Gln Gln Gln Ala Met Met Ser Leu
1 5 10 15

Pro Ser Ser Arg Gly Gly Gly Gly Gly Gly Trp Thr Gln Arg Gln Asn
20 25 30

Lys Gln Phe Glu Cys Ala Leu Ala Val Tyr Asp Lys Glu Thr Pro Asp
35 40 45

Arg Trp His Asn Ile Ala Arg Tyr Met Gly Gly Ala Lys Ser Ala Asp
50 55 60

Glu Val Arg Arg His Phe Asp His Leu Val Glu Asp Val Ala Arg Ile
65 70 75 80

Glu Ser Gly Arg Val Pro Phe Pro Arg Tyr Ser Ser Ser Ser Ser Ser
85 90 95

Arg Gly Ala Asp Asp Gly Asn Arg Ser Arg Tyr Leu Lys Tyr Gln
100 105 110

<210> 419

<211> 255

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1510435

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 420

<400> 419
atggcatcaa gttctttccc gcagcccagc acaaattggg cagccgaaca aaacaagttg 60
ttcgaaaatg ctcttgcgat atatgataag gacactccgg atcgttgggg gaaaatagcc 120
aagattgtca aaggaacaac cgaggatgaa gtaaagcagc aatacgagat ctttcttgat 180
gatataaaga gcattgagtc ggacaaagtc ccgctaccga attacaagaa cgaaggaagc 240
agctgcagta actaa 255

<210> 420
<211> 84
<212> белок
<213> Populus balsamifera subsp. trichocarpa

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (10)..(59)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1510435

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 111,1 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 420
Met Ala Ser Ser Ser Phe Pro Gln Pro Ser Thr Asn Trp Ser Ala Glu
1 5 10 15
Gln Asn Lys Leu Phe Glu Asn Ala Leu Ala Ile Tyr Asp Lys Asp Thr
20 25 30
Pro Asp Arg Trp Gly Lys Ile Ala Lys Ile Val Lys Gly Thr Thr Glu
35 40 45
Asp Glu Val Lys Lys Gln Gln Tyr Glu Ile Leu Leu Asp Asp Ile Lys Ser
50 55 60
Ile Glu Ser Asp Lys Val Pro Leu Pro Asn Tyr Lys Asn Glu Gly Ser
65 70 75 80
Ser Cys Ser Asn

<210> 421

<211> 85
<212> белок
<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (11)..(60)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 115438765

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 125,0 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 421
Met Ala Ser Met Ser Val Ser Ser Ser Arg Ala Pro Gln Trp Thr Ala
1 5 10 15
Arg Gln Asn Glu Gln Phe Glu Arg Ala Leu Ala Val Tyr Asp Arg Asp
20 25 30
Thr Pro Glu Arg Trp His Asn Ile Ala Arg Ala Val Ala Gly Lys Ser
35 40 45
Ala Asp Glu Val Lys Leu Tyr Tyr Asp Leu Leu Val Glu Asp Val Lys
50 55 60
Arg Ile Glu Thr Gly Lys Val Pro Phe Pro Ala Tyr Arg Cys Pro Gln
65 70 75 80
Pro Ala Ile Ala Gly
85

<210> 422
<211> 90
<212> белок
<213> *Antirrhinum majus*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (8)..(57)
<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding
Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 112292438

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 121,1 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>

<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 422

Met Ala Ser Ser Ser Met Thr Ser Ser Ser Trp Thr Gln Lys Gln Asn
1 5 10 15

Lys Gln Phe Glu Glu Ala Leu Ala Met Tyr Gly Asn Asp Thr Pro Asp
20 25 30

Cys Trp Gln Asn Ile Ala Arg Lys Val Gly Gly Lys Ser Ala Glu Glu
35 40 45

Ile Arg Arg His Tyr Glu Val Leu Val Lys Glu Ile Met Lys Ile Glu
50 55 60

Thr Asp Gln Val Pro Ile Pro Asn Tyr Asn Lys Val Lys Gly Ser Asn
65 70 75 80

Ser Arg Gly Tyr Gly Asn Tyr Arg Gly Phe
85 90

<210> 423

<211> 330

<212> ДНК

<213> *Oryza sativa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1770841

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 424

<400> 423

atgagttcat catggacgac gaagcagaac aagctgttcg agagggcgct ggcgacatac 60
gacaaagaca cgccgggscg ctggcagaac gtggcgcggg cagtgggtgg tggaaagacg 120
gccgaggagg tgaagaggca ctacgacaag ctgcttcaag acctgcacca cattgagtcg 180
gcaggccgtc agggttccca atacggcggc agcagcagca gcaaatccaa aggtggcagc 240
agcagcgggg agcagagata tcggaacaga gactggaagc agcaaccagg gctccatagt 300
ggtgccgtga aaagagcctc tcagtattag 330

<210> 424

<211> 109

<212> белок

<213> *Oryza sativa*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (2)..(52)

<223> Название Pfam: Myb_DNA-binding

Описание Pfam: Myb-подобный ДНК-связывающий домен

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1770841

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 105,1 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 7

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 323

<400> 424
Met Ser Ser Ser Trp Thr Thr Lys Gln Asn Lys Leu Phe Glu Arg Ala
1 5 10 15
Leu Ala Thr Tyr Asp Lys Asp Thr Pro Gly Arg Trp Gln Asn Val Ala
20 25 30
Arg Ala Val Gly Gly Gly Lys Thr Ala Glu Glu Val Lys Arg His Tyr
35 40 45
Asp Lys Leu Leu Gln Asp Leu His His Ile Glu Ser Ala Gly Arg Gln
50 55 60
Gly Ser Gln Tyr Gly Gly Ser Ser Ser Ser Lys Ser Lys Gly Gly Ser
65 70 75 80
Ser Ser Gly Glu Gln Arg Tyr Arg Asn Arg Asp Trp Lys Gln Gln Pro
85 90 95
Gly Leu His Ser Gly Ala Val Lys Arg Ala Ser Gln Tyr
100 105

<210> 425
<211> 2145
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 878355

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 426

<400> 425
actctcaata tcactattaa atatctttct cttttcactt cttcactttc ctcgattcct 60
gagttttcga tccttttggt ctctaaccac cggtttcctc ttttaaccggt ctctggataa 120
tcatcataat cattaggatc atcaagataa ggaatctttt tgagtatatc tctacaccaa 180
atcgaatcta tggatcaaaa agttagacag tttgaggttt gcactcaaga cggtagcggt 240
gatcgtcacg gcaatccagc tatccgagct aataccggca aatggctcac tgctattctc 300
attctagtga atcaaggact agctacgctt gcgttcttcg gtgtaggagt gaatttggtt 360
ctgtttctga ctcgagtgat gggacaagac aatgcagaag cggctaataa tgttagtaaa 420
tggacaggaa ctgtctatat cttctctttg cttgggtgctt tcctcagtga ctcttattgg 480
ggacgttaca agacttgtgc tatctttcaa gcaagtttcg ttgcagggtt gatgatgtta 540

tctttatcta	ctggtgcggtt	attgcttgaa	ccaagtgggtt	gtggagttga	agattcgccg	600
tgtaagcctc	attcgacggtt	taagacgggtt	ctgtttttatc	tgtcgggtgta	tctaatacgcg	660
ttagggatg	gtggttatca	gccgaacata	gctacttttg	gagctgatca	gtttgatgcg	720
gaggattccg	ttgaaggaca	ctcgaaaatc	gcgtttttca	gttactttta	cttggctctg	780
aatcttggat	cgctcttctc	aaataactgtc	ttgggttact	ttgaggatca	aggggaatgg	840
ccgcttggat	tttgggcgctc	tgctggctct	gcttttgccg	ggttagtgtc	tttcttgatt	900
ggcacgcaa	agtaccgaca	ctttacgcct	agagagagtc	cttggcttag	attctgcaa	960
gtgttgggtg	ctgcaacaag	aaaggctaag	attgatgtgc	accatgaaga	gttgaatctc	1020
tatgattctg	agactcaata	caactggagat	aagaagattc	ttcataccea	aggcttcaga	1080
ttcttggata	gagctgctat	tgttacacct	gatgatgagg	ctgagaaagt	agagagcgga	1140
tcgaaatacg	atccatggag	gctctgctcg	gtgactcaag	tcgaagaagt	gaaatgtgta	1200
ttaagactct	taccaatctg	gctctgcacc	atcctctact	ctgtggtttt	cacccaaatg	1260
gcttcaactg	tcgttgtgca	aggagcagcg	atgaagacaa	acatcaaaaa	cttccggatt	1320
ccagcttcaa	gcatgtctag	tttcgacatt	ctcagtgtcg	ccttcttcat	cttcgcatac	1380
aggcggtttc	ttgatccact	ctttgcaaga	cttaacaaaa	cagaacgcaa	caaaggtctc	1440
actgagcttc	agaggatggg	gattgggctt	gtgattgcca	taatggcgat	gatttccgca	1500
ggaatcgtag	agatacacag	actgaaaaat	aaggaaccgg	aaagtgtctc	ttcgatctca	1560
agctccagca	ctttgagcat	tttttggcaa	gtacctcagt	acatgttgat	agggtgcatca	1620
gaagtgttca	tgtacgttgg	tcaactcgag	ttcttcaaca	gccaaagcacc	aaccgggcta	1680
aagagctttg	caagcgcgct	atgtatggct	tcaatatctc	ttgggaacta	tgtaagcagt	1740
ttgttagttt	ccattgtcat	gaagatctct	acaacagatg	atgtgcatgg	ctggattcct	1800
gaaaatctca	acaaggaca	cttggagaga	ttctacttcc	ttttagctgg	tctaaccgct	1860
gctgatttcg	tggtttactt	gatttgtgcc	aaatggtaca	agtatattaa	atctgaagca	1920
agtttctctg	agtcgtaac	tgaagaggag	gaagtctgag	tcaggagcta	gagagttttg	1980
tgttttat	taatgctgtg	aagcttttta	cagtaatttg	tttaaagctg	agcttgttct	2040
gtgatataaa	ctggtcctat	tgtgttttta	tttttgggtt	atactcttgt	gcaaagttta	2100
gttgatgttt	ctcaataaag	gataagttga	ttccacagtt	ccaac		2145

<210> 426

<211> 589

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (100)..(509)

<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 878355

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1309,7 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<400> 426

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

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

<210> 427
 <211> 1821
 <212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1472338

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 428

<400> 427

```
atggcctgct taaatatttg caaagaggaa ggaagcgtgc aggggaagct cgtgaagaag 60
gagcaggagg tttgactag ggatggaagc gttgatcgac atggcgatcc tgcaatccgg 120
gggaggactg ggacttggtt cgctggaatc ctcatattag tgaatcaagg gctggcgacg 180
ttggccttct ttggggtagg agtgaacttg gttctgtttt tgacaagagt gttgggtcaa 240
gacaatgccg aagctgcaaa caacgtcagc aaatggactg gaactgttta catattctct 300
cttctcggcg ctttctcag cgactcttac tgggggaggt acaagacttg tgctatcttc 360
caggccatct tcgtcactgg tctggatttg ttgtcactgt cttcctactt attcttactc 420
aaaccgagag gctgtggtga tgaacattct ccatgtggat cccattcaac ataccagaat 480
gtctttttct acttctccat ctatcttggt gcccttggaa atggaggcta ccagcctaac 540
attgctacct ttggggctga tcagtttgat gaagaggacc ctaaagaagg ccaacttaag 600
atagctttct ttagctactt ttacttggct ctcaaccttg gttctctctt ttcgaacacc 660
atattgggct attttgagga cgggggcatg tgggcgtag gattctgggc atctgctggc 720
tctgctcttt tggcactggg cttgtttctc attgggactc ccaggatatag acacttcacc 780
cccaagggca acccctctc taggtgttgc cagggtgatg ttgctgcaac aagaaaatgg 840
aaggttcaga ggatgccaaa tcaaggtgat gatcagtttg aatcggatgt cccaaaggac 900
ggttcaaaa atggggatag aaagatacta cacaccaag gattcagatt cttggataga 960
gctgcaatta ttacatcaa ggattataca gagaatcgca ttcacgatcc atggcgtgtc 1020
tgcacagtaa atcaagttga agaatttaa tgcactctac gactcctccc tatctggctg 1080
tgcacaattc tttactctgt agttttcact caaatggcat cactcttctg cgaacaaggt 1140
gctgatatga aaactacgat ttcgaaattc cacattcctc cagcaagcat gtctagtttc 1200
gacatactca gtgttgccgc tttcatattc atctatagga gagttcttga tccccttggt 1260
gccagaataa gaaaggacc taagggcctg acagagcttc agaggatggg gattggtcta 1320
gttatcgcaa taattgcaat ggtttcggca gggattgtag agctattcag gttgaagtac 1380
gcaagaaaag actgtccaag atgcgaaagt gcgagttctt tgagcatact ttggcaaatt 1440
cctcaatatg ttctgatagg agcatctgag gtgttcatgt atgtggggca attagaattc 1500
ttcaatgggc aagcacctga tggattgaag agcttcggca gtgcactttg catgacatca 1560
atatctctag gcaactatgt gagtagcttg ctagtaacag tcgtaatgaa gatatctacc 1620
```

agagatgaga tgccaggatg gatcccagga aaccttaaca agggatcatct agacagattt 1680
 ttcttctctc tggcagtttt gacaaccgca gatcttgttc tgtacattat ctgtgctaga 1740
 tggtagaagt acatcaagtt tgagaggcag caggaagcgg atagtatatt aagcaatgaa 1800
 gaggcagacc ttagagtttg a 1821

<210> 428
 <211> 606
 <212> белок
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (114)..(521)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1472338

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1378,9 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 428
 Met Ala Cys Leu Asn Ile Cys Lys Glu Glu Gly Ser Val Gln Gly Lys
 1 5 10 15
 Leu Val Lys Lys Glu Gln Glu Val Cys Thr Arg Asp Gly Ser Val Asp
 20 25 30
 Arg His Gly Asp Pro Ala Ile Arg Gly Arg Thr Gly Thr Trp Phe Ala
 35 40 45
 Gly Ile Leu Ile Leu Val Asn Gln Gly Leu Ala Thr Leu Ala Phe Phe
 50 55 60
 Gly Val Gly Val Asn Leu Val Leu Phe Leu Thr Arg Val Leu Gly Gln
 65 70 75 80
 Asp Asn Ala Glu Ala Ala Asn Asn Val Ser Lys Trp Thr Gly Thr Val
 85 90 95
 Tyr Ile Phe Ser Leu Leu Gly Ala Phe Leu Ser Asp Ser Tyr Trp Gly
 100 105 110
 Arg Tyr Lys Thr Cys Ala Ile Phe Gln Ala Ile Phe Val Thr Gly Leu
 115 120 125
 Val Leu Leu Ser Leu Ser Ser Tyr Leu Phe Leu Leu Lys Pro Arg Gly
 130 135 140
 Cys Gly Asp Glu His Ser Pro Cys Gly Ser His Ser Thr Tyr Gln Asn
 145 150 155 160

Val Phe Phe Tyr Phe Ser Ile Tyr Leu Val Ala Leu Gly Asn Gly Gly
 165 170 175
 Tyr Gln Pro Asn Ile Ala Thr Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Glu Glu
 180 185 190
 Asp Pro Lys Glu Gly His Ser Lys Ile Ala Phe Phe Ser Tyr Phe Tyr
 195 200 205
 Leu Ala Leu Asn Leu Gly Ser Leu Phe Ser Asn Thr Ile Leu Gly Tyr
 210 215 220
 Phe Glu Asp Arg Gly Met Trp Ala Leu Gly Phe Trp Ala Ser Ala Gly
 225 230 235 240
 Ser Ala Leu Leu Ala Leu Val Leu Phe Leu Ile Gly Thr Pro Arg Tyr
 245 250 255
 Arg His Phe Thr Pro Lys Gly Asn Pro Leu Ser Arg Cys Cys Gln Val
 260 265 270
 Met Val Ala Ala Thr Arg Lys Trp Lys Val Gln Arg Met Pro Asn Gln
 275 280 285
 Gly Asp Asp Gln Phe Glu Ser Asp Val Pro Lys Asp Gly Ser Lys Asn
 290 295 300
 Gly Asp Arg Lys Ile Leu His Thr Gln Gly Phe Arg Phe Leu Asp Arg
 305 310 315 320
 Ala Ala Ile Ile Thr Ser Lys Asp Tyr Thr Glu Asn Arg Ile His Asp
 325 330 335
 Pro Trp Arg Val Cys Thr Val Asn Gln Val Glu Glu Phe Lys Cys Ile
 340 345 350
 Leu Arg Leu Leu Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Leu Tyr Ser Val Val
 355 360 365
 Phe Thr Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Glu Gln Gly Ala Asp Met Lys
 370 375 380
 Thr Thr Ile Ser Lys Phe His Ile Pro Pro Ala Ser Met Ser Ser Phe
 385 390 395 400
 Asp Ile Leu Ser Val Ala Ala Phe Ile Phe Ile Tyr Arg Arg Val Leu
 405 410 415
 Asp Pro Leu Val Ala Arg Ile Arg Lys Asp Pro Lys Gly Leu Thr Glu
 420 425 430
 Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Val Ile Ala Ile Ile Ala Met Val
 435 440 445
 Ser Ala Gly Ile Val Glu Leu Phe Arg Leu Lys Tyr Ala Arg Lys Asp
 450 455 460
 Cys Pro Arg Cys Glu Ser Ala Ser Ser Leu Ser Ile Leu Trp Gln Ile
 465 470 475 480
 Pro Gln Tyr Val Leu Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly
 485 490 495

Gln Leu Glu Phe Phe Asn Gly Gln Ala Pro Asp Gly Leu Lys Ser Phe
500 505 510

Gly Ser Ala Leu Cys Met Thr Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser
515 520 525

Ser Leu Leu Val Thr Val Val Met Lys Ile Ser Thr Arg Asp Glu Met
530 535 540

Pro Gly Trp Ile Pro Gly Asn Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Arg Phe
545 550 555 560

Phe Phe Leu Leu Ala Val Leu Thr Thr Ala Asp Leu Val Leu Tyr Ile
565 570 575

Ile Cys Ala Arg Trp Tyr Lys Tyr Ile Lys Phe Glu Arg Gln Gln Glu
580 585 590

Ala Asp Ser Ile Leu Ser Asn Glu Glu Ala Asp Leu Arg Val
595 600 605

<210> 429

<211> 589

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (98)..(506)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157344683

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1376,7 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 429

Met Tyr Leu Asn Pro Leu Ser Glu Cys Thr Phe Asp Gly Ser Val Asp
1 5 10 15

Arg His Gly His Pro Ala Val Arg Ala Arg Thr Gly Asn Trp Val Thr
20 25 30

Ala Ile Leu Ile Leu Val Asn Gln Gly Leu Ala Thr Leu Ala Phe Phe
35 40 45

Gly Val Gly Val Asn Leu Val Leu Phe Leu Thr Arg Val Leu Gly Gln
50 55 60

Asp Asn Ala Thr Ala Ala Asn Asn Val Ser Lys Trp Thr Gly Thr Val
65 70 75 80

Tyr Ile Phe Ser Leu Leu Gly Ala Phe Leu Ser Asp Ser Tyr Trp Gly
85 90 95

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

Val Ala Ala Gly Ile Val Glu Trp Phe Arg Leu Lys Tyr Ala Lys Lys
435 440 445

Asp Cys Arg Gln Cys Glu Ser Glu Ser Ser Leu Ser Ile Phe Trp Gln
450 455 460

Ile Pro Gln Tyr Val Leu Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val
465 470 475 480

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

Phe Gly Ser Ala Leu Cys Met Thr Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val
500 505 510

Ser Ser Leu Leu Val Thr Ile Val Met Lys Phe Ser Thr Arg Asp Gln
515 520 525

Met Pro Gly Trp Ile Pro Ser Asn Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Arg
530 535 540

Phe Tyr Phe Leu Leu Ala Ala Leu Thr Met Ala Asp Phe Gly Val Tyr
545 550 555 560

Ile Ile Cys Ala Lys Trp Tyr Lys Ser Ile Lys Leu Glu Gly Lys Tyr
565 570 575

Glu Asp Ser Asn Ser Lys Gly Ser Asp Asp Val Met Val
580 585

<210> 430

<211> 589

<212> белок

<213> Medicago truncatula

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (98)..(506)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 87240677

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1329,2 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 430

Met Val Asn Lys Glu Leu Glu Val Cys Thr Leu Asp Gly Ser Ile Asp
1 5 10 15

Ser His Gly His Pro Ala Val Arg Glu Arg Thr Gly Thr Trp Phe Ala
20 25 30

Gly Ile Leu Ile Leu Val Asn Gln Gly Leu Ala Thr Leu Ala Phe Phe
35 40 45

Gly Val Gly Val Asn Leu Val Leu Phe Leu Thr Arg Val Met Gly Gln
 50 55 60

Asp Asn Ala Asp Ala Ala Asn Asn Val Ser Lys Trp Thr Gly Thr Val
 65 70 75 80

Tyr Ile Phe Ser Leu Leu Gly Ala Phe Leu Ser Asp Ser Tyr Trp Gly
 85 90 95

Arg Tyr Ile Thr Cys Ala Ile Phe Gln Val Ile Phe Val Val Gly Leu
 100 105 110

Val Ala Leu Ser Leu Thr Ser Tyr Ile Phe Leu Leu Lys Pro Asn Gly
 115 120 125

Cys Gly Ser Lys Glu Leu Pro Cys Gly Thr His Ser Ser Tyr Glu Thr
 130 135 140

Thr Leu Phe Tyr Val Ser Ile Tyr Leu Val Ala Leu Gly Asn Gly Gly
 145 150 155 160

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

Asp Pro Ser Glu Gln His Ser Lys Ile Ala Phe Phe Ser Tyr Phe Tyr
 180 185 190

Leu Ala Leu Asn Ile Gly Ser Leu Phe Ser Asn Thr Ile Leu Asp Tyr
 195 200 205

Phe Glu Asp Asp Gly Leu Trp Thr Leu Gly Phe Cys Val Ser Ala Gly
 210 215 220

Ser Ala Ala Leu Ala Leu Val Leu Phe Leu Cys Gly Thr Ser Lys Tyr
 225 230 235 240

Arg Tyr Phe Lys Pro Val Gly Asn Pro Leu Pro Arg Phe Cys Gln Val
 245 250 255

Phe Val Ala Ala Ile Arg Lys Trp Lys Val Gln Met Phe Asp Gly Glu
 260 265 270

Asp Lys Leu His Glu Val Glu Asp Cys Leu Ser Asn Gly Gly Arg Lys
 275 280 285

Met Tyr His Thr Gln Gly Phe Arg Phe Leu Asp Lys Ala Ala Phe Ile
 290 295 300

Thr Pro Lys Asp Leu Lys Gln Met Glu Glu Asn Lys Cys Ser Pro Trp
 305 310 315 320

Phe Leu Ser Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Val Lys Cys Ile Leu Arg
 325 330 335

Leu Leu Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Leu Phe Ser Val Val Phe Ser
 340 345 350

Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Glu Gln Gly Ala Ala Met Glu Thr Lys
 355 360 365

Ile Ser Thr Phe His Ile Pro Pro Ala Ser Met Ser Ser Phe Asp Ile
 370 375 380

Leu Ser Val Val Ser Phe Ile Phe Ile Tyr Arg Arg Ile Leu Asp Pro
 385 390 395 400
 Leu Val Ala Arg Phe Thr Lys Lys Ser Lys Gly Ile Thr Glu Leu Gln
 405 410 415
 Arg Met Gly Ile Gly Leu Val Leu Ala Ile Ile Ala Met Val Ser Ala
 420 425 430
 Gly Leu Val Glu Ile Phe Arg Leu Lys Tyr Ala Ile Lys Glu Glu Lys
 435 440 445
 Asn Cys Ser His Cys Glu Gly Thr Ser Ser Leu Ser Ile Phe Trp Gln
 450 455 460
 Val Pro Gln Tyr Val Leu Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val
 465 470 475 480
 Gly Gln Leu Glu Phe Phe Asn Ser Gln Ala Pro Asp Gly Leu Lys Ser
 485 490 495
 Phe Gly Ser Ala Leu Cys Met Thr Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val
 500 505 510
 Ser Ser Leu Leu Val Ala Ile Val Met Lys Ile Ser Thr Arg Asn Glu
 515 520 525
 Gly Met Leu Gly Trp Ile Pro Gly Asn Leu Asn Met Gly His Leu Asp
 530 535 540
 Arg Phe Tyr Phe Leu Leu Ala Ala Leu Thr Ala Ala Asp Leu Leu Val
 545 550 555 560
 Tyr Ile Ala Met Ala Arg Trp Tyr Lys Tyr Val Lys Phe His Gly Asn
 565 570 575
 Asn Ile Glu Gln Gly Asn Asn Ile Glu Glu Asn Val Val
 580 585

<210> 431

<211> 584

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (103)..(504)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 115448297

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1337,7 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 431

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

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

<210> 432
 <211> 2233
 <212> ДНК
 <213> *Panicum virgatum*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1844568

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 433

<400> 432
 gcatgttcag ctgttacact ttcgcaatgg ataaccctgt tcatccctag ctaacacgag 60

gtcttatata tcacaggcta aatcttgctg gcaatacgat ctttcaactt ctccttacag 120
 caagactgaa gaaattcctg aacaagctgc ggagaacaga ttaagcaagc aaggctgata 180
 gtgaagtttc agaaagctca ttgaacgacg tgatggatcc caccactggt gaatcgaaat 240
 ggggtgtctcc caccactgaa gatgggtcaa tggacaggag aggaaacca gctgccaag 300
 cagcatctgg aagatggaga tctgccatcc tgctgctcgc caactacggg ctcgtgacgt 360
 gcgccttctt cggcgtcggg gtgaacctgg tgggtgttct cgggcgggtg ctccaccagg 420
 acaacgccga gggcgccaac aacatcagca agtggaccgg caccgtctac atcttctcgc 480
 tcatcggcgc cttcctcagc gactcctact ggggccgtta cgtcacctgc gccatcttcc 540
 agatcatcta cgtgacgggc ctggtgattc tgctcgttgc gtcattggtt ttgctggtga 600
 agcctcctcg ctgcggcggc gtcgatgcgc gctgcgacga gccgtcggcg cccggcgtcg 660
 cgctcttcta cctgtccacc tacatgatcg cgttcggcaa cggcgggtac cagccttoga 720
 tcgccacgtt cgggtcggac cagttcgacg agacggacc caaggaggcg cgctccaagg 780
 tcgccttctt cagctacttc tacctggcgc tcaacgtcgg gtccctcttc tccaacacgg 840
 tgctggtgta ctacgaggac tcgggccgct gggtcattgg gttctgggtc tcggcggccg 900
 ccgcccgcgt ggcgctcgtg ctcttctcgc tcggcaccce caactaccgg cacttcaagc 960
 cgagcggcaa cccgctgacg cgcgctcgcg aggtgttctg cgccgcgctc cgcaagtggc 1020
 acgcggaggt gccccgagaa gagttcctcc acgaggtgga aggagaggac cccaaggtct 1080
 cgggcatccg caagatcctt cacagcgcg agctcagggt cctcgacagg gcggcgacgg 1140
 tcaccgagga ggagtacggc gcgccggaga agatgaagga cccgtggcgg ctctgcacgg 1200
 tgacgcaggt ggaggaggtg aagtgcattc tgaagatgct gccatcttgg ctgtgcacga 1260
 tcgtgtactc ggtggtgttc acccagatgg cgtccctggt cgtggagcag ggcgccacca 1320
 tgaacaccaa catcgggtcg ttccacttcc ccgcccgcgag catgtcgtcg ttcgacatcc 1380
 tcagcgtgct ggcgttcatc gccatctacc gccgcgtgct ggtccccgtg atggcgcggc 1440
 tgcgggcaa cccgcagggc ctgacggagc tgcagcgcatt gggcgtgggg ctcgtgatcg 1500
 gcatggcggc catggtggtg gcgggcgcgg tggaggtgga gcggctgcgg cgcgtggcgg 1560
 ccccggacca gccgagctcg ctgagcgtgc tgtggcaggt gccgcagtac gcgctgatcg 1620
 gggcgtcggg ggtgttcatg tacgtggggc agctggagtt cttcaacggg caggcccccg 1680
 acggcgtgaa gagcttcggc agcgcgctgt gcatggcgtc catctcgtcg gggaaactacg 1740
 tgagcatcat gctggtgagc gtggtcacca gcctcaccgc cggggagagg cggcccgggt 1800
 ggatcccggg gaacctcaac tccggccacc tcgacagggt ctacttctc ctcgcgcgc 1860
 tctcgtagt ggacctcgc gtgtacgtcg cgtgcgcgac gtggtacaag ggcattcaagc 1920
 tcgatggcgg cggcgagacg aggaagaacc ccgcccacgt ttaaactctg ggcctgggcc 1980

gttcttttgg gtgttctggg ttggagacgt gccgtgctgg cccgtagaaa ataaaatgtc 2040
 aaagaactgg catgtgggtcc gtgttggatg gcctattttg ttctgtgtct ttgggtctagc 2100
 tccaagaatc agtctcagaa ctccatgtaa tgctgctatg tatgtaaata taataaatat 2160
 agtatatgta tggatgtctg ctgaacttgc atgcagccaa cctgtcaaag acagactttt 2220
 ttgtgtgtga tcg 2233

<210> 433
 <211> 583
 <212> белок
 <213> Panicum virgatum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (103)..(504)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1844568

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1338,2 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 433
 Met Asp Pro Thr Thr Val Glu Ser Lys Trp Val Ser Pro Thr Thr Glu
 1 5 10 15
 Asp Gly Ser Met Asp Arg Arg Gly Asn Pro Ala Ala Lys Ala Ala Ser
 20 25 30
 Gly Arg Trp Arg Ser Ala Ile Leu Leu Leu Ala Asn Tyr Gly Leu Val
 35 40 45
 Thr Cys Ala Phe Phe Gly Val Gly Val Asn Leu Val Val Phe Leu Arg
 50 55 60
 Arg Val Leu His Gln Asp Asn Ala Glu Ala Ala Asn Asn Ile Ser Lys
 65 70 75 80
 Trp Thr Gly Thr Val Tyr Ile Phe Ser Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ser
 85 90 95
 Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Val Thr Cys Ala Ile Phe Gln Ile Ile
 100 105 110
 Tyr Val Thr Gly Leu Val Ile Leu Ser Leu Ala Ser Trp Phe Leu Leu
 115 120 125
 Val Lys Pro Ser Gly Cys Gly Gly Val Asp Ala Arg Cys Asp Glu Pro
 130 135 140

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

Phe Gly Asn Gly Gly Tyr Gln Pro Ser Ile Ala Thr Phe Gly Ser Asp
 165 170 175

Gln Phe Asp Glu Thr Asp Pro Lys Glu Ala Arg Ser Lys Val Ala Phe
 180 185 190

Phe Ser Tyr Phe Tyr Leu Ala Leu Asn Val Gly Ser Leu Phe Ser Asn
 195 200 205

Thr Val Leu Val Tyr Tyr Glu Asp Ser Gly Arg Trp Val Met Gly Phe
 210 215 220

Trp Val Ser Ala Ala Ala Ala Leu Ala Leu Val Leu Phe Leu Leu
 225 230 235 240

Gly Thr Pro Asn Tyr Arg His Phe Lys Pro Ser Gly Asn Pro Leu Thr
 245 250 255

Arg Val Ala Gln Val Phe Val Ala Ala Leu Arg Lys Trp His Ala Glu
 260 265 270

Val Pro Arg Glu Glu Phe Leu His Glu Val Glu Gly Glu Asp Pro Lys
 275 280 285

Val Ser Gly Ile Arg Lys Ile Leu His Ser Asp Glu Leu Arg Phe Leu
 290 295 300

Asp Arg Ala Ala Thr Val Thr Glu Glu Glu Tyr Gly Ala Pro Glu Lys
 305 310 315 320

Met Lys Asp Pro Trp Arg Leu Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Val
 325 330 335

Lys Cys Ile Leu Lys Met Leu Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Val Tyr
 340 345 350

Ser Val Val Phe Thr Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Glu Gln Gly Ala
 355 360 365

Thr Met Asn Thr Asn Ile Gly Ser Phe His Phe Pro Ala Ala Ser Met
 370 375 380

Ser Leu Phe Asp Ile Leu Ser Val Leu Ala Phe Ile Ala Ile Tyr Arg
 385 390 395 400

Arg Val Leu Val Pro Val Met Ala Arg Leu Ser Gly Asn Pro Gln Gly
 405 410 415

Leu Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly Val Gly Leu Val Ile Gly Met Ala
 420 425 430

Ala Met Val Val Ala Gly Ala Val Glu Val Glu Arg Leu Arg Arg Val
 435 440 445

Ala Ala Pro Asp Gln Pro Ser Ser Leu Ser Val Leu Trp Gln Val Pro
 450 455 460

Gln Tyr Ala Leu Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly Gln
 465 470 475 480

Leu Glu Phe Phe Asn Gly Gln Ala Pro Asp Gly Val Lys Ser Phe Gly
 485 490 495
 Ser Ala Leu Cys Met Ala Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser Ile
 500 505 510
 Met Leu Val Ser Val Val Thr Ser Leu Thr Ala Gly Glu Arg Arg Pro
 515 520 525
 Gly Trp Ile Pro Gly Asn Leu Asn Ser Gly His Leu Asp Arg Phe Tyr
 530 535 540
 Phe Leu Leu Ala Ala Leu Ser Leu Val Asp Leu Ala Val Tyr Val Ala
 545 550 555 560
 Cys Ala Thr Trp Tyr Lys Gly Ile Lys Leu Asp Gly Gly Gly Glu Thr
 565 570 575
 Arg Lys Asn Pro Ala His Val
 580

<210> 434

<211> 2101

<212> ДНК

<213> Triticum aestivum

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 797829

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 435

<400> 434

tacggagtga cagatacaga ccgggcggtgc gagggagggga ggaaggggagc tcggaggaag 60
 cagaggggatc ccatccgctc cggcgggtgcc aggaagctgt tcctctgagc cgctgcagcg 120
 cgtagcctga ctgagcagcg agagacaagc agcaagggtca gcagccatgg gggaggtcgc 180
 ggcgagctg tacaccagc atggcacat cgacatcaag ggcaaccgcg ccctcaagaa 240
 ggacaccggc aactggcgcg catgccctca catcctcgcg aacgagtgct gcgagcggct 300
 ggccatttac ggcattgagca ccaacctcgt caacttcatg aaggaccgga tgggcatggc 360
 caacgccgccc gccgccaaca acgtcaccaa ctggggcggc acctgctaca tcacgccgct 420
 catcggcgccc ttcctcgccc acgcctacct cggccgcttc tggaccatcg cctccttcat 480
 gatcatctac atcttcggcc tcggcctgct caccatggcc acctccgtgc acggcctcgt 540
 gcccgcctgc gcctccaagg gcgctctgca cccacgccg ggccagtcgg cggcggtctt 600
 catcgcgctc tacctcatcg cgctcggcac cggcgggatc aagccatgcg tgctcgtcgtt 660
 cggggccgac cagttcgacg agcacgacga cgtggagcgc aagagcaaga gctcgttttt 720
 caattgggtc tacttctcca tcaacatcgg cgcgctgggtg gcctcgtccg tcctgggtgta 780
 cgtgcagacg catgtcgggt ggagctgggg cttcggcatc cccgccgctc tcatggccat 840

cgccgtcggc agcttcttcg tcggcacgcc gctctacagg caccagcgcc ccggcggcag 900
 cccgctcacc cgcacgcgc aggtgctcgt cgccgccacg cgcaagctcg gcgtccccgt 960
 cgacgggtcg gcgctgtacg agaccgcgga cagggagtcc ggcatcgagg gcagccgcaa 1020
 gctggagcac acggagcagt tcaggttcct cgacaaggcg gccgtggaga cgcaggcgga 1080
 caagacggcc accgggccgt cgccgtggcg gctgtgcacg gtgacgcagg tggaggagct 1140
 caagagcgtg gtgcggctgc tgcccatctg ggcgagcggc atcgtcttcg ccacgggtgta 1200
 cgggcagatg agcaccatgt tcgtgctgca gggcaacacc ctggacgcct ccatggggcc 1260
 caagttcaag atcccctccg cctccctctc catcttcgac accctcagcg tcatcgctg 1320
 ggtgcccgtc tacgaccgca tcctcgtccc cgccgtgcgc tccgtcaccg gccggccccg 1380
 cggcttcacc cagctccagc gcatgggcat cggcctcgtc gtctccatgt tcgccatgct 1440
 cgccgccggc gtgctcgagc tcgttcgcct ccgcaccatc gcgcagcgcg gcctctacgg 1500
 ggagcacgac gtcgtgccca tctccatctt ctggcaggtg ccgcagtact tcatcatcgg 1560
 cgccgccgag gtgttcacct tcgtgggcca gctcgagttc ttctacgacc aggcgcccca 1620
 cgccatgagg agcatgtgct ccgcgctctc cctcaccacc gtcgccctcg ggaactacct 1680
 cagcacgctc ctcgtcaccg tcgtggccaa gctcaccacc aggggaggca agcaaggggtg 1740
 gatccccgac aacctcaacg tcggccacct cgactacttc ttctggctgc tcgccgcct 1800
 cagcctctc aacttcgccg tctacctct catcgccagc tggtagacct acaagaagac 1860
 cgccggagat gatcacccag acgcatagc caaaggggga gctcatgatt gatgcacatg 1920
 accagtaa atagtgagtga ctatgtctgc ggttggtgta tgaatggtga aagcagaaga 1980
 agaaagcaag gattgagagt tcggataggt gaaattaagg gaggacaatg aaatgcatgg 2040
 tgtgatttgt gacttcaaga ttcaggagtg ctgccttggt gattaatata ctagtgtctt 2100
 g 2101

<210> 435
 <211> 581
 <212> белок
 <213> Triticum aestivum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (98)..(499)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 797829

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1242,8 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 435

Met Gly Glu Val Ala Ala Glu Leu Tyr Thr Gln Asp Gly Thr Ile Asp
1 5 10 15

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

Cys Pro Tyr Ile Leu Ala Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr
35 40 45

Gly Met Ser Thr Asn Leu Val Asn Phe Met Lys Asp Arg Met Gly Met
50 55 60

Ala Asn Ala Ala Ala Ala Asn Asn Val Thr Asn Trp Gly Gly Thr Cys
65 70 75 80

Tyr Ile Thr Pro Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ala Asp Ala Tyr Leu Gly
85 90 95

Arg Phe Trp Thr Ile Ala Ser Phe Met Ile Ile Tyr Ile Phe Gly Leu
100 105 110

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

Ala Ser Lys Gly Val Cys Asp Pro Thr Pro Gly Gln Ser Ala Ala Val
130 135 140

Phe Ile Ala Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro
145 150 155 160

Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Glu His Asp Asp Val
165 170 175

Glu Arg Lys Ser Lys Ser Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile
180 185 190

Asn Ile Gly Ala Leu Val Ala Ser Ser Val Leu Val Tyr Val Gln Thr
195 200 205

His Val Gly Trp Ser Trp Gly Phe Gly Ile Pro Ala Val Val Met Ala
210 215 220

Ile Ala Val Gly Ser Phe Phe Val Gly Thr Pro Leu Tyr Arg His Gln
225 230 235 240

Arg Pro Gly Gly Ser Pro Leu Thr Arg Ile Ala Gln Val Leu Val Ala
245 250 255

Ala Thr Arg Lys Leu Gly Val Pro Val Asp Gly Ser Ala Leu Tyr Glu
260 265 270

Thr Ala Asp Arg Glu Ser Gly Ile Glu Gly Ser Arg Lys Leu Glu His
275 280 285

Thr Glu Gln Phe Arg Phe Leu Asp Lys Ala Ala Val Glu Thr Gln Ala
290 295 300

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

<210> 436

<211> 591

<212> белок

<213> *Physcomitrella patens* subsp. *patens*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (101)..(507)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 168033816

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1251,7 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 436

Met Asn Ala Val Gly Gly Ala Pro Asp Ser Glu Tyr Pro Gln Asp Gly
1 5 10 15

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

Trp Lys Ala Cys Pro Tyr Ile Leu Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu
35 40 45

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

Leu His Gln Asn Pro Ser Thr Ala Ala Asn Asn Val Thr Asn Trp Ser
65 70 75 80

Gly Thr Cys Tyr Ile Thr Thr Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ala Asp Ala
85 90 95

Tyr Leu Gly Arg Phe Trp Thr Ile Val Val Phe Ser Ile Ile Tyr Phe
100 105 110

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

Pro Pro Ser Gly Glu Gly Val Val Ala Ser Ser Thr Gln Leu Ala Val
130 135 140

Phe Tyr Leu Ala Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys
145 150 155 160

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

Lys Glu Lys Lys Arg Lys Ser Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Thr
180 185 190

Ile Asn Ile Gly Ala Leu Ile Ala Ser Ser Ala Leu Val Tyr Ile Gln
195 200 205

Glu Asn Val Gly Trp Gly Trp Gly Phe Gly Ile Pro Ala Val Ala Met
210 215 220

Gly Ile Ala Ile Val Ser Phe Leu Ile Gly Ser Pro Leu Tyr Arg His
225 230 235 240

Gln Lys Pro Gly Gly Ser Pro Ile Thr Arg Ile Ala Gln Val Leu Val
245 250 255

Ala Ala Thr Arg Lys Leu Ser Met Lys Val Gln Pro Asn Gly Lys His
260 265 270
Leu Tyr Glu Ala Asp Asp Lys Glu Ser Gly Ile Glu Gly Ser Arg Lys
275 280 285
Leu Glu His Thr Glu Glu Phe Arg Phe Leu Asp Lys Ala Ala Ile Pro
290 295 300
Arg Gly Asp Glu Glu Leu Gln Gly Thr Arg Pro Ser Gly Trp Arg Leu
305 310 315 320
Thr Ser Val Thr Gln Val Glu Glu Val Lys Ile Val Met Arg Leu Leu
325 330 335
Pro Ile Trp Ala Ser Gly Ile Val Phe Ala Thr Val Tyr Ser Gln Met
340 345 350
Ser Thr Met Phe Val Gln Gln Gly Ala Leu Met Asn Val Ser Met Gly
355 360 365
Lys Ala Asn Ile Pro Ser Ala Ser Leu Ser Ile Phe Asp Thr Ile Ser
370 375 380
Val Ile Val Cys Val Val Ile Tyr Asp Arg Phe Leu Val Pro Val Val
385 390 395 400
Arg Lys Arg Thr Gly His Val Arg Gly Phe Thr Gln Leu Gln Arg Met
405 410 415
Gly Ile Gly Leu Phe Ile Ser Val Leu Ala Met Val Val Ala Ala Ile
420 425 430
Val Glu Ile Glu Arg Leu Lys Leu Ala Arg Arg Asp Gly Val Ala Gly
435 440 445
Asn Pro Gln Asp Glu Ala Leu Pro Val Glu Ser Leu Thr Ile Phe Val
450 455 460
Gln Ile Pro Gln Tyr Phe Leu Ile Gly Ala Ala Glu Val Phe Thr Phe
465 470 475 480
Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe Tyr Asp Gln Ala Pro Asp Ala Met Arg
485 490 495
Ser Leu Met Ser Ala Leu Ser Leu Thr Thr Val Ala Leu Gly Asn Tyr
500 505 510
Leu Ser Ser Val Leu Val Thr Ile Val Thr Glu Val Thr Thr Lys Gly
515 520 525
Gly Lys Pro Gly Trp Ile Pro Asn Asn Leu Asn Arg Gly His Leu Asp
530 535 540
Tyr Phe Phe Trp Met Leu Ala Ile Leu Ser Ile Leu Asn Ile Ile Phe
545 550 555 560
Tyr Leu Val Val Ala Lys Phe Tyr Thr Tyr Lys Arg Val His Asn Ala
565 570 575
Ala Asp Val Gly Glu Asp Gly Lys Pro Ser Lys Ser Gly Tyr Glu
580 585 590

<210> 437
<211> 594
<212> белок
<213> *Picea sitchensis*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (121)..(527)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 116788004

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1291,6 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 437
Met Gly Val Glu Gly Glu Gly Ser Val Glu Thr Ala Leu Leu Glu Glu
1 5 10 15
Gly Ser Ile Ser Ser Val Gln Thr Gly Lys Ala Ser Glu Asp Glu Tyr
20 25 30
Thr Gly Asp Gly Ser Val Asp Phe Trp Gly Arg Pro Ser Val Lys Glu
35 40 45
Asn Thr Gly Asn Trp Arg Ala Cys Pro Phe Ile Leu Gly Asn Glu Cys
50 55 60
Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Ile Asn Thr Asn Leu Val Thr Tyr
65 70 75 80
Leu Thr Lys Arg Leu His Gln Gly Asn Ala Ala Ala Ala Lys Ser Val
85 90 95
Thr Thr Trp Ala Gly Thr Cys Tyr Leu Thr Pro Leu Phe Gly Ala Val
100 105 110
Leu Ala Asp Ala Tyr Trp Gly Arg Tyr Trp Thr Ile Ala Ala Phe Ser
115 120 125
Thr Ile Tyr Phe Ile Gly Met Ala Thr Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val
130 135 140
Ser Ser Leu Lys Pro Pro Ser Cys Ile Gly Ser Asp Cys Pro Thr Ala
145 150 155 160
Asn Leu Ala Gln Tyr Gly Val Phe Phe Leu Gly Leu Tyr Leu Ile Ala
165 170 175
Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp
180 185 190
Gln Phe Asp Asp Thr Asp Pro Lys Glu Lys Lys Lys Lys Gly Ser Phe
195 200 205

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

Thr Thr Lys Gly Gly Asn Ile Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu Asn Glu
545 550 555 560

Gly His Leu Asp Tyr Tyr Phe Trp Val Leu Ala Ser Leu Ser Val Leu
565 570 575

Asn Leu Leu Val Tyr Val Ser Cys Ala His Arg Tyr Lys Tyr Lys Lys
580 585 590

Ala Ser

<210> 438
<211> 583
<212> белок
<213> Hakea actites

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (112)..(516)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 149900503

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1297,0 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 438

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

Asn Asp Gly Ile Gly Leu Tyr Thr Gly Asp Gly Ser Val Asp Ile Asp
20 25 30

Gly Lys Pro Val Leu Lys Glu Asn Thr Gly Lys Trp Arg Ala Cys Pro
35 40 45

Phe Ile Leu Gly Thr Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Ile
50 55 60

Ala Thr Asn Leu Val Thr Tyr Leu Thr Ser Lys Leu His Glu Gly Asn
65 70 75 80

Ala Ser Ala Ala Arg Asn Val Thr Thr Trp Ser Gly Thr Cys Tyr Leu
85 90 95

Ala Pro Leu Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr
100 105 110

Trp Thr Ile Ala Val Phe Ser Ile Ile Tyr Phe Ile Gly Met Gly Thr
115 120 125

Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val Ala Ala Phe Lys Pro Ser Pro Cys Val
130 135 140

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

Cys Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys
 165 170 175

Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Pro Val Glu
 180 185 190

Arg Val Gln Lys Gly Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile Asn
 195 200 205

Ile Gly Ala Leu Ile Ser Ser Ser Phe Leu Val Trp Ile Gln Asp Asn
 210 215 220

Ala Gly Trp Gly Leu Gly Phe Gly Ile Pro Thr Leu Phe Met Gly Val
 225 230 235 240

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

Pro Gly Gly Ser Pro Leu Met Arg Met Cys Gln Val Phe Val Ala Ser
 260 265 270

Phe Arg Lys Trp Asn Leu Asp Val Pro Gln Asp Ser Ser Leu Leu Phe
 275 280 285

Glu Leu Pro Asp Lys Thr Ser Ala Ile Glu Gly Ser Arg Lys Leu Glu
 290 295 300

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

Leu Asp Val Gln Gln Gly Asp Leu Thr Asn Pro Trp Arg Leu Cys Thr
 325 330 335

Val Thr Gln Val Glu Glu Leu Lys Ile Leu Ile Arg Met Phe Pro Ile
 340 345 350

Trp Ala Thr Gly Ile Val Phe Ser Ala Val Tyr Ala Gln Met Ser Thr
 355 360 365

Met Phe Val Glu Gln Gly Met Val Leu Asp Thr Thr Ile Gly Ser Phe
 370 375 380

Thr Ile Pro Pro Ala Ser Leu Ser Thr Phe Asp Val Leu Ser Val Ile
 385 390 395 400

Val Trp Val Pro Met Tyr Asp Arg Leu Leu Val Pro Leu Ala Arg Lys
 405 410 415

Phe Thr Gly Lys Glu Arg Gly Phe Ser Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile
 420 425 430

Gly Leu Phe Ile Ser Ile Leu Ser Met Thr Ala Ala Ala Ile Val Glu
 435 440 445

Ile Arg Arg Leu Gln Ile Ala Lys Ser Leu Gly Leu Val Asp Gln Asn
 450 455 460

Val Ala Val Pro Met Ser Ile Leu Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe Leu
 465 470 475 480

Val Gly Ala Ser Glu Ile Phe Thr Phe Ile Gly Gln Leu Glu Phe Phe
485 490 495

Tyr Asp Gln Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu Ser
500 505 510

Leu Leu Thr Thr Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Phe Ile Leu Thr
515 520 525

Met Val Thr Thr Ile Thr Thr Arg Gly Gly Lys Pro Gly Trp Ile Pro
530 535 540

Asp Asn Leu Asn Glu Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Ala
545 550 555 560 565

Gly Leu Ser Phe Leu Asn Leu Val Ile Tyr Val Phe Cys Ala Ala Arg
565 570 575

Tyr Lys Cys Lys Lys Ala Ser
580

<210> 439

<211> 580

<212> белок

<213> Solanum lycopersicum

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (109)..(513)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 4102839

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1292,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 439

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

Ser Gly Leu Tyr Thr Arg Asp Gly Ser Val Asp Ile Lys Gly Asn Pro
20 25 30

Val Leu Lys Ser Glu Thr Gly Asn Trp Arg Ala Cys Pro Phe Ile Leu
35 40 45

Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Ile Ala Ala Asn
50 55 60

Leu Val Thr Tyr Leu Thr Lys Lys Leu His Glu Gly Asn Val Ser Ala
65 70 75 80

Ala Arg Asn Val Thr Thr Trp Gln Gly Thr Cys Tyr Ile Thr Pro Leu
85 90 95

Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ala Tyr Trp Gly Arg Tyr Trp Thr Ile
 100 105 110

Ala Thr Phe Ser Thr Ile Tyr Phe Ile Gly Met Cys Thr Leu Thr Leu
 115 120 125

Ser Ala Ser Val Pro Ala Phe Lys Pro Pro Gln Cys Val Gly Ser Val
 130 135 140

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

Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val Ser Ser
 165 170 175

Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Pro Lys Glu Arg Val Lys
 180 185 190

Lys Gly Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile Asn Ile Gly Ala
 195 200 205

Leu Ile Ser Ser Ser Leu Ile Val Trp Ile Gln Glu Asn Ala Gly Trp
 210 215 220

Gly Leu Gly Phe Gly Ile Pro Ala Val Phe Met Gly Ile Ala Ile Ala
 225 230 235 240

Ser Phe Phe Phe Gly Thr Pro Leu Tyr Arg Phe Gln Lys Pro Gly Gly
 245 250 255

Ser Pro Leu Thr Arg Met Cys Gln Val Leu Val Ala Val Phe His Lys
 260 265 270

Trp Asn Leu Ser Val Pro Asp Asp Ser Thr Leu Leu Tyr Glu Thr Pro
 275 280 285

Asp Lys Ser Ser Ala Ile Glu Gly Ser Arg Lys Leu Leu His Thr Asp
 290 295 300

Glu Leu Arg Cys Leu Asp Lys Ala Ala Val Val Ser Asp Asn Glu Leu
 305 310 315 320

Thr Thr Gly Asp Tyr Ser Asn Ala Trp Arg Leu Cys Thr Val Thr Gln
 325 330 335

Val Glu Glu Leu Lys Ile Leu Ile Arg Met Phe Pro Ile Trp Ala Thr
 340 345 350

Gly Ile Val Phe Ser Ala Val Tyr Ala Gln Met Ser Thr Met Phe Val
 355 360 365

Glu Gln Gly Met Val Met Asp Thr Ala Val Gly Ser Phe Lys Ile Pro
 370 375 380

Ala Ala Ser Leu Ser Thr Phe Asp Thr Ile Ser Val Ile Val Trp Val
 385 390 395 400

Pro Val Tyr Asp Lys Ile Leu Val Pro Ile Ala Arg Arg Phe Thr Gly
 405 410 415

Ile Glu Arg Gly Phe Ser Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Phe
 420 425 430

Leu Ser Met Leu Cys Met Ser Ala Ala Ala Ile Val Glu Ile Arg Arg
 435 440 445
 Leu Gln Leu Ala Arg Asp Leu Gly Leu Val Asp Glu Ala Val Ser Val
 450 455 460
 Pro Leu Ser Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe Ile Leu Gly Ala
 465 470 475 480
 Ala Glu Ile Phe Thr Phe Ile Gly Gln Leu Glu Phe Phe Tyr Asp Gln
 485 490 495
 Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu Ser Leu Leu Thr
 500 505 510
 Thr Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Phe Ile Leu Thr Val Val Thr
 515 520 525
 Ser Ile Thr Thr Arg Gly Gly Lys Pro Gly Trp Ile Pro Asn Asn Leu
 530 535 540
 Asn Gly Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Ala Ala Leu Ser
 545 550 555 560
 Phe Phe Asn Leu Val Ile Tyr Val Phe Leu Cys Gln Met Tyr Lys Ser
 565 570 575
 Lys Lys Ala Ser
 580

<210> 440
 <211> 584
 <212> белок
 <213> Vicia faba

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (114)..(518)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 31088360

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1269,8 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 440
 Met Gly Ser Val Glu Asp Asp Ser Ser Arg Leu Glu Glu Ala Leu Ile
 1 5 10 15
 Gln Asp Glu Glu Ser Lys Leu Tyr Thr Gly Asp Gly Ser Val Asp Phe
 20 25 30
 Lys Gly Arg Pro Val Leu Lys Lys Asn Thr Gly Asn Trp Lys Ala Cys
 35 40 45

Pro Phe Ile Leu Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly
 50 55 60

Ile Ala Thr Asn Leu Val Lys Pro Ile Leu Leu Ala Lys Leu His Glu
 65 70 75 80

Gly Asn Val Ser Ala Ala Arg Asn Val Thr Thr Trp Gln Gly Thr Cys
 85 90 95

Tyr Leu Ala Pro Leu Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ser Tyr Trp Gly
 100 105 110

Arg Tyr Trp Thr Ile Ala Ile Phe Ser Met Ile Tyr Phe Ile Gly Met
 115 120 125

Gly Thr Leu Thr Leu Ser Ala Ser Ile Pro Ala Leu Lys Pro Ala Glu
 130 135 140

Cys Leu Gly Ala Val Cys Pro Pro Ala Thr Pro Ala Gln Tyr Ala Val
 145 150 155 160

Phe Phe Ile Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys
 165 170 175

Pro Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Ser
 180 185 190

Arg Glu Arg Val Lys Lys Gly Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser
 195 200 205

Ile Asn Ile Gly Ala Leu Ile Ser Ser Ser Phe Ile Val Trp Ile Gln
 210 215 220

Glu Asn Ala Gly Trp Gly Leu Gly Phe Gly Ile Pro Ala Leu Phe Met
 225 230 235 240

Gly Leu Ala Ile Gly Ser Phe Phe Leu Gly Thr Pro Leu Tyr Arg Phe
 245 250 255

Gln Lys Pro Gly Gly Ser Pro Leu Thr Arg Met Cys Gln Val Val Ala
 260 265 270

Ala Ser Phe Arg Lys Arg Asn Leu Thr Val Pro Glu Asp Ser Ser Leu
 275 280 285

Leu Tyr Glu Thr Pro Asp Lys Ser Ser Ala Ile Glu Gly Ser Arg Lys
 290 295 300

Leu Gln His Ser Asp Glu Leu Arg Cys Leu Asp Arg Ala Ala Val Ile
 305 310 315 320

Ser Asp Asp Glu Arg Lys Arg Gly Asp Tyr Ser Asn Leu Trp Arg Leu
 325 330 335

Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Leu Lys Ile Leu Ile Arg Met Phe
 340 345 350

Pro Val Trp Ala Thr Gly Ile Val Phe Ser Ala Val Tyr Ala Gln Met
 355 360 365

Ser Thr Met Phe Val Glu Gln Gly Thr Met Met Asp Thr Ser Val Gly
 370 375 380

Ser Phe Lys Ile Pro Ala Ala Ser Leu Ser Thr Phe Asp Val Ile Ser
 385 390 395 400
 Val Ile Phe Trp Val Pro Val Tyr Asp Arg Phe Ile Val Pro Ile Ala
 405 410 415
 Arg Lys Phe Thr Gly Lys Glu Arg Gly Phe Ser Glu Leu Gln Arg Met
 420 425 430
 Gly Ile Gly Leu Phe Ile Ser Val Leu Cys Met Ser Ala Ala Ala Ile
 435 440 445
 Val Glu Ile Lys Arg Leu Gln Leu Ala Lys Glu Leu Asp Leu Val Asp
 450 455 460
 Lys Ala Val Pro Val Pro Leu Thr Ile Phe Leu Gln Ile Pro Gln Tyr
 465 470 475 480
 Phe Leu Leu Gly Ala Ala Glu Val Phe Thr Phe Val Gly Gln Leu Glu
 485 490 495
 Phe Phe Tyr Asp Gln Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala
 500 505 510
 Leu Ser Leu Leu Thr Thr Ser Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Phe Ile
 515 520 525
 Leu Thr Val Val Leu Tyr Phe Thr Thr Arg Gly Gly Asn Pro Gly Trp
 530 535 540
 Ile Pro Asp Asn Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Tyr Phe Ser Gly Leu
 545 550 555 560
 Ala Gly Leu Ser Phe Leu Asn Met Phe Leu Tyr Ile Val Ala Ala Lys
 565 570 575
 Arg Tyr Lys Ser Lys Lys Ala Ser
 580

<210> 441
 <211> 1821
 <212> ДНК
 <213> Sorghum bicolor

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8681236

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 442

<400> 441
 atgaagatga gggcgatcgt cgtggaagga ggggagatga gcgcgccgac gccgacgccg 60
 aagcaggaca agtgctgcga gtacacgctc gacggctccg tcgacatcaa gggccgcccg 120
 gcggtcaagg ggaaatcagg aggatggctt gccggtgctc taatccttgt gaaccagggc 180
 ctggcgacac tagccttctt cggcgtgaac gtgaacctgg tgctgttcct gacgcggggtg 240
 ctgggggcaga gcaacgaaga cgccccaac aacgtcagca agtggacggg caccgtgtac 300


```

atgttctccc tcatcggcgc cttcctcagc gactcctact ggggacgcta caagacctgc 360
gccatcttcc aggccatctt tgtgctcggc ctcgcgctgc tgtcgggtgc gtcgcacctc 420
tacctaataca ggccggacgg gtgcggcatg gagcacgcgc cctgcggccc gcactccggc 480
aaggagctgg ggatcttcta catcgcgctg tacatgatcg ccttcggcaa cggcgggtac 540
cagcccaaca tcgccaccct gggcgccgac cagtctgacg aggacgacct cgccgaggcg 600
cactccaagg tctccttctt cagctacttc tacctcgccc tcaacctcgg ctcgctcttc 660
tccaacacct tcctcagcta cctcgaggac aagggcagct gggcgctcgg cttctggggc 720
tccaccgccc ccgcccacc cgcgctcctg cttttcctca gcgggacgct ccggtatcgc 780
tatttcagc ccggagggaa cccgatcggg aggatttgcc aggtcgccat cgccgcgtcc 840
aggaaatgga aggcgggcg ctcgaccacc ggagtgggtca gcctgtacga gggcgacgag 900
aaggcggatg ccgcccgtgg caggaagctt ttgcacacgc aagggttcag tttcttggac 960
cgcgcggcgc acgctgacac ggactccaag ctcggcgcg cgcacctctg gaagctgtgc 1020
acggtgacgc aggtggagga ggtcaagagc atcctgaggc tcctccccat ctggctctgc 1080
accatcctct actcggtcgt cttcaccag atggcctcgc tctttgtcgt gcagggcgcc 1140
gcgatgcgcc gcaccacccc gttctccggc ttctccgtcc cgccctccag catgtcggcc 1200
ttcgacatcc tcgccgtcgc caccacgatc ttcttgtagc gccgcgccat ctgcccgttc 1260
ctggcgcgcc tcaccggccc cccggccggc cccaccgagc tgcagaggat gggcctcggc 1320
ctggtcgtgg gtgccctggc catggccacg gccgggacgg tcgagcactt ccggaaggcc 1380
agggccaccg cggcgatgag cagcgacctg catatcatgt ggcaggtgcc gcagtacgcy 1440
ctgatcggcg tgtcggaggt gatgatgtac gtcgggcagc tcgagttctt caacggccag 1500
atgcccagc ggctcaaaag cttcgggagc gcgctctgca tgatgtccat gtcgctcggc 1560
aactacttca gtgacgtcat cgtgagcgcg gtcaccaggc tcaccacgac gcgagggcgg 1620
tccgggtgga tcccggctga cctcaacgag ggccacctcg acaagttcta cttcctgctc 1680
gccgtgctgg ccgtcgcgga cttcgcggtg tacctcgtgt gcgcgagccg ctacgggagc 1740
ggcaagggtg acgggaggag cagcgacgac gaggaggagg gagcggcccg tcaggtgaca 1800
tccctgccgg cttacgcatg a 1821

```

<210> 442

<211> 606

<212> белок

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (117)..(517)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8681236

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1256,2 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 442

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

Cys Gln Val Ala Ile Ala Ala Ser Arg Lys Trp Lys Ala Gly Ala Ser
 275 280 285

Thr Thr Gly Val Val Ser Leu Tyr Glu Gly Asp Glu Lys Ala Asp Ala
 290 295 300

Ala Gly Gly Arg Lys Leu Leu His Thr Gln Gly Phe Ser Phe Leu Asp
 305 310 315 320

Arg Ala Ala His Ala Asp Thr Asp Ser Lys Leu Gly Ala Arg Asp Pro
 325 330 335

Trp Lys Leu Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Val Lys Ser Ile Leu
 340 345 350

Arg Leu Leu Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Leu Tyr Ser Val Val Phe
 355 360 365

Thr Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Val Gln Gly Ala Ala Met Arg Arg
 370 375 380

Thr Thr Pro Phe Ser Gly Phe Ser Val Pro Pro Ser Ser Met Ser Ala
 385 390 395 400

Phe Asp Ile Leu Ala Val Ala Thr Thr Ile Phe Leu Tyr Arg Arg Ala
 405 410 415

Ile Cys Pro Phe Leu Ala Arg Leu Thr Gly Arg Pro Ala Gly Pro Thr
 420 425 430

Glu Leu Gln Arg Met Gly Leu Gly Leu Val Val Gly Ala Leu Ala Met
 435 440 445

Ala Thr Ala Gly Thr Val Glu His Phe Arg Lys Ala Arg Ala Thr Ala
 450 455 460

Ala Met Ser Ser Asp Leu His Ile Met Trp Gln Val Pro Gln Tyr Ala
 465 470 475 480

Leu Ile Gly Val Ser Glu Val Met Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu Phe
 485 490 495

Phe Asn Gly Gln Met Pro Asp Gly Leu Lys Ser Phe Gly Ser Ala Leu
 500 505 510

Cys Met Met Ser Met Ser Leu Gly Asn Tyr Phe Ser Asp Val Ile Val
 515 520 525

Ser Ala Val Thr Arg Leu Thr Thr Thr Arg Gly Arg Ser Gly Trp Ile
 530 535 540

Pro Ala Asp Leu Asn Glu Gly His Leu Asp Lys Phe Tyr Phe Leu Leu
 545 550 555 560

Ala Val Leu Ala Val Ala Asp Phe Ala Val Tyr Leu Val Cys Ala Ser
 565 570 575

Arg Tyr Gly Ser Gly Lys Val Asp Gly Arg Ser Ser Asp Asp Glu Glu
 580 585 590

Glu Gly Ala Ala Gly Gln Val Thr Ser Leu Pro Ala Tyr Ala
 595 600 605

<210> 443
<211> 1779
<212> ДНК
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8519531

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 444

<400> 443
atggaaccag gaatttgcaa ttctgtcaac tccgtaaatg ttgaagcaac cgagaaaaag 60
gtgacaggag gaaatggaag ctacacagag cagtcagaca caagctataa gaagattaaa 120
ggaggttggg aaactgcaat tatcttggtt gcgaaatcaag cactggctac actagctttc 180
tttgagattg gagtgaactt ggttctgttt ctgacccgag tccttcgcca agacagtgtc 240
gaggctgcta acaatgtcag caagtggacc ggaactgttt acatattttc actcattgga 300
gccttcctca gtgattctta ctggggacga tatttaacct gcgcaatctt tcagttcatt 360
tttgttgtgg gcttggggat gttgtcattg tcgtcttggc ggtttttgat caaacgggtt 420
ggttgccgca atgaagaaac tacatgcttg gaaccatcat cagtgggtgt tggcattttc 480
tacttgcca tatatctagt ggcatttgga tatggagggc accaaccac cttagcaacc 540
tttggtgcag atcaatttga cgagaagaac gaaaaacaaa agaacgagag agaagctttc 600
ttctcttatt tttactttgc cctcaatggt ggatctctgt tctccaacac tatattagta 660
tactacgagg attcaggaat gtggacaatg ggtttcttgg tgtccttggc ctcagctgtt 720
attgccttag tttcactt agcaggatat cgaaaatata gatatgtaaa gggatatggg 780
aatccggtga taagggtagt tcaggtgttt gtggccactg ttagaaagtg gaaggttggt 840
ccagccaagg aacaccaact ttatgaggtt gatggtccag aatctgccat aaaagggagt 900
agaaagattc atcacagcaa tgattttaga ttcatggaca aggcagcaac aataacggag 960
aaagatgcag ttaatctcaa gaatcactgg cggctatgta ctgtaactca agttgaggaa 1020
gccaatgcg tactgagaat gctaccagtt tggctatgta ctataattta ttcagttgtg 1080
tttacgcaaa tggcttctct ttttgtcgag caaggggatg tgatgaacaa caagatagga 1140
aattttcact tgccagcagc cagcatgtca gtgtttgata tctgcagtgt ctttttatgc 1200
actggaattt atcgccaaat ccttgttcct ctagcaggaa gatttagtgg caatcctagg 1260
ggactaactg agcttcaaag aatgggagtt ggcctaatta ttggaatggt agctattcct 1320
gcagctggtg ccacagagtt tgaaaggctc aaacacatta caccgggga aaaggctagt 1380
tctttgagta tattttggca aatcccacag tatgttctag ttggtgcttc agaagttttc 1440
atgtatgtgg gtcaactgga gttctttaat gggcaagccc cagatggcat aaaaagcttt 1500

gggagctcac tttgcatggc ttcaatttct cttggaaact atgtgagtag cttgctggtg 1560
 tacatgggtga tgggaatcac tgcaagaggc gagaatccgg gatggattcc caataacttg 1620
 aatgtggggc acatggatag gtttttcttc ctcgttgcag tgctaactgc tcttgatttt 1680
 gtactctact tattatgtgc tcgctggtag aagagcatca accttggaga tggtgacatg 1740
 ggaagccaag aggacgagga agtgatcagt aaagtttga 1779

<210> 444
 <211> 592
 <212> белок
 <213> Glycine max

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (111)..(509)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8519531

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1264,8 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 444
 Met Glu Pro Gly Ile Cys Asn Ser Val Asn Ser Val Asn Val Glu Ala
 1 5 10 15
 Thr Glu Lys Lys Val Thr Gly Gly Asn Gly Ser Tyr Thr Glu Gln Ser
 20 25 30
 Asp Thr Ser Tyr Lys Lys Ile Lys Gly Gly Trp Lys Thr Ala Ile Ile
 35 40 45
 Leu Leu Ala Asn Gln Ala Leu Ala Thr Leu Ala Phe Phe Gly Val Gly
 50 55 60
 Val Asn Leu Val Leu Phe Leu Thr Arg Val Leu Arg Gln Asp Ser Ala
 65 70 75 80
 Glu Ala Ala Asn Asn Val Ser Lys Trp Thr Gly Thr Val Tyr Ile Phe
 85 90 95
 Ser Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ser Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Leu
 100 105 110
 Thr Cys Ala Ile Phe Gln Phe Ile Phe Val Val Gly Leu Gly Met Leu
 115 120 125
 Ser Leu Ser Ser Trp Arg Phe Leu Ile Lys Pro Val Gly Cys Gly Asn
 130 135 140

Glu Glu Thr Thr Cys Leu Glu Pro Ser Ser Val Gly Val Gly Ile Phe
 145 150 155 160

Tyr Leu Ser Ile Tyr Leu Val Ala Phe Gly Tyr Gly Gly His Gln Pro
 165 170 175

Thr Leu Ala Thr Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Glu Lys Asn Glu Lys
 180 185 190

Gln Lys Asn Ala Arg Glu Ala Phe Phe Ser Tyr Phe Tyr Phe Ala Leu
 195 200 205

Asn Val Gly Ser Leu Phe Ser Asn Thr Ile Leu Val Tyr Tyr Glu Asp
 210 215 220

Ser Gly Met Trp Thr Met Gly Phe Leu Val Ser Leu Ala Ser Ala Val
 225 230 235 240

Ile Ala Leu Val Ser Tyr Leu Ala Gly Tyr Arg Lys Tyr Arg Tyr Val
 245 250 255

Lys Gly Tyr Gly Asn Pro Val Ile Arg Val Val Gln Val Phe Val Ala
 260 265 270

Thr Val Arg Lys Trp Lys Val Gly Pro Ala Lys Glu His Gln Leu Tyr
 275 280 285

Glu Val Asp Gly Pro Glu Ser Ala Ile Lys Gly Ser Arg Lys Ile His
 290 295 300

His Ser Asn Asp Phe Arg Phe Met Asp Lys Ala Ala Thr Ile Thr Glu
 305 310 315 320

Lys Asp Ala Val Asn Leu Lys Asn His Trp Arg Leu Cys Thr Val Thr
 325 330 335

Gln Val Glu Glu Ala Lys Cys Val Leu Arg Met Leu Pro Val Trp Leu
 340 345 350

Cys Thr Ile Ile Tyr Ser Val Val Phe Thr Gln Met Ala Ser Leu Phe
 355 360 365

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

Pro Ala Ala Ser Met Ser Val Phe Asp Ile Cys Ser Val Leu Leu Cys
 385 390 395 400

Thr Gly Ile Tyr Arg Gln Ile Leu Val Pro Leu Ala Gly Arg Phe Ser
 405 410 415

Gly Asn Pro Arg Gly Leu Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly Val Gly Leu
 420 425 430

Ile Ile Gly Met Leu Ala Ile Leu Ala Ala Gly Ala Thr Glu Phe Glu
 435 440 445

Arg Leu Lys His Ile Thr Pro Gly Glu Lys Ala Ser Ser Leu Ser Ile
 450 455 460

Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Val Leu Val Gly Ala Ser Glu Val Phe
 465 470 475 480

Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe Asn Gly Gln Ala Pro Asp Gly
485 490 495

Ile Lys Ser Phe Gly Ser Ser Leu Cys Met Ala Ser Ile Ser Leu Gly
500 505 510

Asn Tyr Val Ser Ser Leu Leu Val Tyr Met Val Met Gly Ile Thr Ala
515 520 525

Arg Gly Glu Asn Pro Gly Trp Ile Pro Asn Asn Leu Asn Val Gly His
530 535 540

Met Asp Arg Phe Phe Phe Leu Val Ala Val Leu Thr Ala Leu Asp Phe
545 550 555 560

Val Leu Tyr Leu Leu Cys Ala Arg Trp Tyr Lys Ser Ile Asn Leu Gly
565 570 575

Asp Gly Asp Met Gly Ser Gln Glu Asp Glu Glu Val Ile Ser Lys Val
580 585 590

<210> 445
<211> 1749
<212> ДНК
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8631372

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 446

<400> 445
atggatgcta cactgttga ttccaatgg atctctccc cactgaaga tgggtccatg 60
gacaggcgag gaaaccagc tgtcaagaca accaccgga gatggagatc tgccatcctg 120
ctgctagcta actatgggt cgcgacgtgc gccttcttcg gcgtcggcgt gaacctcgtg 180
gtgttctcgc gccgggtgct ccaccagggc aacgccgagg cggccaacag catcagcaag 240
tggactggga cgtctacat cttctcgtc atcggcgctt tcctcagcga ctctactggg 300
ggccgatacg tcacgtgcmc cgtcttccag atcatctacg tgatggggct ggtggtcctg 360
tcgctcgcgt catggctctt gctggtgaag ccgtccggct gcggcggcgt caaggcgcac 420
tgcgacgggc cgtcggcgcc cggcgtcgcg ctgttctacc tgtccaccta catgatcgcg 480
ttcggcaacg gaggtacca gccttccatc gcgacgttcg ggctcgacca gttcgcagag 540
acggaccccg aggaggcgag ctccaagggt gccttcttca gctacttcta cctggcgctc 600
aacgtcggct cctgctctc caacacggtg ctggtgtact acgaggactc ggggcgggtgg 660
gtcatggggg tctgggtctc ggcggccgcc gcggcgctgg cgctcgtgct cttcctgctc 720
ggcacgcccg gctaccgcca cttcaagccg agcggcaacc cgctcacccg cgctcgcgag 780
gtgttcgctc ccgcgctgag caagtggcgc gccgaggtcc cgcgtggcga gctcctccac 840

gaggtggtgg aagcaggaga ggaccctaag gtctcgggca tccgcaagat ccttcacagc 900
gacgggctca ggttcctcga caaggcggcg acgatcacgg aggaggagga ggaggagggg 960
ccgtggcggc tctgcacggt gacgcaggtg gaggaggtga agtgcacccct gaggatgctg 1020
cccatctggc tgtgcacgat cgtgtactcg gtgggtgttca cccagatggc gtcgctgttc 1080
gtggagcagg gcgccacat ggacaccaac atcgggtcgt tccacttccc cgccgcgagc 1140
atgtcgctgt tcgacgtcct cagcgtgctg gcgttcacag ccatctaccg gcgggtgctg 1200
gtgccctca tggcgcggct gtcaggcaac ccgcagggcc tgaccgagct gcagcgcagc 1260
ggcgtcgggc tcgtgatcgg catggcggcg atgggtggtg cgggcgtggt ggaggtggag 1320
cggctgaagc gcgtggcggc cccggaccag ccgagctccc tgagcgtgct gtggcaggtg 1380
ccgcagtacg cgctgatcgg ggcgtcggag gtgttcatgt acgtggggca gctggagttc 1440
ttcaacgggc aggcgcccga cggcgtcaag agcttcggca gcgcgctgtg catggcgtcc 1500
atctcgctgg ggaactacgt gagcatcatg ctggtgagcg tagtcacgag cctcaccgcc 1560
ggtgagaagc gtccgggggtg gatccctggg aaccttaact caggacacct cgacaggttc 1620
tacttctcc tcgccgtctc ctcgctcgtg gacctcgccg tctacgtcgc ctgtgccatg 1680
tggtacaagg gcatcaagct tgacggcggc gacggcgata acaggagaaa ggtctctgcg 1740
cacgtctag 1749

<210> 446
<211> 582
<212> белок
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (103)..(501)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8631372

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1317,4 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 446
Met Asp Ala Thr Thr Val Asp Ser Lys Trp Ile Ser Pro Ala Thr Glu
1 5 10 15
Asp Gly Ser Met Asp Arg Arg Gly Asn Pro Ala Val Lys Thr Thr Thr
20 25 30

Gly Arg Trp Arg Ser Ala Ile Leu Leu Leu Ala Asn Tyr Gly Leu Ala
 35 40 45

Thr Cys Ala Phe Phe Gly Val Gly Val Asn Leu Val Val Phe Leu Arg
 50 55 60

Arg Val Leu His Gln Gly Asn Ala Glu Ala Ala Asn Ser Ile Ser Lys
 65 70 75 80

Trp Thr Gly Thr Val Tyr Ile Phe Ser Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ser
 85 90 95

Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Val Thr Cys Ala Val Phe Gln Ile Ile
 100 105 110

Tyr Val Met Gly Leu Val Val Leu Ser Leu Ala Ser Trp Leu Leu Leu
 115 120 125

Val Lys Pro Ser Gly Cys Gly Gly Val Lys Ala His Cys Asp Gly Pro
 130 135 140

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

Phe Gly Asn Gly Gly Tyr Gln Pro Ser Ile Ala Thr Phe Gly Ser Asp
 165 170 175

Gln Phe Asp Glu Thr Asp Pro Glu Glu Ala Arg Ser Lys Val Ala Phe
 180 185 190

Phe Ser Tyr Phe Tyr Leu Ala Leu Asn Val Gly Ser Leu Leu Ser Asn
 195 200 205

Thr Val Leu Val Tyr Tyr Glu Asp Ser Gly Arg Trp Val Met Gly Phe
 210 215 220

Trp Val Ser Ala Ala Ala Ala Ala Leu Ala Leu Val Leu Phe Leu Leu
 225 230 235 240

Gly Thr Pro Gly Tyr Arg His Phe Lys Pro Ser Gly Asn Pro Leu Thr
 245 250 255

Arg Val Ala Gln Val Phe Val Ala Ala Leu Arg Lys Trp Arg Ala Glu
 260 265 270

Val Pro Arg Gly Glu Leu Leu His Glu Val Val Glu Ala Gly Glu Asp
 275 280 285

Pro Lys Val Ser Gly Ile Arg Lys Ile Leu His Ser Asp Gly Leu Arg
 290 295 300

Phe Leu Asp Lys Ala Ala Thr Ile Thr Glu Glu Glu Glu Glu Gly
 305 310 315 320

Pro Trp Arg Leu Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Val Lys Cys Ile
 325 330 335

Leu Arg Met Leu Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Val Tyr Ser Val Val
 340 345 350

Phe Thr Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Glu Gln Gly Ala Thr Met Asp
 355 360 365

Thr Asn Ile Gly Ser Phe His Phe Pro Ala Ala Ser Met Ser Leu Phe
 370 375 380
 Asp Val Leu Ser Val Leu Ala Phe Ile Ala Ile Tyr Arg Arg Val Leu
 385 390 395 400
 Val Pro Val Met Ala Arg Leu Ser Gly Asn Pro Gln Gly Leu Thr Glu
 405 410 415
 Leu Gln Arg Met Gly Val Gly Leu Val Ile Gly Met Ala Ala Met Val
 420 425 430
 Val Ala Gly Val Val Glu Val Glu Arg Leu Lys Arg Val Ala Ala Pro
 435 440 445
 Asp Gln Pro Ser Ser Leu Ser Val Leu Trp Gln Val Pro Gln Tyr Ala
 450 455 460
 Leu Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu Phe
 465 470 475 480
 Phe Asn Gly Gln Ala Pro Asp Gly Val Lys Ser Phe Gly Ser Ala Leu
 485 490 495
 Cys Met Ala Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser Ile Met Leu Val
 500 505 510
 Ser Val Val Thr Ser Leu Thr Ala Gly Glu Lys Arg Pro Gly Trp Ile
 515 520 525
 Pro Gly Asn Leu Asn Ser Gly His Leu Asp Arg Phe Tyr Phe Leu Leu
 530 535 540
 Ala Ala Leu Ser Leu Val Asp Leu Ala Val Tyr Val Ala Cys Ala Met
 545 550 555 560
 Trp Tyr Lys Gly Ile Lys Leu Asp Gly Gly Asp Gly Asp Asn Arg Arg
 565 570 575
 Lys Val Ser Ala His Val
 580

<210> 447

<211> 614

<212> белок

<213> *Hordeum vulgare*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (122)..(527)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 151426449

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1253,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 447

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

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

<210> 448

<211> 582

<212> белок

<213> Brassica rapa

<220>

<221> отличающийся признак
<222> (100)..(504)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 192757675

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1309,3 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 448

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

Lys Tyr Arg His Phe Lys Pro Arg Glu Ser Pro Trp Ser Arg Phe Cys
 245 250 255

Gln Val Leu Val Ala Ser Thr Arg Lys Ala Lys Ile Asp Val Asn Tyr
 260 265 270

Asp Asp Met Asn Leu Tyr Asp Ser Glu Thr Gln Arg Thr Gly Asp Lys
 275 280 285

Lys Ile Leu His Thr Lys Gly Phe Arg Phe Leu Asp Arg Ala Ala Ile
 290 295 300

Val Thr Pro Asp Asp Glu Ala Glu Lys Val Glu Ser Gly Ser Ala Tyr
 305 310 315 320

Asp Pro Trp Arg Leu Cys Ser Val Thr Gln Val Glu Glu Val Lys Cys
 325 330 335

Val Leu Arg Leu Leu Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Leu Tyr Ser Val
 340 345 350

Val Phe Thr Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Val Gln Gly Ala Ala Met
 355 360 365

Lys Thr Asn Ile Lys Asp Phe Arg Ile Pro Ala Ser Ser Met Ser Thr
 370 375 380

Phe Asp Ile Leu Ser Val Ala Phe Phe Ile Phe Ala Tyr Arg Arg Phe
 385 390 395 400

Leu Asp Pro Leu Phe Ala Arg Leu Asn Lys Thr Glu Pro Asn Lys Gly
 405 410 415

Leu Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Val Ile Ala Ile Thr
 420 425 430

Ala Met Ile Ser Ala Gly Ile Val Glu Ile Tyr Arg Leu Lys His Lys
 435 440 445

Glu Thr Ala Ser Asn Ser Ser Ser Leu Ser Ile Phe Trp Gln Val Pro
 450 455 460

Gln Tyr Met Met Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly Gln
 465 470 475 480

Leu Glu Phe Phe Asn Ser Gln Ala Pro Thr Gly Leu Lys Ser Phe Ala
 485 490 495

Ser Ala Leu Cys Met Ala Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser Ser
 500 505 510

Leu Leu Val Ser Ile Val Met Lys Ile Ser Thr Arg Asp Asp Leu Pro
 515 520 525

Gly Trp Ile Pro Gly Asn Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Arg Phe Tyr
 530 535 540

Phe Leu Leu Ala Ala Leu Thr Ala Ala Asp Phe Val Val Tyr Leu Val
 545 550 555 560

Cys Ala Lys Trp Tyr Lys Tyr Ile Lys Ser Glu Ala Ser Phe Ser Glu
 565 570 575

Ser Ile Ala Glu Glu Glu
580

<210> 449

<211> 579

<212> белок

<213> *Hordeum vulgare* subsp. *vulgare*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (98)..(499)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 2655098

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1231,9 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 449

Met Gly Glu Val Ala Ala Glu Met Tyr Thr Gln Asp Gly Thr Val Asp
1 5 10 15

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

Cys Pro Tyr Ile Leu Ala Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr
35 40 45

Gly Met Ser Thr Asn Leu Val Asn Phe Met Lys Asp Arg Met Gly Met
50 55 60

Ala Asn Ala Ala Ala Asn Asn Val Thr Asn Trp Gly Gly Thr Cys
65 70 75 80

Tyr Ile Thr Pro Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ala Asp Ala Tyr Leu Gly
85 90 95

Arg Phe Trp Thr Ile Ala Ser Phe Met Ile Ile Tyr Ile Phe Gly Leu
100 105 110

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

Ala Ser Lys Gly Val Cys Asp Pro Thr Pro Gly Gln Ser Ala Ala Val
130 135 140

Phe Ile Ala Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro
145 150 155 160

Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Glu His Asp Asp Val
165 170 175

Glu Arg Lys Ser Lys Ser Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile
180 185 190

Asn Ile Gly Ala Leu Val Ala Ser Ser Val Leu Val Tyr Val Gln Thr
 195 200 205

His Val Gly Trp Ser Trp Gly Phe Gly Ile Pro Ala Val Val Met Ala
 210 215 220

Ile Ala Val Gly Ser Phe Phe Val Gly Thr Ser Leu Tyr Arg His Gln
 225 230 235 240

Arg Pro Gly Gly Ser Pro Leu Thr Arg Ile Ala Gln Val Leu Val Ala
 245 250 255

Ala Thr Arg Lys Leu Gly Val Ala Val Asp Gly Ser Ala Leu Tyr Glu
 260 265 270

Thr Ala Asp Lys Glu Ser Gly Ile Glu Gly Ser Arg Lys Leu Glu His
 275 280 285

Thr Arg Gln Phe Arg Phe Leu Asp Lys Ala Ala Val Glu Thr His Ala
 290 295 300

Asp Arg Thr Ala Ala Ala Pro Ser Pro Trp Arg Leu Cys Thr Val Thr
 305 310 315 320

Gln Val Glu Glu Leu Lys Ser Val Val Arg Leu Leu Pro Ile Trp Ala
 325 330 335

Ser Gly Ile Val Phe Ala Thr Val Tyr Gly Gln Met Ser Thr Met Phe
 340 345 350

Val Leu Gln Gly Asn Thr Leu Asp Ala Ser Met Gly Pro Lys Phe Lys
 355 360 365

Ile Pro Ser Ala Ser Leu Ser Ile Phe Asp Thr Leu Ser Val Ile Ala
 370 375 380

Trp Val Pro Val Tyr Asp Arg Ile Leu Val Pro Ala Val Arg Ser Val
 385 390 395 400

Thr Gly Arg Pro Arg Gly Phe Thr Gln Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly
 405 410 415

Leu Val Val Ser Met Phe Ala Met Leu Ala Ala Gly Val Leu Glu Leu
 420 425 430

Val Arg Leu Arg Thr Ile Ala Gln His Gly Leu Tyr Gly Glu Lys Asp
 435 440 445

Val Val Pro Ile Ser Ile Phe Trp Gln Val Pro Gln Tyr Phe Ile Ile
 450 455 460

Gly Cys Ala Glu Val Phe Thr Phe Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe Tyr
 465 470 475 480

Asp Gln Ala Pro Asp Ala Met Arg Ser Met Cys Ser Ala Leu Ser Leu
 485 490 495

Thr Thr Val Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Thr Leu Leu Val Thr Val
 500 505 510

Val Ala Lys Val Thr Thr Arg Gly Gly Lys Gln Gly Trp Ile Pro Asp
 515 520 525

Asn Leu Asn Val Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Ala Ala
530 535 540

Leu Ser Leu Val Asn Phe Ala Val Tyr Leu Leu Ile Ala Ser Trp Tyr
545 550 555 560

Thr Tyr Lys Lys Thr Ala Gly Asp Ser Pro Asp Ala Lys Gly Gly Ala
565 570 575

His Asp Gln

<210> 450

<211> 580

<212> белок

<213> Zea mays

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (97)..(499)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 194690746

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1197,4 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 450

Met Gly Glu Val Glu Asp Met Tyr Thr Gln Asp Gly Thr Val Asp Met
1 5 10 15

Lys Gly Asn Pro Ala Val Lys Lys Gly Thr Gly Asn Trp Arg Ala Cys
20 25 30

Pro Tyr Ile Leu Ala Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly
35 40 45

Met Ser Thr Asn Leu Val Asn Tyr Met Lys Thr Arg Leu Gly Gln Val
50 55 60

Asn Ser Val Ala Ser Asn Asn Val Thr Asn Trp Gln Gly Thr Cys Tyr
65 70 75 80

Ile Thr Pro Leu Ile Gly Ala Phe Phe Ala Asp Ala Tyr Met Gly Arg
85 90 95

Phe Trp Thr Ile Ala Ile Phe Met Ile Ile Tyr Ile Phe Gly Leu Ala
100 105 110

Leu Leu Thr Met Ala Ser Ser Val Lys Gly Leu Val Pro Thr Ser Cys
115 120 125

Gly Asp Lys Asp Val Cys His Pro Thr Asp Ala Gln Ala Ala Val Val
130 135 140

Phe Val Ala Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro
145 150 155 160

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

Glu Lys Lys Ser Lys Ser Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile
180 185 190

Asn Ile Gly Ala Leu Val Ala Ser Thr Val Leu Val Tyr Val Gln Thr
195 200 205

His Val Gly Trp Gly Trp Gly Phe Gly Ile Pro Ala Val Val Met Ala
210 215 220

Ile Ala Val Gly Ser Phe Phe Val Gly Thr Pro Leu Tyr Arg His Gln
225 230 235 240

Lys Pro Gly Gly Ser Pro Leu Thr Arg Ile Ala Gln Val Leu Val Ala
245 250 255

Cys Ala Arg Lys Trp Asn Val Ala Val Pro Ala Asp Lys Ser Arg Leu
260 265 270

His Glu Thr Val Asp Gly Glu Ser Val Ile Glu Gly Ser Arg Lys Leu
275 280 285

Glu His Ser Glu Gln Leu Ala Cys Leu Asp Arg Ala Ala Val Val Thr
290 295 300

Ala Glu Asp Gly Ala Glu Ala Ser Pro Trp Arg Leu Cys Ser Val Thr
305 310 315 320

Gln Val Glu Glu Leu Lys Ser Val Ile Arg Leu Leu Pro Ile Trp Ala
325 330 335

Ser Gly Ile Val Phe Ala Ala Val Tyr Ser Gln Met Ser Thr Met Phe
340 345 350

Val Leu Gln Gly Asn Thr Leu Asp Gln Ser Met Gly Pro Arg Phe Lys
355 360 365

Ile Pro Ser Ala Thr Leu Ser Met Val Asp Thr Ile Ser Val Ile Val
370 375 380

Trp Val Pro Val Tyr Asp Arg Ala Ile Val Pro Leu Val Arg Ser Tyr
385 390 395 400

Thr Gly Arg Pro Arg Gly Phe Thr Gln Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly
405 410 415

Leu Val Val Ser Ile Phe Ser Met Val Ala Ala Gly Val Leu Asp Ile
420 425 430

Val Arg Leu Arg Ala Ile Ala Arg His Gly Leu Tyr Gly Glu Asp Asp
435 440 445

Ile Val Pro Ile Ser Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe Ile Ile
450 455 460

Gly Cys Ala Glu Val Phe Thr Phe Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe Tyr
465 470 475 480

Asp Gln Ala Pro Asp Ala Met Arg Ser Met Cys Ser Ala Leu Ser Leu
 485 490 495
 Thr Thr Val Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Thr Val Leu Val Thr Ile
 500 505 510
 Val Thr His Ile Thr Thr Arg His Gly Arg Ile Gly Trp Ile Pro Glu
 515 520 525
 Asn Leu Asn Arg Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Ala Val
 530 535 540
 Leu Ser Leu Leu Asn Phe Leu Ala Tyr Leu Val Ile Ala Ser Trp Tyr
 545 550 555 560
 Lys Tyr Lys Lys Thr Ala Asp Asp Tyr Pro Gly Ala Lys Gly Glu His
 565 570 575
 Gly Thr Glu His
 580

<210> 451
 <211> 2186
 <212> ДНК
 <213> Triticum aestivum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 752925

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 452

<400> 451
 aaagtggtgct gtggctcaca cacacacaca cacacacgca gagacaagag acaagagaca 60
 gcgagtcaga ccaggccata ggggaatcccg cgcgcgggggc gggcgacgac tgaggcggag 120
 atcccttccg gccggccgcc gccgctcgtg gacaccgacc aacataggaa gcagcagttc 180
 ctctgagccg ctgccgctgc agtgcctagt ctgactgagc ggcgagaaaag aagcaaggcc 240
 agcagccatg ggggaggtcg cggcggagat gtacaccag gatggcaccg tcgacatcaa 300
 gggcaaccg gccctcaaga aggacaccg caactggcgc gcatgccct acatcctcgc 360
 gaacgagtgc tgcgagcggc tggcctacta tggcatgagc accaacctgg tcaacttcat 420
 gaaggaccg atgggcatgg ccaacgccgc cgccgccaac aacgtcacca actggggcgg 480
 cactgctac atcacgccgc tcatcggcgc cttcctcgcg gacgcctacc tcggccgctt 540
 ctggaccatc gcctccttca tgatcatcta catcttcggc ctcggcctgc tcaccatggc 600
 cacctccgtg cacggcctcg tgccgacctg cgccgccaag ggcgtctgcg accccacgcc 660
 gggccagtcg gcggccgtct tcatcgcgct ctacctcatc gcgctcggca ccggcgggat 720
 caagccctgc gtgtcgtcgt tcggggcgga ccagttcgac gagcacgacg acgtggagcg 780
 caagagcaag agctccttct tcaactggtt ctacttctcc atcaacatcg gcgcgctggt 840

ggcctcgtcc gtgctcgtgt acgtgcagac gcatgtcggc tggagctggg gcttcggcat 900
ccccgccgtc gtcattggcca tcgccgtcgg cagcttcttc gtcggcacgc cgctctacag 960
gcaccagcgc cccggcggca gcccgctcac ccgcatcgcg caggtgctcg tcgccgccac 1020
gcgcaagctc ggcgtcaccg tcgacgggtc ggcgctgtac gagaccgcgg acagggagtc 1080
cggcatcgag gggagccgca agctggagca cactgagcag ttgaggttcc tcgacaaggc 1140
ggccgtcgag acgcaggcgg acaagacggc ggccaccggg ccgctcgcgt ggcggctgtg 1200
cacctgtacg caggtggagg agctcaagag cgtgggtcgg ctgctgcca tctgggcgag 1260
cggcatcgtc ttcgccacgg tgtatgggca gatgagcacc atgttcgtgc tccagggaaa 1320
caccctggac gcctccattg ggccaagt caagatcccc tccgcctcgc tctccatctt 1380
cgacacctc agcgtcatcg cctgggtgcc cgtctacgac cgcctcctcg tccccgccgt 1440
gcgctccgtc accggccagc cccgcggctt cacgcagctc cagcgcattg gcatcggcct 1500
cctcgtctcc atgttcgcca tgctcggcgc cggcgtgctc gagctcgtcc gcctccgcac 1560
catcgcgag cgcgccctct acggcgagaa ggacgtggtg cccatctcca tcttctggca 1620
ggtgccgag tacttcatca tcggcgccgc cgaggtcttc accttcgtgg gccagctcga 1680
gttcttctac gaccaggcgc ccgacgccat gaggagcatg tgctccgcgc tctccctcac 1740
cacctcgcg ctcgggaact acctcagcac gctgctcgtc accgtcgtgg ccaagctcac 1800
caccagggga ggcaagcaag ggtggatccc cgacaacctc aacgtcggcc acctcgacta 1860
cttcttctgg ctgctcggc cgctcagcct cctcaacttc gccgtctacc tctcatcgc 1920
cagctggtac acctacaaga agaccgccg agatgacaca gacgccaaag ccaaaggagg 1980
cgctgatgat tgatgcaaat gaccagtgag tgagtgactc tgctgggggt tgggtgatga 2040
atgttgaaag aggaagaaga aagcaaggat tgagacttca gagttcagat aggtgaaatt 2100
aaggaggac aatgaaatgc atggtgtgat ttgtgacttg aagattcaag agtggtgcct 2160
tgttgattta tatactagtg tcttgg 2186

<210> 452

<211> 581

<212> белок

<213> *Triticum aestivum*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (98)..(500)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 752925

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1236,7 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 452

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

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

<210> 453

<211> 574

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *indica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (103)..(494)

<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 125540898

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1301,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 453

Met Ala Pro Thr Ala Val Asp Ser Lys Arg Ile Ser Asp Ile Thr Glu
1 5 10 15

Asp Gly Ser Met Asp Arg Arg Gly Asn Pro Ala Val Lys Ala Lys Thr
20 25 30

Gly Asn Trp Arg Ser Ser Ile Leu Leu Leu Val Asn Tyr Gly Leu Val
35 40 45

Thr Cys Ala Phe Phe Gly Val Gly Val Asn Leu Val Val Phe Leu Arg
50 55 60

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

Trp Thr Gly Thr Val Tyr Ile Phe Ser Leu Ile Gly Ala Phe Met Ser
85 90 95

Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Ile Thr Cys Ala Ile Phe Gln Met Ile
100 105 110

Tyr Val Thr Gly Leu Val Ile Leu Ser Leu Ala Ser Trp Phe Leu Leu
115 120 125

Val Lys Pro Thr Gly Cys Gly Ala Ala Gly Glu His Cys Asp Ala Pro
130 135 140

Ser Ser Ala Gly Val Ala Leu Phe Tyr Leu Ser Thr Tyr Met Ile Ala
145 150 155 160

Phe Gly Asn Gly Gly Tyr Gln Pro Ser Ile Ala Thr Phe Gly Ser Asp
165 170 175

Gln Phe Asp Glu Thr Asp Pro Arg Glu Ala Arg Ser Lys Val Ala Phe
180 185 190

Phe Ser Tyr Phe Tyr Leu Ala Leu Asn Val Gly Ser Leu Phe Ser Asn
195 200 205

Thr Val Leu Val Tyr Tyr Glu Asp Glu Gly Arg Trp Val Met Gly Phe
210 215 220

Trp Val Ser Ala Ala Ala Ala Ala Met Ala Leu Val Leu Phe Leu Leu
225 230 235 240

Gly Thr Pro Asn Tyr Arg His Phe Lys Pro Thr Gly Asn Pro Leu Thr
245 250 255

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

<210> 454

<211> 589

<212> белок
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (100)..(509)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 26451333

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1306,0 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 454

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

Ala Gly Ser Ala Phe Ala Gly Leu Val Leu Phe Leu Ile Gly Thr Pro
225 230 235 240
Lys Tyr Arg His Phe Thr Pro Arg Glu Ser Pro Trp Ser Arg Phe Cys
245 250 255
Gln Val Leu Val Ala Ala Thr Arg Lys Ala Lys Ile Asp Val His His
260 265 270
Glu Glu Leu Asn Leu Tyr Asp Ser Glu Thr Gln Tyr Thr Gly Asp Lys
275 280 285
Lys Ile Leu His Thr Lys Gly Phe Arg Phe Leu Asp Arg Ala Ala Ile
290 295 300
Val Thr Pro Asp Asp Glu Ala Glu Lys Val Glu Ser Gly Ser Lys Tyr
305 310 315 320
Asp Pro Trp Arg Leu Cys Ser Val Thr Gln Val Glu Glu Val Lys Cys
325 330 335
Val Leu Arg Leu Leu Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Leu Tyr Ser Val
340 345 350
Val Phe Thr Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Val Gln Gly Ala Ala Met
355 360 365
Lys Thr Asn Ile Lys Asn Phe Arg Ile Pro Ala Ser Ser Met Ser Ser
370 375 380
Phe Asp Ile Leu Asn Val Ala Phe Phe Ile Phe Ala Tyr Arg Arg Phe
385 390 395 400
Leu Asp Pro Leu Phe Ala Arg Leu Asn Lys Thr Glu Arg Asn Lys Gly
405 410 415
Leu Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Val Ile Ala Ile Met
420 425 430
Ala Met Ile Ser Ala Gly Ile Val Glu Ile His Arg Leu Lys Asn Lys
435 440 445
Glu Pro Glu Ser Ala Thr Ser Ile Ser Ser Ser Thr Leu Ser Ile
450 455 460
Phe Trp Gln Val Pro Gln Tyr Met Leu Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe
465 470 475 480
Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe Asn Ser Gln Ala Pro Thr Gly
485 490 495
Leu Lys Ser Phe Ala Ser Ala Leu Cys Met Ala Ser Ile Ser Leu Gly
500 505 510
Asn Tyr Val Ser Ser Leu Leu Val Ser Ile Val Met Lys Ile Ser Thr
515 520 525
Thr Asp Asp Val His Gly Trp Ile Pro Glu Asn Leu Asn Lys Gly His
530 535 540
Leu Glu Arg Phe Tyr Phe Leu Leu Ala Gly Leu Thr Ala Ala Asp Phe
545 550 555 560

Val Val Tyr Leu Ile Cys Ala Lys Trp Tyr Lys Tyr Ile Lys Ser Glu
565 570 575

Ala Ser Phe Ser Glu Ser Val Thr Glu Glu Glu Glu Val
580 585

<210> 455

<211> 568

<212> белок

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (109)..(501)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 2160144

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1035,6 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 455

Met Phe Lys Ile Leu Thr Thr Lys Ile Gln Ser Phe Phe Cys Leu Asn
1 5 10 15

Ile Ser Gly Gly Thr Glu Asp Gly Ser Ile Asp Ile Tyr Gly Asn Pro
20 25 30

Pro Ser Lys Lys Lys Thr Gly Asn Trp Lys Ala Cys Pro Phe Ile Leu
35 40 45

Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Ile Ala Lys Asn
50 55 60

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

Ala Ser Asp Val Met Ile Trp Gln Gly Thr Cys Tyr Ile Thr Pro Leu
85 90 95

Ile Gly Ala Val Ile Ala Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Trp Thr Ile
100 105 110

Ala Ser Phe Ser Ala Ile Tyr Phe Ile Gly Met Ala Leu Leu Thr Leu
115 120 125

Ser Ala Ser Leu Pro Val Leu Lys Pro Ala Ala Cys Ala Gly Val Ala
130 135 140

Ala Ala Leu Cys Ser Pro Ala Thr Thr Val Gln Tyr Ala Val Phe Phe
145 150 155 160

Thr Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys
165 170 175

Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Pro Arg Glu
 180 185 190

Arg Val Arg Lys Ala Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile Asn
 195 200 205

Ile Gly Ser Phe Ile Ser Ser Thr Leu Leu Val Trp Val Gln Glu Asn
 210 215 220

Val Gly Trp Gly Leu Gly Phe Leu Ile Pro Thr Val Phe Met Gly Val
 225 230 235 240

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

Pro Gly Gly Ser Pro Ile Thr Arg Val Cys Gln Val Leu Val Ala Ala
 260 265 270

Tyr Arg Lys Leu Lys Leu Asn Leu Pro Glu Asp Ile Ser Phe Leu Tyr
 275 280 285

Glu Thr Arg Glu Lys Asn Ser Met Ile Ala Gly Ser Arg Lys Ile Gln
 290 295 300

His Thr Asp Ala Ala Val Ile Ser Glu Tyr Glu Ser Lys Ser Gly Ala
 305 310 315 320

Phe Ser Asn Pro Trp Lys Leu Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Val
 325 330 335

Lys Thr Leu Ile Arg Met Phe Pro Ile Trp Ala Ser Gly Ile Val Tyr
 340 345 350

Ser Val Leu Tyr Ser Gln Ile Ser Thr Leu Phe Val Gln Gln Gly Arg
 355 360 365

Ser Met Asn Arg Ile Ile Arg Ser Phe Glu Ile Pro Pro Ala Ser Phe
 370 375 380

Gly Val Phe Asp Thr Leu Ile Val Leu Ile Ser Ile Pro Ile Tyr Asp
 385 390 395 400

Arg Phe Leu Val Pro Phe Val Arg Arg Phe Thr Gly Ile Pro Lys Gly
 405 410 415

Leu Thr Asp Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Phe Leu Ser Val Leu
 420 425 430

Ser Ile Ala Ala Ala Ala Ile Val Glu Thr Val Arg Leu Gln Leu Ala
 435 440 445

Gln Asp Phe Val Ala Met Ser Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Ile
 450 455 460

Leu Met Gly Ile Ala Glu Val Phe Phe Phe Ile Gly Arg Val Glu Phe
 465 470 475 480

Phe Tyr Asp Glu Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Val Cys Ser Ala Leu
 485 490 495

Ala Leu Leu Asn Thr Ala Val Gly Ser Tyr Leu Ser Ser Leu Ile Leu
 500 505 510

Thr Leu Val Ala Tyr Phe Thr Ala Leu Gly Gly Lys Asp Gly Trp Val
515 520 525

Pro Asp Asp Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu
530 535 540

Val Ser Leu Gly Leu Val Asn Ile Pro Val Tyr Ala Leu Ile Cys Val
545 550 555 560

Lys His Thr Lys Lys Lys Ala Leu
565

<210> 456
<211> 590
<212> белок
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (124)..(523)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 30696666

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1070,9 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 456
Met Val Asn Ser Asn Glu Glu Asp Glu Arg Arg Ile Leu Asp Val Glu
1 5 10 15

Glu Ser Leu Leu Thr Gln Glu Glu Val Asn Asn His Leu Thr Gly Leu
20 25 30

Ser Ser Thr Ala Glu Asp Gly Ser Ile Asp Ile Tyr Gly Asn Pro Pro
35 40 45

Ser Lys Lys Lys Thr Gly Asn Trp Lys Ala Cys Pro Phe Ile Leu Gly
50 55 60

Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Ile Ala Lys Asn Leu
65 70 75 80

Ile Thr Tyr Tyr Thr Ser Glu Leu His Glu Ser Asn Val Ser Ala Ala
85 90 95

Ser Asp Val Met Ile Trp Gln Gly Thr Cys Tyr Ile Thr Pro Leu Ile
100 105 110

Gly Ala Val Ile Ala Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Trp Thr Ile Ala
115 120 125

Ser Phe Ser Ala Ile Tyr Phe Ile Gly Met Ala Leu Leu Thr Leu Ser
130 135 140

Ala Ser Leu Pro Val Leu Lys Pro Ala Ala Cys Ala Gly Val Ala Ala
145 150 155 160
Ala Leu Cys Ser Pro Ala Thr Thr Val Gln Tyr Ala Val Phe Phe Thr
165 170 175
Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val
180 185 190
Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Pro Arg Glu Arg
195 200 205
Val Arg Lys Ala Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile Asn Ile
210 215 220
Gly Ser Phe Ile Ser Ser Thr Leu Leu Val Trp Val Gln Glu Asn Val
225 230 235 240
Gly Trp Gly Leu Gly Phe Leu Ile Pro Thr Val Phe Met Gly Val Ser
245 250 255
Ile Ala Ser Phe Phe Ile Gly Thr Pro Leu Tyr Arg Phe Gln Lys Pro
260 265 270
Gly Gly Ser Pro Ile Thr Arg Val Cys Gln Val Leu Val Ala Ala Tyr
275 280 285
Arg Lys Leu Lys Leu Asn Leu Pro Glu Asp Ile Ser Phe Leu Tyr Glu
290 295 300
Thr Arg Glu Lys Asn Ser Met Ile Ala Gly Ser Arg Lys Ile Gln His
305 310 315 320
Thr Asp Gly Tyr Lys Phe Leu Asp Lys Ala Ala Val Ile Ser Glu Tyr
325 330 335
Glu Ser Lys Ser Gly Ala Phe Ser Asn Pro Trp Lys Leu Cys Thr Val
340 345 350
Thr Gln Val Glu Glu Val Lys Thr Leu Ile Arg Met Phe Pro Ile Trp
355 360 365
Ala Ser Gly Ile Val Tyr Ser Val Leu Tyr Ser Gln Ile Ser Thr Leu
370 375 380
Phe Val Gln Gln Gly Arg Ser Met Asn Arg Ile Ile Arg Ser Phe Glu
385 390 395 400
Ile Pro Pro Ala Ser Phe Gly Val Phe Asp Thr Leu Ile Val Leu Ile
405 410 415
Ser Ile Pro Ile Tyr Asp Arg Phe Leu Val Pro Phe Val Arg Arg Phe
420 425 430
Thr Gly Ile Pro Lys Gly Leu Thr Asp Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly
435 440 445
Leu Phe Leu Ser Val Leu Ser Ile Ala Ala Ala Ala Ile Val Glu Thr
450 455 460
Val Arg Leu Gln Leu Ala Gln Asp Phe Val Ala Met Ser Ile Phe Trp
465 470 475 480

Gln Ile Pro Gln Tyr Ile Leu Met Gly Ile Ala Glu Val Phe Phe Phe
 485 490 495
 Ile Gly Arg Val Glu Phe Phe Tyr Asp Glu Ser Pro Asp Ala Met Arg
 500 505 510
 Ser Val Cys Ser Ala Leu Ala Leu Leu Asn Thr Ala Val Gly Ser Tyr
 515 520 525
 Leu Ser Ser Leu Ile Leu Thr Leu Val Ala Tyr Phe Thr Ala Leu Gly
 530 535 540
 Gly Lys Asp Gly Trp Val Pro Asp Asp Leu Asn Lys Gly His Leu Asp
 545 550 555 560 565
 Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Val Ser Leu Gly Leu Val Asn Ile Pro Val
 565 570 575
 Tyr Ala Leu Ile Cys Val Lys His Thr Lys Lys Lys Ala Leu
 580 585 590

<210> 457
 <211> 561
 <212> белок
 <213> *Oryza sativa* subsp. *indica*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (91)..(486)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 125556922

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1005,3 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 457
 Met Glu Ala Thr Thr Thr Asp Gly Thr Thr Asp His Ala Gly Lys Pro
 1 5 10 15
 Ala Val Arg Ser Lys Ser Gly Thr Ala Cys Pro Phe Ile Leu Gly Asn
 20 25 30
 Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Met Ser Ala Asn Leu Val
 35 40 45
 Asn Tyr Met Val Asp Arg Leu Arg Gln Gly Asn Ala Gly Ala Ala Ala
 50 55 60
 Ser Val Asn Asn Trp Ser Gly Thr Cys Tyr Val Met Pro Leu Val Gly
 65 70 75 80
 Ala Phe Leu Ala Asp Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Arg Thr Ile Ala Ala
 85 90 95

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

Arg Val Ala Ala Ala His Gly Met Leu Asp Ser Thr Ser Tyr Leu Pro
 435 440 445
 Ile Ser Ile Phe Trp Gln Val Gln Tyr Phe Ile Ile Gly Gln Ile Asp
 450 455 460
 Phe Phe Tyr Asp Gln Ala Pro Asp Asp Met Arg Ser Thr Cys Thr Ala
 465 470 475 480
 Leu Ser Leu Thr Ser Ser Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Thr Leu Leu
 485 490 495
 Val Val Ile Val Thr Ala Ala Ser Thr Arg Gly Gly Gly Leu Gly Trp
 500 505 510
 Ile Pro Asp Asn Leu Asn Arg Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu
 515 520 525
 Leu Ala Ala Leu Ser Ala Val Asn Phe Leu Val Tyr Leu Trp Ile Ala
 530 535 540
 Asn Trp Tyr Arg Cys Lys Thr Ile Thr Thr Thr Glu Ala Ala Ala Gln
 545 550 555 560

Thr

<210> 458
 <211> 1710
 <212> ДНК
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1529287

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 459

<400> 458
 atggcagaaa ctgattacac aaacaatggg acggtggata tcgaaggaaa tccagctaata 60
 aagaagaaaa ctggaaactg gaagtcttgc cgctttatctc ttgggaatga atgctgtgag 120
 aggtttggcat actacgggat gactacgaat ctagtgaact atcttgggga cgtctcaac 180
 cagggaatg ttgctgcagc aaacaatgtc accaattggg ctggaacttg ctatgtcaca 240
 ccaactgattg gagcctttct agcagattca tatttgggaa gatattggac aattgctgag 300
 tttgttatca tatatatcat tggaatgaca ctccatacat tgtctgcttc ggtaactggg 360
 ctgaagccat catgtgataa ggattcttgc caccgacca caggacaaac tgcagcatgc 420
 tttgtagcac ttacatgat cgctcttggg actggaggaa tcaagccatg tgtttcatcc 480
 tttggcgcag atcaatttga tgaactgat gagaccgaga ggaaaaagaa aagctccttt 540
 ttttaattggg ttacctttc aatcaatatc ggcgcgcttg ttgctcttc tgttttgggc 600
 tggatacaaa tgaatgttgg ctggggatgg gggtttggag tcccagcagt tgccatggct 660

gtagcgggtg tgtttttctt cttaggaagc aagctatacc gaattcaaaa acctggtggg 720
 agtcccatta caaggattgt ccaggttata gttgcatcct tcagaaagag taatgttcaa 780
 gttcctgctg ataaatctct tctttacgag actgcagagg aggaaagtca aatccaagga 840
 agccgcaagc ttgaacatac caacaaattc aagttcttcg ataaggctgc tgtgaaaacc 900
 caagatgaca atataaaggg cttacaagt ccatggagac tctgcacagt aactcaagtt 960
 gaagagctca agtccataat caggttgctc ccagtatggg catctggaat agtcttctca 1020
 actgtgtaca gtcaaatgaa caccatgttc gttttgcaag gaaataccat ggaccaacac 1080
 atgggtccac atttccagat tccatcagca tcgctctccc tctttgatac ccttagcgtc 1140
 atcttctggg ctctgtata cgatcgaatc attgtcccat atgcaaggaa atttacgggt 1200
 catgaacgag gctttactca gctccaacgc atgggcattg gcctcgtcac atcaattgtg 1260
 tccatgatca ctgctggaat attggagggt gttcggctca actttgtcca aaagaacaat 1320
 tactatgatc ttaagtacat cccaatgtcc attttctggc aagtaccgca gtactttctc 1380
 attggatgtg cagaagtttt taccttcatt ggacagttgg agtttttcta cgaccaggca 1440
 ccagatgcta tgagaagttt gtgctcagct ctttcgctta cactgtcgc attaggaaat 1500
 tacttgagca ctctgcttgt caccattggt actaaaatca caacgagagg tgggaagctc 1560
 ggttggttc ctgataatat gaacaggggc catcttgatt acttctactg gctcttgga 1620
 attctcagct tcctgaactt cttttgtat ctctggattt caaatgggtt tacctacaag 1680
 aaagctacag ggcacctca acgagactga 1710

<210> 459
 <211> 569
 <212> белок
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (95)..(496)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1529287

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1172,9 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 459
 Met Ala Glu Thr Asp Tyr Thr Asn Asn Gly Thr Val Asp Ile Glu Gly
 1 5 10 15

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

Gln Gly Asn Thr Met Asp Gln His Met Gly Pro His Phe Gln Ile Pro
 355 360 365
 Ser Ala Ser Leu Ser Leu Phe Asp Thr Leu Ser Val Ile Phe Trp Ala
 370 375 380
 Pro Val Tyr Asp Arg Ile Ile Val Pro Tyr Ala Arg Lys Phe Thr Gly
 385 390 395 400
 His Glu Arg Gly Phe Thr Gln Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Val
 405 410 415
 Ile Ser Ile Val Ser Met Ile Thr Ala Gly Ile Leu Glu Val Val Arg
 420 425 430
 Leu Asn Phe Val Gln Lys Asn Asn Tyr Tyr Asp Leu Lys Tyr Ile Pro
 435 440 445
 Met Ser Ile Phe Trp Gln Val Pro Gln Tyr Phe Leu Ile Gly Cys Ala
 450 455 460
 Glu Val Phe Thr Phe Ile Gly Gln Leu Glu Phe Phe Tyr Asp Gln Ala
 465 470 475 480
 Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu Ser Leu Thr Thr Val
 485 490 495
 Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Thr Leu Leu Val Thr Ile Val Thr Lys
 500 505 510
 Ile Thr Thr Arg Gly Gly Lys Leu Gly Trp Ile Pro Asp Asn Met Asn
 515 520 525
 Arg Gly His Leu Asp Tyr Phe Tyr Trp Leu Leu Ala Ile Leu Ser Phe
 530 535 540
 Leu Asn Phe Ile Leu Tyr Leu Trp Ile Ser Lys Trp Phe Thr Tyr Lys
 545 550 555 560
 Lys Ala Thr Gly His Pro Gln Arg Asp
 565

<210> 460

<211> 2248

<212> ДНК

<213> Panicum virgatum

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1806748

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 461

<400> 460

gtggcgctcc tcccgggtccc ggccgcctcc tctcctctct tccctcgtct cgcggtcgcg 60

cccagagccg agaggaggaa caggcagggg gattccacgc gcccggcagt tacgataccg 120

cgccgcagat tcctcgtcgc ctgctcccc aagccctccc gcaccagcag cgccgcccgc 180

ctccgcccgc ggctctccag tccagtccag gataggaggc ctctgactct ctgagctgca 240

caccatctga gcgacgccat gggagaggtc gcagacatgt acaccaaga cgggaccgtc 300
gacatgaagg gcaaccggc cgtgaagaag ggcaccggca actggcgcg ctagcccttac 360
atcctcgcga acgagtgtg cgagaggctg gcgtactaca gcatgagcac caacctggtg 420
aactacatga agaccgcct cggccagggg aactccgtcg ccgccaacaa cgtcaccaac 480
tggagcggaa cgtgctacat cacgccactc atcggcgcat tcttggctga cgcctacatg 540
gggagatact ggaccatcgc cagcttcatg atcatctaca tcattggcct gacgctgctg 600
acaatggcgt cgtcggtgaa ggggctggtg ccgtcgtgcg acggcagcgg gacgtgccac 660
ccgacggagt cgcagtcggc ggcgggtgtt gtggcgctgt acctgatcgc gctgggcacg 720
ggcggcatca agccctgcgt gtcgtccttc ggcgccgacc agtttgacga gaacgacgag 780
cgggagaaca agagcaagag ctcccttctt aactggttct acttctccat caacatcggc 840
gcgctggtgg cgtcgacggt gctggtgtac gtgcagacgc acgtcggctg gggctggggc 900
tttggcatcc ccgccgtggt gatggccatc gccgtcgtga gcttcttcgt cggcacgccg 960
ctgtaccggc accagcgcct cgggggcagc ccggtcacgc gcatcgcgca ggtgctcgtc 1020
gcgtccgcgc gcaagtggag cgtggccgtg cccgccgaca aggcgcagct gcacgagacg 1080
ctggacaagg agtccggcat cgagggcagc cgcaagctcg agcacacgga ccagttccgc 1140
tgctcgcaca aggcggccgt cgtgacggcc cctgacggcg cggcggcggc ggcgccgagc 1200
ccgtggcggc tgtgcacggt gaccaggtg gaggagctta agagcgtggt ccggctgctg 1260
cccatctggg cgaccgggat cgtgttcgcg acggtgtacg ggcagatgag caccatgttc 1320
gtgctgcagg gcaacacgct ggaccagcgc atggggcccc ggttcagcat ccctcggcg 1380
acgtctcca tggtagacac catcagcgtc atcatctggg tgcccatcta cgaccgcctc 1440
atcgtgcccg cggcgcgctc cgtcacgggc cgcccgcgcg ggttcacgca gctgcagcgc 1500
atgggcatcg gcctcgtcat ctccatcttc tccatggtcg ccgcgggcgt gctcgacgtc 1560
gtcgggctgc gcgccgtggc gcggcacggg ctgtatggcg acaaggacac ggtgcccata 1620
tccatcttct ggcagatccc gcagtacttc atcatcgggt gcgccgaggt gttcaccttc 1680
gtggggcagc tcgagttctt ctacgaccag gctcccagc ccatgaggag cctgtgctcg 1740
gcgctgtcgc tcaccacgt ggcgctgggc aactacctga gcacggtgct ggtgaccata 1800
gtgacgcgca tcaccaccag gcacggcagg ctcggtgga tcccggacaa cctcaaccgc 1860
ggccacctcg actacttctt ctggctgctc gccgtgctca gcctcctcaa ctctctcgtc 1920
tacctgctca tcgccagggt gtacaaatac aagaagacgg cgggaataccc ggacgccacc 1980
aaaggggagc gcaaccagga aactgatca agcgggtggt cagggctaca tacaggctga 2040
ctggacggag aagaagaaga aaaccaagtg attaaattct ctctgttcgg ttggcttccg 2100
atgtgttcgt gggagtctgc gtgtttaaac gtactagttc actgtagggtg acaggggctc 2160

aatggattgc ttagtatgtc atgtgtcagt aatatgcgca atgcttgatc tcaaatatca 2220
gtagtatcta taaaataagt tcagctcc 2248

<210> 461
<211> 582
<212> белок
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (97)..(501)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1806748

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1204,3 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 461
Met Gly Glu Val Ala Asp Met Tyr Thr Gln Asp Gly Thr Val Asp Met
1 5 10 15
Lys Gly Asn Pro Ala Val Lys Lys Gly Thr Gly Asn Trp Arg Ala Cys
20 25 30
Pro Tyr Ile Leu Ala Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Ser
35 40 45
Met Ser Thr Asn Leu Val Asn Tyr Met Lys Thr Arg Leu Gly Gln Gly
50 55 60
Asn Ser Val Ala Ala Asn Asn Val Thr Asn Trp Ser Gly Thr Cys Tyr
65 70 75 80
Ile Thr Pro Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ala Asp Ala Tyr Met Gly Arg
85 90 95
Tyr Trp Thr Ile Ala Ser Phe Met Ile Ile Tyr Ile Ile Gly Leu Thr
100 105 110
Leu Leu Thr Met Ala Ser Ser Val Lys Gly Leu Val Pro Ser Cys Asp
115 120 125
Gly Ser Gly Thr Cys His Pro Thr Glu Ser Gln Ser Ala Ala Val Phe
130 135 140
Val Ala Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys
145 150 155 160
Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Glu Asn Asp Glu Arg Glu
165 170 175

Asn Lys Ser Lys Ser Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile Asn
 180 185 190

Ile Gly Ala Leu Val Ala Ser Thr Val Leu Val Tyr Val Gln Thr His
 195 200 205

Val Gly Trp Gly Trp Gly Phe Gly Ile Pro Ala Val Val Met Ala Ile
 210 215 220

Ala Val Val Ser Phe Phe Val Gly Thr Pro Leu Tyr Arg His Gln Arg
 225 230 235 240

Pro Gly Gly Ser Pro Val Thr Arg Ile Ala Gln Val Leu Val Ala Ser
 245 250 255

Ala Arg Lys Trp Ser Val Ala Val Pro Ala Asp Lys Ala Gln Leu His
 260 265 270

Glu Thr Leu Asp Lys Glu Ser Gly Ile Glu Gly Ser Arg Lys Leu Glu
 275 280 285

His Thr Asp Gln Phe Arg Cys Leu Asp Lys Ala Ala Val Val Thr Ala
 290 295 300

Pro Asp Gly Ala Ala Ala Ala Ala Pro Ser Pro Trp Arg Leu Cys Thr
 305 310 315 320

Val Thr Gln Val Glu Glu Leu Lys Ser Val Val Arg Leu Leu Pro Ile
 325 330 335

Trp Ala Thr Gly Ile Val Phe Ala Thr Val Tyr Gly Gln Met Ser Thr
 340 345 350

Met Phe Val Leu Gln Gly Asn Thr Leu Asp Gln Arg Met Gly Pro Arg
 355 360 365

Phe Ser Ile Pro Ser Ala Thr Leu Ser Met Val Asp Thr Ile Ser Val
 370 375 380

Ile Ile Trp Val Pro Ile Tyr Asp Arg Leu Ile Val Pro Ala Ala Arg
 385 390 395 400

Ser Val Thr Gly Arg Pro Arg Gly Phe Thr Gln Leu Gln Arg Met Gly
 405 410 415

Ile Gly Leu Val Ile Ser Ile Phe Ser Met Val Ala Ala Gly Val Leu
 420 425 430

Asp Val Val Arg Leu Arg Ala Val Ala Arg His Gly Leu Tyr Gly Asp
 435 440 445

Lys Asp Thr Val Pro Ile Ser Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe
 450 455 460

Ile Ile Gly Cys Ala Glu Val Phe Thr Phe Val Gly Gln Leu Glu Phe
 465 470 475 480

Phe Tyr Asp Gln Ala Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu
 485 490 495

Ser Leu Thr Thr Val Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Thr Val Leu Val
 500 505 510

Thr Ile Val Thr Arg Ile Thr Thr Arg His Gly Arg Leu Gly Trp Ile
 515 520 525
 Pro Asp Asn Leu Asn Arg Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu
 530 535 540
 Ala Val Leu Ser Leu Leu Asn Phe Leu Val Tyr Leu Leu Ile Ala Arg
 545 550 555 560
 Trp Tyr Lys Tyr Lys Lys Thr Ala Glu Tyr Pro Asp Ala Thr Lys Gly
 565 570 575
 Glu Arg Asn Gln Glu His
 580

<210> 462
 <211> 1794
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8755095

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 463

<400> 462
 atggcctgct tagaagtcag caaagagggga aagttcaaag gtgacacaga agaactcact 60
 cttgatggaa gtgttgattg gcatggtcgc ccagcaatca gagccaaatc tggcagatgg 120
 gttgctggaa ccatcgttct attgaaccaa ggtctggcaa ccttagcatt ctttggagta 180
 ggggttaacc tagtgctggt cctgacaaga gtgatggggc aaaataatgc tgcagctgca 240
 aacagtgtga gcaaatggac tggcacagtt tacatcttct ctctagtggg tgctttccta 300
 agtgattctt attggggaag atacaaaact tgtgccatct ttcaggtcat ctttgtaata 360
 ggtctagtat cattgtccct ttcatacatc ctctccttga ttaggcctaa aggttgtggg 420
 aatgaaacaa ttccatgtgg gaagcattca agcttggaga tggggatggt ctacctctca 480
 atttatctca ttgctttagg gaatggaggg tatcagccaa atattgccac atttggagct 540
 gaccagtttg acgaggagca ctcaaaggag ggttactcaa aggttgcctt ctttagctac 600
 ttctacctgg ctttgaacct tggttcactc ttctcaaaca caattctagg ctatthtgaa 660
 gatgaaggac tgtgggctct agggttctgg gtgtctgcag gctctgcttt tgccgccctt 720
 gtcttgthtc ttcttgggac cccacgatat agacacttca aaccagtggt caatcctctt 780
 tcaaggttca gccaaagtct tgttgctgca tcaaggaaat ggagagctca aatgacatca 840
 aatggagagg acctatatgt catggatgaa aatgaatctc ccaccaatgg caacaggaag 900
 attctccaca caggcggggt caaatttctg gatagagcag cgtttatata tcccagagat 960
 ctagaagacc aaaagagtgg ggtttacaac ccctggcgct tctgccctat aactcaagtt 1020

gaagaagtga agtgcatact aagacttctt ccaatttggc tctgcaccat aatatactca 1080
 gtggttttca cacaaatggc ttctcttttt gtggagcaag gggctgcat gaaaactaca 1140
 atttccaatt tcagaatacc acctgcaagc atgtctagct ttgacatcct cagtgtagct 1200
 gtcttcattt tcttctaccg tcgagtgatt gatccacttg ttggaagact taaaaagaaa 1260
 agttccaggg gacttactga gcttcaaaga atgggaattg ggcttggtat agctgtaatg 1320
 gctatggttt cagctggaat agttgaatgc tacagactta agtatgcaaa ctcaggatgc 1380
 cccactgca gtggcacaag ctctctaagc atcttctggc aaattcctca gtacgcactt 1440
 attggagctt cagaggtttt tatgtatgta ggccagttag agttcttcaa tgctcagacg 1500
 ccagatggct taaagagctt tggaagtgcc ctttgcatac cgtccatctc tcttgggaac 1560
 tacgtaagta gcatacttgt tagtatagtt atgaagatct ccaccgagga tcacatgcca 1620
 gggatggatcc ctggaaactt aaatagaggt cacctagata ggttttattt cctcttagct 1680
 atcttgacat caatagactt ggtcctttat attgcatgtg caaagtggtt caagagtata 1740
 cagttggaag ggaaatatga agagaatgat atgcctggta gctttaaagt ctaa 1794

<210> 463
 <211> 597
 <212> белок
 <213> Glycine max

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (108)..(516)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8755095

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1276,1 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 463
 Met Ala Cys Leu Glu Val Ser Lys Glu Gly Lys Phe Lys Gly Asp Thr
 1 5 10 15
 Glu Glu Leu Thr Leu Asp Gly Ser Val Asp Trp His Gly Arg Pro Ala
 20 25 30
 Ile Arg Ala Lys Ser Gly Arg Trp Val Ala Gly Thr Ile Val Leu Leu
 35 40 45
 Asn Gln Gly Leu Ala Thr Leu Ala Phe Phe Gly Val Gly Val Asn Leu
 50 55 60

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

Val Phe Ile Phe Phe Tyr Arg Arg Val Ile Asp Pro Leu Val Gly Arg
 405 410 415
 Leu Lys Lys Lys Ser Ser Arg Gly Leu Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly
 420 425 430
 Ile Gly Leu Val Ile Ala Val Met Ala Met Val Ser Ala Gly Ile Val
 435 440 445
 Glu Cys Tyr Arg Leu Lys Tyr Ala Asn Ser Gly Cys Pro His Cys Ser
 450 455 460
 Gly Thr Ser Ser Leu Ser Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Ala Leu
 465 470 475 480
 Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe
 485 490 495
 Asn Ala Gln Thr Pro Asp Gly Leu Lys Ser Phe Gly Ser Ala Leu Cys
 500 505 510
 Met Thr Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser Ser Ile Leu Val Ser
 515 520 525
 Ile Val Met Lys Ile Ser Thr Glu Asp His Met Pro Gly Trp Ile Pro
 530 535 540
 Gly Asn Leu Asn Arg Gly His Leu Asp Arg Phe Tyr Phe Leu Leu Ala
 545 550 555 560
 Ile Leu Thr Ser Ile Asp Leu Val Leu Tyr Ile Ala Cys Ala Lys Trp
 565 570 575
 Phe Lys Ser Ile Gln Leu Glu Gly Lys Tyr Glu Glu Asn Asp Met Pro
 580 585 590
 Gly Ser Phe Lys Val
 595

<210> 464

<211> 592

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (109)..(517)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 147827175

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1308,0 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (577)..(577)

<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<400> 464

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

Glu Glu Ala Cys Thr Leu Asp Gly Thr Val Asp Cys Arg Gly Asn Pro
20 25 30

Ala Ile Arg Ser Arg Ser Gly Lys Trp Phe Ala Gly Ile Ile Ile Leu
35 40 45

Leu Asn Gln Gly Leu Ala Thr Leu Ala Phe Phe Gly Val Gly Val Asn
50 55 60

Leu Val Leu Phe Leu Thr Arg Val Leu Gln Gln Asn Asn Ala Asp Ala
65 70 75 80

Ala Asn Asn Val Ser Lys Trp Thr Gly Thr Val Tyr Ile Phe Ser Leu
85 90 95

Val Gly Ala Phe Leu Ser Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Lys Thr Cys
100 105 110

Ala Ile Phe Gln Val Ile Phe Val Ile Gly Leu Val Ser Leu Ser Leu
115 120 125

Ser Ser Tyr Ile Phe Leu Val Lys Pro Glu Gly Cys Gly Asn Glu Asp
130 135 140

Ser Pro Cys Pro Ser His Ser Ser Leu Glu Ile Gly Leu Phe Tyr Leu
145 150 155 160

Ser Ile Tyr Leu Val Ala Leu Gly Asn Gly Gly Tyr Gln Pro Asn Ile
165 170 175

Ala Thr Leu Gly Ala Asp Gln Phe Asp Glu Glu Asp Pro Lys Glu Gly
180 185 190

His Ser Lys Val Ala Phe Phe Ser Tyr Phe Tyr Leu Ala Leu Asn Leu
195 200 205

Gly Ser Leu Phe Ser Asn Thr Ile Leu Ser Tyr Leu Glu Asp Glu Gly
210 215 220

Met Trp Ala Leu Gly Phe Trp Val Ser Ala Gly Ser Ala Phe Leu Ala
225 230 235 240

Leu Ile Leu Phe Leu Gly Gly Thr Pro Arg Tyr Arg His Phe Lys Pro
245 250 255

Ser Gly Asn Pro Leu Ser Arg Phe Cys Gln Val Met Val Ala Ala Met
260 265 270

Arg Lys Phe Arg Val Glu Met Pro Pro Ser Ala Glu Asp Leu Tyr Glu
275 280 285

Gly Asp Gly Lys Glu Cys Ser Asn Asn Ser Ile Arg Arg Ile Leu His
290 295 300

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

<210> 465

<211> 2631

<212> ДНК

<213> Panicum virgatum

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1888865

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 466

<400> 465

acctcgtccg cctcgttggc tccgcaccgc tgcattctctc tagagacaaa ggcaggccgc 60
gtgctcccct gcgtagtcct tcgagcaggt acgagcggcc tcctcctccg tcttcttgat 120
tccgccatgg cttctgcagc agtagagggg tggagattcc ggcggtttct gaatcttctt 180
gtttctgtgc tttatgagtt atgagtatgg ttggaatgg cgtccgcttg ctagtggcca 240
ctatgctgaa aaattgggcg agcctttagt gttcagaact cgatgaccaa cttctaggag 300
ttaggtctgc ctcaaattca gatccccca ctttgtttgt gtggattact gaagtggcca 360
ataatttgag caatttgacc attttttccc tcgactaact tgtgccaaca aaaaatgttt 420
ttttcttgaa gaaatttgat gtctgtatth gagtcgttaa atcgtgtccc atttatattg 480
tttctattct gatgcaaatc cacgcctagt cacaatctct gaaatttcaa ggcttcttgt 540
gcacacttgc tccgtttatt gacatctagg actatcacac tgaatcttca gtaacagtat 600
cgttgatgac tcgcaggaca ggaggcctct gattctctga gcttgtagac catctgagcg 660
acgccatggg agaggttgca gacatgtaca cccaagacgg gaccgtcgac atgaagggga 720
accccgccgt gaagaagggc accggcaact ggcgcgcctg cccttacatc ctgcggaatg 780
agtgctgca gaggtggcg tactatggca tgagcaccaa cctgggtgaac tacatgaaga 840
cccgcctcgg ccaggggaac tctgtcgccg ccaacaatgt caccaactgg agcggaacgt 900
gctacatcac gccactcatc ggcgcattct tggctgacgc ctacatgggg agatactgga 960
ccatcgcgag cttcatgac atctacatca ttggcctggc gctgctgacg atggcgtcgt 1020
cggggaaggg gctgggtgccg tcgtgcgaca gcagcgggac gtgccacccg acggagtcgc 1080
agtcggcggc agtgttcgtg gcgctgtacc tgatcgcgct gggcacgggc gggatcaagc 1140
cctgcgtgtc atcctttggc gccgaccagt tcgacgagaa cgacgagcgg gagcagaaga 1200
gcaagagctc cttcttcaac tggtttctact tctccatcaa catcggcgcg ctgggtggcgt 1260
cgacggtgct ggtgtacgtg cagacgcacg tcggctgggg ctggggcttc ggcattccccg 1320
ccgtgggtgat ggccatcgcc gtcgtcagct tcatcatcgg cacgccgctg taccggcacc 1380
agcgcgcccg gggcagcccc atcacgcgca tcgcgcaggt gtcgctcgcg tccgcgcgca 1440
agtggagcgt ggccgtgcc gccgacaagg cgcagctgca cgagacgctg gacaaggagt 1500
ccggcatcga gggcagccgc aagctagagc acacggacca gttcagctgc ctgcacaagg 1560
cggccgtcgt gacggccaag gacggggcgg cggtagagcc gtggcggctg tgcacggtga 1620
cgcaggtgga ggagctcaag agcgtgggtg ggctgctgcc catctgggcg accgggatcg 1680
tgttcgcgac ggtgtacggg cagatgagca ccatgttctg gctgcagggc aacacgctgg 1740
accagcgcac gggccccagg ttcagcatcc cctcggcgac gttgtccatg gtggacacca 1800

tcagcgatcat catctgggtg cccatctacg accgcgccat cgtgcccttc gtgcgggtccg 1860
 tgacggggcg cccgcgcggg ttcacgcagc tgcagcgcat gggcatcggc ctcgtgatct 1920
 ccatcttctc catggtggcg gcgggcgtgc tgcacgtggt gcggtcgcgc gccgtggcgc 1980
 ggacggcct gtacggcgac aaggacacgg tgcccatctc catcttctgg cagatcccgc 2040
 agtacttcat catcgggtgc gcgagggtgt tcacctcgt ggggcagctg gagttcttct 2100
 acgaccaggc gcccgacgcc atgaggagcc tgtgctcggc gctgctcctc accaccgtgg 2160
 cgctgggcaa ctacctgagc acggtgctgg tgaccatcgt gacgcgcatac accaccacgc 2220
 acggcaggct cgggtggatc ccggacaacc tcaaccgcgg ccacctcgac tacttcttct 2280
 ggctgctcgc cgtgctcagc ctctcaact tcctcgtcta cctggtcatac gccaaagtgg 2340
 acaagtacaa gaagacggcg gaatacccgg acgccaagc cggggagcac aactgatgaa 2400
 gcggtgcagg gcagggctgc aggctgactg aacggacaag gcgaaaacga agtgatttct 2460
 ctgtctgtgt ggttgctct ttcggtttgt ttgtgagagt tcgccgcgtg tttaaacgta 2520
 gcagttcact gtaggtgaca gggtcgaatg aattgtttag tatgtcatgt gtcagtaata 2580
 cgcgcaatgc ttgatcccaa ctatcagtat ctataaaata agttcagctc c 2631

<210> 466
 <211> 576
 <212> белок
 <213> Panicum virgatum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (97)..(498)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1888865

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1202,6 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 466
 Met Gly Glu Val Ala Asp Met Tyr Thr Gln Asp Gly Thr Val Asp Met
 1 5 10 15
 Lys Gly Asn Pro Ala Val Lys Lys Gly Thr Gly Asn Trp Arg Ala Cys
 20 25 30
 Pro Tyr Ile Leu Ala Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly
 35 40 45

Met Ser Thr Asn Leu Val Asn Tyr Met Lys Thr Arg Leu Gly Gln Gly
 50 55 60

Asn Ser Val Ala Ala Asn Asn Val Thr Asn Trp Ser Gly Thr Cys Tyr
 65 70 75 80

Ile Thr Pro Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ala Asp Ala Tyr Met Gly Arg
 85 90 95

Tyr Trp Thr Ile Ala Ser Phe Met Ile Ile Tyr Ile Ile Gly Leu Ala
 100 105 110

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

Ser Ser Gly Thr Cys His Pro Thr Glu Ser Gln Ser Ala Ala Val Phe
 130 135 140

Val Ala Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys
 145 150 155 160

Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Glu Asn Asp Glu Arg Glu
 165 170 175

Gln Lys Ser Lys Ser Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile Asn
 180 185 190

Ile Gly Ala Leu Val Ala Ser Thr Val Leu Val Tyr Val Gln Thr His
 195 200 205

Val Gly Trp Gly Trp Gly Phe Gly Ile Pro Ala Val Val Met Ala Ile
 210 215 220

Ala Val Val Ser Phe Ile Ile Gly Thr Pro Leu Tyr Arg His Gln Arg
 225 230 235 240

Pro Gly Gly Ser Pro Ile Thr Arg Ile Ala Gln Val Leu Val Ala Ser
 245 250 255

Ala Arg Lys Trp Ser Val Ala Val Pro Ala Asp Lys Ala Gln Leu His
 260 265 270

Glu Thr Leu Asp Lys Glu Ser Gly Ile Glu Gly Ser Arg Lys Leu Glu
 275 280 285

His Thr Asp Gln Phe Ser Cys Leu Asp Lys Ala Ala Val Val Thr Ala
 290 295 300

Lys Asp Gly Ala Ala Val Ser Pro Trp Arg Leu Cys Thr Val Thr Gln
 305 310 315 320

Val Glu Glu Leu Lys Ser Val Val Arg Leu Leu Pro Ile Trp Ala Thr
 325 330 335

Gly Ile Val Phe Ala Thr Val Tyr Gly Gln Met Ser Thr Met Phe Val
 340 345 350

Leu Gln Gly Asn Thr Leu Asp Gln Arg Met Gly Pro Arg Phe Ser Ile
 355 360 365

Pro Ser Ala Thr Leu Ser Met Val Asp Thr Ile Ser Val Ile Ile Trp
 370 375 380

Val Pro Ile Tyr Asp Arg Ala Ile Val Pro Phe Val Arg Ser Val Thr
 385 390 395 400
 Gly Arg Pro Arg Gly Phe Thr Gln Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu
 405 410 415
 Val Ile Ser Ile Phe Ser Met Val Ala Ala Gly Val Leu Asp Val Val
 420 425 430
 Arg Leu Arg Ala Val Ala Arg His Gly Leu Tyr Gly Asp Lys Asp Thr
 435 440 445
 Val Pro Ile Ser Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe Ile Ile Gly
 450 455 460
 Cys Ala Glu Val Phe Thr Phe Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe Tyr Asp
 465 470 475 480
 Gln Ala Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu Ser Leu Thr
 485 490 495
 Thr Val Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Thr Val Leu Val Thr Ile Val
 500 505 510
 Thr Arg Ile Thr Thr Thr His Gly Arg Leu Gly Trp Ile Pro Asp Asn
 515 520 525
 Leu Asn Arg Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Ala Val Leu
 530 535 540
 Ser Leu Leu Asn Phe Leu Val Tyr Leu Val Ile Ala Lys Trp Tyr Lys
 545 550 555 560
 Tyr Lys Lys Thr Ala Glu Tyr Pro Asp Ala Lys Gly Gly Glu His Asn
 565 570 575

<210> 467

<211> 569

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (96)..(498)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157337163

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1128,1 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 467

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

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

Val Val Gln Gly Glu Ser Met Asp Pro His Met Gly Arg His Phe Glu
 355 360 365
 Ile Pro Ser Ala Ser Leu Ser Ile Phe Asp Thr Ile Ser Val Ile Phe
 370 375 380
 Trp Val Pro Ile Tyr Asp Arg Ile Ile Val Pro Val Ala Arg Lys Phe
 385 390 395 400
 Thr Gly His Ser Asn Gly Ile Thr Gln Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly
 405 410 415
 Leu Phe Ile Ser Ile Phe Ala Met Leu Ser Ala Gly Ile Leu Glu Val
 420 425 430
 Val Arg Leu Gly Ile Val Lys Arg His Asn Tyr Tyr Asp His Asp Arg
 435 440 445
 Ile Pro Leu Ser Ile Phe Tyr Gln Val Pro Gln Tyr Phe Ile Ile Gly
 450 455 460
 Cys Ala Glu Val Phe Thr Phe Ile Gly Gln Leu Glu Phe Phe Tyr Glu
 465 470 475 480
 Gln Ala Pro Asp Ala Met Arg Ser Phe Cys Ser Ala Leu Ser Leu Ala
 485 490 495
 Thr Val Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Leu Leu Val Thr Ile Val
 500 505 510
 Thr Asp Val Ser Thr Arg Gly Gly Lys Leu Gly Trp Ile Pro Asp Asn
 515 520 525
 Leu Asn Arg Gly His Leu His Tyr Phe Phe Phe Leu Leu Ala Ile Leu
 530 535 540
 Ser Val Leu Asn Leu Val Ala Phe Leu Phe Val Ala Lys Trp Tyr Thr
 545 550 555 560
 Tyr Lys Arg Ala Val Gly Thr Leu Arg
 565

<210> 468

<211> 580

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (98)..(500)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 115434472

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1204,4 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 468

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

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

<210> 469
 <211> 1833
 <212> ДНК
 <213> Oryza sativa

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 6252512

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 470

<400> 469

atgtctggca	acgacggaga	catgaagatg	agggatgatcg	tcgtggaagg	cgatgagacg	60
agtaacgcc	cgaaggatgt	atgctgagag	tacaccctcg	atggctccgt	ggatatcaag	120
ggctcaccgg	cggtgaaggg	caagtccggc	ggatggctcg	ccggcggcct	tattcttctg	180
aaccagggtc	tggcaaccct	ggcgttcttc	ggggtaaacg	tgaacctggt	gttggtcctg	240
acgaggggtc	tgcagcagag	caacggcgac	gccccaaca	acgtgagcaa	atggaccggc	300
acggtttaca	tgttctccct	catcggcgcc	ttcctcagcg	actcctactg	gggccgctac	360
aagacctgcg	ccatattcca	ggccatcttt	gtccttggcc	tcgctgtgct	gtccctgtcg	420
tcgctgtgt	acctgatcag	gccggtcggg	tgcggcacgg	agcacgtgcc	ctgcgagccg	480
cactccggcg	cggagctggg	gatcttctac	atcgcctgtg	acatgatcgc	gttcggcaac	540
ggcgggtacc	agcccaacgt	cgccaccttc	ggcgccgacc	agttcgacgg	cgaggaccgg	600
gccgagtcgc	actccaaggt	ctccttcttc	agctacttct	acctggcgtc	caacctcggc	660
tcgctcttct	ccaacacctt	cctcagcttc	ctcaggagcg	agggcaactg	ggcgtcggc	720
ttctgggtct	ccaccgccgc	cgcggccacc	gcgctgctgc	tgttcctcgg	cggcacgctc	780
cgctaccggg	acatccgccc	cagcggcaac	ccggttggca	ggatcttcca	ggtcgcgttc	840
gccgcgtgca	ggaactggaa	ggccggcgag	tcgccccggc	ccgtgacact	ctacgagagc	900
gacgagaagg	cggattccgg	tgggaggaag	ctcctgcaca	cggaagggtt	caggttcttg	960
gaccgtgctg	cgggtggtgg	cgctaaccgg	aagcttggca	cgtgcacca	accgcgtgac	1020
ccctggaagc	tgtgcacggg	gacgcaggtg	gaggaggtga	agagcctcct	gcggctcctc	1080
cccatctggc	tctgcacat	cctctattcg	gtcgtgttca	cgcagatggc	gtcgtgttcc	1140
gtcgtgcagg	gcgcccgat	gcgccgcacc	accgggttcc	cgggcttctc	cgtcccggcc	1200
tccagcatgt	cggccttcga	catcctcacc	gtcgccacca	ccatcttctc	gtaccgcccg	1260
gccgtctgcc	cgctcgtgtc	gcggctcacg	ggccgccaca	ccggcccaac	cgagctgcag	1320
aggatggggc	tcggcctggt	gctcggcgcg	atggccatgg	ccaccgcccg	cacggtcgag	1380
cacttcagga	aggccggcgc	caccacggcg	atgagcagcg	acctgcacat	catgtggcag	1440
gtgccgcagt	acgcgctgat	cggcgtgtcg	gaggtgatga	tgtacgtcgg	ccagctcgag	1500
ttcttcaacg	gggagatgcc	cgacgcgctc	aagagcttcc	ggagcgcgct	ctgcatgatg	1560
tccatgtcgc	tcggcaacta	cttcagcgac	gtcatcgtga	gcgcgggtgac	caaggccacc	1620
gccgtgcgcg	gccgccccgg	ctggatcccc	gccgacctta	acgagggcca	cctcgacaag	1680
ttcttcttcc	tgctcgccgt	gctggccgct	gcggacttcc	ccgtgtacct	cgtgtgcgcg	1740
agccggtaca	ggagtggcac	ggtggacgct	gaccggagcg	acggggagga	ggaggatggc	1800
gtggccggca	ggcagatggc	ggcaacggtg	taa			1833

<210> 470
<211> 610
<212> белок
<213> Oryza sativa

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (120)..(522)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 6252512

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1214,3 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 470
Met Ser Gly Asn Asp Gly Asp Met Lys Met Arg Val Ile Val Val Glu
1 5 10 15
Gly Asp Glu Thr Ser Asn Ala Pro Lys Asp Val Cys Cys Glu Tyr Thr
20 25 30
Leu Asp Gly Ser Val Asp Ile Lys Gly Ser Pro Ala Val Lys Gly Lys
35 40 45
Ser Gly Gly Trp Leu Ala Gly Gly Leu Ile Leu Leu Asn Gln Gly Leu
50 55 60
Ala Thr Leu Ala Phe Phe Gly Val Asn Val Asn Leu Val Leu Phe Leu
65 70 75 80
Thr Arg Val Leu Gln Gln Ser Asn Gly Asp Ala Ala Asn Asn Val Ser
85 90 95
Lys Trp Thr Gly Thr Val Tyr Met Phe Ser Leu Ile Gly Ala Phe Leu
100 105 110
Ser Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Lys Thr Cys Ala Ile Phe Gln Ala
115 120 125
Ile Phe Val Leu Gly Leu Ala Leu Leu Ser Leu Ser Ser Arg Leu Tyr
130 135 140
Leu Ile Arg Pro Val Gly Cys Gly Thr Glu His Val Pro Cys Glu Pro
145 150 155 160
His Ser Gly Ala Glu Leu Gly Ile Phe Tyr Ile Ala Leu Tyr Met Ile
165 170 175
Ala Phe Gly Asn Gly Gly Tyr Gln Pro Asn Val Ala Thr Phe Gly Ala
180 185 190
Asp Gln Phe Asp Gly Glu Asp Pro Ala Glu Ser His Ser Lys Val Ser
195 200 205

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

Arg Pro Gly Trp Ile Pro Ala Asp Leu Asn Glu Gly His Leu Asp Lys
545 550 555 560

Phe Phe Phe Leu Leu Ala Val Leu Ala Val Ala Asp Phe Ala Val Tyr
565 570 575

Leu Val Cys Ala Ser Arg Tyr Arg Ser Gly Thr Val Asp Val Asp Arg
580 585 590

Ser Asp Gly Glu Glu Glu Asp Gly Val Ala Gly Arg Gln Met Ala Ala
595 600 605

Thr Val
610

<210> 471
<211> 1770
<212> ДНК
<213> Medicago truncatula

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1569074

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 472

<400> 471
atggaaggaa atgagaatta cagagaagag gttgttatgg aagaaagtgg cagagcgaat 60
gagaataaaa aaggaggaac caaagttgca accctcttgt tagtgaatca agcactggct 120
actttagctt tctttggagt tggagtgaac ttggttctgt tcctaactag agttcttggg 180
caagacaatg ccgaagctgc taataatgtg agcaagtgga caggaaccgt ttacatgttc 240
tcattgggtg gagcatttct cagtgactct tattgggggc gatacttaac ctgcacaatc 300
tttcaacttt tctttgttct cggattggca ctgtcatggt tgtcatcatg gcgttttttg 360
atcaacccaa gtggatgtgg taatggccat attccttgta agccatcatc aattggagtt 420
agcattttct acttttctat atatcttggt gcatttgggt atggaggaca ccaaccaacc 480
ttagcaacct ttggagctga ccaatatgat gagaggaatc caaaagagag gagtttaaaa 540
gtagctttct tctgttattt ttacttttcc ctcaacgttg gatctttggt ctccaatact 600
gtattggctc attatgagga cacggggaag tggacaatgg gtttctttat atcattgatc 660
tctgctatca tagccctttt gacattttta tcaggatctc ctaaataatag atacttgaag 720
ccatcaggaa accctgtcgt aagggttgct caggttttta cagctgctgc taggaaatgg 780
gatgttgctc cagccaaggc agacaaactt tttgaggttc tgggttctag atctgccatc 840
aaaggttgta gaaagattct gcacagtgat gattttcgat tgatggacaa agctgcaacc 900
attacaaaga atgatgatga gcagattgga aacaatccat ggaagctttg cacagtgact 960
caagttgagg aaacaaaatg cgtgttaaga atgcttccaa tttggctatg caccatttgt 1020

tactctgttg tatttacaca aatggcatca ctatttgttg agcaagggga tgtgatgaac 1080
tctaacatcg gagaatttca tttgccagca gccagcatgt ctgtgtttga catctgtagt 1140
gtgctagtat gcaactgtaat atatcgcaca atccttgttc cgttagtagg aagattgatt 1200
ggtaatacaa ggggaattag tgaacttgaa agaatgggaa ttgggttaat aattgcaatg 1260
ttgtcaatgg ttgcatcagg tatgacagag atggtaaggc tgagaaatat aattcctggg 1320
cagaaaagaa gttcaatgag tatattctat caaattccac agtatgttct gattgggtgt 1380
tcagaggttt tcatgtatgt ggggtcaattg gagttcttta atgggtcaagc accagatgga 1440
ataaaaagtt ttgggagttc actttgtagt gcttcaattt ctcttggaat ctatgtgagt 1500
agcatgcttg ttcacgtggg catgaaaatc actgcaagag ggaatgacaa aggttggtgatt 1560
ccagagaacc taaacaaagg gcacatggat aggtttttct ttcttctagc agggctagtt 1620
gtttttgatt ttgtgattta cttgttctgt gctaagtggg acaagagtat caatgttcaa 1680
ggtgaccaag aggagttgga tgatgatgat gctcaagtta ttataattaa gtcggcatcc 1740
aaagaccaac cttaacacc acaagaataa 1770

<210> 472

<211> 589

<212> белок

<213> *Medicago truncatula*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (95)..(493)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1569074

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1140,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 472

Met Glu Gly Asn Glu Asn Tyr Arg Glu Glu Val Val Met Glu Glu Ser
1 5 10 15

Gly Arg Ala Asn Glu Asn Lys Lys Gly Gly Thr Lys Val Ala Thr Leu
20 25 30

Leu Leu Val Asn Gln Ala Leu Ala Thr Leu Ala Phe Phe Gly Val Gly
35 40 45

Val Asn Leu Val Leu Phe Leu Thr Arg Val Leu Gly Gln Asp Asn Ala
50 55 60

Glu Ala Ala Asn Asn Val Ser Lys Trp Thr Gly Thr Val Tyr Met Phe
 65 70 75 80

Ser Leu Val Gly Ala Phe Leu Ser Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Leu
 85 90 95

Thr Cys Thr Ile Phe Gln Leu Phe Phe Val Leu Gly Leu Ala Leu Ser
 100 105 110

Cys Leu Ser Ser Trp Arg Phe Leu Ile Asn Pro Ser Gly Cys Gly Asn
 115 120 125

Gly His Ile Pro Cys Lys Pro Ser Ser Ile Gly Val Ser Ile Phe Tyr
 130 135 140

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

Leu Ala Thr Phe Gly Ala Asp Gln Tyr Asp Glu Arg Asn Pro Lys Glu
 165 170 175

Arg Ser Leu Lys Val Ala Phe Phe Cys Tyr Phe Tyr Phe Ser Leu Asn
 180 185 190

Val Gly Ser Leu Phe Ser Asn Thr Val Leu Val Tyr Tyr Glu Asp Thr
 195 200 205

Gly Lys Trp Thr Met Gly Phe Phe Ile Ser Leu Ile Ser Ala Ile Ile
 210 215 220

Ala Leu Leu Thr Phe Leu Ser Gly Ser Pro Lys Tyr Arg Tyr Leu Lys
 225 230 235 240

Pro Ser Gly Asn Pro Val Val Arg Val Ala Gln Val Phe Thr Ala Ala
 245 250 255

Ala Arg Lys Trp Asp Val Ala Pro Ala Lys Ala Asp Lys Leu Phe Glu
 260 265 270

Val Leu Gly Ser Arg Ser Ala Ile Lys Gly Cys Arg Lys Ile Leu His
 275 280 285

Ser Asp Asp Phe Arg Leu Met Asp Lys Ala Ala Thr Ile Thr Lys Asn
 290 295 300

Asp Asp Glu Gln Ile Gly Asn Asn Pro Trp Lys Leu Cys Thr Val Thr
 305 310 315 320

Gln Val Glu Glu Thr Lys Cys Val Leu Arg Met Leu Pro Ile Trp Leu
 325 330 335

Cys Thr Ile Cys Tyr Ser Val Val Phe Thr Gln Met Ala Ser Leu Phe
 340 345 350

Val Glu Gln Gly Asp Val Met Asn Ser Asn Ile Gly Glu Phe His Leu
 355 360 365

Pro Ala Ala Ser Met Ser Val Phe Asp Ile Cys Ser Val Leu Val Cys
 370 375 380

Thr Val Ile Tyr Arg Thr Ile Leu Val Pro Leu Val Gly Arg Leu Ile
 385 390 395 400

Gly Asn Thr Arg Gly Ile Ser Glu Leu Glu Arg Met Gly Ile Gly Leu
 405 410 415
 Ile Ile Ala Met Leu Ser Met Val Ala Ser Gly Met Thr Glu Met Val
 420 425 430
 Arg Leu Arg Asn Ile Ile Pro Gly Gln Lys Arg Ser Ser Met Ser Ile
 435 440 445
 Phe Tyr Gln Ile Pro Gln Tyr Val Leu Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe
 450 455 460
 Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe Asn Gly Gln Ala Pro Asp Gly
 465 470 475 480
 Ile Lys Ser Phe Gly Ser Ser Leu Cys Met Ala Ser Ile Ser Leu Gly
 485 490 495
 Asn Tyr Val Ser Ser Met Leu Val His Val Val Met Lys Ile Thr Ala
 500 505 510
 Arg Gly Asn Asp Lys Gly Trp Ile Pro Glu Asn Leu Asn Lys Gly His
 515 520 525
 Met Asp Arg Phe Phe Phe Leu Leu Ala Gly Leu Val Val Phe Asp Phe
 530 535 540
 Val Ile Tyr Leu Phe Cys Ala Lys Trp Tyr Lys Ser Ile Asn Val Gln
 545 550 555 560
 Gly Asp Gln Glu Glu Leu Asp Asp Asp Ala Gln Val Ile Ile Ile
 565 570 575
 Lys Ser Ala Ser Lys Asp Gln Pro Leu Thr Pro Gln Glu
 580 585

<210> 473

<211> 1647

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1475845

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 474

<400> 473

atggcagaag atggctctac caaagatgga gcagcagatt tccgaaatga atgctgcgaa 60
 aggttggcct actatggaat caacacaaat ctagttaatt acctcaaatt tcaactaac 120
 cagagcaatg ttgtggcggg caataacgtc accaattggg caggaacatg ctatgtcatg 180
 ccattgcttg gagcttttct tgctgatgcc tacttgggaa gatattggac aattgctagt 240
 ttctctataa tctatgtctt tggaatgaca ttgttgacat tgtcagcatc gatccatgga 300
 ctaaaacat cttgcgacag aacgaatggt tgccatacaa cagggttgca gacatcagtt 360
 ttctttctag gcctatacct tatagccctg gggactggag ggatcaagcc ttgtgtctct 420

tcctttggtg cggatcaatt cgatgactct gacgaggatg agaagaaaag gaagagttcc 480
 ttcttcaatt ggttctatth ttcaatcaat atcggcgctc ttattgctgc ttctgtgctt 540
 gtttgatac aaaccaatgt aggctggggc tggggctttg gcatcccagc agtggcaatg 600
 gcaattgctg ttgtgagttt cttttcaggt acacggttat acaggaacca gagacttggg 660
 gggagtcctt taacacgaat gtgccaagtg ctagttgcat ccttcaggaa attccgtgctc 720
 gaagtgccta atgacaagtc tcttctgttt gagacagcag accatgaatc tgctgtcatg 780
 ggaagccgca aacttgacca cacagatcag ttaagtttct ttgacaaggc agcagtggag 840
 actccatcag accgtctaaa agggctccgc aatcagtggg aactgtgcac cgtgactcag 900
 gttgaagagc tcaagtccat cattcggttg cttcctgtat gggcaactgg cataatatth 960
 tctgctgtat acagtcaaat gggaacctta tttgtcctgc agggaaacac aatggacctt 1020
 cgcattgggca aatccttcga aatcccttct gcttctctc cctcttttga cacaattagt 1080
 gtaatcttct gggtagcag ttacgacctg gccatcgtgc cctttgcaag aagatttact 1140
 ggacacaaga atggattcac acagcttcaa agaattgcaa ttggccttgt aatttccatc 1200
 tttgccatgt tggttgctgg gactctagag cttgtgaggg tccgagaggc cagaaaacat 1260
 aactactatg aactaaagca cataccaatg tccatattth ggcagggtccc tcagtatttc 1320
 attataggat gtgcagaagt tttcacattt atcgggcaat tagagttctt ttatgagcag 1380
 gcacccgatg ccatgaggag cctttgctca gctctctcac tcacaaccgc tgcacttggg 1440
 aactacttga gcacattcct agttaatatt gtcacggata tgagcaccag gcatggtaag 1500
 cctggttgga taccggacaa tttgaatcat ggccatcttc attattthtt ctggctcttg 1560
 gcagtgttga gtgtgctcaa cttgggggtc tatcttttgg ttgccagatg gtacacttac 1620
 aagaaagctg tgggtgtccag tgattga 1647

<210> 474
 <211> 548
 <212> белок
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (75)..(477)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1475845

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1063,0 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 474

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

Ser Ala Val Tyr Ser Gln Met Gly Thr Leu Phe Val Leu Gln Gly Asn
 325 330 335
 Thr Met Asp Leu Arg Met Gly Lys Ser Phe Glu Ile Pro Ser Ala Ser
 340 345 350
 Leu Ser Leu Phe Asp Thr Ile Ser Val Ile Phe Trp Val Pro Ile Tyr
 355 360
 Asp Arg Ala Ile Val Pro Phe Ala Arg Arg Phe Thr Gly His Lys Asn
 370 375 380
 Gly Phe Thr Gln Leu Gln Arg Ile Ala Ile Gly Leu Val Ile Ser Ile
 385 390 395 400
 Phe Ala Met Leu Val Ala Gly Thr Leu Glu Leu Val Arg Leu Arg Glu
 405 410 415
 Val Arg Lys His Asn Tyr Tyr Glu Leu Lys His Ile Pro Met Ser Ile
 420 425 430
 Phe Trp Gln Val Pro Gln Tyr Phe Ile Ile Gly Cys Ala Glu Val Phe
 435 440 445
 Thr Phe Ile Gly Gln Leu Glu Phe Phe Tyr Glu Gln Ala Pro Asp Ala
 450 455 460
 Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu Ser Leu Thr Thr Ala Ala Leu Gly
 465 470 475 480
 Asn Tyr Leu Ser Thr Phe Leu Val Asn Ile Val Thr Asp Met Ser Thr
 485 490 495
 Arg His Gly Lys Pro Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu Asn His Gly His
 500 505 510
 Leu His Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Ala Val Leu Ser Val Leu Asn Leu
 515 520 525
 Gly Val Tyr Leu Leu Val Ala Arg Trp Tyr Thr Tyr Lys Lys Ala Val
 530 535 540
 Val Ser Ser Asp
 545

<210> 475

<211> 1929

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1501483

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 476

<400> 475

atggaaggca tgaccaaggt tgtggcaaac actcttctaa ggagacctct cttccctggt 60

ccattttcca cccatatttt cttctttaat ggcaacaaca aaagaaaata ttctattgct 120

gctatggatt	cagacccttc	caccgattat	gtgacaggag	aaagtgtcat	ctctagagaa	180
aatgtagctg	tgaacagaat	cagaactgag	gaagaacacg	atattgctag	caataagcgc	240
tccattactt	ggaagagctc	tggaggggtg	aaagctgcaa	gcatcttgct	agcaaatcaa	300
tgcttggtc	cactagcttt	ctttggagtt	ggtgtgaatt	tggttctggt	cttaacaaga	360
gttcttggtc	aaagtaatgc	tgatgctgcc	aatagtgtca	gcaagtggac	tggcacagtt	420
tatctgtgct	cactcatagg	agcttttctc	agtgattcat	actggggcag	atacttgacc	480
tgtgcagtct	ttcagttaat	attcgtttctg	gggttggcgc	tcgtatcggt	atcatcttgt	540
tatttcttga	tcaaaccaga	tggatgtggt	gatggagaat	tagcctgtga	gccaacatcg	600
tcggtgggag	tggctatfff	ttacttggct	atatatftag	ttgcctftgg	atatggftggg	660
catcaacctt	ctfttagccac	atfttgagca	gaccaatftg	acgagtcgaa	accgaaagaa	720
aaaaattaca	aggcagctta	ctfttgctat	ttctatftftg	cactcaacctt	tggatctcta	780
ttctcaaaca	ctatftftggt	gtatftftgag	gatcatggaa	aatggacact	aggftftcctg	840
gtgtcattag	gctctgcagt	tttagccttg	gtatcgfttct	tgftftgggac	acctggfttac	900
cagtatgtga	aaccttgccg	caacctfttg	ccgcgagftg	ctcaggtgft	tgtggctgca	960
gtaagaaat	gggatgftat	cccggcgaaa	gctgatgaa	tttatgaaft	ggaaggacca	1020
gaatctgcta	tcaaagggag	cagaaagatt	cttcatagtg	atgatftftga	gtftftggac	1080
aaggcagcaa	cagtaacaga	ggatgatcta	agtcacccaa	agaatccatg	gaggctfttgc	1140
acaataagtc	aagtagagga	agctaaatgt	gttctftaaaa	tgfttacctat	ttggctatgc	1200
actataatft	actctgfttgt	tttcacacaa	atggcctccc	tctfttgttga	gcaaggagat	1260
gtcatgaact	cctatgctgg	aaagftftcac	ctaccagcag	ctagcatgtc	tgctftftgat	1320
atctgcagtg	tccttgfttftg	cactgggatt	tatcgccaaa	tcctcgftgcc	attagctgga	1380
aggftaagtg	gtaataccaa	ggggfttaacg	gagcttcaga	gaatgggaat	cggactcatc	1440
attgggatgc	tagcaatgft	cgcagcaggg	gctactgaga	ttgaaaggct	caagcatgft	1500
actgaaggga	aaaaagfttag	ctcactaagc	atatftftggc	aaattccaca	atacgfttctt	1560
gtcggtgcat	ctgaggtftt	catgtatgta	ggccagfttg	agfttctftta	cgggcaagca	1620
ccagacggga	ttaagagftt	tggaaagctca	ctfttgcatgg	cttcaatctc	ccttggcaac	1680
tatgtcagca	gcatgctagt	cagcatggtg	atgaagatta	cagctaaagg	tgacaagcct	1740
ggatggatcc	cagatgactt	gaacacaggc	cacatggaca	ggfttctactt	cctgattgca	1800
gtcttaacag	cctfttgatft	tgtgattftac	ttgttctgtg	ccaactggta	cacgcctatc	1860
aacattgatg	acagccacgg	aggaatftggg	atggaaaagc	aagaagatga	tgcgcttgc	1920
agagftftaa						1929

<210> 476
<211> 601
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (117)..(515)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1501483

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1181,1 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 476
Met Asp Ser Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Val Thr Gly Glu Ser Val Ile
1 5 10 15
Ser Arg Glu Asn Val Ala Val Asn Arg Ile Arg Thr Glu Glu Glu His
20 25 30
Asp Ile Ala Ser Asn Lys Arg Ser Ile Thr Trp Lys Ser Ser Gly Gly
35 40 45
Trp Lys Ala Ala Ser Ile Leu Leu Ala Asn Gln Cys Leu Ala Thr Leu
50 55 60
Ala Phe Phe Gly Val Gly Val Asn Leu Val Leu Phe Leu Thr Arg Val
65 70 75 80
Leu Gly Gln Ser Asn Ala Asp Ala Ala Asn Ser Val Ser Lys Trp Thr
85 90 95
Gly Thr Val Tyr Leu Cys Ser Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ser Asp Ser
100 105 110
Tyr Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Cys Ala Val Phe Gln Leu Ile Phe Val
115 120 125
Ser Gly Leu Ala Leu Val Ser Val Ser Ser Cys Tyr Phe Leu Ile Lys
130 135 140
Pro Asp Gly Cys Gly Asp Gly Glu Leu Ala Cys Glu Pro Thr Ser Ser
145 150 155 160
Val Gly Val Ala Ile Phe Tyr Leu Ala Ile Tyr Leu Val Ala Phe Gly
165 170 175
Tyr Gly Gly His Gln Pro Ser Leu Ala Thr Phe Gly Ala Asp Gln Phe
180 185 190
Asp Glu Ser Lys Pro Lys Glu Lys Asn Tyr Lys Ala Ala Tyr Phe Cys
195 200 205

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

Asp Leu Asn Thr Gly His Met Asp Arg Phe Tyr Phe Leu Ile Ala Val
 545 550 555 560
 Leu Thr Ala Phe Asp Phe Val Ile Tyr Leu Phe Cys Ala Asn Trp Tyr
 565 570 575
 Thr Pro Ile Asn Ile Asp Asp Ser His Gly Gly Ile Gly Met Glu Lys
 580 585 590
 Gln Glu Asp Asp Ala Leu Ala Arg Val
 595 600

<210> 477
 <211> 1821
 <212> ДНК
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8755079

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 478

<400> 477
 atggattcgt tctcttccac caacgctgtg ctaaagaagc aggtgacagg agaaagtagt 60
 atcatctcta gggaaaatgt agctgtgaag agaatcagaa ctgaggaaga acaggagatt 120
 gctaacagaa agccttcctt tatttggaag agaactggag ggtggacagc tgcaagcatc 180
 ttgctagcaa atcaatgcct ggctacacta gctttctttg gagttggtgt gaatttggtt 240
 ctattcttaa caagagttct tgggtcaaagt aatgctgatg ctgccaataa tgtcagcaag 300
 tggactggca cagtttatct gtgctcactc gtaggagctt tcctcagtga ttcatactgg 360
 ggtagatact tgacctgtgc aatctttcag ctaatattcg tctcgggatt ggtgctcgta 420
 tcggtatcat cttgggtttt cttgatcaaa ccagatggat gtggtgatgg aaaattaacc 480
 tgtgtgccgg caacatcgat gggacaagtt gttttctact tggctatata cttagtagcc 540
 tttggatatg gtggacatca accttcata gcgacatttg gagcagatca atttgacgag 600
 tcgaaaccga aagaaagaaa ttccaaggca gctttctttt gctatttcta ttttgcactc 660
 aactttggat ctttattctc aaacaccctt ttggtgtact ttgaggatca tggcagatgg 720
 aactaggct tcctgctatc attaggttct gcagtcgtag ccttggatc attccttgttt 780
 ggggcacctg gttacaagta cgtaaacct tgcggcaacc ctttgccgag agttgctcag 840
 gtgtttgtgg ctgcagctag gaaatgggat gttatcccgg tgaaagctga tgaactgtat 900
 gaactagaag gaccagaatc tgctatcaaa gggagcagga agatttttca cagtgaagaa 960
 tttgagtttt tggacaaggc agcaacaatg acagaggatg atttgagtca ccaaaagaat 1020
 ccatggaggc tttgcacaat aactcaagta gaggaagcca aatgtgttct taaaatgtta 1080
 cctatttggt tatgcactat tatttactct gttgtcttca ctcagatggc atccctcttt 1140

gttgagcaag gagatgtcat gaattcctat attggaaagt ttcacctccc agctgctagc 1200
 atgtctgcct tcgatatctg cagtgtcctt gtttgcactg gaatttatcg tcaaatectc 1260
 gtgccattag ctggaagggt aagtggtaat cctaaggggt taactgagct tcagaggatg 1320
 ggaattggac tcgtcattgg aatgctagca atgcttgacg cgggtgctac tgagattgaa 1380
 aggctcaaga atgttattga agggcacaaa gtcagctctt taagcatatt ttggcaaatt 1440
 ccacaatatg ttcttgttgg tgcattctgag gttttcatgt atataggtca attggagttc 1500
 ttaaacgggc aagcaccaga cgggattaag agttttggaa gctcactttg catggcttca 1560
 atctctcttg gcaactatgc cagtagcatg ctagttaata tggatgatgaa gattacaact 1620
 aaaggtgaca agcctggatg gatcccagat gacttgaaca caggacacat ggacaggttt 1680
 tacttctga ttgcagtgtt aacagccttt gatttctgta tttacttggt ctgtgccaag 1740
 tggatcaagc ctatcaacat tgatgacagt caggggaattg agatggaaaa gcaagaagat 1800
 gatgtgcttg caaaagtta a 1821

<210> 478
 <211> 606
 <212> белок
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (123)..(521)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8755079

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1186,9 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 478
 Met Asp Ser Phe Ser Ser Thr Asn Ala Val Leu Lys Lys Gln Val Thr
 1 5 10 15
 Gly Glu Ser Ser Ile Ile Ser Arg Glu Asn Val Ala Val Lys Arg Ile
 20 25 30
 Arg Thr Glu Glu Glu Gln Glu Ile Ala Asn Arg Lys Pro Ser Leu Ile
 35 40 45
 Trp Lys Arg Thr Gly Gly Trp Thr Ala Ala Ser Ile Leu Leu Ala Asn
 50 55 60

Gln Cys Leu Ala Thr Leu Ala Phe Phe Gly Val Gly Val Asn Leu Val
 65 70 75 80

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

Asn Val Ser Lys Trp Thr Gly Thr Val Tyr Leu Cys Ser Leu Val Gly
 100 105 110

Ala Phe Leu Ser Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Cys Ala Ile
 115 120 125

Phe Gln Leu Ile Phe Val Ser Gly Leu Val Leu Val Ser Val Ser Ser
 130 135 140

Trp Phe Phe Leu Ile Lys Pro Asp Gly Cys Gly Asp Gly Lys Leu Thr
 145 150 155 160

Cys Val Pro Ala Thr Ser Met Gly Gln Val Val Phe Tyr Leu Ala Ile
 165 170 175

Tyr Leu Val Ala Phe Gly Tyr Gly Gly His Gln Pro Ser Ile Ala Thr
 180 185 190

Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Glu Ser Lys Pro Lys Glu Arg Asn Ser
 195 200 205

Lys Ala Ala Phe Phe Cys Tyr Phe Tyr Phe Ala Leu Asn Phe Gly Ser
 210 215 220

Leu Phe Ser Asn Thr Leu Leu Val Tyr Phe Glu Asp His Gly Arg Trp
 225 230 235 240

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

Ser Phe Leu Phe Gly Ala Pro Gly Tyr Lys Tyr Val Lys Pro Cys Gly
 260 265 270

Asn Pro Leu Pro Arg Val Ala Gln Val Phe Val Ala Ala Ala Arg Lys
 275 280 285

Trp Asp Val Ile Pro Val Lys Ala Asp Glu Leu Tyr Glu Leu Glu Gly
 290 295 300

Pro Glu Ser Ala Ile Lys Gly Ser Arg Lys Ile Phe His Ser Glu Glu
 305 310 315 320

Phe Glu Phe Leu Asp Lys Ala Ala Thr Met Thr Glu Asp Asp Leu Ser
 325 330 335

His Gln Lys Asn Pro Trp Arg Leu Cys Thr Ile Thr Gln Val Glu Glu
 340 345 350

Ala Lys Cys Val Leu Lys Met Leu Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Ile
 355 360 365

Tyr Ser Val Val Phe Thr Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Glu Gln Gly
 370 375 380

Asp Val Met Asn Ser Tyr Ile Gly Lys Phe His Leu Pro Ala Ala Ser
 385 390 395 400

Met Ser Ala Phe Asp Ile Cys Ser Val Leu Val Cys Thr Gly Ile Tyr
405 410 415

Arg Gln Ile Leu Val Pro Leu Ala Gly Arg Leu Ser Gly Asn Pro Lys
420 425 430

Gly Leu Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Val Ile Gly Met
435 440 445

Leu Ala Met Leu Ala Ala Gly Ala Thr Glu Ile Glu Arg Leu Lys Asn
450 455 460

Val Ile Glu Gly His Lys Val Ser Ser Leu Ser Ile Phe Trp Gln Ile
465 470 475 480

Pro Gln Tyr Val Leu Val Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Ile Gly
485 490 495

Gln Leu Glu Phe Phe Asn Gly Gln Ala Pro Asp Gly Ile Lys Ser Phe
500 505 510

Gly Ser Ser Leu Cys Met Ala Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Ala Ser
515 520 525

Ser Met Leu Val Asn Met Val Met Lys Ile Thr Thr Lys Gly Asp Lys
530 535 540

Pro Gly Trp Ile Pro Asp Asp Leu Asn Thr Gly His Met Asp Arg Phe
545 550 555 560

Tyr Phe Leu Ile Ala Val Leu Thr Ala Phe Asp Phe Val Ile Tyr Leu
565 570 575

Phe Cys Ala Lys Trp Tyr Lys Pro Ile Asn Ile Asp Asp Ser Gln Gly
580 585 590

Ile Glu Met Glu Lys Gln Glu Asp Asp Val Leu Ala Lys Val
595 600 605

<210> 479

<211> 572

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (93)..(497)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 115470147

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1062,2 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 479

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

Ala Val Arg Ser Lys Ser Gly Thr Trp Arg Ala Cys Pro Phe Ile Leu
20 25 30

Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Met Ser Ala Asn
35 40 45

Leu Val Asn Tyr Met Val Asp Arg Leu Arg Gln Gly Asn Ala Gly Ala
50 55 60

Ala Ala Ser Val Asn Asn Trp Ser Gly Thr Cys Tyr Val Met Pro Leu
65 70 75 80

Val Gly Ala Phe Leu Ala Asp Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Arg Thr Ile
85 90 95

Ala Ala Phe Met Ala Leu Tyr Ile Val Gly Leu Ala Leu Leu Thr Met
100 105 110

Ser Ala Ser Val Pro Gly Met Lys Pro Pro Asn Cys Ala Thr Ile Ser
115 120 125

Ala Ser Ser Cys Gly Pro Ser Pro Gly Gln Ser Ala Ala Phe Phe Val
130 135 140

Ala Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val
145 150 155 160

Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Ala Asp Pro Arg Glu His
165 170 175

Arg Ser Lys Ala Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Met Ser Ile Asn Val
180 185 190

Gly Ala Leu Val Ala Ser Ser Val Leu Val Trp Val Gln Met Asn Val
195 200 205

Gly Trp Gly Trp Gly Phe Gly Ile Pro Ala Val Ala Met Ala Val Ala
210 215 220

Val Ala Ser Phe Leu Met Gly Ser Ser Leu Tyr Arg His Gln Lys Pro
225 230 235 240

Gly Gly Ser Pro Leu Thr Arg Met Leu Gln Val Val Val Ala Ala Ala
245 250 255

Arg Lys Ser Arg Val Ala Leu Pro Ala Asp Ala Ala Ala Leu Leu Tyr
260 265 270

Glu Gly Asp Lys Leu Ala Cys Gly Thr Arg Arg Leu Ala His Thr Glu
275 280 285

Gln Phe Arg Trp Leu Asp Arg Ala Ala Val Val Thr Pro Thr Thr Asp
290 295 300

Lys Asp Asp Asp Thr Gly Ser Arg Trp Arg Leu Cys Pro Val Thr Gln
305 310 315 320

Val Glu Glu Leu Lys Ala Val Val Arg Leu Leu Pro Val Trp Ala Ser
325 330 335

Gly Ile Val Met Ser Ala Val Tyr Gly Gln Met Ser Thr Met Phe Val
 340 345 350
 Leu Gln Gly Asn Thr Leu Asp Pro Arg Met Gly Ala Thr Phe Lys Ile
 355 360 365
 Pro Ser Ala Ser Leu Ser Ile Phe Asp Thr Leu Ala Val Leu Ala Trp
 370 375 380
 Val Pro Val Tyr Asp Arg Leu Ile Val Pro Ala Ala Arg Arg Phe Thr
 385 390 395 400
 Gly His Pro Arg Gly Phe Thr Gln Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu
 405 410 415
 Leu Ile Ser Val Phe Ser Met Val Ala Ala Gly Val Leu Glu Val Val
 420 425 430
 Arg Leu Arg Val Ala Ala Ala His Gly Met Leu Asp Ser Thr Ser Tyr
 435 440 445
 Leu Pro Ile Ser Ile Phe Trp Gln Val Gln Tyr Phe Ile Ile Gly Ala
 450 455 460
 Ala Glu Val Phe Ala Phe Ile Gly Gln Ile Asp Phe Phe Tyr Asp Gln
 465 470 475 480
 Ala Pro Asp Asp Met Arg Ser Thr Cys Thr Ala Leu Ser Leu Thr Ser
 485 490 495
 Ser Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Thr Leu Leu Val Val Ile Val Thr
 500 505 510
 Ala Ala Ser Thr Arg Gly Gly Gly Leu Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu
 515 520 525
 Asn Arg Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Ala Ala Leu Ser
 530 535 540
 Ala Val Asn Phe Leu Val Tyr Leu Trp Ile Ala Asn Trp Tyr Arg Cys
 545 550 555 560
 Lys Thr Ile Thr Thr Thr Glu Ala Ala Ala Gln Thr
 565 570

<210> 480

<211> 570

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (97)..(499)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 15240905

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1099,4 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 480

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

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

<210> 481

<211> 1809

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8755085

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 482

<400> 481

```
atggattcag acccttccac cgattatcag gtgacaggag aaagtgtcat ctctagagaa 60
aatgtagctg tgaacagaat cagaactgag gaagaacacg atattgctag caataagcgc 120
tccattactt ggaagagctc tggaggggtg aaagctgcaa gcatcttgct agcaaatcaa 180
tgcttggtc cactagcttt ctttggagtt ggtgtgaatt tggttctggt cttaacaaga 240
gttcttggtc aaagtaatgc tgatgctgcc aatagtgtca gcaagtggac tggcacagtt 300
tatctgtgct cactcatagg agctttcctc agtgattcat actggggcag atacttgacc 360
tgtgcagtct ttcagttaat attcgtttcg gggttggcgc tcgtatcggg atcatcttgt 420
tatttcttga tcaaaccaga tggatgtggt gatggagaat tagcctgtga gccaacatcg 480
tcgggtgggag tggctatfff ttacttggtc atatatffag ttgcctfftg atatgggtggg 540
catcaacctt ctttagccac atffggagca gaccaatffg acgagtcgaa accgaaagaa 600
aaaaattaca aggcagctta cttffgctat ttctatfftg cactcaactt tggatctcta 660
ttctcaaaca ctatfftggt gtatfftgag gatcatggaa aatggacact aggtffctctg 720
gtgtcattag gctctgcagt tffagccttg gtatcgffct tgtfftgggac acctggfftac 780
cagtatgtga aacctgcbg caacctfftg ccgcbgagffg cfcaggtgff tgtggctgca 840
gffaagaaat gggatgffat cccggcbgaa gctgatgaa tffatgaaft ggaaggacca 900
gaatctgcta tcaaagggag cagaaagatt cffcatagtg atgattffga gttfftgga 960
aaggcagcaa cagtaacaga ggatgatcta agtcaccaaa agaatccatg gaggctfftg 1020
acaataagtc aagtagagga agctaaatgt gffctffaaa tgttacctat tffgctatgc 1080
actataatff actctgfftg tffcacacaa atggcctccc tctffgffga gcaaggagat 1140
gtcatgaact cctatgctgg aaagfffcac ctaccagcbg ctagcatgfc tgcctffgat 1200
atctgcagtg fcctgffffg cactgggatt tatcbgcaaa fcctcbgtgcc attagctgga 1260
aggffaagtg gtaataccea ggggffaacg gagctfcaga gaatgggaat cbgactcatc 1320
atfgggatgc tagcaatgff cbgcbgcbgg gctactgaga tfgaaaggct caagcatgff 1380
actgaaggga aaaaagffag cfcactaagc atatffffggc aaatfcaca atacgffctt 1440
gtcbggtgcat ctaggfffff catgtatgta ggcbgfftg agffctffta cbggcaagca 1500
ccagacggga ttaagagfft tfgaagctca cfffgcatgg cffcaatctc cfftggaac 1560
tatgtcagca gcatgctagt cbgcatggtg atgaagatta cbgctaaagg tgacaagcct 1620
ggatggatcc cbgatgactt gaacacagbc cacatggca gffctctact cctgattgca 1680
gtcttaacag cffffgattt tgtgatttac tfgffctgtg ccaactggta cbgcbctatc 1740
aacattgatg acagcccbg aggaatffgg atggaaaagc aagaagatga tgcgcttgca 1800
agagfftaa 1809
```

<210> 482
<211> 602
<212> белок
<213> Populus balsamifera subsp. trichocarpa

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (118)..(516)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8755085

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1181,0 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 482
Met Asp Ser Asp Pro Ser Thr Asp Tyr Gln Val Thr Gly Glu Ser Val
1 5 10 15
Ile Ser Arg Glu Asn Val Ala Val Asn Arg Ile Arg Thr Glu Glu Glu
20 25 30
His Asp Ile Ala Ser Asn Lys Arg Ser Ile Thr Trp Lys Ser Ser Gly
35 40 45
Gly Trp Lys Ala Ala Ser Ile Leu Leu Ala Asn Gln Cys Leu Ala Thr
50 55 60
Leu Ala Phe Phe Gly Val Gly Val Asn Leu Val Leu Phe Leu Thr Arg
65 70 75 80
Val Leu Gly Gln Ser Asn Ala Asp Ala Ala Asn Ser Val Ser Lys Trp
85 90 95
Thr Gly Thr Val Tyr Leu Cys Ser Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ser Asp
100 105 110
Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Cys Ala Val Phe Gln Leu Ile Phe
115 120 125
Val Ser Gly Leu Ala Leu Val Ser Val Ser Ser Cys Tyr Phe Leu Ile
130 135 140
Lys Pro Asp Gly Cys Gly Asp Gly Glu Leu Ala Cys Glu Pro Thr Ser
145 150 155 160
Ser Val Gly Val Ala Ile Phe Tyr Leu Ala Ile Tyr Leu Val Ala Phe
165 170 175
Gly Tyr Gly Gly His Gln Pro Ser Leu Ala Thr Phe Gly Ala Asp Gln
180 185 190

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

Met Val Met Lys Ile Thr Ala Lys Gly Asp Lys Pro Gly Trp Ile Pro
530 535 540

Asp Asp Leu Asn Thr Gly His Met Asp Arg Phe Tyr Phe Leu Ile Ala
545 550 555 560

Val Leu Thr Ala Phe Asp Phe Val Ile Tyr Leu Phe Cys Ala Asn Trp
565 570 575

Tyr Thr Pro Ile Asn Ile Asp Asp Ser His Gly Gly Ile Gly Met Glu
580 585 590

Lys Gln Glu Asp Asp Ala Leu Ala Arg Val
595 600

<210> 483

<211> 551

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (115)..(519)

<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 147853446

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1137,1 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 483

Met Gly Ser Gln Glu Glu Glu Glu Val Arg Ser Leu Leu Glu Thr Gly
1 5 10 15

Leu Leu Gln Asn Glu Asn Ser Asp Leu His Thr Gly Asp Gly Ser Val
20 25 30

Asp Ile His Gly Lys Pro Val Leu Arg Ser Asn Thr Gly Asn Trp Arg
35 40 45

Ala Cys Pro Phe Ile Leu Gly Thr Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr
50 55 60

Tyr Gly Ile Ala Thr Asn Leu Val Thr Tyr Leu Thr Ser Lys Leu His
65 70 75 80

Glu Gly Asn Val Ser Ala Ala Arg Asn Val Thr Thr Trp Gln Gly Thr
85 90 95

Cys Tyr Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ala Tyr Cys
100 105 110

Gly Arg Tyr Trp Thr Ile Ala Ala Phe Ser Thr Ile Tyr Phe Ile Gly
115 120 125

Met Cys Thr Leu Thr Leu Ser Ala Thr Val Pro Ala Phe Lys Pro Ala
 130 135 140

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

Val Phe Phe Phe Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile
 165 170 175

Lys Pro Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp
 180 185 190

Pro Lys Glu Arg Val Lys Lys Gly Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe
 195 200 205

Ser Ile Asn Ile Gly Ala Leu Val Ser Ser Ser Phe Leu Val Trp Ile
 210 215 220

Gln Asp Asn Ala Gly Trp Gly Leu Gly Phe Gly Ile Pro Ala Leu Phe
 225 230 235 240

Met Gly Ile Ala Ile Ala Ser Phe Phe Ser Gly Thr Pro Leu Tyr Arg
 245 250 255

Phe Gln Lys Pro Gly Gly Ser Pro Ile Thr Arg Met Cys Gln Val Leu
 260 265 270

Val Ala Ser Phe Arg Lys Trp Lys Leu Glu Val Pro Lys Asp Ser Asn
 275 280 285

Leu Leu Tyr Glu Thr Pro Asp Lys Asn Ser Ala Ile Glu Gly Ser Arg
 290 295 300

Lys Leu Glu His Ser Asn Glu Leu Lys Cys Leu Asp Lys Ala Ala Val
 305 310 315 320

Ile Ser Asp Ala Glu Ile Lys Ser Gly Asp Phe Ser Asn Pro Trp Asn
 325 330 335

Leu Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Leu Lys Ile Leu Ile Arg Met
 340 345 350

Phe Pro Ile Trp Ala Thr Gly Ile Val Phe Ser Ala Val Tyr Ala Gln
 355 360 365

Met Ser Thr Met Phe Val Glu Gln Gly Met Val Met Asp Thr Thr Val
 370 375 380

Gly Ser Phe Thr Ile Pro Pro Ala Ser Leu Ser Thr Phe Asp Val Ile
 385 390 395 400

Ser Val Ile Phe Trp Val Pro Val Tyr Asp Arg Ile Leu Val Pro Ile
 405 410 415

Ala Arg Lys Phe Thr Gly Lys Glu Arg Gly Phe Ser Glu Leu Gln Arg
 420 425 430

Met Gly Ile Gly Leu Phe Leu Ser Val Leu Cys Met Ser Ala Ala Ala
 435 440 445

Leu Val Glu Ile Lys Arg Leu Gln Leu Ala Thr Ala Leu Asp Leu Val
 450 455 460

Asp Glu Asp Val Ala Val Pro Leu Ser Ile Leu Trp Gln Ile Pro Gln
 465 470 475 480
 Tyr Phe Leu Leu Gly Ala Ala Glu Val Phe Thr Phe Ile Gly Gln Leu
 485 490 495
 Glu Phe Phe Tyr Asp Gln Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser
 500 505 510
 Ala Ser Ser Leu Leu Thr Thr Ser Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ala Phe
 515 520 525
 Ile Leu Thr Val Val Thr Thr Leu Thr Thr Glu Asx Gly Lys Thr Gly
 530 535 540
 Trp Ile Pro Asp Asn Leu Glu
 545 550

<210> 484

<211> 547

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (96)..(497)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157346087

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1069,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 484

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

Leu Thr Met Thr Ala Ser Ile Lys Gly Leu Arg Pro Ser Cys Asp Asp
 115 120 125

Asn Gly Cys Asp Pro Thr Lys Leu Gln Ser Ala Val Cys Phe Ile Ala
 130 135 140

Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val Ser
 145 150 155 160

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

Lys Lys Ser Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Leu Ser Ile Asn Val Gly
 180 185 190

Ala Leu Ile Ala Ser Ser Val Leu Val Trp Ile Gln Met Asn Val Gly
 195 200 205

Trp Gly Trp Gly Phe Gly Ile Pro Ala Val Ala Met Ala Ile Ala Val
 210 215 220

Val Ser Phe Phe Ser Gly Ser Arg Met Tyr Arg Leu Gln Lys Pro Gly
 225 230 235 240

Gly Ser Pro Leu Thr Arg Ile Cys Gln Val Leu Val Ala Ser Thr Arg
 245 250 255

Lys Tyr His Val Lys Val Pro Asn Asn Lys Ser Leu Leu Tyr Glu Thr
 260 265 270

Lys Asp Ala Glu Ser Asn Ile Lys Gly Ser Cys Lys Leu Glu His Thr
 275 280 285

Glu Lys Leu Arg Phe Phe Asp Lys Ala Ala Val Glu Val Glu Ser Asp
 290 295 300

His Val Lys Ser Ser Asn Asn Pro Trp Lys Leu Cys Thr Val Thr Gln
 305 310 315 320

Val Glu Glu Leu Lys Ser Ile Leu Arg Leu Leu Pro Val Trp Ala Thr
 325 330 335

Gly Ile Leu Phe Ser Thr Val Tyr Ser Gln Met Ser Thr Met Phe Val
 340 345 350

Leu Gln Gly Asn Thr Met Asp Gln His Met Gly Pro Asn Phe Lys Ile
 355 360 365

Pro Ser Ala Ser Leu Ser Leu Phe Asp Thr Leu Ser Val Ile Phe Trp
 370 375 380

Ala Pro Val Tyr Asp Arg Ile Ile Val Pro Phe Ala Arg Lys Phe Thr
 385 390 395 400

Gly His Glu Arg Gly Phe Thr Gln Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu
 405 410 415

Val Ile Ser Ile Ile Ser Met Ile Val Ala Gly Ile Leu Glu Val Ile
 420 425 430

Arg Leu Asn Tyr Val Arg Lys His Asn Tyr Tyr Asp Leu Glu Tyr Ile
 435 440 445

Pro Met Ser Ile Phe Trp Gln Val Pro Gln Tyr Phe Leu Ile Gly Cys
450 455 460

Ala Glu Val Phe Thr Phe Ile Gly Gln Leu Glu Phe Tyr Tyr Asp Gln
465 470 475 480

Ala Pro Asp Ala Thr Arg Ile Thr Ile Val Asn Lys Val Thr Thr Arg
485 490 495

Asn Gly Lys Met Gly Trp Ile Pro Asp Asn Met Asn Arg Gly His Leu
500 505 510

Asp Tyr Phe Tyr Trp Leu Leu Ala Ile Leu Ser Leu Leu Asn Phe Leu
515 520 525

Val Tyr Leu Trp Ile Ala Lys Trp Tyr Thr Tyr Lys Lys Val Thr Gly
530 535 540

Arg Pro Gly
545

<210> 485
<211> 1797
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1538867

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 486

<400> 485
atggccttggt tggaggtttg taaggagggt aagttcaaag agggacgaga agaatgcact 60
tttgatgga cagttgattg gcatggtcgt cctgctatca aagacaaatc tgggcaatgg 120
gttgctgga ttattatact tttgaacca ggtctagcaa cacttgcat ctttggtggt 180
ggtgtgaact tagttctggt cctgacaagg gttttgcaac aaagcaatgc cgatgctgct 240
aataacgta gcaaatggac cgggaccgtc tacatcttct ctcttggttg tgctttcctc 300
agcgattcct actggggaag atacaaaacc tgtgcaatth ttcaggatcat ctttgatcata 360
ggcctagtaa tcctatcact ctgctcatac cttttcttaa tcagacaaa aggatgtggg 420
aatgagctga ctccatgtgg atccattca agcatggaag tttcattggt ttacctctcc 480
attacctcg ttgctctagg aatggagggt tatcaacctt acattgctac atttggggct 540
gatcagtttg atgaagagga ccccagggaa ggacattcca aggttgcat ttttagctac 600
ttctacctgg cttgaacct cggttccctc ttttccaaca caatattggg gtattttgag 660
gatgaagggg tgtgggact aggattctgg gcgtctgcag gttctgcctt tgcagcattg 720
gtcttgtttc taggaggaac atctagatac cggcacttca aaccaagtgg taacctctc 780
tccaggttct gccaaatcat catcgtgca atgaagaaat ggaagctcga gatgccacga 840

gatggagagg aggagctgta taatgtccat gcaaaagatt gctc gatgaa tggcaacaga 900
aagattctcc aactgatgg attcaagttc ttggatagag cagctttcat ctcttcaaga 960
gatattgatg atcaaaagcg gggctgtcgc aacccatggc gtctgtgccc aattacacaa 1020
gtagaagaag ttaaatgcat actgagacta ctcccaattt ggctctgcac cataatctat 1080
tcagtggttt tcacacagat ggcctctctg tttgttgagc aggggtgctgc aatgaaaact 1140
acagtatcaa acttcaaaat ccctcctgcc agcatgtcta gcttcgatat tctaagtgtt 1200
gcgtttttca ttttcctata tcggcgagtt cttgatccac ttgtaagcag agttaaaaag 1260
acgggttcaa aaggactaac tgaacttcaa agaatgggtg ttggccttgt gatagcaata 1320
gtggcaatga tttcggctgg gcttgtggag tgttatagac tcaggtatgc aagaaaagac 1380
tgcacacact gtgaaggctc aagctctatg agcatcttct ggcaagttcc tcagtatgca 1440
cttattggag cttctgaagt tttcatgtat gttgggtcaac tggagttctt taatgcacaa 1500
actcctgatg gattaaagag cttcgggaagt gcactttgta tgacatctat ctcgctaggg 1560
aattacgtga gtagcttgct tgtgactatg gttatgaaga tctcgactga ggatcacatg 1620
cccggatgga tccccggaaa tctgaacaaa ggtcacctgg ataggtttta cttcctctta 1680
gcaaccttga caactataga cctagttgtg tatatagcat gtgctaggtg gtacaagtct 1740
atccaactgg aaggaaaatg cgagctgaat gatcaggaag agaacttcag agtctga 1797

<210> 486
<211> 598
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (108)..(517)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1538867

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1302,6 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 486
Met Ala Cys Leu Glu Val Cys Lys Glu Gly Lys Phe Lys Glu Gly Arg
1 5 10 15
Glu Glu Cys Thr Phe Asp Gly Thr Val Asp Trp His Gly Arg Pro Ala
20 25 30

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

Ser Leu Phe Val Glu Gln Gly Ala Ala Met Lys Thr Thr Val Ser Asn
 370 375 380
 Phe Lys Ile Pro Pro Ala Ser Met Ser Ser Phe Asp Ile Leu Ser Val
 385 390 395 400
 Ala Phe Phe Ile Phe Leu Tyr Arg Arg Val Leu Asp Pro Leu Val Ser
 405 410 415
 Arg Val Lys Lys Thr Gly Ser Lys Gly Leu Thr Glu Leu Gln Arg Met
 420 425 430
 Gly Val Gly Leu Val Ile Ala Ile Val Ala Met Ile Ser Ala Gly Leu
 435 440 445
 Val Glu Cys Tyr Arg Leu Arg Tyr Ala Arg Lys Asp Cys Thr His Cys
 450 455 460
 Glu Gly Ser Ser Ser Met Ser Ile Phe Trp Gln Val Pro Gln Tyr Ala
 465 470 475 480
 Leu Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu Phe
 485 490 495
 Phe Asn Ala Gln Thr Pro Asp Gly Leu Lys Ser Phe Gly Ser Ala Leu
 500 505 510
 Cys Met Thr Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser Ser Leu Leu Val
 515 520 525
 Thr Met Val Met Lys Ile Ser Thr Glu Asp His Met Pro Gly Trp Ile
 530 535 540
 Pro Gly Asn Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Arg Phe Tyr Phe Leu Leu
 545 550 555 560
 Ala Thr Leu Thr Thr Ile Asp Leu Val Val Tyr Ile Ala Cys Ala Arg
 565 570 575
 Trp Tyr Lys Ser Ile Gln Leu Glu Gly Lys Cys Glu Leu Asn Asp Gln
 580 585 590
 Glu Glu Asn Phe Arg Val
 595

<210> 487

<211> 1779

<212> ДНК

<213> *Medicago truncatula*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8755091

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 488

<400> 487

atggcttgct tagaggtctg caaagagggg aagttcaaag aagaacaga agagttaact 60

cttgatggga gtgttgattg gcatggtcgc ccatcaatca gagccacatc cgggagatgg 120

tttgccggaa	ctattatact	cttgaaccaa	ggcttagcaa	ccttagcatt	ctttggagtt	180
ggagtgaacc	tagttctggt	cttgacaagg	gtgttgggtc	aagataatgc	tgctgctgct	240
aacaatgtca	gcaagtggac	tggcacagtt	tacatcttct	ctcttgttgg	tgctttcctt	300
agtgattctt	attggggaag	atacaaaaca	tgtgctatct	ttcaaggcat	ttttgtaacc	360
ggcttagtat	ctttgtccgt	tacaacatac	cttgctttgc	ttagaccaa	aggttgtgga	420
aatggaaaac	ttgaatgtgg	ggaacattca	agtttggaaa	tgggaatggt	ctacctatca	480
atctatctga	ttgccttagg	aatggaggg	tatcaaccaa	acattgcaac	atttggtgct	540
gaccaatttg	atgaagatca	ctcaaaggag	agttattcaa	aagtggcatt	ttttagctac	600
ttttacttgg	cattgaacct	tggttcactt	ttctcaaaca	ctattttggg	ctattttgaa	660
gatgaaggat	tatgggctct	tgggttttgg	gcttctgctg	ggctctgcct	tttggctctt	720
gtactttttc	ttgttggcac	cccaaaatat	agacacttta	aaccttgtgg	caatcctctt	780
tctagattct	gccaagtgtt	tttcgctgct	tcaaggaaat	tgggagttca	aatgacttca	840
aatggagatg	acttgtatgt	catagatgaa	aaggagtctt	ctaacaactc	caacagaaag	900
attctccaca	cacatggctt	caagtttttg	gatagggcag	cttatataac	ttcaagagat	960
ttagaggtcc	aaaaggagg	ccaacataac	ccatggtatc	tgtgtcctat	tactcaagtt	1020
gaagaagtaa	aatgcatact	aagacttctt	ccaatttggc	tttgcacaa	aatctactca	1080
gtagttttca	ctcagatggc	ttcccttttt	gtggagcaag	gtgctgcaat	gaaaaccaca	1140
atctccagtt	tcaaaatacc	accagcaagc	atgtctagct	tcgatatcct	cagcgtagcc	1200
atcttcattt	tcttctaccg	tcgagtactt	gatccactcg	tcggaaaact	caaaaaatca	1260
agttccaagg	gactcactga	acttcaaaga	atgggaatcg	gtctcgttat	agctataatc	1320
gcaatggtta	cagctggaat	agttgaatgt	tacaggctta	agtatgcaaa	acaaggtgac	1380
acaagctctc	taagtatctt	ctggcaaatt	cctcagtatg	cacttatagg	agcttctgag	1440
gtttttatgt	atgtaggaca	attagaattt	ttcaatgctc	aaacacctga	tggattaaag	1500
agctttggaa	gtgcactttg	catgacaagt	atctcacttg	ggaactatgt	gagtagctta	1560
attgttagta	ttgttatgaa	gatttcaact	gaagatcaca	tgccaggatg	gatccctgga	1620
aacttgaata	gaggtcactt	ggataggttt	ttcttcctat	tggctgtttt	gacttcttta	1680
gatttgattg	cttatattgc	atgtgcaaag	tggtttcaga	atattcagat	ggcatgcaaa	1740
tatgataaca	atgacgagcc	tagtagctgc	aaagtttaa			1779

<210> 488

<211> 592

<212> белок

<213> *Medicago truncatula*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (108)..(511)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8755091

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1252,7 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 488

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

Val Leu Phe Leu Val Gly Thr Pro Lys Tyr Arg His Phe Lys Pro Cys
 245 250 255

Gly Asn Pro Leu Ser Arg Phe Cys Gln Val Phe Phe Ala Ala Ser Arg
 260 265 270

Lys Leu Gly Val Gln Met Thr Ser Asn Gly Asp Asp Leu Tyr Val Ile
 275 280 285

Asp Glu Lys Glu Ser Ser Asn Asn Ser Asn Arg Lys Ile Leu His Thr
 290 295 300

His Gly Phe Lys Phe Leu Asp Arg Ala Ala Tyr Ile Thr Ser Arg Asp
 305 310 315 320

Leu Glu Val Gln Lys Gly Gly Gln His Asn Pro Trp Tyr Leu Cys Pro
 325 330 335

Ile Thr Gln Val Glu Glu Val Lys Cys Ile Leu Arg Leu Leu Pro Ile
 340 345 350

Trp Leu Cys Thr Ile Ile Tyr Ser Val Val Phe Thr Gln Met Ala Ser
 355 360 365

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

Lys Ile Pro Pro Ala Ser Met Ser Ser Phe Asp Ile Leu Ser Val Ala
 385 390 395 400

Ile Phe Ile Phe Phe Tyr Arg Arg Val Leu Asp Pro Leu Val Gly Lys
 405 410 415

Leu Lys Lys Ser Ser Ser Lys Gly Leu Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly
 420 425 430

Ile Gly Leu Val Ile Ala Ile Ile Ala Met Val Thr Ala Gly Ile Val
 435 440 445

Glu Cys Tyr Arg Leu Lys Tyr Ala Lys Gln Gly Asp Thr Ser Ser Leu
 450 455 460

Ser Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Ala Leu Ile Gly Ala Ser Glu
 465 470 475 480

Val Phe Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe Asn Ala Gln Thr Pro
 485 490 495

Asp Gly Leu Lys Ser Phe Gly Ser Ala Leu Cys Met Thr Ser Ile Ser
 500 505 510

Leu Gly Asn Tyr Val Ser Ser Leu Ile Val Ser Ile Val Met Lys Ile
 515 520 525

Ser Thr Glu Asp His Met Pro Gly Trp Ile Pro Gly Asn Leu Asn Arg
 530 535 540

Gly His Leu Asp Arg Phe Phe Phe Leu Leu Ala Val Leu Thr Ser Leu
 545 550 555 560

Asp Leu Ile Ala Tyr Ile Ala Cys Ala Lys Trp Phe Gln Asn Ile Gln
 565 570 575

Met Ala Cys Lys Tyr Asp Asn Asn Asp Glu Pro Ser Ser Cys Lys Val
580 585 590

<210> 489

<211> 1713

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1492702

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 490

<400> 489

atggcagagg aggatgttta taaaaagat ggaacagtgg attatcgtgg gaatccagct 60
aasaaaaagg agacgggaac ctggagagcc tgcccttata ttataggaaa tgaattttgt 120
gaacgattgg cttactatgg gatgagctcc aatctgattc tttatttcaa gcacagactg 180
aatcaaaaa gcgctacagc tactagaaat aacttgaatt ggggtggaac gtgctatctc 240
actccattga ttggagcatt ctttgctgat gcttatcttg gtagatattg gacgattgct 300
tgtttctcca tcatatatgt tatggggatg acacttttga caatctcagc tactgtccct 360
ggcctaaggc caaaatgtta tgcagaagat gattgtaatc caacagatgc tcaaagtgca 420
ttagcttttg tatcacttta cctaatagca ctaggcaactg gtggtattaa gccttgtgtc 480
tcatcctatg gagcagatca gtttgatgac gctgatgagg ttgagaaaaa acacaagagt 540
tctttcttca actggttcta cctctcaatt aatgttgggtg ctcttattgc cggttctgtg 600
ctggtttggg tacaagataa tgtgagttgg ggttgggggtt ttggcattcc agcaatagcc 660
atggcaattg cggttgagc cttcttttca ggtactcggg ttgttcaggta tcaaaagcct 720
ggaggcagcc ctcttactcg catctgtcag gtgctgttgg catccttcag aaaaaagaaa 780
gttgaagttc cagctgacaa ggctttgttg tatgagactg cggatgccga atccaacatc 840
aaaggaagcc gcaagcttga ccatactgaa gaatthagtt tccttgacaa ggcagcagtg 900
gaaacagaaa aggacgacat aaaggggcca gtagacccat ggagactttg cactgtaacc 960
caagttgagg agctaaagtc tatcattcgg ttgcttccca tatgggccac aggtatcatc 1020
tttactgcag tgtacagcca gatggggaac ctatttgtgc tgcaaggtga acagatggat 1080
aaatagtgtg gaaactcaa tttccagata ccatctgcat ctctatcaat ctttgacact 1140
cttagtgtca ttttttgggt cccggctctat gaccgaatta ttgtcccagt tgcaagaaaa 1200
tacaccggac aaaaaatgg cttactcaa ctgcagcggg tgggcattgg tctcttcata 1260
tcaatatttt ccatggatc tgcagcaatc ttggaactta aaagacttga aatggtgaga 1320
aggcacaact cctacgaact taaaaccgtg cccttgtcta tattttggca agctccacag 1380

tatttcctga taggggtgtgc agaagttttc acattcatcg gacagttgga attcctctac 1440
gagcaagcac ctgatgcaat gaggagcatg tgttctgccc taccactcac caccgtcgca 1500
cttggtagtt acttaagctc tcttcttgta accattgtta caagcatcag cactaagaat 1560
ggaaagcctg gatggatacc ggagaactta aattatggtc acattgatta cttcttctgg 1620
ctactgggag tactcagtgt gctgaatcta tgtgtctttc tcttgatctc aaattgggtac 1680
acgtataaaa agccagtgagg aactcttcgt tga 1713

<210> 490
<211> 570
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (96)..(499)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1492702

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1122,2 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 490
Met Ala Glu Glu Asp Val Tyr Thr Lys Asp Gly Thr Val Asp Tyr Arg
1 5 10 15
Gly Asn Pro Ala Asn Lys Lys Glu Thr Gly Thr Trp Arg Ala Cys Pro
20 25 30
Tyr Ile Ile Gly Asn Glu Phe Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Met
35 40 45
Ser Ser Asn Leu Ile Leu Tyr Phe Lys His Arg Leu Asn Gln Gln Ser
50 55 60
Ala Thr Ala Thr Arg Asn Asn Leu Asn Trp Gly Gly Thr Cys Tyr Leu
65 70 75 80
Thr Pro Leu Ile Gly Ala Phe Phe Ala Asp Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr
85 90 95
Trp Thr Ile Ala Cys Phe Ser Ile Ile Tyr Val Met Gly Met Thr Leu
100 105 110
Leu Thr Ile Ser Ala Thr Val Pro Gly Leu Arg Pro Lys Cys Tyr Ala
115 120 125
Glu Asp Asp Cys Asn Pro Thr Asp Ala Gln Ser Ala Leu Ala Phe Val
130 135 140

Ser Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val
 145 150 155 160

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

Lys His Lys Ser Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Leu Ser Ile Asn Val
 180 185 190

Gly Ala Leu Ile Ala Gly Ser Val Leu Val Trp Val Gln Asp Asn Val
 195 200 205

Ser Trp Gly Trp Gly Phe Gly Ile Pro Ala Ile Ala Met Ala Ile Ala
 210 215 220

Val Ala Ser Phe Phe Ser Gly Thr Arg Leu Phe Arg Tyr Gln Lys Pro
 225 230 235 240

Gly Gly Ser Pro Leu Thr Arg Ile Cys Gln Val Leu Leu Ala Ser Phe
 245 250 255

Arg Lys Lys Lys Val Glu Val Pro Ala Asp Lys Ala Leu Leu Tyr Glu
 260 265 270

Thr Ala Asp Ala Glu Ser Asn Ile Lys Gly Ser Arg Lys Leu Asp His
 275 280 285

Thr Glu Glu Phe Ser Phe Leu Asp Lys Ala Ala Val Glu Thr Glu Lys
 290 295 300

Asp Asp Ile Lys Gly Pro Val Asp Pro Trp Arg Leu Cys Thr Val Thr
 305 310 315 320

Gln Val Glu Glu Leu Lys Ser Ile Ile Arg Leu Leu Pro Ile Trp Ala
 325 330 335

Thr Gly Ile Ile Phe Thr Ala Val Tyr Ser Gln Met Gly Asn Leu Phe
 340 345 350

Val Leu Gln Gly Glu Gln Met Asp Lys Tyr Val Gly Asn Ser Asn Phe
 355 360 365

Gln Ile Pro Ser Ala Ser Leu Ser Ile Phe Asp Thr Leu Ser Val Ile
 370 375 380

Phe Trp Val Pro Val Tyr Asp Arg Ile Ile Val Pro Val Ala Arg Lys
 385 390 395 400

Tyr Thr Gly His Lys Asn Gly Leu Thr Gln Leu Gln Arg Met Gly Ile
 405 410 415

Gly Leu Phe Ile Ser Ile Phe Ser Met Val Ser Ala Ala Ile Leu Glu
 420 425 430

Leu Lys Arg Leu Glu Met Val Arg Arg His Asn Ser Tyr Glu Leu Lys
 435 440 445

Thr Val Pro Leu Ser Ile Phe Trp Gln Ala Pro Gln Tyr Phe Leu Ile
 450 455 460

Gly Cys Ala Glu Val Phe Thr Phe Ile Gly Gln Leu Glu Phe Phe Tyr
 465 470 475 480

Glu Gln Ala Pro Asp Ala Met Arg Ser Met Cys Ser Ala Leu Ser Leu
 485 490 495
 Thr Thr Val Ala Leu Gly Ser Tyr Leu Ser Ser Leu Leu Val Thr Ile
 500 505 510
 Val Thr Ser Ile Ser Thr Lys Asn Gly Lys Pro Gly Trp Ile Pro Glu
 515 520 525
 Asn Leu Asn Tyr Gly His Ile Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Gly Val
 530 535 540
 Leu Ser Val Leu Asn Leu Cys Val Phe Leu Leu Ile Ser Asn Trp Tyr
 545 550 555 560
 Thr Tyr Lys Lys Pro Val Gly Thr Leu Arg
 565 570

<210> 491
 <211> 1887
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 325604

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 492

<400> 491
 ggggttgggg gaggcctct gtctccatgg atgaggcagc agggctgctg ttgcaagaag 60
 aggggtggagg tggggacca gaagctctcc tccttccact tccacaggat gttggccttt 120
 acacaggtga tggatctggt gatgtcaaag ggcgcctcgc gttaaagggc actacaggca 180
 attgaaagc atgctttttc atcctagggg atgaatggtg tgaaaggctg gcctactacg 240
 gaattgcaaa aaacctagtt acttatttga aagtgaagct tcatctaggc aacctcgagg 300
 ctgcaagaca tgttaccact tggcaaggga catgctatct cactcccctt gttggaggca 360
 tcttagcaga ctctcgttgg gggaaatact ggactattgc tgttttctca tcggtttact 420
 ttattggcct ggctatttta acgctttctg catcagtcct agcgttgcaa ccaccttcat 480
 gtttaaggac agtttgtcca gaagcaagct tacttcagta tggcatattt tttggtggcc 540
 tctatatgat tgccttaggg actggaggta tcaaaccttg tgtctcctcc tttggagctg 600
 atcaatttga tgacactgac caagcagaga gagctaagaa gggttcatte ttcaattggt 660
 tctacttctg tataaatata gtttcattca tadcaggcac tatgatagtg tggatacaag 720
 ataactggt ttggggaata ggctttgcga ttctactat attcatggca ttagctattt 780
 cattcttctt ctgagcttca aataagtaca gattccaaaa acctgggtggg agtccactca 840
 caagagtgtg ccagggtggtt atagcagcat ttcgtaagtg gcacattgaa gtgccacatg 900
 atacatctct cctatatgaa gttgatggcc aaacttcagc aattgaagga agccggaagc 960

tggagcacac aaatgagctc gagttccttg atagagctgc tgttatctca tctgctgac 1020
 tgaagagtga atcctttacc gacccatgga agctttgcac agttaccag gtggaagaat 1080
 tgaagatcct aataagaatg tttcccattt gggctactac tatcatattc agtgctgttt 1140
 atgccccaaa ctcttccatg ttcatagagc agggcatggt tcttgacaag cgcattgggt 1200
 ctttcaacat tcctcctgca tctctctcca cttttgatgt aatcagcgtc atcatgtggg 1260
 tcccactcta tgaccgcatc ctggtgccac tagctagaaa attcactgga agggagaagg 1320
 gtttttctga gctacagcgg atgggaattg gattagtctt gtccattctc gcgatgttat 1380
 ctgcagctct agttgagttg aagcgtttag agattgccag gtctgaaggt ctcattcatg 1440
 agaaggctgc tgttccaatg agcattcttt ggcaaatacc acaatatttc ttgggtgggcg 1500
 ctgctgaggt gtttacttgt attggtcaag ttgagttctt ttacgatcag gccccagatg 1560
 ccatgaggag tttatgtagt gcacttgcac ttattacagt ctcactggga aactatataa 1620
 gtcctcatcat actgacattg gtgtcgtaca ttacaactca gggaggagat cctggatgga 1680
 tcctgacaa tctgaatgaa ggccatctcg accggttctt ttggttaatt gcagggataa 1740
 gctttgtaaa tttgatagtt tatatggggt gtgctgtcag atacagatat aagaaagcct 1800
 cttgattata tttatgtgaa ctcttgtaat gtgatttccc attcccgata tcatacttat 1860
 caaatacaat gcactgtaca gatttct 1887

<210> 492
 <211> 592
 <212> белок
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (121)..(525)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 325604

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1162,3 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 492
 Met Asp Glu Ala Ala Gly Leu Leu Leu Gln Glu Glu Gly Gly Gly Gly
 1 5 10 15
 Asp Gln Glu Ala Leu Leu Leu Pro Leu Pro Gln Asp Val Gly Leu Tyr
 20 25 30

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

Ser Ala Val Tyr Ala Gln Asn Ser Ser Met Phe Ile Glu Gln Gly Met
 370 375 380
 Val Leu Asp Lys Arg Ile Gly Ser Phe Asn Ile Pro Pro Ala Ser Leu
 385 390 395 400
 Ser Thr Phe Asp Val Ile Ser Val Ile Met Trp Val Pro Leu Tyr Asp
 405 410 415
 Arg Ile Leu Val Pro Leu Ala Arg Lys Phe Thr Gly Arg Glu Lys Gly
 420 425 430
 Phe Ser Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Val Leu Ser Ile Leu
 435 440 445
 Ala Met Leu Ser Ala Ala Leu Val Glu Leu Lys Arg Leu Glu Ile Ala
 450 455 460
 Arg Ser Glu Gly Leu Ile His Glu Lys Ala Ala Val Pro Met Ser Ile
 465 470 475 480
 Leu Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe Leu Val Gly Ala Ala Glu Val Phe
 485 490 495
 Thr Cys Ile Gly Gln Val Glu Phe Phe Tyr Asp Gln Ala Pro Asp Ala
 500 505
 Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu Ala Leu Ile Thr Val Ser Leu Gly
 515 520 525
 Asn Tyr Ile Ser Ser Ile Ile Leu Thr Leu Val Ser Tyr Ile Thr Thr
 530 535 540
 Gln Gly Gly Asp Pro Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu Asn Glu Gly His
 545 550 555 560
 Leu Asp Arg Phe Phe Trp Leu Ile Ala Gly Ile Ser Phe Val Asn Leu
 565 570 575
 Ile Val Tyr Met Gly Cys Ala Val Arg Tyr Arg Tyr Lys Lys Ala Ser
 580 585 590

<210> 493
 <211> 621
 <212> белок
 <213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (150)..(552)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 108707040

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1063,1 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 493

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

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

<210> 494

<211> 1845

<212> ДНК

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1302517

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 495

<400> 494
atgtccttgcc tagagattta taacaaagac acgatgaaga agaaagaagg agaagaagaa 60
acaagagatg ggacagtgga ttactatggg cgtccctcta ttcgttctaa ctcaggccaa 120
tgggttgctg gcatcgtcat tcttctgaac caggggctgg ctacactagc cttctttgga 180
gttggagtga acttgggtgct cttcctaact cgcgttttgc agcagaacaa cgcagacgca 240
gctaacaacg ttagcaaatg gacagggact gtttatatct tctcattggg tggagcgttt 300
ctcagcgatt cgtattgggg tcgttacaag acttgtgcta tcttccaagt cttttttgtc 360
attggacttt catcgctatc gctatcatca tacatgttct tgattagacc aagaggttgt 420
ggggacgaag tcacgccttg tggttcacat tccatgatgg agatcacaat gttctacttc 480
tcgatctact tgatcgcatt gggatatggc ggttaccaac caaacattgc aacgcttgga 540
gcggatcagt tcgatgagga gcatcctaaa gaaggggtact cgaagattgc gtttttcagc 600
tacttttacc ttgctttaa cctcggatcg ctcttttcga acaccatctt ggggtatttt 660
gaggatgagg gaatgtgggc actcggggtt tgggcatcca ctggctctgc tatcattggg 720
ttgattcttt tccttgttgg aacaccgaga taccgatatt tcaagcccac ggggaatcct 780
ctttcgagg tttgccaagt tttggctgct gcaacgaaga aatcatcggg ggaggcacca 840
ttaagagggg gagaggagat gtatgacgga gacagcgaag ggaaaaatgc ttcagttaac 900
acagggagaa ggatagtgca taccgatgaa ttcaagttct tggacaaagc agcgtacatc 960
acagctagag atctagatga caagaaaca gactcagtga acccatggag gctctgtcca 1020
gtgacacaag tcgaggaagt caagtgtatt cttagactga tgccaatttg gctctgcaact 1080
ataatctact cagtcgtctt cactcaaagt gcctctctct ttgtggagca aggcgctgca 1140
atgaatacct ctgtctcaga tttcaaaatc cccccggcaa gtatgtccag cttcgacatc 1200
cttagcgtcg ctttgttcat attcctgtac cgcagagttc tcgagccagt agccaacaga 1260
ttcaaaaaga atggatcaaa agaatcacc gagcttcaca ggatgggaat cggacttgtg 1320
attgctgtca tagctatgat tgcagccggg attgtggaat gctataggct taagtatgca 1380
gacaagagtt gtactcactg tgatggctca agctccttaa gcatcttctg gcaggctcca 1440
caatactcac tcatcggggc atcagaagtg ttcattgtac tgggtcagct tgagttcttc 1500
aacgcgcaaa caccagacgg actaaagagc ttcgggagcg ctctgtgtat gatgtcaatg 1560
tcaatgggga actttgtag tagcttggtg gtaacaatgg tgggtgaagat ctcaacagag 1620
gatcacatgc ctgggtggat tccaaggaat ctcaacaaag gtcacttaga cagattctat 1680

ttcctcctgg ctgcgttgac gagcattgac ctgggtggtat acattgcatg tgcaaaatgg 1740
 tacaaccta tacaactaga aggaaaagat gagatgcaag acatgagtga tgatgactat 1800
 gacaccgaga gtgaagagga acgagagaag gattctaaag tctaa 1845

<210> 495
 <211> 614
 <212> белок
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (109)..(520)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1302517

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1239,2 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 495
 Met Ser Cys Leu Glu Ile Tyr Asn Lys Asp Thr Met Lys Lys Lys Glu
 1 5 10 15
 Gly Glu Glu Glu Thr Arg Asp Gly Thr Val Asp Tyr Tyr Gly Arg Pro
 20 25 30
 Ser Ile Arg Ser Asn Ser Gly Gln Trp Val Ala Gly Ile Val Ile Leu
 35 40 45
 Leu Asn Gln Gly Leu Ala Thr Leu Ala Phe Phe Gly Val Gly Val Asn
 50 55 60
 Leu Val Leu Phe Leu Thr Arg Val Leu Gln Gln Asn Asn Ala Asp Ala
 65 70 75 80
 Ala Asn Asn Val Ser Lys Trp Thr Gly Thr Val Tyr Ile Phe Ser Leu
 85 90 95
 Val Gly Ala Phe Leu Ser Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Lys Thr Cys
 100 105 110
 Ala Ile Phe Gln Val Ile Phe Val Ile Gly Leu Ser Ser Leu Ser Leu
 115 120 125
 Ser Ser Tyr Met Phe Leu Ile Arg Pro Arg Gly Cys Gly Asp Glu Val
 130 135 140
 Thr Pro Cys Gly Ser His Ser Met Met Glu Ile Thr Met Phe Tyr Phe
 145 150 155 160
 Ser Ile Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Tyr Gly Gly Tyr Gln Pro Asn Ile
 165 170 175

Ala Thr Leu Gly Ala Asp Gln Phe Asp Glu Glu His Pro Lys Glu Gly
180 185 190
Tyr Ser Lys Ile Ala Phe Phe Ser Tyr Phe Tyr Leu Ala Leu Asn Leu
195 200 205
Gly Ser Leu Phe Ser Asn Thr Ile Leu Gly Tyr Phe Glu Asp Glu Gly
210 215 220
Met Trp Ala Leu Gly Phe Trp Ala Ser Thr Gly Ser Ala Ile Ile Gly
225 230 235 240
Leu Ile Leu Phe Leu Val Gly Thr Pro Arg Tyr Arg Tyr Phe Lys Pro
245 250 255
Thr Gly Asn Pro Leu Ser Arg Phe Cys Gln Val Leu Val Ala Ala Thr
260 265 270
Lys Lys Ser Ser Val Glu Ala Pro Leu Arg Gly Arg Glu Glu Met Tyr
275 280 285
Asp Gly Asp Ser Glu Gly Lys Asn Ala Ser Val Asn Thr Gly Arg Arg
290 295 300
Ile Val His Thr Asp Glu Phe Lys Phe Leu Asp Lys Ala Ala Tyr Ile
305 310 315 320
Thr Ala Arg Asp Leu Asp Asp Lys Lys Gln Asp Ser Val Asn Pro Trp
325 330 335
Arg Leu Cys Pro Val Thr Gln Val Glu Glu Val Lys Cys Ile Leu Arg
340 345 350
Leu Met Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Ile Tyr Ser Val Val Phe Thr
355 360 365
Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Glu Gln Gly Ala Ala Met Asn Thr Ser
370 375 380
Val Ser Asp Phe Lys Ile Pro Pro Ala Ser Met Ser Ser Phe Asp Ile
385 390 395 400
Leu Ser Val Ala Leu Phe Ile Phe Leu Tyr Arg Arg Val Leu Glu Pro
405 410 415
Val Ala Asn Arg Phe Lys Lys Asn Gly Ser Lys Gly Ile Thr Glu Leu
420 425 430
His Arg Met Gly Ile Gly Leu Val Ile Ala Val Ile Ala Met Ile Ala
435 440 445
Ala Gly Ile Val Glu Cys Tyr Arg Leu Lys Tyr Ala Asp Lys Ser Cys
450 455 460
Thr His Cys Asp Gly Ser Ser Ser Leu Ser Ile Phe Trp Gln Ala Pro
465 470 475 480
Gln Tyr Ser Leu Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly Gln
485 490 495
Leu Glu Phe Phe Asn Ala Gln Thr Pro Asp Gly Leu Lys Ser Phe Gly
500 505 510

Ser Ala Leu Cys Met Met Ser Met Ser Met Gly Asn Phe Val Ser Ser
515 520 525

Leu Leu Val Thr Met Val Val Lys Ile Ser Thr Glu Asp His Met Pro
530 535 540

Gly Trp Ile Pro Arg Asn Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Arg Phe Tyr
545 550 555 560

Phe Leu Leu Ala Ala Leu Thr Ser Ile Asp Leu Val Val Tyr Ile Ala
565 570 575

Cys Ala Lys Trp Tyr Lys Pro Ile Gln Leu Glu Gly Lys Asp Glu Met
580 585 590

Gln Asp Met Ser Asp Asp Asp Tyr Asp Thr Glu Ser Glu Glu Glu Arg
595 600 605

Glu Lys Asp Ser Lys Val
610

<210> 496
<211> 1830
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1355964

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 497

<400> 496
atggcgcgcta tggatccgag aaataatggc aacgttgctc cgctaaatga gcgggagaga 60
gcagaaaatt tggaagttcg tgaagtggta gaggttcaag atgatcaaag tgtgggtgtct 120
cttatgtcca acgattctga ccttcagaaa aagatgatga agaaagagga gaagaagaat 180
ggtggctgga caaacgcaat cattttgcta gtaaatcaag ggtagctac attggccttc 240
tttgggtgtgg gagtaaactt ggtgttgctc ctaacacgtg ttatgggaca aggtaatgca 300
gaagctgcga acaatgtaag caagtggaca ggaacagttt acatgttctc tctcgttggg 360
gcatttctta gtgactccta ttggggctcg tacttgactt gcacgatatt ccaagtcac 420
ttcgttatcg gtgttggcct cctctctttt gtctcttggg ttttcttgat taaacctcga 480
ggatgtggcg atggggacct tgaatgcaac cctccctctt ccctcggagt tgctatcttt 540
tatctatctg tatatttggg agcttttggg tacggaggcc accagccaac gctggctact 600
ttcgggtgcag accagcttga tgatgataaa aactcceaag ctgcgttttt cagctacttc 660
tactttgctc tcaacgtggg agctctcttt tcaaacacaa tccttgttta ttttgaggat 720
aaagggttgt ggactgaagg tttcttgggtg tcaactaggct ccgctattgt cgcattgggtg 780
gcttttttgg cccaacaag acaatatcgt tatgtcaagc cgtgtggtaa cccgttgct 840

cgtgtggcgc aagtatttgt ggccactgct cgtaagtgga gtggttctcg accaggagat 900
 ccgcatgagt tgtacgaact tgaaggtcct gaatccgcca ttaaaggaag tcgaaagata 960
 tttcatagta ccaaatttct cttcttggat agagcagcag tgattacaga gaatgatagg 1020
 aatgggacaa ggagcaatgc atggaggttg tgcagtgtaa ctcaagtaga ggaggcaaaa 1080
 tgtgtgatga agttgcttcc aatatggcta tgcactataa tctactcagt gatcttcaca 1140
 caaatggcgt cattgtttgt ggagcaaggt gatgtgatga atgcatacgt agggaaatc 1200
 cacatccccg cagcgagcat gtcgggtcttc gacatattca gcgtctttgt atcaacagga 1260
 atctaccgcc acatcatatt tccatacgtg agaccacgg aacttatgcg gatggggata 1320
 gggctgatca tagggataat ggcaatggta gctgcaggat taacagagat ccaacggctg 1380
 aaacgagtag tcccggggca aaaggagagt gagctcacca ttttatggca aattccacag 1440
 tacgtgcttg tgggagcaag tgaggtgttc atgtacgttg gacagttaga gttcttcaac 1500
 ggacaagcac cagacgggtt aaagaactta ggaagctcgt tgtgtatggc ttcgatggct 1560
 ttaggtaact acgtgagcag tttgatggtt aatattgtta tggccataac caaaagaggt 1620
 gagaatagcc ccgggtggat accggaaaat ctcaacgaag gtcatatgga tcggttttat 1680
 tttctgattg ccgcgtttagc agctatcgat tttgtggttt atttgatatt tgcaaagtgg 1740
 taccaacca taagtcatga tgaagatagt atcaagggcg gttctggtgg tagtctgaag 1800
 aagaccgttt ctgagttgga acaagtttga 1830

<210> 497
 <211> 609
 <212> белок
 <213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (131)..(519)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1355964

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1088,7 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 497
 Met Ala Ala Met Asp Pro Arg Asn Asn Gly Asn Val Ala Pro Leu Asn
 1 5 10 15

Glu Arg Glu Arg Ala Glu Asn Leu Glu Val Arg Glu Val Val Glu Val
 20 25 30

Gln Asp Asp Gln Ser Val Val Ser Leu Met Ser Asn Asp Ser Asp Leu
 35 40 45

Gln Lys Lys Met Met Lys Lys Glu Glu Lys Lys Asn Gly Gly Trp Thr
 50 55 60

Asn Ala Ile Ile Leu Leu Val Asn Gln Gly Leu Ala Thr Leu Ala Phe
 65 70 75 80

Phe Gly Val Gly Val Asn Leu Val Leu Phe Leu Thr Arg Val Met Gly
 85 90 95

Gln Gly Asn Ala Glu Ala Ala Asn Asn Val Ser Lys Trp Thr Gly Thr
 100 105 110

Val Tyr Met Phe Ser Leu Val Gly Ala Phe Leu Ser Asp Ser Tyr Trp
 115 120 125

Gly Arg Tyr Leu Thr Cys Thr Ile Phe Gln Val Ile Phe Val Ile Gly
 130 135 140

Val Gly Leu Leu Ser Phe Val Ser Trp Phe Phe Leu Ile Lys Pro Arg
 145 150 155 160

Gly Cys Gly Asp Gly Asp Leu Glu Cys Asn Pro Pro Ser Ser Leu Gly
 165 170 175

Val Ala Ile Phe Tyr Leu Ser Val Tyr Leu Val Ala Phe Gly Tyr Gly
 180 185 190

Gly His Gln Pro Thr Leu Ala Thr Phe Gly Ala Asp Gln Leu Asp Asp
 195 200 205

Asp Lys Asn Ser Lys Ala Ala Phe Phe Ser Tyr Phe Tyr Phe Ala Leu
 210 215 220

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

Lys Gly Leu Trp Thr Glu Gly Phe Leu Val Ser Leu Gly Ser Ala Ile
 245 250 255

Val Ala Leu Val Ala Phe Leu Ala Pro Thr Arg Gln Tyr Arg Tyr Val
 260 265 270

Lys Pro Cys Gly Asn Pro Leu Pro Arg Val Ala Gln Val Phe Val Ala
 275 280 285

Thr Ala Arg Lys Trp Ser Val Val Arg Pro Gly Asp Pro His Glu Leu
 290 295 300

Tyr Glu Leu Glu Gly Pro Glu Ser Ala Ile Lys Gly Ser Arg Lys Ile
 305 310 315 320

Phe His Ser Thr Lys Phe Leu Phe Leu Asp Arg Ala Ala Val Ile Thr
 325 330 335

Glu Asn Asp Arg Asn Gly Thr Arg Ser Asn Ala Trp Arg Leu Cys Ser
 340 345 350

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

Val

<210> 498

<211> 1758

<212> ДНК

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8755104

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 499

<400> 498

atggccgcta tggatccgag aaataatggc aaccgggaga gagcagaaaa tttggaagtt 60
cgtgaagtgg tagaggttca agatgatcaa agtgtggaga agaagaatgg tggctggaca 120
aacgcaatca ttttgctagt aaatcaaggg ttagctacat tggccttctt tgggtgtggga 180
gtaaacttgg tgttgttcct aacacgtggt atgggacaag gtaatgcaga agctgcgaac 240
aatgtaagca agtggacagg aacagtttac atgttctctc tcgttggggc atttcttagt 300
gactcctatt ggggtcgtta cttgacttgc acgatattcc aagtcattctt cgttatcggg 360
gttggcctcc tctcttttgt ctcttggttt ttcttgatta aacctcgagg atgtggcgat 420
ggggaccttg aatgcaaccc tccctcttcc ctccgagttg ctatctttta tctatctgta 480
tatttggtag cttttggata cggaggccac cagccaacgc tggctacttt cgggtgcagac 540
cagcttgatg atgataaaaa ctccaaagct gcgtttttca gctacttcta ctttgctctc 600
aacgtgggag ctctcttttc aaacacaatc cttgtttatt ttgaggataa aggggttgtgg 660
actgaagggt tcttggtgtc actaggctcc gctattgtcg cattggtggc ttttttggcc 720
ccaacaagac aatatcgta tgtcaagccg tgtggtaacc cgttgcctcg tgtggcgcaa 780
gtatttgtgg cactgctcg taagtggagt gttgttcgac caggagatcc gcatgagttg 840
tacgaacttg aaggtcctga atccgccatt aaaggaagtc gaaagatatt tcatagtacc 900
aaatttctct tcttgatag agcagcagtg attacagaga atgataggaa tgggacaagg 960
agcaatgcat ggaggttgtg cagtgtaact caagtagagg aggcaaaatg tgtgatgaag 1020
ttgcttcaa tatggctatg cactataatc tactcagtga tcttcacaca aatggcgta 1080
ttgtttgtgg agcaaggta tgtgatgaat gcatacgtag ggaaattcca catccccgca 1140
gcgagcatgt cggctctcga catattcagc gtctttgtat caacaggaat ctaccgccac 1200
atcatatttc catacgtgag acccacggaa cttatgcgga tggggatagg gctgatcata 1260
gggataatgg caatggtagc tgcaggatta acagagatcc aacggctgaa acgagtagtc 1320
ccggggcaaa aggagagtga gctcaccatt ttatggcaaa ttccacagta cgtgcttgtg 1380
ggagcaagtg aggtgttcat gtacgttggg cagtttagagt tcttcaacgg acaagcacca 1440
gacgggttaa agaacttagg aagctcgttg tgtatggctt cgatggcttt aggtaactac 1500
gtgagcagtt tgatggttaa tattgttatg gccataacca aaagagggtga gaatagcccc 1560
gggtggatac cggaaaatct caacgaaggc catatggatc ggttttatct tctgattgcc 1620
gcgtagcag ctatcgattt tgtggtttat ttgatatttg caaagtggta ccaaccata 1680
agtcatgatg aagatagtat caagggcggg tctggtggta gtctgaagaa gaccgtttct 1740
gagttggaac aagtttga 1758

<210> 499

<211> 585
<212> белок
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (107)..(495)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8755104

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1097,7 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 499

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

Thr Ile Leu Val Tyr Phe Glu Asp Lys Gly Leu Trp Thr Glu Gly Phe
 210 215 220

Leu Val Ser Leu Gly Ser Ala Ile Val Ala Leu Val Ala Phe Leu Ala
 225 230 235 240

Pro Thr Arg Gln Tyr Arg Tyr Val Lys Pro Cys Gly Asn Pro Leu Pro
 245 250 255

Arg Val Ala Gln Val Phe Val Ala Thr Ala Arg Lys Trp Ser Val Val
 260 265 270

Arg Pro Gly Asp Pro His Glu Leu Tyr Glu Leu Glu Gly Pro Glu Ser
 275 280 285

Ala Ile Lys Gly Ser Arg Lys Ile Phe His Ser Thr Lys Phe Leu Phe
 290 295 300

Leu Asp Arg Ala Ala Val Ile Thr Glu Asn Asp Arg Asn Gly Thr Arg
 305 310 315 320

Ser Asn Ala Trp Arg Leu Cys Ser Val Thr Gln Val Glu Glu Ala Lys
 325 330 335

Cys Val Met Lys Leu Leu Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Ile Tyr Ser
 340 345 350

Val Ile Phe Thr Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Glu Gln Gly Asp Val
 355 360 365

Met Asn Ala Tyr Val Gly Lys Phe His Ile Pro Ala Ala Ser Met Ser
 370 375 380

Val Phe Asp Ile Phe Ser Val Phe Val Ser Thr Gly Ile Tyr Arg His
 385 390 395 400

Ile Ile Phe Pro Tyr Val Arg Pro Thr Glu Leu Met Arg Met Gly Ile
 405 410 415

Gly Leu Ile Ile Gly Ile Met Ala Met Val Ala Ala Gly Leu Thr Glu
 420 425 430

Ile Gln Arg Leu Lys Arg Val Val Pro Gly Gln Lys Glu Ser Glu Leu
 435 440 445

Thr Ile Leu Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Val Leu Val Gly Ala Ser Glu
 450 455 460

Val Phe Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe Asn Gly Gln Ala Pro
 465 470 475 480

Asp Gly Leu Lys Asn Leu Gly Ser Ser Leu Cys Met Ala Ser Met Ala
 485 490 495

Leu Gly Asn Tyr Val Ser Ser Leu Met Val Asn Ile Val Met Ala Ile
 500 505 510

Thr Lys Arg Gly Glu Asn Ser Pro Gly Trp Ile Pro Glu Asn Leu Asn
 515 520 525

Glu Gly His Met Asp Arg Phe Tyr Phe Leu Ile Ala Ala Leu Ala Ala
 530 535 540

Ile Asp Phe Val Val Tyr Leu Ile Phe Ala Lys Trp Tyr Gln Pro Ile
545 550 555 560

Ser His Asp Glu Asp Ser Ile Lys Gly Gly Ser Gly Gly Ser Leu Lys
565 570 575

Lys Thr Val Ser Glu Leu Glu Gln Val
580 585

<210> 500

<211> 568

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (96)..(497)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 147802380

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1155,1 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 500

Met Ala Glu Asp Asp Met Tyr Thr Lys Asp Gly Thr Met Asn Ile His
1 5 10 15

Asn Lys Pro Ala Asn Lys Lys Lys Thr Gly Gln Trp Lys Ala Cys Arg
20 25 30

Phe Ile Leu Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Met
35 40 45

Ser Thr Asn Leu Val Asn Tyr Leu Gln Ile Arg Leu Asn Gln Gly Asn
50 55 60

Val Thr Ala Ser Asn Asn Val Thr Asn Trp Ser Gly Thr Cys Tyr Ile
65 70 75 80

Thr Pro Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ala Asp Ala Tyr Phe Gly Arg Phe
85 90 95

Trp Ile Ile Ala Ile Phe Ser Ile Ile Tyr Phe Cys Gly Met Val Leu
100 105 110

Leu Thr Met Thr Ala Ser Ile Lys Gly Leu Arg Pro Ser Cys Asp Asp
115 120 125

Asn Gly Cys Asp Pro Thr Lys Leu Gln Ser Ala Val Cys Phe Ile Ala
130 135 140

Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val Ser
145 150 155 160

Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Val Asn Asp Glu Ala Glu Lys Lys
 165 170 175
 Lys Lys Ser Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Leu Ser Ile Asn Val Gly
 180 185 190
 Ala Leu Ile Ala Ser Ser Val Leu Val Trp Ile Gln Met Asn Val Gly
 195 200 205
 Trp Gly Trp Gly Phe Gly Ile Pro Ala Val Ala Met Ala Ile Ala Val
 210 215 220
 Val Ser Phe Phe Ser Gly Ser Arg Met Tyr Arg Leu Gln Lys Pro Gly
 225 230 235 240
 Gly Ser Pro Leu Thr Arg Ile Cys Gln Val Leu Val Ala Ser Thr Arg
 245 250 255
 Lys Tyr His Val Lys Val Pro Asn Asn Lys Ser Leu Leu Tyr Glu Thr
 260 265 270
 Lys Asp Ala Glu Ser Asn Ile Lys Gly Ser Cys Lys Leu Glu His Thr
 275 280 285
 Glu Lys Leu Arg Phe Phe Asp Lys Ala Ala Val Glu Val Glu Ser Asp
 290 295 300
 His Val Lys Ser Ser Asn Asn Pro Trp Lys Leu Cys Thr Val Thr Gln
 305 310 315 320
 Val Glu Glu Leu Lys Ser Ile Leu Arg Leu Leu Pro Val Trp Ala Thr
 325 330 335
 Gly Ile Leu Phe Ser Thr Val Tyr Ser Gln Met Ser Thr Met Phe Val
 340 345 350
 Leu Gln Gly Asn Thr Met Asp Gln His Met Gly Pro Asn Phe Lys Ile
 355 360 365
 Pro Ser Ala Ser Leu Ser Leu Phe Asp Thr Leu Ser Val Ile Phe Trp
 370 375 380
 Ala Pro Val Tyr Asp Arg Ile Ile Val Pro Phe Ala Arg Lys Phe Thr
 385 390 395 400
 Gly His Glu Arg Gly Phe Thr Gln Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu
 405 410 415
 Val Ile Ser Ile Ile Ser Met Ile Val Ala Gly Ile Leu Glu Val Ile
 420 425 430
 Arg Leu Asn Tyr Val Arg Lys His Asn Tyr Tyr Asp Leu Glu Tyr Ile
 435 440 445
 Pro Met Ser Ile Phe Trp Gln Val Pro Gln Tyr Phe Leu Ile Gly Cys
 450 455 460
 Ala Glu Val Phe Thr Phe Ile Gly Gln Leu Glu Phe Tyr Tyr Asp Gln
 465 470 475 480
 Ala Pro Asp Ala Thr Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu Ser Leu Thr Thr
 485 490 495

Asn Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Thr Leu Leu Val Thr Ile Val Asn
 500 505 510
 Lys Val Thr Thr Arg Asn Gly Lys Met Gly Trp Ile Pro Asp Asn Met
 515 520 525
 Asn Arg Gly His Leu Asp Tyr Phe Tyr Trp Leu Leu Ala Ile Leu Ser
 530 535 540
 Leu Leu Asn Phe Leu Val Tyr Leu Trp Ile Ala Lys Trp Tyr Thr Tyr
 545 550 555 560 565
 Lys Lys Val Thr Gly Arg Pro Gly
 565

<210> 501
 <211> 586
 <212> белок
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (113)..(518)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 510238

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1169,8 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 501
 Met Gly Ser Ile Glu Glu Glu Ala Arg Pro Leu Ile Glu Glu Gly Leu
 1 5 10 15
 Ile Leu Gln Glu Val Lys Leu Tyr Ala Glu Asp Gly Ser Val Asp Phe
 20 25 30
 Asn Gly Asn Pro Pro Leu Lys Glu Lys Thr Gly Asn Trp Lys Ala Cys
 35 40 45
 Pro Phe Ile Leu Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly
 50 55 60
 Ile Ala Gly Asn Leu Ile Thr Tyr Leu Thr Thr Lys Leu His Gln Gly
 65 70 75 80
 Asn Val Ser Ala Ala Thr Asn Val Thr Thr Trp Gln Gly Thr Cys Tyr
 85 90 95
 Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ala Tyr Trp Gly Arg
 100 105 110
 Tyr Trp Thr Ile Ala Cys Phe Ser Gly Ile Tyr Phe Ile Gly Met Ser
 115 120 125

Ala Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val Pro Ala Leu Lys Pro Ala Glu Cys
130 135 140
Ile Gly Asp Phe Cys Pro Ser Ala Thr Pro Ala Gln Tyr Ala Met Phe
145 150 155 160
Phe Gly Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro
165 170 175
Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Ser Arg
180 185 190
Glu Arg Val Arg Lys Ala Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile
195 200 205
Asn Ile Gly Ala Leu Val Ser Ser Ser Leu Leu Val Trp Ile Gln Glu
210 215 220
Asn Arg Gly Trp Gly Leu Gly Phe Gly Ile Pro Thr Val Phe Met Gly
225 230 235 240
Leu Ala Ile Ala Ser Phe Phe Phe Gly Thr Pro Leu Tyr Arg Phe Gln
245 250 255
Lys Pro Gly Gly Ser Pro Ile Thr Arg Ile Ser Gln Val Val Val Ala
260 265 270
Ser Phe Arg Lys Ser Ser Val Lys Val Pro Glu Asp Ala Thr Leu Leu
275 280 285
Tyr Glu Thr Gln Asp Lys Asn Ser Ala Ile Ala Gly Ser Arg Lys Ile
290 295 300
Glu His Thr Asp Asp Cys Gln Tyr Leu Asp Lys Ala Ala Val Ile Ser
305 310 315 320
Glu Glu Glu Ser Lys Ser Gly Asp Tyr Ser Asn Ser Trp Glu Asp Leu
325 330 335
Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Leu Lys Ile Leu Ile Arg Met Phe
340 345 350
Pro Ile Trp Ala Ser Gly Ile Ile Phe Ser Ala Val Tyr Ala Gln Met
355 360 365
Ser Thr Met Phe Val Gln Gln Gly Arg Ala Met Asn Cys Lys Ile Gly
370 375 380
Ser Phe Gln Leu Pro Pro Ala Ala Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Ser
385 390 395 400
Val Ile Ile Trp Val Pro Leu Tyr Asp Arg Phe Ile Val Pro Leu Ala
405 410 415
Arg Lys Phe Thr Gly Val Asp Lys Gly Phe Thr Glu Ile Gln Arg Met
420 425 430
Gly Ile Gly Leu Phe Val Ser Val Leu Cys Met Ala Ala Ala Ile
435 440 445
Val Glu Ile Ile Arg Leu His Met Ala Asn Asp Leu Gly Leu Val Glu
450 455 460

Ser Gly Ala Pro Val Pro Ile Ser Val Leu Trp Gln Ile Pro Gln Tyr
465 470 475 480

Phe Ile Leu Gly Ala Ala Glu Val Phe Tyr Phe Ile Gly Gln Leu Glu
485 490 495

Phe Phe Tyr Asp Gln Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala
500 505 510

Leu Ala Leu Leu Thr Asn Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Leu Ile
515 520 525

Leu Thr Leu Val Thr Tyr Phe Thr Thr Arg Asn Gly Gln Glu Gly Trp
530 535 540

Ile Ser Asp Asn Leu Asn Ser Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu
545 550 555 560 565

Leu Ala Gly Leu Ser Leu Val Asn Met Ala Val Tyr Phe Phe Ser Ala
565 570 575

Ala Arg Tyr Lys Gln Lys Lys Ala Ser Ser
580 585

<210> 502

<211> 603

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (120)..(528)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157341962

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1310,8 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 502

Met Lys Lys Lys Ala Glu Tyr Ile Asn Phe Trp Leu Glu Phe Ala Tyr
1 5 10 15

Tyr Leu Ser Phe Gln Val Lys Phe Lys Ala Gly Glu Glu Ala Cys Thr
20 25 30

Leu Asp Gly Thr Val Asp Cys Arg Gly Asn Pro Ala Ile Arg Ser Arg
35 40 45

Ser Gly Lys Trp Phe Ala Gly Ile Ile Ile Leu Leu Asn Gln Gly Leu
50 55 60

Ala Thr Leu Ala Phe Phe Gly Val Gly Val Asn Leu Val Leu Phe Leu
65 70 75 80

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

Leu Tyr Arg Arg Val Leu Asp Pro Leu Val Gly Arg Ile Arg Lys Thr
 420 425 430
 Asp Thr Lys Gly Leu Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Ile
 435 440 445
 Ile Ala Ile Ile Ala Met Ile Ala Ala Gly Ile Val Glu Cys Tyr Arg
 450 455 460
 Leu Lys Tyr Ala Gln Lys Asp Cys Thr Asn Cys Glu Gly Ser Ser Ser
 465 470 475 480
 Leu Ser Ile Phe Trp Gln Val Pro Gln Tyr Ala Phe Ile Gly Ala Ser
 485 490 495
 Glu Val Phe Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe Asn Ala Gln Thr
 500 505 510
 Pro Asp Gly Leu Lys Ser Phe Gly Ser Ala Leu Cys Met Thr Ser Ile
 515 520 525
 Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser Ser Leu Leu Val Thr Met Val Met Lys
 530 535 540
 Ile Ser Thr Glu Asp His Met Pro Gly Trp Ile Pro Gly Asn Leu Asn
 545 550 555 560
 Lys Gly His Leu Asp Arg Phe Tyr Phe Leu Leu Ala Thr Leu Thr Ala
 565 570 575
 Leu Asp Leu Val Val Tyr Val Ala Cys Ala Lys Trp Tyr Lys Cys Ile
 580 585 590
 Lys Met Glu Asp Arg Ala Asn Glu Tyr Gly Val
 595 600

<210> 503

<211> 559

<212> белок

<213> Prunus dulcis

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (113)..(517)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 6635838

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1117,9 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (46)..(46)

<223> Xaa означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<400> 503

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

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

<210> 504

<211> 576

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (87)..(496)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 4455276

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1251,8 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 504

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

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

<210> 505

<211> 1779

<212> ДНК

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8642246

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 506

<400> 505

```
atggatgagg caccagggct gctgttgcaa gaagaggggtg gaggtagggg caccgaaccg 60
ctcctccttc cacttccaca ggatgctggc ctttacacag gtgatggatc tgttgatgtc 120
aaaggggtgc ctgcattaa gggcactaca ggcaattgga aagcatgttt tttcatccta 180
gggaatgagt gttgtgaaag gctggcctac tacggaattg caaaaaacct agttacttat 240
ttgaaagtga agcttcatct aggcaacctt gaggctgcaa gacatgttac cacttggcaa 300
gggacatgct atcttactcc cttgtttgga gccatcttag cagattctca ttgggggaaa 360
tactggacia ttgctgtttt ctcatcagtt tactttattg gcctggctat tttgacgctg 420
tcagcatcag tcccagcatt gcagccacct tcatgtttaa gaacagtttg tccagaagca 480
agcttacttc agtatggcgt attttttggt ggtctctata tgatagccct agggacagga 540
ggatcaaac cttgtgtctc ctcttttggg gctgatcaat ttgatgacac tgaccagca 600
gagagagcta agaagggctc ctctttcaat tggttctact tctgtataaa tattggtgca 660
ttcatatcag gcactatcat agtgtggata caagataaca ctggttgggg aataggattt 720
gcaattccta ctatattcat ggcattagct atttcattct tcctcacagc ttcaaataag 780
tacagattcc aaaaacctgg tgggagtcca ctcaaacag tgtgccaggt agttatagca 840
gcatttcgta agtggcacat tgaagtgcc catgatacat ctctcctcta tgaagttgat 900
ggccaaactt cagcaattga gggagccgg aagctggagc acacaaatga gctcgagttc 960
cttgatagag ctgccgttat ctcatctgct gacctgaaga gcgaatcctt tacagacca 1020
tggaagcttt gcacagttac ccaggtggaa gaattgaaga ttctaataag aatgtttccc 1080
gtttgggcta ctactatcat attcagtgct gtttacgcc aaaactcttc catgttcata 1140
gagcagggca tggttcttga caagcgcat ggatctttca atattcctcc tgcactcttc 1200
tcaacttttg atgtaatcag cgtcatcata tgggttccac tttatgaccg cattctgggtg 1260
ccagtagcta gaaaattcac tggaagggag aagggttttt ctgagctcca gcggatggga 1320
attggattag ccctgtcaat tcttgcatg gtatctgcag ctcttggtga gttgaagcgt 1380
ttagagattg ccaggtctga aggtcttatt catgagaagg ctgctgttcc aatgagcatt 1440
ctttggcaaa taccacaata tttcttgggt ggtgctgctg aggtgtttac ttgtataggt 1500
caagtcgagt tcttttacga tgaggcccca gatgccatga ggagtttatg tagtgcattt 1560
gcacttatta cagtctcact gggagctat ataagctcca tcatactgac gttggtgtcg 1620
tgattacaa ctgagggagg agatcctgga tggatccctg acaatctgaa tgaaggccat 1680
ctcgaccggt tcttttgggt aattgctggg ataagctttg tgaatttgat agtttacatg 1740
ggctgtgctg tgagatacag atataagaaa gcctcttga 1779
```

<210> 506
<211> 592
<212> белок
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (121)..(525)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8642246

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1164,3 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 506
Met Asp Glu Ala Pro Gly Leu Leu Leu Gln Glu Glu Gly Gly Gly Arg
1 5 10 15
Asp His Glu Pro Leu Leu Leu Pro Leu Pro Gln Asp Ala Gly Leu Tyr
20 25 30
Thr Gly Asp Gly Ser Val Asp Val Lys Gly Cys Pro Ala Leu Lys Gly
35 40 45
Thr Thr Gly Asn Trp Lys Ala Cys Phe Phe Ile Leu Gly Asn Glu Cys
50 55 60
Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Ile Ala Lys Asn Leu Val Thr Tyr
65 70 75 80
Leu Lys Val Lys Leu His Leu Gly Asn Leu Glu Ala Ala Arg His Val
85 90 95
Thr Thr Trp Gln Gly Thr Cys Tyr Leu Thr Pro Leu Val Gly Ala Ile
100 105 110
Leu Ala Asp Ser His Trp Gly Lys Tyr Trp Thr Ile Ala Val Phe Ser
115 120 125
Ser Val Tyr Phe Ile Gly Leu Ala Ile Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val
130 135 140
Pro Ala Leu Gln Pro Pro Ser Cys Leu Arg Thr Val Cys Pro Glu Ala
145 150 155 160
Ser Leu Leu Gln Tyr Gly Val Phe Phe Val Gly Leu Tyr Met Ile Ala
165 170 175
Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp
180 185 190
Gln Phe Asp Asp Thr Asp Pro Ala Glu Arg Ala Lys Lys Gly Ser Phe
195 200 205

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

Gln Gly Gly Asp Pro Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu Asn Glu Gly His
545 550 555 560

Leu Asp Arg Phe Phe Trp Leu Ile Ala Gly Ile Ser Phe Val Asn Leu
565 570 575

Ile Val Tyr Met Gly Cys Ala Val Arg Tyr Arg Tyr Lys Lys Ala Ser
580 585 590

<210> 507
<211> 1764
<212> ДНК
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8633032

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 508

<400> 507
atggccggcg csgagcgcgc ggaggcggtc gctctggagg aagggctcct cgctccggag 60
gaatccaacc aagtagtata cactggagat ggatcagtcg acttttcggg aaatcctggt 120
gtcaaggaaa caacgggtag atggaaggca tgtccattca tattaggtaa tgaatgctgt 180
gaacgactgg cctattatgg catctccacg aaccttgta cttacttgac aaaaaagcta 240
catgctggca atgcctctgc tgctagcaat gtgactacat ggcagggaac ttgctacttg 300
actccgctta ttggggcaat cctggctgat gcatactggg ggaggatttg gacgattgca 360
acattctcca cagtatactt catcgggatg tcaatactga ctctttcagc atcagttcct 420
atgctcatgc ctccatcttg tgaaggatcc ttttgccac aagcaagccc ttttcagtat 480
actgtatfff tccttggctt ttatctgatt gccctgggta ctggtggaat taagccttgt 540
gtctcatcct ttggagcgga tcaatttgat gatacagatc cagctgagcg aatccagaag 600
ggttctttct ttaattgggt ctatffffca ataaacattg gtgctctcat atcaagcagc 660
tttctggfff gggtgcaaga caatgtagga tggggactgg gctttggcat tccgactgta 720
ttcatggggc tggcaatcat aagtttcttc tctggcacat cactttatag gttccaaaaa 780
ccaggaggta gtcctattac acgagtatgc cagggtgattg ttgcctcttt gcgcaagtgg 840
aatgtgcctg ccccagagga cagctctctc ttgtatgagc tacctaattg ggtatcaaca 900
attgagggga gtcggcaaat agagcacaca gatgaactca gatgtttaga caaggctgct 960
acagttaccg aagttgatgt gaaaatggct gacttcagca acccatggcg gatatgcact 1020
gtcaccaggg tggaagaact gaagatacta gtaaggatgt tccctgtctg ggcaacaaca 1080
atagtgtfff ctgctgtata tgctcaaatg tcgacaatgt tcgtggaaca agggatgggtg 1140
cttgacccat cgttgggttc tttcaagatt cctccagctt cactgtctac ctttgacacc 1200

ctaagtgtca tcgtatgtgt cccgatgtac gattacattg tggttccaat agccaggaga 1260
 ttcaccggca acgagagggg ctttacagag ttgcagagga tgggcattgg cctgggcatt 1320
 tccatccttg ctatgtcggg cgctgcaatc ctcgaaatca agcgggctagc agttgccagg 1380
 gaagcacacc tgggtgatca gaatgtcccg gtcccactga gcatattctg gcaaatccct 1440
 cagtatttcc tgattggctc agcagagatt ttcacattca tcggagcgct tgagttcttt 1500
 tatgaccagt caccagacgc catgaggagc ctctgcagtg cacttaatct tctcactact 1560
 gcgggtggga actatctcag cacgttcatt ttgacaatgg tcgcgtactt tactacgagg 1620
 ggaggtaac ctggatggat tcctgacaac ttgaacgaag ggcattctga ttacttcttc 1680
 tggctccttg ctggcctcag ttttctgaac ctgattgtat atgtcatctg tgctggcaaa 1740
 tacaagggca agaaggcagc ttga 1764

<210> 508

<211> 587

<212> белок

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (116)..(520)

<223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8633032

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1219,7 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 508

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

Leu Ala Pro Glu Glu Ser Asn Gln Val Val Tyr Thr Gly Asp Gly Ser
 20 25 30

Val Asp Phe Ser Gly Asn Pro Val Val Lys Glu Thr Thr Gly Arg Trp
 35 40 45

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

Tyr Tyr Gly Ile Ser Thr Asn Leu Val Thr Tyr Leu Thr Lys Lys Leu
 65 70 75 80

His Ala Gly Asn Ala Ser Ala Ala Ser Asn Val Thr Thr Trp Gln Gly
 85 90 95

Thr Cys Tyr Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala Ile Leu Ala Asp Ala Tyr
 100 105 110

Trp Gly Arg Tyr Trp Thr Ile Ala Thr Phe Ser Thr Val Tyr Phe Ile
 115 120 125

Gly Met Ser Ile Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val Pro Met Leu Met Pro
 130 135 140

Pro Ser Cys Glu Gly Ser Phe Cys Pro Gln Ala Ser Pro Phe Gln Tyr
 145 150 155 160

Thr Val Phe Phe Leu Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly
 165 170 175

Ile Lys Pro Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr
 180 185 190

Asp Pro Ala Glu Arg Ile Gln Lys Gly Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr
 195 200 205

Phe Ser Ile Asn Ile Gly Ala Leu Ile Ser Ser Ser Phe Leu Val Trp
 210 215 220

Val Gln Asp Asn Val Gly Trp Gly Leu Gly Phe Gly Ile Pro Thr Val
 225 230 235 240

Phe Met Gly Leu Ala Ile Ile Ser Phe Phe Ser Gly Thr Ser Leu Tyr
 245 250 255

Arg Phe Gln Lys Pro Gly Gly Ser Pro Ile Thr Arg Val Cys Gln Val
 260 265 270

Ile Val Ala Ser Leu Arg Lys Trp Asn Val Pro Ala Pro Glu Asp Ser
 275 280 285

Ser Leu Leu Tyr Glu Leu Pro Asn Gly Val Ser Thr Ile Glu Gly Ser
 290 295 300

Arg Gln Ile Glu His Thr Asp Glu Leu Arg Cys Leu Asp Lys Ala Ala
 305 310 315 320

Thr Val Thr Glu Val Asp Val Lys Met Ala Asp Phe Ser Asn Pro Trp
 325 330 335

Arg Ile Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Leu Lys Ile Leu Val Arg
 340 345 350

Met Phe Pro Val Trp Ala Thr Thr Ile Val Phe Ser Ala Val Tyr Ala
 355 360 365

Gln Met Ser Thr Met Phe Val Glu Gln Gly Met Val Leu Asp Pro Ser
 370 375 380

Leu Gly Ser Phe Lys Ile Pro Pro Ala Ser Leu Ser Thr Phe Asp Thr
 385 390 395 400

Leu Ser Val Ile Val Cys Val Pro Met Tyr Asp Tyr Ile Val Val Pro
 405 410 415

Ile Ala Arg Arg Phe Thr Gly Asn Glu Arg Gly Phe Thr Glu Leu Gln
 420 425 430

Arg Met Gly Ile Gly Leu Val Ile Ser Ile Leu Ala Met Ser Val Ala
 435 440 445
 Ala Ile Leu Glu Ile Lys Arg Leu Ala Val Ala Arg Glu Ala His Leu
 450 455 460
 Val Asp Gln Asn Val Pro Val Pro Leu Ser Ile Phe Trp Gln Ile Pro
 465 470 475 480
 Gln Tyr Phe Leu Ile Gly Leu Ala Glu Ile Phe Thr Phe Ile Gly Ala
 485 490 495
 Leu Glu Phe Phe Tyr Asp Gln Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys
 500 505 510
 Ser Ala Leu Asn Leu Leu Thr Thr Ala Gly Gly Asn Tyr Leu Ser Thr
 515 520 525
 Phe Ile Leu Thr Met Val Ala Tyr Phe Thr Thr Arg Gly Gly Asn Pro
 530 535 540
 Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu Asn Glu Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe
 545 550 555 560
 Trp Leu Leu Ala Gly Leu Ser Phe Leu Asn Leu Ile Val Tyr Val Ile
 565 570 575
 Cys Ala Gly Lys Tyr Lys Gly Lys Lys Ala Ala
 580 585

<210> 509

<211> 570

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (87)..(485)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157337654

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1166,2 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 509

Met Met Gly Ala Phe Gln Phe Gln Gly Phe Ile Thr Gly Asn Ala Thr
 1 5 10 15

Gly Gly Trp Lys Ser Ala Ser Leu Leu Leu Ala Asn Gln Gly Leu Ala
 20 25 30

Thr Leu Ala Phe Phe Gly Val Gly Val Asn Leu Val Leu Phe Leu Thr
 35 40 45

Arg Val Leu Ser Gln Asp Asn Ala Asn Ala Ala Asn Ser Val Ser Lys
 50 55 60

Trp Thr Gly Thr Val Tyr Leu Cys Ser Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ser
 65 70 75 80

Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Cys Ala Ile Phe Gln Val Ile
 85 90 95

Leu Val Leu Gly Leu Leu Leu Leu Ser Leu Ser Ser Trp Leu Phe Leu
 100 105 110

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

Ser Ser Val Gly Leu Gly Val Phe Tyr Ser Ser Ile Tyr Leu Val Ala
 130 135 140

Phe Gly Tyr Gly Gly His Gln Pro Thr Leu Ala Thr Leu Gly Ala Asp
 145 150 155 160

Gln Phe Asp Glu Thr Asn Pro Arg Glu Met Asn Ser Lys Thr Val Phe
 165 170 175

Phe Ser Tyr Phe Tyr Phe Ala Leu Asn Leu Gly Ser Leu Phe Ser Asn
 180 185 190

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

Leu Val Ser Thr Gly Ser Ala Ile Ile Ala Leu Val Ile Phe Leu Cys
 210 215 220

Gly Ser Ser Gly Tyr Arg His Ile Lys Pro Cys Gly Asn Pro Leu Pro
 225 230 235 240

Arg Val Ala Gln Val Phe Val Ala Ala Phe Arg Lys Trp Asp Val Val
 245 250 255

Val Pro Glu Asn Gly Asp Gly Leu Tyr Glu Leu Glu Gly Ser Glu Ser
 260 265 270

Ala Ile Lys Gly Ser Arg Lys Ile Leu His Ser Asn Glu Ile Glu Phe
 275 280 285

Leu Asp Lys Ala Ala Thr Met Ile Glu Ala Asp Met Val Asp Pro Asn
 290 295 300

Pro Trp Arg Leu Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Ala Lys Cys Val
 305 310 315 320

Ile Lys Met Leu Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Ile Tyr Ser Val Ile
 325 330 335

Phe Thr Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Glu Gln Gly Asp Val Met Asn
 340 345 350

Arg Lys Ile Gly Asn Phe Glu Ile Pro Ala Ala Ser Met Ser Ala Phe
 355 360 365

Asp Ile Phe Ser Val Leu Leu Cys Thr Gly Ile Tyr Arg Gln Ile Leu
 370 375 380

Val Pro Ile Ser Gly Lys Leu Thr Gly Asn Pro Lys Gly Met Ser Glu
 385 390 395 400
 Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Ile Ile Gly Ile Ala Ala Met Ile
 405 410 415
 Ala Ala Gly Leu Thr Glu Leu Gly Arg Leu Arg Arg Val Ser Pro Asn
 420 425 430
 Glu Glu Ala Ser Ser Leu Ser Ile Phe Trp Gln Thr Pro Gln Tyr Val
 435 440 445
 Leu Val Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu Phe
 450 455 460
 Phe Asn Gly Gln Ala Pro Asp Gly Ile Lys Ser Leu Gly Ser Ser Leu
 465 470 475 480
 Cys Met Ala Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser Ser Leu Leu Val
 485 490 495
 Asn Ile Val Met Gly Val Thr Thr Arg Gly Asp Asn Pro Gly Trp Ile
 500 505 510
 Pro Glu Asp Leu Asn Thr Gly His Leu Asp Arg Phe Tyr Phe Leu Ile
 515 520 525
 Ala Val Leu Thr Val Ile Asp Phe Val Ile Tyr Val Phe Cys Ala Lys
 530 535 540
 Trp Tyr Lys Ser Ile Asn Leu Glu Ser Phe Glu Lys Lys Lys Asp Gln
 545 550 555 560
 Glu Asp Gly His Ala Val Asp Glu Gly Lys
 565 570

<210> 510

<211> 1770

<212> ДНК

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8642241

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 511

<400> 510

atggagtcac cgctggagga ggagcggcgg cagaacctgc tgctgcgcgc gacggagccg 60
 ccagaggatc ttgccgttgc cgggtacaca ggtgatggat cagttgactt tagaggtttt 120
 cctattttta agcataacac agggaactgg agagcatggt cattgattct tggaactgaa 180
 atatgtgaac gtttggccta ctatggaatc tcaaaaagtt tggtcactta cttttcaaca 240
 aggctacatg aaggaaatgt ctctgctgcg aggaacttca caacctggca aggaacttgt 300
 tatcttacac cacttattgg agcaacctta gcagattcgt actggggaaa gtacaggact 360
 attgctgttt tctccactat ttactttctt gggatggcgg cattgacact ttcagcatca 420

gttccttctt tccagccccc tcaatgtggt gggctctatth gtccacaacc gaccttacct 480
cagtacctta tatactttgt tggattatac atgattgctt tgggagctgg tggataaaag 540
ccatgtgttt cgtcctttgg ggctgaccaa ttcgatgata ctgatccagt tgagaaaaca 600
aagaaaggcg ctttcttcaa ttggttttat ttctgcataa atattgggtc tttgatctct 660
ggcacagttc ttatttgggt acaagagaat tatggatatg gcattggatt tgggatccct 720
acttttttca ttgccttggc tattggaagc ttttttatag gttcagaaaag gtatagatth 780
cagataccgg gaggaagccc acttacaaga gcatgtcagg tagttgtggc agccactcac 840
aagcgaagcg cggatttgcc agttgacagt tctcttctct atgagctaga tggtaagact 900
tcagctattg aggggagtcg taagctggag cacagtagtg aattcagtht ccttgacaaa 960
gctgcagtcg ttttgtggaa tgaacatgat ggttctcgca atccatggag actttgcaca 1020
gtcacacaag ttgaagagct taaaatatta ctgaggatgt ttccaatctg ggcaacagga 1080
attgtgttct tcaccgatg tgctcaaac tcatcgatgt tcatagaaca agggatggcc 1140
ctcgataacc aaattgggtc tttcaagatt ccagcagcaa ctctgtcatc cctagatgth 1200
atcagtattg ttgtttgggt tccaatttat gagagattag ttgtgccc at agccaggaga 1260
ttcagtgga aagagagagg tttctcagaa cttcaacgga tgggaattgg tctatttgta 1320
tctacagttg cagtggcagt tgcagcatta gtcgagatca agcgtctgca ggtcgcaaga 1380
gcagaggatc tggttcatca gaaggtacct gttcctatga gcatcctttg gcaagcacca 1440
cagtacttgc tggttggcgt gggcgaggtg ttcacatcaa tcgggtcaagc tgagthtttc 1500
tacaatcagt caccagacgc catgagaagc ctatgctcag ctttcgctct tgttaccgtg 1560
tcaactggaa gttatctcag ctcatcctc ttgaccctgg tgtcatatth cacaactcga 1620
aatgggcaat tggggtggat ccctgataac ttaaacgaag gccatcttga ccgthttttc 1680
tggctgatag ctggctctcag ctctttaa at ttccttgtht ttatatatta cgctcaacaa 1740
tacaagtgca agagagcctc tgttgcttaa 1770

<210> 511

<211> 589

<212> белок

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (118)..(520)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8642241

<220>

<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1075,0 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 511
Met Glu Ser Ser Leu Glu Glu Glu Arg Arg Gln Asn Leu Leu Leu Arg
1 5 10 15
Ala Thr Glu Pro Pro Glu Asp Leu Ala Val Ala Gly Tyr Thr Gly Asp
20 25 30
Gly Ser Val Asp Phe Arg Gly Phe Pro Ile Leu Lys His Asn Thr Gly
35 40 45
Asn Trp Arg Ala Cys Ser Leu Ile Leu Gly Thr Glu Ile Cys Glu Arg
50 55 60
Leu Ala Tyr Tyr Gly Ile Ser Lys Ser Leu Val Thr Tyr Leu Ser Thr
65 70 75 80
Arg Leu His Glu Gly Asn Val Ser Ala Ala Arg Asn Phe Thr Thr Trp
85 90 95
Gln Gly Thr Cys Tyr Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala Thr Leu Ala Asp
100 105 110
Ser Tyr Trp Gly Lys Tyr Arg Thr Ile Ala Val Phe Ser Thr Ile Tyr
115 120 125
Phe Leu Gly Met Ala Ala Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val Pro Ser Phe
130 135 140
Gln Pro Pro Gln Cys Val Gly Ser Ile Cys Pro Gln Pro Thr Leu Pro
145 150 155 160
Gln Tyr Leu Ile Tyr Phe Val Gly Leu Tyr Met Ile Ala Leu Gly Ala
165 170 175
Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp
180 185 190
Asp Thr Asp Pro Val Glu Lys Thr Lys Lys Gly Ala Phe Phe Asn Trp
195 200 205
Phe Tyr Phe Cys Ile Asn Ile Gly Ser Leu Ile Ser Gly Thr Val Leu
210 215 220
Ile Trp Val Gln Glu Asn Tyr Gly Tyr Gly Ile Gly Phe Gly Ile Pro
225 230 235 240
Thr Phe Phe Ile Ala Leu Ala Ile Gly Ser Phe Phe Ile Gly Ser Glu
245 250 255
Arg Tyr Arg Phe Gln Ile Pro Gly Gly Ser Pro Leu Thr Arg Ala Cys
260 265 270
Gln Val Val Val Ala Ala Thr His Lys Arg Lys Ala Asp Leu Pro Val
275 280 285

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

<210> 512

<211> 1734

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1520085

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 513

<400> 512
atgaacaaaa ataatggact ccacacagga gatggctcgg tcgacattaa tgggacggct 60
gttcttaagc agaaaactgg aaattggaga gcatgctctt tcatattggg aaatgaatgc 120
tgtgaacgct tggcctacta tggaattgct actaatctgg tctcctacct tactgggaag 180
ctacatgaag gaaatgtgtc agctgcaaaa aatgttaaca tttgggcagg aacttgctac 240
ttcacaccac tcattggagc cactttggca gatgcttatt ggggaagata ttggaccatt 300
tctgttttct ccacaattta cttcattgga atgtgtacgt tgactctctc agcaactatt 360
cctgtattaa agccagctga atgtataggt tctctatgcc ctccagcaac tcttgctcag 420
tatgggggat tcttttttgg cctctatctg attgcatttg ggacaggtgg catcaaacca 480
tgtgtttcat cctttggggc ggatcagttt gatgacactg atcctaagga aagggtaaag 540
aaggggtcct tcttcaattg tttctatttt tcaatcaaca ttggttgtct tgtatcaagt 600
agtttaatgg tatacattca agacaaagct ggggtgggggc taggatttgg aattcctgca 660
ttgttcatgg gcatagctat tgctatcttc ttttcaggca cgccccctta tagatttcag 720
aggccagtgg ggagcccaat tactagaatg tgccaagtgg tggttgcgtc attccataag 780
aggaatttgg aggttcccca agacattagt ctctatatg aaaccaaga aaaacactca 840
accattgagg gaacctggaa actagcgcac agcaatgaat tgaaatgcct tgataaagct 900
gctataattt cagaggctga gataaaaggt ggggacttca gtgatccatg gaggctttgt 960
actatgactc aggtggagga attgaagatt ttgatccgca tgtttccgat ctgggctaca 1020
ggcattgtct tttctgctgc ccatgcccaa atgagtacaa tctttgtgga acaagggatg 1080
ctgatggaca agacaattgg ttctttcaac atccctcctg cttctatgat cacaattgat 1140
gttattagtg ttattttctg ggttccaatc tatgatagga tcattgttcc aattgcaagg 1200
aagttcactg gcagagagag gggcttttca gagttgcagc gtatgggaat tggcttgttc 1260
atctctatgc tatcaatgac agctgctgct ttgctagaga ttaagcgctt gcagcttgta 1320
aaagagcttg gattggttgg tgatgctggt gcagttcctc tcagtatctt gtggcaaatt 1380
ccccagtata tgttgatggg tacagcagag atctttacat ccattgggtca gcttgaattt 1440
ttctatgaac agtctccaga tgccatgagg agtctatgca gtgctttgtc actcctggct 1500
gcatctttgg gtaattacct gagctctttt attctgagca tggttaactta cctcacaacc 1560
acgggtggga agacaggatg gataccagat aacttaaata aggggcacct tgattattta 1620
ttctggcttt tggctgggct cagcttcttc aacttgctga tctacactat ttgtgcaaag 1680

<210> 513

<211> 577

<212> белок

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (97)..(501)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1520085

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1157,8 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 513

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

Asn Ile Gly Cys Leu Val Ser Ser Ser Leu Met Val Tyr Ile Gln Asp
 195 200 205

Lys Ala Gly Trp Gly Leu Gly Phe Gly Ile Pro Ala Leu Phe Met Gly
 210 215 220

Ile Ala Ile Ala Ile Phe Phe Ser Gly Thr Pro Leu Tyr Arg Phe Gln
 225 230 235 240

Arg Pro Val Gly Ser Pro Ile Thr Arg Met Cys Gln Val Val Val Ala
 245 250 255

Ser Phe His Lys Arg Asn Leu Glu Val Pro Gln Asp Ile Ser Leu Leu
 260 265 270

Tyr Glu Thr Gln Glu Lys His Ser Thr Ile Glu Gly Thr Trp Lys Leu
 275 280 285

Ala His Ser Asn Glu Leu Lys Cys Leu Asp Lys Ala Ala Ile Ile Ser
 290 295 300

Glu Ala Glu Ile Lys Gly Gly Asp Phe Ser Asp Pro Trp Arg Leu Cys
 305 310 315 320

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

Ile Trp Ala Thr Gly Ile Val Phe Ser Ala Ala His Ala Gln Met Ser
 340 345 350

Thr Ile Phe Val Glu Gln Gly Met Leu Met Asp Lys Thr Ile Gly Ser
 355 360 365

Phe Asn Ile Pro Pro Ala Ser Met Ile Thr Ile Asp Val Ile Ser Val
 370 375 380

Ile Phe Trp Val Pro Ile Tyr Asp Arg Ile Ile Val Pro Ile Ala Arg
 385 390 395 400

Lys Phe Thr Gly Arg Glu Arg Gly Phe Ser Glu Leu Gln Arg Met Gly
 405 410 415

Ile Gly Leu Phe Ile Ser Met Leu Ser Met Thr Ala Ala Ala Leu Leu
 420 425 430

Glu Ile Lys Arg Leu Gln Leu Val Lys Glu Leu Gly Leu Val Gly Asp
 435 440 445

Ala Val Ala Val Pro Leu Ser Ile Leu Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Met
 450 455 460

Leu Met Gly Thr Ala Glu Ile Phe Thr Ser Ile Gly Gln Leu Glu Phe
 465 470 475 480

Phe Tyr Glu Gln Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu
 485 490 495

Ser Leu Leu Ala Ala Ser Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Phe Ile Leu
 500 505 510

Ser Met Val Thr Tyr Leu Thr Thr Thr Gly Gly Lys Thr Gly Trp Ile
 515 520 525

Pro Asp Asn Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Tyr Leu Phe Trp Leu Leu
530 535 540

Ala Gly Leu Ser Phe Phe Asn Leu Leu Ile Tyr Thr Ile Cys Ala Lys
545 550 555 560

Arg Phe Ile Lys Arg Arg Arg Pro Pro Lys Val Phe Thr Arg Gly Glu
565 570 575

Ala

<210> 514
<211> 1713
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1514979

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 515

<400> 514
atggcagagg aggatgttta taaaaagat ggaactgtgg attatctggg gaatcctgct 60
aacagaaagg agactggaac ctggagggcc tgccctttta ttataggaaa tgaattttgt 120
gaacgattgg cgtactatgg gatgagctcc aatctgggtc tttatttcaa gcacagactg 180
aaccagagca gtgctacagc tactagaaat aacttgaact ggggtggaac atgctatctc 240
actccattga tcggagcatt cgttgctgat gcttatctag gaagatattg gacgattgct 300
agttttctca ccatttatgt tgcagggatg acgcttttga caatgtcagc aactgtccat 360
ggcctcaggc cagaatgtta ttcaaaagat cattgccatc caacaggtgg tcaaactgct 420
gtaactttcg tagcacttta cctgatagca cttggcacag gaggtattaa gccttgtgtc 480
tcacctatg gagcagatca gtttgatgat gctgacgaaa ctgagaagaa acacaagagt 540
tcattcttta actggttcta cctctcgatt aatgttgggtg ctcttattgc cggttctgtg 600
ctggtttgga tacaagataa tgtgagttgg ggatgggggtt ttggcattcc agcaatagcc 660
atggcaattg ctgttgtgag cttcttttca ggtaccaagt tgttcaggta tcaaaagcct 720
ggaggcagcc ctcttacacg catctgtcag gtgctgggtg catccttcag aaaacagaaa 780
gttgaagttc ctgctgacaa gtctctgttg catgagactg cagatgccga atccaacatc 840
aaaggaagcc gcaagctcga ccatactgaa gaatttagtt tccttgacaa ggcagcagta 900
gaaacagaaa aggacgacat aaaagggaca ggagacccat ggaatctttg cacagtaacc 960
caggctcagg agctaaaggc tatcattcgg ttgcttccta tatgggccac tggtatcatc 1020
ttttctgcag tgtacagcca aatggggaac ttatttgtgc tgcaagggtga aacaatggat 1080
aaatttgttg gaaactccac tttcgagata ccatctgcat ctttatccat ctttgacacc 1140

cttagtgtca ttttttgggt ccctgtgtat gaccgaatta tcgtcccagt tgcaagaaaa 1200
 ttactggac ataaaaacgg cttactcaa ctgcagcgga tgggcattgg tctattcata 1260
 tcaatatttg ccatggatc tgcagcaatc ttggaactta aaagactgca aatggtgaga 1320
 aataacaact actacgaact tgattccgtg cccatttcta tattttggca agttccacag 1380
 tatttcctga taggctgtgc cgaagttttc acgttcatcg gacaattgga attcctctac 1440
 gaacaagcac ctgatgcaat gaggagcatg tgttctgccc tgtcactcac caccgtcgca 1500
 cttggcaatt acttaagctc tcttctggta accattgta caaccatcag cactaagaat 1560
 ggaaaggctg gatggattcc ggacaactta aattacggtc acattgatta cttcttctgg 1620
 ctactaggaa tgctcagtgt gctgaattta ggtgcctttc tcttgatctc aaattgggtac 1680
 actataaaa aggctatagg aactcttcgt tga 1713

<210> 515
 <211> 570
 <212> белок
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (96)..(499)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1514979

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1132,8 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 515
 Met Ala Glu Glu Asp Val Tyr Thr Lys Asp Gly Thr Val Asp Tyr Leu
 1 5 10 15
 Gly Asn Pro Ala Asn Arg Lys Glu Thr Gly Thr Trp Arg Ala Cys Pro
 20 25 30
 Phe Ile Ile Gly Asn Glu Phe Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Met
 35 40 45
 Ser Ser Asn Leu Val Leu Tyr Phe Lys His Arg Leu Asn Gln Ser Ser
 50 55 60
 Ala Thr Ala Thr Arg Asn Asn Leu Asn Trp Gly Gly Thr Cys Tyr Leu
 65 70 75 80
 Thr Pro Leu Ile Gly Ala Phe Val Ala Asp Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr
 85 90 95

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

Leu Lys Arg Leu Gln Met Val Arg Asn Asn Asn Tyr Tyr Glu Leu Asp
 435 440 445
 Ser Val Pro Ile Ser Ile Phe Trp Gln Val Pro Gln Tyr Phe Leu Ile
 450 455 460
 Gly Cys Ala Glu Val Phe Thr Phe Ile Gly Gln Leu Glu Phe Phe Tyr
 465 470 475 480
 Glu Gln Ala Pro Asp Ala Met Arg Ser Met Cys Ser Ala Leu Ser Leu
 485 490 495
 Thr Thr Val Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Leu Leu Val Thr Ile
 500 505 510
 Val Thr Thr Ile Ser Thr Lys Asn Gly Lys Ala Gly Trp Ile Pro Asp
 515 520 525
 Asn Leu Asn Tyr Gly His Ile Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Gly Met
 530 535 540
 Leu Ser Val Leu Asn Leu Gly Ala Phe Leu Leu Ile Ser Asn Trp Tyr
 545 550 555 560
 Thr Tyr Lys Lys Ala Ile Gly Thr Leu Arg
 565 570

<210> 516

<211> 587

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (113)..(521)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 147858202

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1351,3 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 516

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

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

Ile Val Ser Val Ala Ala Phe Ile Phe Ile Tyr Arg Arg Val Leu Asp
 405 410 415
 Pro Leu Val Ala Arg Leu Lys Gly Thr Lys Ala Arg Gly Leu Thr Glu
 420 425 430
 Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Ile Ile Ala Ile Ile Ala Met Val
 435 440 445
 Ala Ala Gly Ile Val Glu Trp Phe Arg Leu Lys Tyr Ala Lys Lys Asp
 450 455 460
 Cys Arg Gln Cys Glu Ser Glu Ser Ser Leu Ser Ile Phe Trp Gln Ile
 465 470 475 480
 Pro Gln Tyr Val Leu Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly
 485 490 495
 Gln Leu Glu Phe Phe Asn Asp Gln Ala Pro Asp Gly Leu Lys Ser Phe
 500 505 510
 Gly Ser Ala Leu Cys Met Thr Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser
 515 520 525
 Ser Leu Leu Val Thr Ile Val Met Lys Phe Ser Thr Arg Asp Gln Met
 530 535 540
 Pro Gly Trp Ile Pro Ser Asn Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Arg Phe
 545 550 555 560
 Tyr Phe Leu Leu Ala Ala Leu Thr Met Ala Asp Phe Gly Val Tyr Ile
 565 570 575
 Ile Cys Ala Lys Val Val Thr Ser Pro Ser Ser
 580 585

<210> 517
 <211> 574
 <212> белок
 <213> *Oryza sativa* subsp. *indica*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (122)..(507)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 125545538

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1153,0 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 517
 Met Ala Glu Val Thr Val Val Arg Ala Glu Arg Glu Glu Glu Ser Thr
 1 5 10 15

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

Leu Lys Ile Leu Met Ser Thr Met Phe Val Glu Gln Gly Met Met Leu
 355 360 365
 Asp Thr Ser Val Gly Pro Phe Lys Ile Pro Pro Ala Ser Leu Ser Thr
 370 375 380
 Phe Asp Val Val Ser Val Ile Ile Trp Val Pro Leu Tyr Asp Ser Ile
 385 390 395 400
 Leu Val Pro Ile Ala Arg Arg Phe Thr Gly Asn Pro Arg Gly Phe Thr
 405 410 415
 Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Val Ile Ser Ile Phe Ser Met
 420 425 430
 Ala Ala Ala Ala Val Leu Glu Ile Lys Arg Leu Asp Ile Ala Arg Ala
 435 440 445
 Glu His Leu Val Asp Gln Asn Val Pro Val Pro Leu Asn Ile Cys Trp
 450 455 460
 Gln Ile Pro Gln Tyr Phe Leu Val Gly Ala Ser Glu Val Phe Thr Phe
 465 470 475 480
 Val Gly Ser Leu Glu Phe Phe Tyr Asp Gln Ser Pro Asp Ala Met Arg
 485 490 495
 Ser Leu Cys Ser Ala Leu Gln Leu Val Thr Thr Ala Leu Gly Asn Tyr
 500 505 510
 Leu Ser Ala Phe Ile Leu Thr Leu Val Ala Tyr Phe Thr Thr Arg Gly
 515 520 525
 Gly Asn Pro Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu Asn Gln Gly His Leu Asp
 530 535 540
 Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Ala Gly Leu Ser Phe Leu Asn Phe Val Ile
 545 550 555 560
 Tyr Val Ile Cys Ala Asn Lys Tyr Lys Ser Lys Lys Ala Ala
 565 570

<210> 518

<211> 591

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (121)..(525)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 115451771

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1131,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 518

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

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

<210> 519

<211> 574

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (122)..(507)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

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

<210> 520

<211> 1755

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1516968

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 521

<400> 520
atggctaaga ttaacaagta tccagtcctt gtcagtttcg tattatattt ccaggatgaa 60
agcaatggac tctacacagg agatggctca gttgacatta atgggaaccc tgtccttaag 120
cagaaaactg gaaactggaa agcatgccct ttcatactgg gtactgaatg ttgtgaacgc 180
ctggcctact atgggattgc tactaatctc gtcacttacc ttaccaagaa gctacatgaa 240
ggaaatgtgt cggctgcaag aaatgttacc acctggtcag ggacatgcta tcttacaccc 300
ctcatcggag ctgtattagc agatacttgt tggggaagat attggactat tgctgctttc 360
tcctcaattt acttcattgg aatgtgtgcg ttgactctct cagcatctat tcctgcatta 420
aagccagctg aatgcgtagg ttctctgtgc cctccagcaa ctccagctca gtatgcagta 480
ttcttttttg gcctctatct gattgcgctt gggacgggtg gcatcaaacc atgtgtttca 540
tcctttgggg cagatcaatt tgatgacact gatcccaagg aacgggtaaa gaagggatct 600
ttcttcaatt ggttctattt ttcaatcaat attgggtgctc ttatatcaag tagttttctg 660
gtatatattc aagacaatgc cggttgggga ctaggatttg gaattcctgc actgttcatg 720
ggcatagcta ttgctagctt cttttcaggc acacccttt acagatttca aagaccaggg 780
gggagcccta ttacaaggat gtgccaagtt ttgggtgcat cattccataa gtggaatctg 840
gaggttctc tagacagtag cctcctgtat gaaacacaag acaaacactc tgccattgaa 900
ggaagccgga aactggtgca cagcgatgaa ctaaagtgcc ttgataaagc tgctgtgctg 960
tcagaggctg agatgaaaag tggggacttc cccaaccctt ggaggctttg tactgtcacg 1020
caggtggagg aattgaagat tttgatccgc atgtttccaa tctgggctac aggaattgtc 1080
ttttccgctg tgtatgccc gatgtctact atgtttgtgg aacaagggat gctgatggac 1140
acgacaattg gttctttcac aattcctcca gcatctctgt catcctttga tgttattagt 1200
gttatttgct gggtgccaat ctatgatagg attgttgctt ccattgcaag gaagttcaca 1260
ggaaaagaga ggggcttctc agatttgcaag cgatatggaa ttggcctggt catttcagtg 1320
ttatcaatga cagctgctgc tttgggtggag attaagcgcc tacagcttgc gaaagagctt 1380
ggcttggctg gtgaagctgt tgcagtgctt atcagtattt tttggcagat cccccaatat 1440
atgttggtag gtgcttcaga agtttttaca ttcattggctc agattgaatt cttctatgaa 1500
gaatctccag atgcaatgag gagtttatgc agtgcgttgt cactcctgac tacgtctttg 1560
ggtaattact tgagctcttt tattctgact atggtaactt acttcacaac cacgggtggg 1620
aagccaggat ggatccccga taacttgaat gagggccacc tcgattattt cttctggctt 1680

ttagctggac tcagcgttct caacatgctg gtctatgttt tctgtgag gaaatataag 1740
cagaaggcct cctaa 1755

<210> 521
<211> 584
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (114)..(518)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1516968

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1250,0 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 521
Met Ala Lys Ile Asn Lys Tyr Pro Val Leu Val Ser Phe Val Leu Tyr
1 5 10 15
Phe Gln Asp Glu Ser Asn Gly Leu Tyr Thr Gly Asp Gly Ser Val Asp
20 25 30
Ile Asn Gly Asn Pro Val Leu Lys Gln Lys Thr Gly Asn Trp Lys Ala
35 40 45
Cys Pro Phe Ile Leu Gly Thr Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr
50 55 60
Gly Ile Ala Thr Asn Leu Val Thr Tyr Leu Thr Lys Lys Leu His Glu
65 70 75 80
Gly Asn Val Ser Ala Ala Arg Asn Val Thr Thr Trp Ser Gly Thr Cys
85 90 95
Tyr Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Thr Cys Trp Gly
100 105 110
Arg Tyr Trp Thr Ile Ala Ala Phe Ser Ser Ile Tyr Phe Ile Gly Met
115 120 125
Cys Ala Leu Thr Leu Ser Ala Ser Ile Pro Ala Leu Lys Pro Ala Glu
130 135 140
Cys Val Gly Ser Leu Cys Pro Pro Ala Thr Pro Ala Gln Tyr Ala Val
145 150 155 160
Phe Phe Phe Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys
165 170 175

Pro Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Pro
 180 185 190

Lys Glu Arg Val Lys Lys Gly Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser
 195 200 205

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

Asp Asn Ala Gly Trp Gly Leu Gly Phe Gly Ile Pro Ala Leu Phe Met
 225 230 235 240

Gly Ile Ala Ile Ala Ser Phe Phe Ser Gly Thr Pro Leu Tyr Arg Phe
 245 250 255

Gln Arg Pro Gly Gly Ser Pro Ile Thr Arg Met Cys Gln Val Leu Val
 260 265 270

Ala Ser Phe His Lys Trp Asn Leu Glu Val Pro Leu Asp Ser Ser Leu
 275 280 285

Leu Tyr Glu Thr Gln Asp Lys His Ser Ala Ile Glu Gly Ser Arg Lys
 290 295 300

Leu Val His Ser Asp Glu Leu Lys Cys Leu Asp Lys Ala Ala Val Leu
 305 310 315 320

Ser Glu Ala Glu Met Lys Ser Gly Asp Phe Pro Asn Pro Trp Arg Leu
 325 330 335

Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Leu Lys Ile Leu Ile Arg Met Phe
 340 345 350

Pro Ile Trp Ala Thr Gly Ile Val Phe Ser Ala Val Tyr Ala Gln Met
 355 360 365

Ser Thr Met Phe Val Glu Gln Gly Met Leu Met Asp Thr Thr Ile Gly
 370 375 380

Ser Phe Thr Ile Pro Pro Ala Ser Leu Ser Ser Phe Asp Val Ile Ser
 385 390 395 400

Val Ile Cys Trp Val Pro Ile Tyr Asp Arg Ile Val Val Pro Ile Ala
 405 410 415

Arg Lys Phe Thr Gly Lys Glu Arg Gly Phe Ser Asp Leu Gln Arg Met
 420 425 430

Gly Ile Gly Leu Phe Ile Ser Val Leu Ser Met Thr Ala Ala Ala Leu
 435 440 445

Val Glu Ile Lys Arg Leu Gln Leu Ala Lys Glu Leu Gly Leu Ala Gly
 450 455 460

Glu Ala Val Ala Val Pro Ile Ser Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr
 465 470 475 480

Met Leu Val Gly Ala Ser Glu Val Phe Thr Phe Ile Gly Gln Ile Glu
 485 490 495

Phe Phe Tyr Glu Glu Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala
 500 505 510

Leu Ser Leu Leu Thr Thr Ser Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Phe Ile
 515 520 525
 Leu Thr Met Val Thr Tyr Phe Thr Thr Thr Gly Gly Lys Pro Gly Trp
 530 535 540
 Ile Pro Asp Asn Leu Asn Glu Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu
 545 550 555 560
 Leu Ala Gly Leu Ser Val Leu Asn Met Leu Val Tyr Val Phe Cys Ala
 565 570 575
 Arg Lys Tyr Lys Gln Lys Ala Ser
 580

<210> 522
 <211> 2468
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 350844

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 523

<400> 522
 atgatcggag ctctataaat cgccccaacc ccctccctcg ttctgccacc attgccatat 60
 cctcgatcac aagagcagct actagctgcc tctagctcga tcggttagtt tgctcgtggtg 120
 cttacgtacg tcagcagagg ccatcgtcga gtgtatccag tggtcgagaa gaggggaagaa 180
 atgtctgcga acgacggcgc cggcgacacg aagatgaggg cgatcgtcgt cgtagaggaa 240
 ggggagatga gcgcgccggc ggcgacgccg aagcagggca agtgctgcga gtacacgctg 300
 gacggctccg tcgacatgaa gggccggccg gcggtcaagg ggaaatcagg aggggtggctt 360
 gccggtgctc taatcctcgt gaaccagggc ctggcgacgc tggctttctt cggcgtgaac 420
 gtgaacctgg tgctgttctt gaccgggtg ctggggcaga gcaatggcga cgccgccaac 480
 aacgtcagca agtggacggg caccgtgtac atgttctccc tcatcggcgc cttcctcagc 540
 gactcctatt ggggacgcta caagacctgc gccatcttcc aggccatctt tgtcctcggc 600
 ctgcgctgc tgctcgggtgc gtcgcacctc tacctaatca ggccggacgg gtgcggcatg 660
 gagcacgcgc cctgcggccc gactcgggc aaggagctgg ggatcttcta catcgcgctg 720
 tacatgatcg ccttcggcaa cggcgggtac cagcccaaca tcgccaccct gggcgccgac 780
 cagttcgacg aggaggacct cgccgagggc cactccaagg tctccttctt cagctacttc 840
 tacctcgccc tcaacctcgg ctcgctcttc tccaacacct tcctcagcta cctcgaggac 900
 aagggcagct gggcgctcgg cttctggggc tccaccgccg ccgccgccac agcgcctcctg 960
 cttttctca gcggcacgct ccggtaccgc tatttccagc ccggagggaa cccgatcgga 1020

```

aggattggcc aggtcgccat cgccgcgtgc aggaactgga aggcgggctg gtcgaccgaa 1080
gtggtaagcc tgtacgaggg cgacgagaag gcggatgccg gtggcaggaa gctttctgcac 1140
acgcaagggg tcagtttctt ggaccgcgcg gcgcacgcgg aactgactc caagctcggc 1200
gcgcgcgatc cctggaagct gtgctcggtg acgcaggtgg aggaggtcaa gagcatcctg 1260
aggctcctcc ccatctggct ctgcaccatc ctctactccg ttgtcttcac ccagatggcc 1320
tcgctctttg tcgtgcaggg cgccgcgatg cgccgcacca ccccgttctc cggcttctcc 1380
gtcccgcctt ccagcatgtc ggccttcgac attctcacag tcgccgccac gattttctctg 1440
taccgcccga ctatctgccc gttcctagcg cggctcagcg gccgcccggc tggccccacc 1500
gagctgcaga ggatgggctt cggcctggtc gtgggtgccc tggccatgac cacggccggg 1560
acggtcgagc acttccggaa ggccagggcc accgcagcga tgagcagcga cctgcatatc 1620
atgtggcagg tgccgcagta tgcgctgatc ggcgtgtcgg aggtgatgat gtacgtcggg 1680
cagctcgagt tcttcaacgg ccagatgccc gacgggctca aaagcttcgg aagtgccttg 1740
tgtatgatgt ccatgtcgct cggcaactac ttcagtgaca tcatcgtgag cgcggtgacc 1800
aggctcacca cgacgcgagg gcgggtccggg tggatcccgg ctgacctcaa cgagggggcac 1860
ctcgacaagt tctacttctt gctcgccgtg ctggccgtcg cggacttctc ggtgtacctc 1920
gtatgcgca gccgctacgg gagcggcaaa gtggacggga ggagcagcga cgacgaggag 1980
gagggagcgg ccggtcaggt gacatccccg gcttacgcat gaccatcacc ggccgcccgg 2040
ccggcgggca tcgtacgtat gttgttcttg tcttcttgag gtggaggctg gcaggctgca 2100
aatctcgagg gccattggtt atttggttga cggagtctct ccattgacga cgatagcaca 2160
agcatggggc gagcatggac atagtgatat gactaattaa agaataagca cttaagcagg 2220
actagctaaa cactacatgc tgcagcatca tgctcgcggg ttttggccag tgtaacaaca 2280
gacgacgatt gttactgacc acgactgttc tttgcgtggg ctacagagtt cgcttctgca 2340
aaattcaata atgggcgagt gctgtatcat ataaagtcgc aggttgcgcc acgtagctac 2400
gatgtgacta acaaacaaat atgtattcaa gttatgtatt aaacgggtaa ccgtgtcttt 2460
ttaccgtt 2468

```

```

<210> 523
<211> 613
<212> белок
<213> Zea mays

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (127)..(525)
<223> Название Pfam: PTR2
        Описание Pfam: семейство POT

```

```

<220>
<221> отличающийся признак

```

<223> Клон Ceres ID № 350844

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1244,1 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 523

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

Gln Pro Gly Gly Asn Pro Ile Gly Arg Ile Gly Gln Val Ala Ile Ala
 275 280 285

Ala Cys Arg Asn Trp Lys Ala Gly Val Ser Thr Glu Val Val Ser Leu
 290 295 300

Tyr Glu Gly Asp Glu Lys Ala Asp Ala Gly Gly Arg Lys Leu Leu His
 305 310 315 320

Thr Gln Gly Phe Ser Phe Leu Asp Arg Ala Ala His Ala Asp Thr Asp
 325 330 335

Ser Lys Leu Gly Ala Arg Asp Pro Trp Lys Leu Cys Ser Val Thr Gln
 340 345 350

Val Glu Glu Val Lys Ser Ile Leu Arg Leu Leu Pro Ile Trp Leu Cys
 355 360 365

Thr Ile Leu Tyr Ser Val Val Phe Thr Gln Met Ala Ser Leu Phe Val
 370 375 380

Val Gln Gly Ala Ala Met Arg Arg Thr Thr Pro Phe Ser Gly Phe Ser
 385 390 395 400

Val Pro Pro Ser Ser Met Ser Ala Phe Asp Ile Leu Thr Val Ala Ala
 405 410 415

Thr Ile Phe Leu Tyr Arg Arg Thr Ile Cys Pro Phe Leu Ala Arg Leu
 420 425 430

Ser Gly Arg Pro Ala Gly Pro Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly Leu Gly
 435 440 445

Leu Val Val Gly Ala Leu Ala Met Thr Thr Ala Gly Thr Val Glu His
 450 455 460

Phe Arg Lys Ala Arg Ala Thr Ala Ala Met Ser Ser Asp Leu His Ile
 465 470 475 480

Met Trp Gln Val Pro Gln Tyr Ala Leu Ile Gly Val Ser Glu Val Met
 485 490 495

Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe Asn Gly Gln Met Pro Asp Gly
 500 505 510

Leu Lys Ser Phe Gly Ser Ala Leu Cys Met Met Ser Met Ser Leu Gly
 515 520 525

Asn Tyr Phe Ser Asp Ile Ile Val Ser Ala Val Thr Arg Leu Thr Thr
 530 535 540

Thr Arg Gly Arg Ser Gly Trp Ile Pro Ala Asp Leu Asn Glu Gly His
 545 550 555 560

Leu Asp Lys Phe Tyr Phe Leu Leu Ala Val Leu Ala Val Ala Asp Phe
 565 570 575

Ala Val Tyr Leu Val Cys Ala Ser Arg Tyr Gly Ser Gly Lys Val Asp
 580 585 590

Gly Arg Ser Ser Asp Asp Glu Glu Glu Gly Ala Ala Gly Gln Val Thr
 595 600 605

Ser Pro Ala Tyr Ala
610

<210> 524

<211> 1746

<212> ДНК

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8658700

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 525

<400> 524

```
atgggagagg tcgcgacat gtacaccca gacgggacgg tggacaggaa ggggaatccc 60
gccctgaaga aggacaccgg caactggagg gcatgccctt acatcctcgc gaacgagtgc 120
tgcgagaggc tggcctacta tggcatgagc accaaccttg ttactacat gaagaccggg 180
cttggccagg tgaacagcgt cgcctccaac aacgtcacca actggtcagg gacgtgctac 240
atcacgccac tcatcggcgc cttcttcgcc gacgcgtacc tggggagggt ctggaccatc 300
gccagcttca tgggtcatcta cattttcggga ctggcgctgc tgacgatggc gtcgtcgggtg 360
aaggggctgg tgcctacgtc gtgtgacaat gacggcggtg gccacccgac ggacgcgcag 420
tcggcggtgg tgttcgtggc gctgtacctg atcgcgctgg gaacggggcg gatcaagccc 480
tgcgtgtcct ctttcggcgc cgaccagttc gacgagaacg acgagcggga gaagaagagc 540
aagagctcct tcttcaactg gttctacttc tccatcaaca tcggcgcgct ggtggcgctc 600
acggtgctgg tgtacgtgca gacgcacatc ggctggggct ggggcttcgg catccccgcc 660
gtggatcatg ccatcgcctg cgtcagcttc ttcgtgggca cgccgctgta caggcaccag 720
aagcccggtg gcagcccgtc gacgcgcacg gcgcaggtgc tcgtcgcgtg cgcgcgcaag 780
tggaacgtgg ccgtgcccgc cgacaagtgc cgcctccacg agacgctgga caaggagtcc 840
ggcatcgagg gcagccgcaa gctggagcac acggaccagc tcgctgcctc cgacaggggt 900
gccgtcgtga cggccgagga cagcgcgcgc ggggcccgca cggcgacgag cccgtggcgc 960
ctgtgcacgg tgacgcaggt ggaggagctc aagagcgtga tccggctgct ccccatctgg 1020
gcgagcggga tcgtgttcgc ggcgggtgtac tcgcagatga gcacatggt catcctccag 1080
ggcgacacgc tggaccagcg catgggggtc aagttcaaga tcccctcggc gacgctctcc 1140
atggtggaca ccatcagcgt catcttctgg gtgcccgtct acgaccgcgt catcgtgccc 1200
gtcgtcgcgt cctacaccgg ccgtccccga gggttcacgc agctgcagcg gatgggcatc 1260
ggcctcgtcg tctccatctt ctccatggtg gcggcggggc tgctggacat cgtgcccgtg 1320
aacgccgtgg cgcggcacgg cctgtacggc aaggacgacc acgtgcccat ctccatcttc 1380
```

tggcagatac cgcagtactt catcatcggg tgcgcggagg tgttcacctt cgtggggcag 1440
 ctggagttct tctacgacca ggcgccccgac gccatgagga gcatgtgctc cgcgctgtcg 1500
 ctcaccaccg tcgcgctcgg caactacctc agcacggtgc tggtgacctat cgtcacgcac 1560
 atcaccacca ggaacggcaa catcgggtgg atcccggaga acctcaaccg gggccacctc 1620
 gactacttct tctggctgct cgccgtgctc agcctcctca acttcctcgt ctacctcgtc 1680
 atcgccacct ggtacaagta caagaagacg gccgatgata tcccggacgc caaaggggag 1740
 cactga 1746

<210> 525
 <211> 581
 <212> белок
 <213> Sorghum bicolor

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (97)..(504)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8658700

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1207,1 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 525
 Met Gly Glu Val Ala Asp Met Tyr Thr Gln Asp Gly Thr Val Asp Arg
 1 5 10 15
 Lys Gly Asn Pro Ala Leu Lys Lys Asp Thr Gly Asn Trp Arg Ala Cys
 20 25 30
 Pro Tyr Ile Leu Ala Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly
 35 40 45
 Met Ser Thr Asn Leu Val His Tyr Met Lys Thr Arg Leu Gly Gln Val
 50 55 60
 Asn Ser Val Ala Ser Asn Asn Val Thr Asn Trp Ser Gly Thr Cys Tyr
 65 70 75 80
 Ile Thr Pro Leu Ile Gly Ala Phe Phe Ala Asp Ala Tyr Leu Gly Arg
 85 90 95
 Phe Trp Thr Ile Ala Ser Phe Met Val Ile Tyr Ile Phe Gly Leu Ala
 100 105 110
 Leu Leu Thr Met Ala Ser Ser Val Lys Gly Leu Val Pro Thr Ser Cys
 115 120 125

Asp Asn Asp Gly Val Cys His Pro Thr Asp Ala Gln Ser Ala Val Val
 130 135 140

Phe Val Ala Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro
 145 150 155 160

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

Glu Lys Lys Ser Lys Ser Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile
 180 185 190

Asn Ile Gly Ala Leu Val Ala Ser Thr Val Leu Val Tyr Val Gln Thr
 195 200 205

His Ile Gly Trp Gly Trp Gly Phe Gly Ile Pro Ala Val Val Met Ala
 210 215 220

Ile Ala Val Val Ser Phe Phe Val Gly Thr Pro Leu Tyr Arg His Gln
 225 230 235 240

Lys Pro Gly Gly Ser Pro Leu Thr Arg Ile Ala Gln Val Leu Val Ala
 245 250 255

Cys Ala Arg Lys Trp Asn Val Ala Val Pro Ala Asp Lys Ser Arg Leu
 260 265 270

His Glu Thr Leu Asp Lys Glu Ser Gly Ile Glu Gly Ser Arg Lys Leu
 275 280 285

Glu His Thr Asp Gln Leu Ala Cys Leu Asp Arg Ala Ala Val Val Thr
 290 295 300

Ala Glu Asp Ser Ala Ala Gly Ala Ala Thr Ala Thr Ser Pro Trp Arg
 305 310 315 320

Leu Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Leu Lys Ser Val Ile Arg Leu
 325 330 335

Leu Pro Ile Trp Ala Ser Gly Ile Val Phe Ala Ala Val Tyr Ser Gln
 340 345 350

Met Ser Thr Met Phe Ile Leu Gln Gly Asp Thr Leu Asp Gln Arg Met
 355 360 365

Gly Ser Lys Phe Lys Ile Pro Ser Ala Thr Leu Ser Met Val Asp Thr
 370 375 380

Ile Ser Val Ile Phe Trp Val Pro Val Tyr Asp Arg Val Ile Val Pro
 385 390 395 400

Val Val Arg Ser Tyr Thr Gly Arg Pro Arg Gly Phe Thr Gln Leu Gln
 405 410 415

Arg Met Gly Ile Gly Leu Val Val Ser Ile Phe Ser Met Val Ala Ala
 420 425 430

Gly Val Leu Asp Ile Val Arg Leu Asn Ala Val Ala Arg His Gly Leu
 435 440 445

Tyr Gly Lys Asp Asp His Val Pro Ile Ser Ile Phe Trp Gln Ile Pro
 450 455 460

Gln Tyr Phe Ile Ile Gly Cys Ala Glu Val Phe Thr Phe Val Gly Gln
 465 470 475 480
 Leu Glu Phe Phe Tyr Asp Gln Ala Pro Asp Ala Met Arg Ser Met Cys
 485 490 495
 Ser Ala Leu Ser Leu Thr Thr Val Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Thr
 500 505 510
 Val Leu Val Thr Ile Val Thr His Ile Thr Thr Arg Asn Gly Asn Ile
 515 520 525
 Gly Trp Ile Pro Glu Asn Leu Asn Arg Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe
 530 535 540
 Trp Leu Leu Ala Val Leu Ser Leu Leu Asn Phe Leu Val Tyr Leu Val
 545 550 555 560
 Ile Ala Thr Trp Tyr Lys Tyr Lys Lys Thr Ala Asp Asp Ile Pro Asp
 565 570 575
 Ala Lys Gly Glu His
 580

<210> 526

<211> 559

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (96)..(488)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157346088

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1129,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 526

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

Thr Pro Leu Leu Gly Ala Phe Leu Ala Asp Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr
 85 90 95

Trp Thr Ile Ala Gly Phe Ser Ile Ile Tyr Val Phe Gly Met Thr Leu
 100 105 110

Leu Thr Leu Ser Ala Ser Ala His Gly Leu Lys Pro Leu Cys Asp Gly
 115 120 125

Gln Asn Val Cys Tyr Pro Thr Gly Leu Gln Thr Ala Val Phe Phe Val
 130 135 140

Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val
 145 150 155 160

Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Ser Asp Glu Thr Glu Arg
 165 170 175

Lys Ser Lys Ser Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile Asn Ile
 180 185 190

Gly Ala Leu Leu Ala Ser Ser Val Leu Val Trp Val Gln Thr Asn Val
 195 200 205

Gly Trp Gly Trp Gly Phe Gly Ile Pro Ala Val Ala Met Gly Ile Ala
 210 215 220

Val Met Ser Phe Phe Ser Gly Thr Arg Leu Tyr Arg Asn Gln Lys Pro
 225 230 235 240

Gly Gly Ser Pro Leu Thr Arg Ile Cys Gln Val Ile Val Ala Ser Leu
 245 250 255

Arg Lys Phe Gln Val Glu Val Pro Ala Asp Lys Cys Leu Leu Tyr Glu
 260 265 270

Thr Ala Asp Ser Glu Ser Ala Val Thr Gly Ser Arg Lys Leu Asp His
 275 280 285

Thr Lys His Leu Ser Phe Phe Asp Lys Ala Ala Val Glu Thr His Ile
 290 295 300

Asp Ala Ile Lys Gly Ser Val Asp Ser Trp Arg Leu Cys Thr Val Thr
 305 310 315 320

Gln Val Glu Glu Leu Lys Ser Ile Ile Arg Leu Leu Pro Ile Trp Ala
 325 330 335

Thr Gly Ile Val Phe Ser Ala Val Tyr Ser Gln Met Gly Thr Leu Phe
 340 345 350

Val Leu Gln Gly Asn Thr Met Asp Leu His Ile Thr Gly Ser Phe Gln
 355 360 365

Ile Pro Ser Ala Ser Leu Ser Leu Phe Asp Thr Ile Ser Val Ile Phe
 370 375 380

Trp Val Pro Ile Tyr Asp Arg Leu Ile Val Pro Phe Ala Arg Lys Phe
 385 390 395 400

Thr Gly His Lys Ser Gly Phe Thr Gln Leu Gln Arg Ile Ala Ile Gly
 405 410 415

Leu Val Ile Ser Ile Phe Ala Met Leu Val Ala Gly Thr Leu Glu Leu
 420 425 430
 Leu Arg Leu Arg Met His Ile Pro Met Ser Ile Phe Trp Gln Val Pro
 435 440 445
 Gln Tyr Phe Ile Ile Gly Cys Ala Glu Val Phe Thr Phe Ile Gly Gln
 450 455 460
 Leu Glu Phe Phe Tyr Glu Gln Ala Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys
 465 470 475 480
 Ser Ala Leu Ser Leu Thr Thr Ala Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Thr
 485 490 495
 Leu Leu Val Asn Val Val Thr Asp Val Ser Thr Arg Gly Gly Lys Pro
 500 505 510
 Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu Asn Tyr Gly His Leu His Tyr Phe Phe
 515 520 525
 Trp Leu Leu Ala Ala Leu Ser Val Phe Asn Leu Gly Val Tyr Leu Gln
 530 535 540
 Val Ala Arg Trp Tyr Thr Tyr Lys Arg Thr Ala Val Asp Ser Leu
 545 550 555

<210> 527
 <211> 2110
 <212> ДНК
 <213> Gossypium hirsutum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1926916

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 528

<400> 527
 aacattccac tccttcagct tgtgttaata tctaatacaac caaatttttaa ggatcccaga 60
 acttcctttt ctttttcctt tttgttaaaa gattccaaaa gttggttgaca ttaccaatct 120
 aacaagttgc aaaacaatca tgggatctat ggatgaagag agatcgcttt tgggaagctga 180
 acttaatcag gctgaaagca gtgggcttta cactggggat ggctccgctt acttcaatgg 240
 gaatcctatt ttgaagcaga atactggaaa ttggagagcg tgccctttca ttttgggtaa 300
 tgaatgctgt gagagattgg cttattatgg gatagcaact aatcttgtaa gttacctgac 360
 caagaaactg catgaagga atgtatcagc tgcaagaaat gtaactactt ggcaaggaac 420
 ttgctacctt acacctctca ttggagccgt cttagcagat gcatattggg gaagatattg 480
 gacaattgct gctttctcca ctatttactt cttcggaatg tgtacattga ctctctcagc 540
 atcaattcct gcaactgaaac ctgctgaatg tgtgggttct atttgtccct cagctactcc 600
 agctcagtat gctgtatttt tctttgggct ttatctgatt gcattagggg cgggtggaat 660

caaaccgtgt gtttcac	ctct	ttggggccga	tcagtttgat	gatactgatc	ccaatgaaag	720
ggatgaagaag gggtcct	tttt	tcaactgggt	ctatctttcc	atcaacattg	gtgctctgat	780
ctcaagcagt cttctggt	gt	ggattcagga	caatgctgga	tggggctctg	gatttggcat	840
tccagcattg tttatggg	cc	ttgcaattgg	aagttttttc	tcaggcacgg	cactctatag	900
atttcaaaga ccaggagg	aa	gccctattac	aagaatgttc	caggttttgg	ttgcagcatt	960
tcataaacgg agcctca	agg	tacctgaaga	cagtactctc	ctatatgaaa	ctggtgaaaa	1020
gcactctgcc atagaagg	aa	gtcggaaact	agagcacagt	gaggagttag	agtgcctaga	1080
taaagctgcc atagtcac	tg	atgttgaaac	caaaagtggg	gacttctcaa	atccttggag	1140
gctttgcact gtaacaca	ag	tggaggaatt	gaaaatcttg	atccgcatgt	ttcccatatg	1200
ggctactgga attgtgtt	ct	ctgctgtata	tgctcaaatg	tcaactatgt	ttgtggaaca	1260
agggatgatg atggacac	aa	aaattgggtc	tttactatt	cctcctgctt	ctctctcaac	1320
ttttgatggt attagtgt	ta	ttttttgggt	ccccatctat	gataggatca	ttgtcccaat	1380
tgcaagaaag ttcacacg	ta	aggagcgagg	cttctcagag	ttgcagcgta	tgggaattgg	1440
tctttttatt tcagtcct	at	gcatgtcagc	cgcagctgtg	gtggagacca	ggagattgca	1500
ccttgctaaa gagctaga	t	tggctgataa	gcaggctcgt	gtaccatta	gtattctttg	1560
gcaaatacct caatattt	ct	tgttgggtgc	cgcagaggtc	tgcacattta	tcggacagct	1620
tgagttcttc tatgatc	agt	cccctgatgc	catgcggagt	ttatgtagtg	cgctttcact	1680
tctgactaca tctttagg	ca	attacctgag	ttcttttatt	ctaactcttg	taacttactt	1740
cacaacaaag ggtggcc	aga	ttggttggat	atcggacaac	cttaacgagg	gtcatctcga	1800
ctatttcttc tggctctt	gg	ctggctcag	cttcttaaac	atgttgggtg	ataccctttg	1860
tgcttcgagg tacaagc	aga	agaaggcttc	ctaaagtcc	ttctcatatg	gagagaaatt	1920
aagctgaaat gttgttat	ag	ataaaaactg	tatgcatctc	aatacagggg	catccttcca	1980
ccttggaaac caactat	ctt	gtatcttatt	gggttatatt	cattttctag	ctgattctcg	2040
catattgtac attaata	ctg	catggttttc	aattatctgc	catccttaaa	tgctggatta	2100
aattgtttgc						2110

<210> 528
 <211> 584
 <212> белок
 <213> *Gossypium hirsutum*

 <220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (113)..(517)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

 <220>
 <221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1926916

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1251,4 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 528

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

Gln Ala Glu Ser Ser Gly Leu Tyr Thr Gly Asp Gly Ser Val Asp Phe
20 25 30

Asn Gly Asn Pro Ile Leu Lys Gln Asn Thr Gly Asn Trp Arg Ala Cys
35 40 45

Pro Phe Ile Leu Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly
50 55 60

Ile Ala Thr Asn Leu Val Ser Tyr Leu Thr Lys Lys Leu His Glu Gly
65 70 75 80

Asn Val Ser Ala Ala Arg Asn Val Thr Thr Trp Gln Gly Thr Cys Tyr
85 90 95

Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ala Tyr Trp Gly Arg
100 105 110

Tyr Trp Thr Ile Ala Ala Phe Ser Thr Ile Tyr Phe Phe Gly Met Cys
115 120 125

Thr Leu Thr Leu Ser Ala Ser Ile Pro Ala Leu Lys Pro Ala Glu Cys
130 135 140

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

Phe Phe Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro
165 170 175

Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Pro Asn
180 185 190

Glu Arg Val Lys Lys Gly Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile
195 200 205

Asn Ile Gly Ala Leu Ile Ser Ser Ser Leu Leu Val Trp Ile Gln Asp
210 215 220

Asn Ala Gly Trp Gly Leu Gly Phe Gly Ile Pro Ala Leu Phe Met Gly
225 230 235 240

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

Arg Pro Gly Gly Ser Pro Ile Thr Arg Met Phe Gln Val Leu Val Ala
260 265 270

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

<210> 529

<211> 585

<212> белок

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (113)..(517)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 15226861

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1180,1 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 529

Met Gly Ser Ile Glu Glu Glu Ala Arg Pro Leu Ile Glu Glu Gly Leu
1 5 10 15

Ile Leu Gln Glu Val Lys Leu Tyr Ala Glu Asp Gly Ser Val Asp Phe
20 25 30

Asn Gly Asn Pro Pro Leu Lys Glu Lys Thr Gly Asn Trp Lys Ala Cys
35 40 45

Pro Phe Ile Leu Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly
50 55 60

Ile Ala Gly Asn Leu Ile Thr Tyr Leu Thr Thr Lys Leu His Gln Gly
65 70 75 80

Asn Val Ser Ala Ala Thr Asn Val Thr Thr Trp Gln Gly Thr Cys Tyr
85 90 95

Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ala Tyr Trp Gly Arg
100 105 110

Tyr Trp Thr Ile Ala Cys Phe Ser Gly Ile Tyr Phe Ile Gly Met Ser
115 120 125

Ala Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val Pro Ala Leu Lys Pro Ala Glu Cys
130 135 140

Ile Gly Asp Phe Cys Pro Ser Ala Thr Pro Ala Gln Tyr Ala Met Phe
145 150 155 160

Phe Gly Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro
165 170 175

Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Ser Arg
180 185 190

Glu Arg Val Arg Lys Ala Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile
195 200 205

Asn Ile Gly Ala Leu Val Ser Ser Ser Leu Leu Val Trp Ile Gln Glu
210 215 220

Asn Arg Gly Trp Gly Leu Gly Phe Gly Ile Pro Thr Val Phe Met Gly
 225 230 235 240
 Leu Ala Ile Ala Ser Phe Phe Phe Gly Thr Pro Leu Tyr Arg Phe Gln
 245 250 255
 Lys Pro Gly Gly Ser Pro Ile Thr Arg Ile Ser Gln Val Val Val Ala
 260 265 270
 Ser Phe Arg Lys Ser Ser Val Lys Val Pro Glu Asp Ala Thr Leu Leu
 275 280 285
 Tyr Glu Thr Gln Asp Lys Asn Ser Ala Ile Ala Gly Ser Arg Lys Ile
 290 295 300
 Glu His Thr Asp Asp Cys Gln Tyr Leu Asp Lys Ala Ala Val Ile Ser
 305 310 315 320
 Glu Glu Glu Ser Lys Ser Gly Asp Tyr Ser Asn Ser Trp Arg Leu Cys
 325 330 335
 Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Leu Lys Ile Leu Ile Arg Met Phe Pro
 340 345 350
 Ile Trp Ala Ser Gly Ile Ile Phe Ser Ala Val Tyr Ala Gln Met Ser
 355 360 365
 Thr Met Phe Val Gln Gln Gly Arg Ala Met Asn Cys Lys Ile Gly Ser
 370 375 380
 Phe Gln Leu Pro Pro Ala Ala Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Ser Val
 385 390 395 400
 Ile Ile Trp Val Pro Leu Tyr Asp Arg Phe Ile Val Pro Leu Ala Arg
 405 410 415
 Lys Phe Thr Gly Val Asp Lys Gly Phe Thr Glu Ile Gln Arg Met Gly
 420 425 430
 Ile Gly Leu Phe Val Ser Val Leu Cys Met Ala Ala Ala Ala Ile Val
 435 440 445
 Glu Ile Ile Arg Leu His Met Ala Asn Asp Leu Gly Leu Val Glu Ser
 450 455 460
 Gly Ala Pro Val Pro Ile Ser Val Leu Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe
 465 470 475 480
 Ile Leu Gly Ala Ala Glu Val Phe Tyr Phe Ile Gly Gln Leu Glu Phe
 485 490 495
 Phe Tyr Asp Gln Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu
 500 505 510
 Ala Leu Leu Thr Asn Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Leu Ile Leu
 515 520 525
 Thr Leu Val Thr Tyr Phe Thr Thr Arg Asn Gly Gln Glu Gly Trp Ile
 530 535 540
 Ser Asp Asn Leu Asn Ser Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu
 545 550 555 560

Ala Gly Leu Ser Leu Val Asn Met Ala Val Tyr Phe Phe Ser Ala Ala
565 570 575

Arg Tyr Lys Gln Lys Lys Ala Ser Ser
580 585

<210> 530
<211> 2216
<212> ДНК
<213> Triticum aestivum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 816960

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 531

<400> 530
aaaatcсааа ggtggctgtg gctgtggctc acacacacac acacagagag agacaagaga 60
cagcgagtca cagaccgagg gagggggagc tcagaccagg ccagcgggaa tcgcgcgcgc 120
gggccgggcy acgactgagg cggagatccc ttccgaccgg ccgccgccgc cgctcgtcga 180
cacgaccaа cagaggaagc agttcctctg agttgctgca gcgcgtagtc tgagagacaa 240
gcaagtacag cagccatggg ggaggctcgc gccggagctgt acaccagga tggcaccatc 300
gacatcaagg gcaaccggc cctcaagagc aacaccggca actggcgagc atgcccctac 360
atcctcgcga acgagtgctg cgagcgcctt gcctactacg gcatgagcac caacctggtc 420
aacttcatga aggaccggat gggcatggcc aacgcggcgg ccgccaаааа cgtcaccaac 480
tggggcggca cctgctacat cccccgctc atcggcgctt tctcgcgga cgcctacctc 540
ggccgcttct ggaccatcgc ctcttcatg atcatctaca tcttcggcct cggcctgctc 600
accatggcca cctccgtgca cggcctcgtg cccgcctgcy cctccaaggg cgtgtgcygac 660
cccacgccgg gccagtcggc ggccgtcttc atcgcgctct acctcatcgc gctcggcacc 720
ggcgggatca agccctgcgt ctctctcttc ggggccgacc agttcgacga gcaagcgcgac 780
gtggagcgcа agagcaagag ctcttctctc aactggttct acttctccat caacatcggc 840
gcgctgggtg cctcgtccgt gctgggtgtac gtgcagacgc atgtgggggtg gagctggggc 900
ttcggcatcc ccgccgtcgt catggccatc gccgtcggca gcttcttctg cggcacgccg 960
ctgtaccgcc accagcgcgc cggcggcagc ccgctcacc gcacgcgcga ggtgctcgtg 1020
gccgccacgc gcaagctcgg cgtccccgct gacgggctcg cgtgttacga gaccgcggac 1080
agggagtccg gcatcgaggg gagccgcaag ctggagcaca cggggcagtt caggttcctc 1140
gacaaggcgg cggtgagac gcaggcggac aagacggcgg ccaccgggcc gtcgccgtgg 1200
cggctgtgca cggtgacga ggtggaggag ctcaagagcy tggtgccgct gctgcccatc 1260
tgggcgagcy gcatcgtctt cggcacggtg tacggccaga tgagcaccat gttcgtgcta 1320

cagggcaaca ccctggacgc ctccatgggt cccaagttca agatcccctc cgcctccctc 1380
tccatcttcg acaccctcag cgtcatcgcc tgggtgcccg tctacgaccg catcctcgtc 1440
ccggcagtgc gctccgtcac cggccggccc cgcggcttca cccagctcca gcgcatgggc 1500
atcggcctcg tggctccat gttcgccatg ctcaccgccg gcgtgctcga gctcgtccgc 1560
ctccgcacca tcgcgacgcg cggcctctac ggggagaagg acgtggtgcc catctccatc 1620
ttctggcagg tgccgcagta cttcatcatc ggcgccgccg aggtgttcac cttcgtgggc 1680
cagctcgagt tcttctacga ccaggcggcc gacgccatga ggagcatgtg ctccgcgctc 1740
tcgctacca ccgtcgcgct cgggaactac ctcagcacgc tgctcgtcac cgtcgtggcc 1800
aagctacca ccaggggagg caagcagggg tggatccccg acaacctcaa cgtcggccac 1860
ctcgactact tcttctggct gctcgccgcg ctcagcctcc tcaacttcgc cgtctacctc 1920
ctcatcgcca gctggtacac ctacaagaag accgccggag atgaccggga cgccaaagcc 1980
aaaggaggag ctgatgatgc acatgaccag tgagtgactc tggctgcaac agttcgtgtc 2040
tgaatgcgtg cgtgttttct ttttcaagag acatgacaga atagattggt gaaagaagaa 2100
gaagaagaaa gcaaggatcg agacttcaga gttcagatag gtgaaattaa gggaggacaa 2160
tgaaatgcgt ggtgtgattt gtgacttcaa gattcaagag tgttgccctg ttgatt 2216

<210> 531
<211> 585
<212> белок
<213> Triticum aestivum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (98)..(500)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 816960

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1243,0 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 531
Met Gly Glu Val Ala Ala Glu Leu Tyr Thr Gln Asp Gly Thr Ile Asp
1 5 10 15
Ile Lys Gly Asn Pro Ala Leu Lys Ser Asn Thr Gly Asn Trp Arg Ala
20 25 30

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

Lys Ile Pro Ser Ala Ser Leu Ser Ile Phe Asp Thr Leu Ser Val Ile
 370 375 380
 Ala Trp Val Pro Val Tyr Asp Arg Ile Leu Val Pro Ala Val Arg Ser
 385 390 395 400
 Val Thr Gly Arg Pro Arg Gly Phe Thr Gln Leu Gln Arg Met Gly Ile
 405 410 415
 Gly Leu Val Val Ser Met Phe Ala Met Leu Thr Ala Gly Val Leu Glu
 420 425 430
 Leu Val Arg Leu Arg Thr Ile Ala Gln Arg Gly Leu Tyr Gly Glu Lys
 435 440 445
 Asp Val Val Pro Ile Ser Ile Phe Trp Gln Val Pro Gln Tyr Phe Ile
 450 455 460
 Ile Gly Ala Ala Glu Val Phe Thr Phe Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe
 465 470 475 480
 Tyr Asp Gln Ala Pro Asp Ala Met Arg Ser Met Cys Ser Ala Leu Ser
 485 490 495
 Leu Thr Thr Val Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Thr Leu Leu Val Thr
 500 505
 Val Val Ala Lys Leu Thr Thr Arg Gly Gly Lys Gln Gly Trp Ile Pro
 515 520 525
 Asp Asn Leu Asn Val Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Ala
 530 535 540
 Ala Leu Ser Leu Leu Asn Phe Ala Val Tyr Leu Leu Ile Ala Ser Trp
 545 550 555 560 565
 Tyr Thr Tyr Lys Lys Thr Ala Gly Asp Asp Pro Asp Ala Lys Ala Lys
 565 570 575
 Gly Gly Ala Asp Asp Ala His Asp Gln
 580 585

<210> 532

<211> 570

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (96)..(499)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 15232435

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1171,6 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 532

Met Glu Glu Lys Asp Val Tyr Thr Gln Asp Gly Thr Val Asp Ile His
1 5 10 15

Lys Asn Pro Ala Asn Lys Glu Lys Thr Gly Asn Trp Lys Ala Cys Arg
20 25 30

Phe Ile Leu Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Met
35 40 45

Gly Thr Asn Leu Val Asn Tyr Leu Glu Ser Arg Leu Asn Gln Gly Asn
50 55 60

Ala Thr Ala Ala Asn Asn Val Thr Asn Trp Ser Gly Thr Cys Tyr Ile
65 70 75 80

Thr Pro Leu Ile Gly Ala Phe Ile Ala Asp Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr
85 90 95

Trp Thr Ile Ala Thr Phe Val Phe Ile Tyr Val Ser Gly Met Thr Leu
100 105 110

Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val Pro Gly Leu Lys Pro Gly Asn Cys Asn
115 120 125

Ala Asp Thr Cys His Pro Asn Ser Ser Gln Thr Ala Val Phe Phe Val
130 135 140

Ala Leu Tyr Met Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val
145 150 155 160

Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Glu Asn Asp Glu Asn Glu Lys
165 170 175

Ile Lys Lys Ser Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile Asn Val
180 185 190

Gly Ala Leu Ile Ala Ala Thr Val Leu Val Trp Ile Gln Met Asn Val
195 200 205

Gly Trp Gly Trp Gly Phe Gly Val Pro Thr Val Ala Met Val Ile Ala
210 215 220

Val Cys Phe Phe Phe Phe Gly Ser Arg Phe Tyr Arg Leu Gln Arg Pro
225 230 235 240

Gly Gly Ser Pro Leu Thr Arg Ile Phe Gln Val Ile Val Ala Ala Phe
245 250 255

Arg Lys Ile Ser Val Lys Val Pro Glu Asp Lys Ser Leu Leu Phe Glu
260 265 270

Thr Ala Asp Asp Glu Ser Asn Ile Lys Gly Ser Arg Lys Leu Val His
275 280 285

Thr Asp Asn Leu Lys Phe Phe Asp Lys Ala Ala Val Glu Ser Gln Ser
290 295 300

Asp Ser Ile Lys Asp Gly Glu Val Asn Pro Trp Arg Leu Cys Ser Val
305 310 315 320

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

<210> 533

<211> 1758

<212> ДНК

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8643789

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 534

<400> 533

atggcgggcca tggccagtgg aggagatgag acgacgacga cgacgcttga cgggacgacg 60

gatcactccg gcaagccggc ggtgcggagc aagacgggga cgtggcgcgc gtgccctttc 120
atcctgggca acgagtgctg cgagcgcctg gcctactacg gcatgagctc caacctcgtc 180
aactacatga tcgaccgcct ccaccagggg aacgccgccg ccgccaacaa cgtcagcaac 240
tgggccggca cctgctacgt catgcccctc ctcggcgcct tcctggccga cgcctacctc 300
ggcaggtacc gcaccatcgc cgccttcatg gcgctctaca tcctcggcct cacgctgctc 360
accatgagcg ccgccgtccc gggcctcagg ccgccgcccg acggagcagg cgcctgacc 420
gcgggccaga gcgccgcctt cttcgtggcg ctctacctca tcgcggtggg cacgggaggc 480
atcaagccct gcgtctcatc cttcggcgcc gaccagttcg acgacgccga cccgcgcgag 540
cgccagagca agagctcctt cttcaactgg ttctacatgt ccatcaacgt cggcgcactc 600
ctcgectect ccgtgctcgt ctgggtccag atgaacgtcg gctggggatg gggctttggc 660
atccccgccg ccgccatggc cgtcgcctgc gccagcttcc tgatggggag caagctgtac 720
aggcaccaga agccgggggg cagcccgtc acgcggatgc tgcaggtggt ggtcgcgcc 780
tggaggaagg gaaagcagcc cgtgcccgcg gacgcgtccc tgctccacga ggcgtcctcc 840
gcctccgcgt ccgccatcca gggcagcagg aagctggagc acacggagca gttccgggtg 900
ctggacaggg cggcgggtgt gacctccacc gatgaggacg gcaagaacaa ccccgacccc 960
tggcggctgt gcacggtgac gcaggtggag gagctcaaga gtgtcatccg tcttctgccg 1020
gtgtgggcca gcggcatcgt catgtcggcg gtgtacagcc agatgagcac catgttcgtg 1080
ctgcagggca acacgctgga cccgcgcctg ggctccggcg ccggcgcctt caagatcccc 1140
tccgcctcgc tctccatctt cgacaccctc agcgtcatcg cctgggcgcc cgcctacgac 1200
cgactcgtcg tccccgccg gcgccgctgg acggggcacc cgcgcggctt cacgcagctc 1260
cagcgcattg gcatcggcct cgcctctctc gtctgtcca tgctcgcgcg gggggcgcctg 1320
gaggtggcca ggctccgcgt cgcgcctcgc cacggcatgc tcgacgactc caccaactac 1380
ctgcccattc ccatcttctg gcaggtgccg cagtacttca tcctcggagc cgcagaggtg 1440
ttcaccttca tcggccagat cgagttcttc tacgaccagg ccgccggacgc catgaggagc 1500
atgggcaccg cgctctcgt caccctcgtc gcgctcggca gctacctcag cgcgctgctg 1560
gtgtccgctg tcaccgcat caccacgagg aacggcggcc tcggctggat ccccgacaac 1620
ctcaaccggg gccacctcga ctacttcttc tggtgctctc ccgtgctcag cgtcatcaac 1680
ttcgtcgtct acctctggat tgcaaagtgg tacaggtaca agcaggcaac cacaagttat 1740
gaactcagca gtgtatag 1758

<210> 534

<211> 585

<212> белок

<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (103)..(510)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8643789

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1111,7 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 534

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

Ala Met Ala Val Ala Val Ala Ser Phe Leu Met Gly Ser Lys Leu Tyr
 225 230 235 240
 Arg His Gln Lys Pro Gly Gly Ser Pro Leu Thr Arg Met Leu Gln Val
 245 250 255
 Val Val Ala Ala Trp Arg Lys Gly Lys Gln Pro Val Pro Ala Asp Ala
 260 265 270
 Ser Leu Leu His Glu Ala Ser Ser Ala Ser Ala Ser Ala Ile Gln Gly
 275 280 285
 Ser Arg Lys Leu Glu His Thr Glu Gln Phe Arg Trp Leu Asp Arg Ala
 290 295 300
 Ala Val Val Thr Ser Thr Asp Glu Asp Gly Lys Asn Asn Pro Asp Pro
 305 310 315 320
 Trp Arg Leu Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Leu Lys Ser Val Ile
 325 330 335
 Arg Leu Leu Pro Val Trp Ala Ser Gly Ile Val Met Ser Ala Val Tyr
 340 345 350
 Ser Gln Met Ser Thr Met Phe Val Leu Gln Gly Asn Thr Leu Asp Pro
 355 360 365
 Arg Met Gly Ser Gly Ala Gly Ala Phe Lys Ile Pro Ser Ala Ser Leu
 370 375 380
 Ser Ile Phe Asp Thr Leu Ser Val Ile Ala Trp Ala Pro Ala Tyr Asp
 385 390 395 400
 Arg Leu Val Val Pro Ala Ala Arg Arg Trp Thr Gly His Pro Arg Gly
 405 410 415
 Phe Thr Gln Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Ala Val Ser Val Leu
 420 425 430
 Ser Met Leu Ala Ala Gly Ala Leu Glu Val Ala Arg Leu Arg Val Ala
 435 440 445
 Ala Ser His Gly Met Leu Asp Asp Ser Thr Asn Tyr Leu Pro Ile Ser
 450 455 460
 Ile Phe Trp Gln Val Pro Gln Tyr Phe Ile Ile Gly Ala Ala Glu Val
 465 470 475 480
 Phe Thr Phe Ile Gly Gln Ile Glu Phe Phe Tyr Asp Gln Ala Pro Asp
 485 490 495
 Ala Met Arg Ser Met Gly Thr Ala Leu Ser Leu Thr Ser Ser Ala Leu
 500 505 510
 Gly Ser Tyr Leu Ser Ala Leu Leu Val Ser Val Val Thr Ala Ile Thr
 515 520 525
 Thr Arg Asn Gly Gly Leu Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu Asn Arg Gly
 530 535 540
 His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Ser Val Leu Ser Val Ile Asn
 545 550 555 560

Phe Val Val Tyr Leu Trp Ile Ala Lys Trp Tyr Arg Tyr Lys Gln Ala
565 570 575

Thr Thr Ser Tyr Glu Leu Ser Ser Val
580 585

<210> 535
<211> 1743
<212> ДНК
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8631367

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 536

<400> 535
atggatccta ccactattga ttcgaaatgg acgtctccca tcaactgaaga tgggtccatg 60
gacagacgag gaaaccsagc tgtcaagaca accaccggag gatggagatc tgccatcctg 120
ctgttagcta actatggact cgcgacgtgc gccttcttcg gcgtcggcgt gaacctcgtg 180
gtgttctcgc gccgggtgct ccaccagggc aacgccgagg cggccaacaa catcagcaag 240
tggacagggg cctctacat cttctccctc atcggcgctt tcctcagcga ctctactggg 300
ggccgttacg tcacctgccc catctttcag atcatctatg tgacgggcct ggtgatcctg 360
tcgcttgctg catggttctt gttggtgaag ccctccggct gcggcggcgt caaggtgcac 420
tgcgacgagc cgtcggcgcc cggcgctcgc ctgttctacc tgtccaccta catgatcgcg 480
ttcggcaacg gagggtagca gccttccatc gcgaccttcg gatcggacca gttcagcagag 540
acggaccca aggaggggag ctccaaggtc gccttcttca gctacttcta cctggcgctc 600
aacgtggggg ccctgttttc caacacggtg ctggtgtact acgaggactc agggcgggtgg 660
gtcatggggg tctgggtctc ggcggcgccc gccgcgctgg cgctcgtgct cttcttgctc 720
ggcacgcca actaccggca cttcaagccg agcggcaacc cgctgaccag cgtcgcgcag 780
gtgttcgctg ccgcgttccg caagtggcac gctgaggttc cccgcggcga gctcctccac 840
gaggtggaag gagaggacc taagatctcg ggcattccga agatccttca cagcagcagag 900
ctcaggttcc tcgacaaagc ggcgacgatc accgaggggg agaagatgga gaaccctggtg 960
aggctctgca cggtgacgca ggtggaggag gtgaagtgca tcctgaagat gctgcccata 1020
tggctgtgca cgatcgtgta ctcggtggtg ttcaccaga tggcgtcgtc gttcgtggag 1080
cagggcgcca ccatggacac caacatcggg tcgttccact tccccgcagc gagcatgtcg 1140
ctgttcgacg tcctcagcgt gctggcgctt atcgccatct accggcgggt cctggtgccc 1200
gtcatggcgc ggctgtcggg caaccgcag ggcctgacgg agctgcagcg catgggcgctc 1260
gggctcgtga tcggcatggc ggcgatggtg gtggcggggc tgggtggagg ggagcgggctg 1320

```

aagcgcgtgg cagccccgga ccagccgagc tcctgagcgc tgctgtggca ggtgccgcag 1380
tacgcgctga tcggggcgtc ggaggtgttc atgtacgtgg ggcagctgga gttcttcaac 1440
gggcaggcgc ccgacggcgt caagagcttc ggcagcgcgc tgtgcatggc gtccatctcg 1500
ctggggaact acgtgagcat catgctggtg agcgtggtca caagcctcac cgccggggag 1560
aagcgtccgg ggtggatccc tgggaacctc aactccggcc acctggacag gttctacttc 1620
ctcctcgcag cgctctcgct cgtcgacctc gccgtctaca tcgcctgtgc catgtggtac 1680
aagggcatca agcttgacgg cggcgacggc gatgacagta gaaaggtctc tgcgcatgtc 1740
tag 1743

```

```

<210> 536
<211> 580
<212> белок
<213> Sorghum bicolor

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (103)..(499)
<223> Название Pfam: PTR2
        Описание Pfam: семейство POT

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8631367

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1335,6 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

```

```

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

```

```

<400> 536
Met Asp Pro Thr Thr Ile Asp Ser Lys Trp Thr Ser Pro Ile Thr Glu
1          5          10          15
Asp Gly Ser Met Asp Arg Arg Gly Asn Pro Ala Val Lys Thr Thr Thr
          20          25          30
Gly Gly Trp Arg Ser Ala Ile Leu Leu Leu Ala Asn Tyr Gly Leu Ala
          35          40          45
Thr Cys Ala Phe Phe Gly Val Gly Val Asn Leu Val Val Phe Leu Arg
          50          55          60
Arg Val Leu His Gln Gly Asn Ala Glu Ala Ala Asn Asn Ile Ser Lys
65          70          75          80
Trp Thr Gly Thr Val Tyr Ile Phe Ser Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ser
          85          90          95
Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Val Thr Cys Ala Ile Phe Gln Ile Ile
100         105         110

```

Tyr Val Thr Gly Leu Val Ile Leu Ser Leu Ala Ser Trp Phe Leu Leu
 115 120 125

Val Lys Pro Ser Gly Cys Gly Gly Val Lys Val His Cys Asp Glu Pro
 130 135 140

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

Phe Gly Asn Gly Gly Tyr Gln Pro Ser Ile Ala Thr Phe Gly Ser Asp
 165 170 175

Gln Phe Asp Glu Thr Asp Pro Lys Glu Gly Arg Ser Lys Val Ala Phe
 180 185 190

Phe Ser Tyr Phe Tyr Leu Ala Leu Asn Val Gly Ser Leu Phe Ser Asn
 195 200 205

Thr Val Leu Val Tyr Tyr Glu Asp Ser Gly Arg Trp Val Met Gly Phe
 210 215 220

Trp Val Ser Ala Ala Ala Ala Ala Leu Ala Leu Val Leu Phe Leu Leu
 225 230 235 240

Gly Thr Pro Asn Tyr Arg His Phe Lys Pro Ser Gly Asn Pro Leu Thr
 245 250 255

Arg Val Ala Gln Val Phe Val Ala Ala Phe Arg Lys Trp His Ala Glu
 260 265 270

Val Pro Arg Gly Glu Leu Leu His Glu Val Glu Gly Glu Asp Pro Lys
 275 280 285

Ile Ser Gly Ile Arg Lys Ile Leu His Ser Asp Glu Leu Arg Phe Leu
 290 295 300

Asp Lys Ala Ala Thr Ile Thr Glu Gly Glu Lys Met Glu Asn Pro Trp
 305 310 315 320

Arg Leu Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Val Lys Cys Ile Leu Lys
 325 330 335

Met Leu Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Val Tyr Ser Val Val Phe Thr
 340 345 350

Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Glu Gln Gly Ala Thr Met Asp Thr Asn
 355 360 365

Ile Gly Ser Phe His Phe Pro Ala Ala Ser Met Ser Leu Phe Asp Val
 370 375 380

Leu Ser Val Leu Ala Phe Ile Ala Ile Tyr Arg Arg Val Leu Val Pro
 385 390 395 400

Val Met Ala Arg Leu Ser Gly Asn Pro Gln Gly Leu Thr Glu Leu Gln
 405 410 415

Arg Met Gly Val Gly Leu Val Ile Gly Met Ala Ala Met Val Val Ala
 420 425 430

Gly Val Val Glu Val Glu Arg Leu Lys Arg Val Ala Ala Pro Asp Gln
 435 440 445

Pro Ser Ser Leu Ser Val Leu Trp Gln Val Pro Gln Tyr Ala Leu Ile
 450 455 460
 Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe Asn
 465 470 475 480
 Gly Gln Ala Pro Asp Gly Val Lys Ser Phe Gly Ser Ala Leu Cys Met
 485 490 495
 Ala Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser Ile Met Leu Val Ser Val
 500 505 510
 Val Thr Ser Leu Thr Ala Gly Glu Lys Arg Pro Gly Trp Ile Pro Gly
 515 520 525
 Asn Leu Asn Ser Gly His Leu Asp Arg Phe Tyr Phe Leu Leu Ala Ala
 530 535 540
 Leu Ser Leu Val Asp Leu Ala Val Tyr Ile Ala Cys Ala Met Trp Tyr
 545 550 555 560
 Lys Gly Ile Lys Leu Asp Gly Gly Asp Gly Asp Asp Ser Arg Lys Val
 565 570 575
 Ser Ala His Val
 580

<210> 537

<211> 612

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (141)..(545)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157339093

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1272,6 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 537

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

Val Leu Arg Ser Asn Thr Gly Asn Trp Arg Ala Cys Pro Phe Ile Leu
 65 70 75 80

Gly Thr Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Ile Ala Thr Asn
 85 90 95

Leu Val Thr Tyr Leu Thr Ser Lys Leu His Glu Gly Asn Val Ser Ala
 100 105 110

Ala Arg Asn Val Thr Thr Trp Gln Gly Thr Cys Tyr Leu Thr Pro Leu
 115 120 125

Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ala Tyr Cys Gly Arg Tyr Trp Thr Ile
 130 135 140

Ala Ala Phe Ser Thr Ile Tyr Phe Ile Gly Met Cys Thr Leu Thr Leu
 145 150 155 160

Ser Ala Thr Val Pro Ala Phe Lys Pro Ala Asp Cys Val Gly Ser Val
 165 170 175

Cys Pro Pro Ala Thr Thr Ala Gln Tyr Ala Val Phe Phe Phe Gly Leu
 180 185 190

Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val Ser Ser
 195 200 205

Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Pro Lys Glu Arg Val Lys
 210 215 220

Lys Gly Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile Asn Ile Gly Ala
 225 230 235 240

Leu Val Ser Ser Ser Phe Leu Val Trp Ile Gln Asp Asn Ala Gly Trp
 245 250 255

Gly Leu Gly Phe Gly Ile Pro Ala Leu Phe Met Gly Ile Ala Ile Ala
 260 265 270

Ser Phe Phe Ser Gly Thr Pro Leu Tyr Arg Phe Gln Lys Pro Gly Gly
 275 280 285

Ser Pro Ile Thr Arg Met Cys Gln Val Leu Val Ala Ser Phe Arg Lys
 290 295 300

Trp Lys Leu Glu Val Pro Lys Asp Ser Asn Leu Leu Tyr Glu Thr Pro
 305 310 315 320

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

Glu Leu Lys Cys Leu Asp Lys Ala Ala Val Ile Ser Asp Ala Glu Ile
 340 345 350

Lys Ser Gly Asp Phe Ser Asn Pro Trp Asn Leu Cys Thr Val Thr Gln
 355 360 365

Val Glu Glu Leu Lys Ile Leu Ile Arg Met Phe Pro Ile Trp Ala Thr
 370 375 380

Gly Ile Val Phe Ser Ala Val Tyr Ala Gln Met Ser Thr Met Phe Val
 385 390 395 400

Glu Gln Gly Met Val Met Asp Thr Asn Ile Gly Ser Phe Thr Ile Pro
 405 410 415
 Pro Ala Ser Leu Ser Thr Phe Asp Val Ile Ser Val Ile Phe Trp Val
 420 425 430
 Pro Val Tyr Asp Arg Ile Leu Val Pro Ile Ala Arg Lys Phe Thr Gly
 435 440 445
 Lys Glu Arg Gly Phe Ser Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Phe
 450 455 460
 Leu Ser Val Leu Cys Met Ser Ala Ala Ala Leu Val Glu Ile Lys Arg
 465 470 475 480
 Leu Gln Leu Ala Thr Ala Leu Asp Leu Val Asp Glu Asp Val Ala Val
 485 490 495
 Pro Leu Ser Ile Leu Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe Leu Leu Gly Ala
 500 505 510
 Ala Glu Val Phe Thr Phe Ile Gly Gln Leu Glu Phe Phe Tyr Asp Gln
 515 520 525
 Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu Ser Leu Leu Thr
 530 535 540
 Thr Ser Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ala Phe Ile Leu Thr Val Val Thr
 545 550 555 560
 Thr Leu Thr Thr Glu Asp Gly Lys Thr Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu
 565 570 575
 Asn Lys Gly His Leu Asp Tyr Tyr Phe Trp Leu Leu Ala Gly Leu Ser
 580 585 590
 Phe Leu Asn Leu Leu Val Tyr Met Ile Cys Ala Lys Ile Tyr Lys Arg
 595 600 605
 Lys Lys Gly Ser
 610

<210> 538

<211> 1767

<212> ДНК

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8633031

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 539

<400> 538

atggccggcg ccgagcgcgt ggaggctccc tccttgagg agcaagggct cctcgctcta 60

gaggaatcca accaactagt atacactgga gatggatcag ttgacttttc tggaaatcct 120

gttatcaagg aaagaactgg tagatggaag gcatgtccat tcatattagg taatgaatgc 180

tgtgaacgac tggcctatta tggcatcgcc acgaaccttg ttacttactt gacaaaaaag 240

ctacatgttg gcaatgcctc tgctgctagc aacgtgacta catggcaggg aacttgctac	300
ttgactccgc ttattggagc agtcctggct gatgcatact gggggaagta ttggataatt	360
gcaacatcct ccatagtgta cttcatcggg atggtaatac tgactctttc agcatcagtt	420
cctatgctca tgcctccatc ctgtgaagga tccttttgcg caccagcaag cccttttcag	480
tatactgtct tttttcttgg tctttatctg attgcactgg gtgctggtgg aattaagcca	540
tgcgtctcgt cttttggagc tgatcaatth gatgatacag atcctgatga gcgaatccag	600
aagggttctt tctttaattg gttctatctt tcaataaata ttggtggcct catatcaagc	660
agctttctgg tttgggtgca agacaatgth ggatggggac tgggctttgg cattccgaca	720
gtatccatgg ggctggcaat cataagcttc ttctctggca catcacttta taggthccaa	780
aaacctggag gtagtcctat tacacgagta tgccaggtga ttgthgctc gttgcgcaag	840
tggaatgtgc atgtcccaga ggacagctct ctcttgatg agcaacctga tggggtatca	900
acaattgagg ggagtcggca attagagcac acagatgaac tcagatthtt tgacaaggct	960
gctacagttg ccaaagttga cgtgaaaact gctgacttca acaatccatg gcggatatgc	1020
acagtcacgc aggtggaaga actaaagata ctggtaagga tgttccctat atgggcaaca	1080
acaatcgtgt tttctgttgc atatgctcag atgtcaacaa tgtttgtgga acaaggcatg	1140
gtgcttgacc catccttggg ttcattcaag tttcctccag cgtcgttatc tacttttgac	1200
accctaacca tcatcatatg tgtcccgatg tacaattaca tcatggthcc aatagctagg	1260
agattcactg gcaacgggag gggctthaca gagthgcaga ggatgggcat tggcctggta	1320
atthccatca tagctatgtc agtcgctgca atccttgaaa tcaagcggct agaagthgcc	1380
agggagcac acctggtaga tcagaacatc ccagthccat tgagcatatt ctggcaaatc	1440
cctcagtatt tcctgatcgg tctagcggag gtgttcacat tcatcggagc gctcagthtc	1500
ttttataatc agtcaccgga tgccatgagg agcgtctgca gcgcactthaa tctthtcacc	1560
gthtctthtg ggaactatct caacacgthc atthtgacaa tggthgcata cththactaca	1620
aggggaggta acctggatg gattcctgac aactthaacg aagggcatct tgattacttc	1680
thctggctca ttgctggcct cagththctg aacctgattg tatatgtcat ctgtgctagc	1740
aaatacaaga gcaagaaggc agctthga	1767

<210> 539

<211> 588

<212> белок

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (117)..(521)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8633031

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1182,5 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 539

Met Ala Gly Ala Glu Arg Val Glu Ala Pro Ser Leu Glu Glu Gln Gly
1 5 10 15

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

Ser Val Asp Phe Ser Gly Asn Pro Val Ile Lys Glu Arg Thr Gly Arg
35 40 45

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

Ala Tyr Tyr Gly Ile Ala Thr Asn Leu Val Thr Tyr Leu Thr Lys Lys
65 70 75 80

Leu His Val Gly Asn Ala Ser Ala Ala Ser Asn Val Thr Thr Trp Gln
85 90 95

Gly Thr Cys Tyr Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ala
100 105 110

Tyr Trp Gly Lys Tyr Trp Ile Ile Ala Thr Ser Ser Ile Val Tyr Phe
115 120 125

Ile Gly Met Val Ile Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val Pro Met Leu Met
130 135 140

Pro Pro Ser Cys Glu Gly Ser Phe Cys Ala Pro Ala Ser Pro Phe Gln
145 150 155 160

Tyr Thr Val Phe Phe Leu Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Ala Gly
165 170 175

Gly Ile Lys Pro Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp
180 185 190

Thr Asp Pro Asp Glu Arg Ile Gln Lys Gly Ser Phe Phe Asn Trp Phe
195 200 205

Tyr Leu Ser Ile Asn Ile Gly Gly Leu Ile Ser Ser Ser Phe Leu Val
210 215 220

Trp Val Gln Asp Asn Val Gly Trp Gly Leu Gly Phe Gly Ile Pro Thr
225 230 235 240

Val Ser Met Gly Leu Ala Ile Ile Ser Phe Phe Ser Gly Thr Ser Leu
245 250 255

Tyr Arg Phe Gln Lys Pro Gly Gly Ser Pro Ile Thr Arg Val Cys Gln
260 265 270
Val Ile Val Ala Ser Leu Arg Lys Trp Asn Val His Val Pro Glu Asp
275 280 285
Ser Ser Leu Leu Tyr Glu Gln Pro Asp Gly Val Ser Thr Ile Glu Gly
290 295 300
Ser Arg Gln Leu Glu His Thr Asp Glu Leu Arg Phe Phe Asp Lys Ala
305 310 315 320
Ala Thr Val Ala Lys Val Asp Val Lys Thr Ala Asp Phe Asn Asn Pro
325 330 335
Trp Arg Ile Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Leu Lys Ile Leu Val
340 345 350
Arg Met Phe Pro Ile Trp Ala Thr Thr Ile Val Phe Ser Val Ala Tyr
355 360 365
Ala Gln Met Ser Thr Met Phe Val Glu Gln Gly Met Val Leu Asp Pro
370 375 380
Ser Leu Gly Ser Phe Lys Phe Pro Pro Ala Ser Leu Ser Thr Phe Asp
385 390 395 400
Thr Leu Thr Ile Ile Ile Cys Val Pro Met Tyr Asn Tyr Ile Met Val
405 410 415
Pro Ile Ala Arg Arg Phe Thr Gly Asn Gly Arg Gly Phe Thr Glu Leu
420 425 430
Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Val Ile Ser Ile Ile Ala Met Ser Val
435 440 445
Ala Ala Ile Leu Glu Ile Lys Arg Leu Glu Val Ala Arg Glu Ala His
450 455 460
Leu Val Asp Gln Asn Ile Pro Val Pro Leu Ser Ile Phe Trp Gln Ile
465 470 475 480
Pro Gln Tyr Phe Leu Ile Gly Leu Ala Glu Val Phe Thr Phe Ile Gly
485 490 495
Ala Leu Glu Phe Phe Tyr Asn Gln Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Val
500 505 510
Cys Ser Ala Leu Asn Leu Leu Thr Val Ser Phe Gly Asn Tyr Leu Asn
515 520 525
Thr Phe Ile Leu Thr Met Val Ala Tyr Phe Thr Thr Arg Gly Gly Asn
530 535 540
Pro Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu Asn Glu Gly His Leu Asp Tyr Phe
545 550 555 560
Phe Trp Leu Ile Ala Gly Leu Ser Phe Leu Asn Leu Ile Val Tyr Val
565 570 575
Ile Cys Ala Ser Lys Tyr Lys Ser Lys Lys Ala Ala
580 585

<210> 540
<211> 591
<212> белок
<213> *Oryza sativa* subsp. *indica*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (121)..(525)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 125543029

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1142,8 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 540
Met Glu Glu Ala Ala Glu Asp Arg Arg Leu Gln Val Arg Glu Glu Gly
1 5 10 15
Gly Asp Gln Glu Pro Leu Leu Leu Leu Pro Gln Asp Ala Asn Leu Tyr
20 25 30
Thr Gly Asp Gly Ser Val Asp Ile Lys Gly Arg Pro Ala Leu Lys His
35 40 45
Ala Thr Gly Asn Trp Arg Ala Cys Phe Phe Ile Leu Gly Asp Glu Cys
50 55 60
Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Ile Ala Lys Asn Leu Val Thr Tyr
65 70 75 80
Leu Lys Thr Asn Leu His Gln Gly Asn Leu Glu Ala Ala Arg Asn Val
85 90 95
Thr Thr Trp Gln Gly Thr Cys Tyr Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala Leu
100 105 110
Leu Ala Asp Ser Tyr Trp Gly Lys Tyr Trp Thr Ile Ala Ala Phe Ser
115 120 125
Ala Ile Tyr Phe Ile Gly Leu Val Ala Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val
130 135 140
Pro Ala Leu Gln Pro Pro Lys Cys Ser Gly Ser Ile Cys Pro Glu Ala
145 150 155 160
Ser Leu Leu Gln Tyr Gly Val Phe Phe Ser Gly Leu Tyr Met Ile Ala
165 170 175
Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp
180 185 190
Gln Phe Asp Asp Ser Asp Pro Ala Asp Arg Val Lys Lys Gly Ser Phe
195 200 205

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

Gln Gly Gly Asp Pro Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu Asn Glu Gly His
545 550 555 560

Leu Asp Arg Phe Phe Ser Leu Ile Ala Gly Ile Asn Phe Val Asn Leu
565 570 575

Leu Val Phe Thr Gly Cys Ala Met Arg Tyr Arg Tyr Lys Lys Ala
580 585 590

<210> 541

<211> 593

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (122)..(526)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 115454995

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1234,1 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 541

Met Ala Glu Val Thr Val Val Arg Ala Glu Arg Glu Glu Glu Ser Thr
1 5 10 15

Leu Glu Gln Gly Leu Leu Ala Ile Pro Glu Glu Ser Asn Gln Leu Thr
20 25 30

Tyr Thr Gly Asp Gly Ser Val Asp Phe Ser Gly Asn Pro Val Val Lys
35 40 45

Glu Arg Thr Gly Arg Trp Arg Ala Cys Pro Phe Ile Leu Gly Asn Glu
50 55 60

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

Tyr Leu Thr Lys Lys Leu His Asp Gly Asn Ala Ser Ala Ala Ser Asn
85 90 95

Val Thr Ala Trp Gln Gly Thr Cys Tyr Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala
100 105 110

Ile Leu Ala Asp Ala Tyr Trp Gly Arg Tyr Trp Thr Ile Ala Thr Phe
115 120 125

Ser Thr Ile Tyr Phe Ile Gly Met Ala Val Leu Thr Leu Ser Ala Ser
130 135 140

Val Pro Thr Phe Met Pro Pro Pro Cys Glu Gly Ser Phe Cys Pro Pro
145 150 155 160

Ala Asn Pro Leu Gln Tyr Thr Val Phe Phe Leu Gly Leu Tyr Leu Ile
165 170 175
Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala
180 185 190
Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Pro Val Glu Arg Ile Gln Lys Gly Ser
195 200 205
Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile Asn Ile Gly Ala Leu Ile Ser
210 215 220
Ser Ser Phe Leu Val Trp Val Gln Asp Asn Ile Gly Trp Gly Ile Gly
225 230 235 240
Phe Gly Ile Pro Thr Ile Phe Met Gly Leu Ala Ile Ile Ser Phe Phe
245 250 255
Ser Gly Thr Ser Leu Tyr Arg Phe Gln Lys Pro Gly Gly Ser Pro Ile
260 265 270
Thr Arg Val Cys Gln Val Val Val Ala Ser Phe Arg Lys Trp Asn Val
275 280 285
His Val Pro Glu Asp Ser Ser Arg Leu Tyr Glu Leu Pro Asp Gly Ala
290 295 300
Ser Ala Ile Glu Gly Ser Arg Gln Leu Glu His Thr Asp Glu Leu Arg
305 310 315 320
Cys Leu Asp Lys Ala Ala Thr Ile Thr Asp Leu Asp Val Lys Ala Asp
325 330 335
Ser Phe Thr Asn Pro Trp Arg Ile Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu
340 345 350
Leu Lys Ile Leu Val Arg Met Phe Pro Val Trp Ala Thr Thr Ile Val
355 360 365
Phe Ser Ala Val Tyr Ala Gln Met Ser Thr Met Phe Val Glu Gln Gly
370 375 380
Met Met Leu Asp Thr Ser Val Gly Pro Phe Lys Ile Pro Pro Ala Ser
385 390 395 400
Leu Ser Thr Phe Asp Val Val Ser Val Ile Ile Trp Val Pro Leu Tyr
405 410 415
Asp Ser Ile Leu Val Pro Ile Ala Arg Arg Phe Thr Gly Asn Pro Arg
420 425 430
Gly Phe Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Val Ile Ser Ile
435 440 445
Phe Ser Met Ala Ala Ala Val Leu Glu Ile Lys Arg Leu Asp Ile
450 455 460
Ala Arg Ala Glu His Leu Val Asp Gln Asn Val Pro Val Pro Leu Asn
465 470 475 480
Ile Cys Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe Leu Val Gly Ala Ser Glu Val
485 490 495

Phe Thr Phe Val Gly Ser Leu Glu Phe Phe Tyr Asp Gln Ser Pro Asp
 500 505 510
 Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu Gln Leu Val Thr Thr Ala Leu
 515 520 525
 Gly Asn Tyr Leu Ser Ala Phe Ile Leu Thr Leu Val Ala Tyr Phe Thr
 530 535 540
 Thr Arg Gly Gly Asn Pro Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu Asn Gln Gly
 545 550 555 560
 His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Ala Gly Leu Ser Phe Leu Asn
 565 570 575
 Phe Val Ile Tyr Val Ile Cys Ala Asn Lys Tyr Lys Ser Lys Lys Ala
 580 585 590

Ala

<210> 542
 <211> 1758
 <212> ДНК
 <213> *Medicago truncatula*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8755090

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 543

<400> 542
 atggaaccag caggaccccc caacaatgtc aatcctgaca atattgaagt agttgaggcg 60
 acagaaggaa atcatgtcaa tggagaagtg gcagatggaa agagtaaagg aggatggaca 120
 actgcataca tcttgctagc taatcaagca ctggcaacac tagcattctt tggagttgga 180
 gtgaacttgg ttctgttctt aacgagagtc cttcgtcaag acagtgccga ggctgctaata 240
 aatgtcagct tgtggactgg aactgtttac atatthttcac tcttggggagc attccttagt 300
 gattcttatt ggggaagata cttaacatgc gctatctttc agctcttctt tgtttctgggt 360
 ttggggctga tgtctttgac atcatggctg tttttgatca aaccattagg ttgctgtaata 420
 gaacatagcg tttgcaatga accaacacca ttgggaatag gcctattcta tttgtcaata 480
 tatttggttg catttgata tggagggcat caacctacct tagcaacatt tggagctgat 540
 caatttgatg ataagagtat tcaacaacc aactccagag aggctttctt tagttacttt 600
 tactttgcac tcaatgttgg atcactattt tccaacacca ttttggttta ttacgaagat 660
 accggtatgt ggacattggg tttcgggtgc tccttagcct ctgctattat agccttgatt 720
 tcattcttag caggatctcg aaaatatcga tatgttaagg cgtatggcaa tcctgtcata 780
 agagtaatcc aggtctttgt tgctgccact aggaagtgga atggttgaacc cgccaaggag 840

gaccaacttt acgaggttga cggcaatgta tccgccatca aaggaagcag aaagattctt 900
 cactcccaag atataagatt catggacaag gcggcaacac ggacagtaaa agacgggaat 960
 gaatccggga accaatggcg actttgcact gtaactcaag ttgaggaagc caaatgtgtg 1020
 ttgagaatga taccagtttg gctgtgcact attatttact ctgttgtatt cacacaaatg 1080
 gcttctcttt ttgtcgaaca aggtgatgta atgaacaaca aggtaggaaa atttcacttg 1140
 ccagcagcaa ccatgtctgt gtttgatata tgcagtgtcc ttgtatgcac tggactttat 1200
 cgccaagttc tagttccctt ggccggaaaa ttaagcggta atcctaaggg gttaagcgaa 1260
 cttcaaagaa tgggagttgg cctagttatt ggaatgcttg cgatggttgc agctggtgta 1320
 acggagtttg aaaggcttaa acaagttcag cctggacaga aacaaagtaa tttgagtata 1380
 ttctgtcaaa ttccacagta tgttcttgtt ggtgcttcag aagtttttat gtatgtgggt 1440
 cagttggagt tcttcaatgg tcaagcacct gatggcataa aaagctttgg aagttcactt 1500
 tgtatggcat caatttctct tggaaactat gttagcagca tgatggtgaa attggtgatg 1560
 atattcactg ctagaggcga ggaacctgga tggattccga ataacttaa tgttggggcac 1620
 atggacaggt ttttctacct cattgcagcg ctaagtgcc ttgaccttgt catctatgtg 1680
 ttctgtgctc ggtggtataa ggggtgtcag aacattgaag gtagtgacaa tgtcgggaagc 1740
 caagaggaca atgtttga 1758

<210> 543
 <211> 585
 <212> белок
 <213> *Medicago truncatula*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (107)..(505)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8755090

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1170,2 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 543
 Met Glu Pro Ala Gly Pro Pro Asn Asn Val Asn Pro Asp Asn Ile Glu
 1 5 10 15
 Val Val Glu Ala Thr Glu Gly Asn His Val Asn Gly Glu Val Ala Asp
 20 25 30

Gly Lys Ser Lys Gly Gly Trp Thr Thr Ala Tyr Ile Leu Leu Ala Asn
 35 40 45

Gln Ala Leu Ala Thr Leu Ala Phe Phe Gly Val Gly Val Asn Leu Val
 50 55 60

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

Asn Val Ser Leu Trp Thr Gly Thr Val Tyr Ile Phe Ser Leu Leu Gly
 85 90 95

Ala Phe Leu Ser Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Cys Ala Ile
 100 105 110

Phe Gln Leu Phe Phe Val Leu Gly Leu Gly Leu Met Ser Leu Thr Ser
 115 120 125

Trp Leu Phe Leu Ile Lys Pro Leu Gly Cys Gly Asn Glu His Ser Val
 130 135 140

Cys Asn Glu Pro Thr Pro Leu Gly Ile Gly Leu Phe Tyr Leu Ser Ile
 145 150 155 160

Tyr Leu Val Ala Phe Gly Tyr Gly Gly His Gln Pro Thr Leu Ala Thr
 165 170 175

Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Lys Ser Ile Gln Gln Thr Asn Ser
 180 185 190

Arg Glu Ala Phe Phe Ser Tyr Phe Tyr Phe Ala Leu Asn Val Gly Ser
 195 200 205

Leu Phe Ser Asn Thr Ile Leu Val Tyr Tyr Glu Asp Thr Gly Met Trp
 210 215 220

Thr Leu Gly Phe Gly Val Ser Leu Ala Ser Ala Ile Ile Ala Leu Ile
 225 230 235 240

Ser Phe Leu Ala Gly Ser Arg Lys Tyr Arg Tyr Val Lys Ala Tyr Gly
 245 250 255

Asn Pro Val Ile Arg Val Ile Gln Val Phe Val Ala Ala Thr Arg Lys
 260 265 270

Trp Asn Val Glu Pro Ala Lys Glu Asp Gln Leu Tyr Glu Val Asp Gly
 275 280 285

Asn Val Ser Ala Ile Lys Gly Ser Arg Lys Ile Leu His Ser Gln Asp
 290 295 300

Ile Arg Phe Met Asp Lys Ala Ala Thr Arg Thr Val Lys Asp Gly Asn
 305 310 315 320

Glu Ser Gly Asn Gln Trp Arg Leu Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu
 325 330 335

Ala Lys Cys Val Leu Arg Met Ile Pro Val Trp Leu Cys Thr Ile Ile
 340 345 350

Tyr Ser Val Val Phe Thr Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Glu Gln Gly
 355 360 365

Asp Val Met Asn Asn Lys Val Gly Lys Phe His Leu Pro Ala Ala Thr
 370 375 380
 Met Ser Val Phe Asp Ile Cys Ser Val Leu Val Cys Thr Gly Leu Tyr
 385 390 395 400
 Arg Gln Val Leu Val Pro Leu Ala Gly Lys Leu Ser Gly Asn Pro Lys
 405 410 415
 Gly Leu Ser Glu Leu Gln Arg Met Gly Val Gly Leu Val Ile Gly Met
 420 425 430
 Leu Ala Met Val Ala Ala Gly Val Thr Glu Phe Glu Arg Leu Lys Gln
 435 440 445
 Val Gln Pro Gly Gln Lys Gln Ser Asn Leu Ser Ile Phe Cys Gln Ile
 450 455 460
 Pro Gln Tyr Val Leu Val Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly
 465 470 475 480
 Gln Leu Glu Phe Phe Asn Gly Gln Ala Pro Asp Gly Ile Lys Ser Phe
 485 490 495
 Gly Ser Ser Leu Cys Met Ala Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser
 500 505 510
 Ser Met Met Val Lys Leu Val Met Ile Phe Thr Ala Arg Gly Glu Glu
 515 520 525
 Pro Gly Trp Ile Pro Asn Asn Leu Asn Val Gly His Met Asp Arg Phe
 530 535 540
 Phe Tyr Leu Ile Ala Ala Leu Ser Ala Leu Asp Leu Val Ile Tyr Val
 545 550 555 560
 Phe Cys Ala Arg Trp Tyr Lys Gly Val Thr Asn Ile Glu Gly Ser Asp
 565 570 575
 Asn Val Gly Ser Gln Glu Asp Asn Val
 580 585

<210> 544
 <211> 1794
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8755097

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 545

<400> 544
 atggcctgct tagaagtcag caaagaggta aagttcaaag gtgacacgga agaactcact 60
 cttgatggaa gtgttgattg gcatggtcgc cctgcaatta gagccaaatc tggcagatgg 120
 gttgctggaa ccatcgttct attgaaccaa ggtctggcaa ccttagcatt ctttggagta 180
 ggggtgaacc tagtgctggt cctgacaaga gtgatggggc aagataatgc tgaagctgca 240

aacaatgtga gcaagtggac tggcacagtt tacatcttct ctcttgtggg tgctttccta	300
agtgattcgt attggggaag atacaaaact tgtgccatct ttcaggatcat ctttgtaata	360
ggcttagtat ccttgtctct ttcatacaca ctctccttga ttaggcctaa aggttgtggg	420
aatgaaacaa ttccatgtgg gaaacattca agcttggaga tggggatggt ctacctctca	480
atctatctta ttgctttagg gaatggaggg tatcaaccaa atattgccac atttggagct	540
gatcagtttg acgaggagca ctcaaaggag ggttactcaa aggttgcctt ctttagctac	600
ttctatctgg ctttgaacct tggttcactc ttctcaaaca caattctagg ctattttgaa	660
gatgaaggac tgtgggctct agggttctgg gtgtctgcag gctctgcttt tgctgccctt	720
gtcttatttc ttcttgggac cccaagatat agacacttca aacctagtgg caatcctctt	780
tcaaggttca gccaaagtct tgttgctgca tcaaggaaat ggagagctca aatggcatca	840
aatggagagg atctatatgt catggatgaa aatgaatctc ccaccaatgg caacaggaag	900
attctccaca ccgaagggtt caagtttctg gatagagcag cgattatata ttccagagat	960
ctagaagacc aaaagagtgg cgtttataac ccctggcgtc tctgccctat aactcaagtt	1020
gaagaagtga agtgcatact aagacttctt cctatttggc tttgcacgat aatatactca	1080
gtggttttca cacaaatggc ttctcttttt gtggagcaag gggctgccat gaaaactaca	1140
atttccatt tcagaatacc acctgcaagc atgtctagct ttgacatcct cagcgtagct	1200
gtcttcattt tcttctaccg tcgagtgatt gatccacttg tcggaagact taaaaagaaa	1260
agttccaagg gacttactga gcttcagaga atgggaatag ggcttgttat agctgtaatg	1320
gcaatggttt cagctggaat agttgaatgc tacagactta agtatgcaga cccagtatgc	1380
cccactgca gtggcacaag ctctttaacc atcttttggc aaattcctca gtacacactt	1440
attggagctt cagaggtttt catgtatgta ggccagttag agttcttcaa tgctcagacg	1500
ccagatggct taaagagctt cggaaagtgc ctttgcatga cgtccatata tcttgggaac	1560
tacgtaagta gcttacttgt tagtatagtt atgaagatct cactgagga tcacatgcca	1620
gggtggatcc ctggaaactt aaacagaggt cacctagata ggttttactt cctcttagct	1680
atcttgacat ctatagattt ggtcctttat attgcatgtg caaagtgggt caagagtata	1740
cagctggaag ggaaatatga agagaatgat atgcctggta gctttaaagt ctaa	1794

<210> 545

<211> 597

<212> белок

<213> Glycine max

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (108)..(516)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8755097

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1281,3 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 545

Met Ala Cys Leu Glu Val Ser Lys Glu Val Lys Phe Lys Gly Asp Thr
1 5 10 15

Glu Glu Leu Thr Leu Asp Gly Ser Val Asp Trp His Gly Arg Pro Ala
20 25 30

Ile Arg Ala Lys Ser Gly Arg Trp Val Ala Gly Thr Ile Val Leu Leu
35 40 45

Asn Gln Gly Leu Ala Thr Leu Ala Phe Phe Gly Val Gly Val Asn Leu
50 55 60

Val Leu Phe Leu Thr Arg Val Met Gly Gln Asp Asn Ala Glu Ala Ala
65 70 75 80

Asn Asn Val Ser Lys Trp Thr Gly Thr Val Tyr Ile Phe Ser Leu Val
85 90 95

Gly Ala Phe Leu Ser Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Lys Thr Cys Ala
100 105 110

Ile Phe Gln Val Ile Phe Val Ile Gly Leu Val Ser Leu Ser Leu Ser
115 120 125

Ser Tyr Leu Ser Leu Ile Arg Pro Lys Gly Cys Gly Asn Glu Thr Ile
130 135 140

Pro Cys Gly Lys His Ser Ser Leu Glu Met Gly Met Phe Tyr Leu Ser
145 150 155 160

Ile Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Asn Gly Gly Tyr Gln Pro Asn Ile Ala
165 170 175

Thr Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Glu Glu His Ser Lys Glu Gly Tyr
180 185 190

Ser Lys Val Ala Phe Phe Ser Tyr Phe Tyr Leu Ala Leu Asn Leu Gly
195 200 205

Ser Leu Phe Ser Asn Thr Ile Leu Gly Tyr Phe Glu Asp Glu Gly Leu
210 215 220

Trp Ala Leu Gly Phe Trp Val Ser Ala Gly Ser Ala Phe Ala Ala Leu
225 230 235 240

Val Leu Phe Leu Leu Gly Thr Pro Arg Tyr Arg His Phe Lys Pro Ser
245 250 255

Gly Asn Pro Leu Ser Arg Phe Ser Gln Val Leu Val Ala Ala Ser Arg
 260 265 270

Lys Trp Arg Ala Gln Met Ala Ser Asn Gly Glu Asp Leu Tyr Val Met
 275 280 285

Asp Glu Asn Glu Ser Pro Thr Asn Gly Asn Arg Lys Ile Leu His Thr
 290 295 300

Glu Gly Phe Lys Phe Leu Asp Arg Ala Ala Ile Ile Ser Ser Arg Asp
 305 310 315 320

Leu Glu Asp Gln Lys Ser Gly Val Tyr Asn Pro Trp Arg Leu Cys Pro
 325 330 335

Ile Thr Gln Val Glu Glu Val Lys Cys Ile Leu Arg Leu Leu Pro Ile
 340 345 350

Trp Leu Cys Thr Ile Ile Tyr Ser Val Val Phe Thr Gln Met Ala Ser
 355 360 365

Leu Phe Val Glu Gln Gly Ala Ala Met Lys Thr Thr Ile Ser His Phe
 370 375 380

Arg Ile Pro Pro Ala Ser Met Ser Ser Phe Asp Ile Leu Ser Val Ala
 385 390 395 400

Val Phe Ile Phe Phe Tyr Arg Arg Val Ile Asp Pro Leu Val Gly Arg
 405 410 415

Leu Lys Lys Lys Ser Ser Lys Gly Leu Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly
 420 425 430

Ile Gly Leu Val Ile Ala Val Met Ala Met Val Ser Ala Gly Ile Val
 435 440 445

Glu Cys Tyr Arg Leu Lys Tyr Ala Asp Pro Val Cys Pro His Cys Ser
 450 455 460

Gly Thr Ser Ser Leu Thr Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Thr Leu
 465 470 475 480

Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe
 485 490 495

Asn Ala Gln Thr Pro Asp Gly Leu Lys Ser Phe Gly Ser Ala Leu Cys
 500 505 510

Met Thr Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser Ser Leu Leu Val Ser
 515 520 525

Ile Val Met Lys Ile Ser Thr Glu Asp His Met Pro Gly Trp Ile Pro
 530 535 540

Gly Asn Leu Asn Arg Gly His Leu Asp Arg Phe Tyr Phe Leu Leu Ala
 545 550 555 560

Ile Leu Thr Ser Ile Asp Leu Val Leu Tyr Ile Ala Cys Ala Lys Trp
 565 570 575

Phe Lys Ser Ile Gln Leu Glu Gly Lys Tyr Glu Glu Asn Asp Met Pro
 580 585 590

Gly Ser Phe Lys Val
595

<210> 546
<211> 1797
<212> ДНК
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8755098

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 547

<400> 546
atgtcttgct tagagtctca tgtctacaaa gaggtaatta gaaagtttga agaagagtca 60
gaagaagtca ctcttgatgg gagtgttgat ttccatggac gtcctgcaat cagagccaaa 120
tctggcagat gggtggtgc aattatcata ctcttgaacc aagctctggc aacccttgca 180
ttctttggga tcggcgtgaa cctagtgttg tttctgacaa gggtggtagg acaaaacaat 240
gctgatgcag ccaacaatgt gagcaagtgg accggaactg ttacatctt ctctcttgctg 300
ggtgctttcc tcagtgatcc ttattgggga agatataaaa catgtgctgt ctttcaggctc 360
atctttgtta taggtctaata gtccttatcc ctgtcatcat acctattctt gcttaagcct 420
aaaggttgtg ggaatgaaac agttagtgtt gggaaacatt caaaattgga gatgggggatg 480
ttctacctct caatctatct tgttgccttg gggaaatggag gttatcaacc aaatattgcc 540
acatttgggg ctgatcagtt tgatgaggag cactcaaagg agggtcacaa caaggtggcc 600
ttcttttagct acttctacct agcttttaac attggccaac tcttctcaaa caccattctt 660
gtctattttg aggacgaagg aatgtgggct cttggtttct ggctgtctgc aggatctgcc 720
tttgctgcat tggctctggt tcttatatgc accccaaggt atagacactt caagcccagt 780
ggcaacccta tctccagggt cagccaagtc ctagtggctg catcaaggaa atccaaactt 840
caaatgtcat caaacggaga ggacttattc aacatggatg caaaggaggc atccaacgat 900
gccaacagaa agattctcca cactcacggg ttcaagttct tggatagggc agcgttcata 960
tcttcaagag atctagggga ccagaaaggg ctcggttaca acccatggcg tctctgtcct 1020
gtaagtcaag ttgaagaagt gaagtgcata ctgagacttc ttccaatctg gctctgcacc 1080
ataatatact cagtagtttt cacacaaatg gcttcacttt ttgtggagca aggtgctgcc 1140
atgaaaacca aggtttccaa cttcagaata ccaccagcta gcatgtccag ctttgatatac 1200
ctcagtgtgg ctgttttcat tttcttttac cgtcgagttc ttgatccatt tgtgggaaaa 1260
cttaaaaaga cagattctaa gggacttaca gagcttcaga gaatgggagt tggacttggt 1320
atagctgtac tggcaatggt ttcggctgga ttagttgaat gctataggct caagtatgca 1380

aaacaaggat gcctacactg caatgactcg agcactttaa gcatcttctg gcaaatccct 1440
cagtatgcat ttataggagc ttctgagggtt tttatgtacg taggtcagtt ggagttcttc 1500
aacgctcaga caccagacgg cttaaagagc tttggaagtg ctctttgcat gacatccatt 1560
tcccttggga actatgtgag tagtttactt gttagtgtgg ttatgaagat atccaccgaa 1620
gatcacatgc cgggggtggat ccctggacac ctcaacaaag gccacttaga taggttttac 1680
ttcctcttag ctgccttgac atcgatagac ttgatcgctt atattgcatg tgcaaaatgg 1740
tacaagtcta tacagctaga ggccaaaact ggagagattg atgagacaca agtataa 1797

<210> 547
<211> 598
<212> белок
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (112)..(520)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8755098

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1255,3 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 547
Met Ser Cys Leu Glu Ser His Val Tyr Lys Glu Val Ile Arg Lys Phe
1 5 10 15
Glu Glu Glu Ser Glu Glu Val Thr Leu Asp Gly Ser Val Asp Phe His
20 25 30
Gly Arg Pro Ala Ile Arg Ala Lys Ser Gly Arg Trp Val Ala Ala Ile
35 40 45
Ile Ile Leu Leu Asn Gln Ala Leu Ala Thr Leu Ala Phe Phe Gly Ile
50 55 60
Gly Val Asn Leu Val Leu Phe Leu Thr Arg Val Val Gly Gln Asn Asn
65 70 75 80
Ala Asp Ala Ala Asn Asn Val Ser Lys Trp Thr Gly Thr Val Tyr Ile
85 90 95
Phe Ser Leu Val Gly Ala Phe Leu Ser Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr
100 105 110
Lys Thr Cys Ala Val Phe Gln Val Ile Phe Val Ile Gly Leu Met Ser
115 120 125

Leu Ser Leu Ser Ser Tyr Leu Phe Leu Leu Lys Pro Lys Gly Cys Gly
 130 135 140

Asn Glu Thr Val Ser Cys Gly Lys His Ser Lys Leu Glu Met Gly Met
 145 150 155 160

Phe Tyr Leu Ser Ile Tyr Leu Val Ala Leu Gly Asn Gly Gly Tyr Gln
 165 170 175

Pro Asn Ile Ala Thr Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Glu Glu His Ser
 180 185 190

Lys Glu Gly His Asn Lys Val Ala Phe Phe Ser Tyr Phe Tyr Leu Ala
 195 200 205

Phe Asn Ile Gly Gln Leu Phe Ser Asn Thr Ile Leu Val Tyr Phe Glu
 210 215 220

Asp Glu Gly Met Trp Ala Leu Gly Phe Trp Leu Ser Ala Gly Ser Ala
 225 230 235 240

Phe Ala Ala Leu Val Leu Phe Leu Ile Cys Thr Pro Arg Tyr Arg His
 245 250 255

Phe Lys Pro Ser Gly Asn Pro Ile Ser Arg Phe Ser Gln Val Leu Val
 260 265 270

Ala Ala Ser Arg Lys Ser Lys Leu Gln Met Ser Ser Asn Gly Glu Asp
 275 280 285

Leu Phe Asn Met Asp Ala Lys Glu Ala Ser Asn Asp Ala Asn Arg Lys
 290 295 300

Ile Leu His Thr His Gly Phe Lys Phe Leu Asp Arg Ala Ala Phe Ile
 305 310 315 320

Ser Ser Arg Asp Leu Gly Asp Gln Lys Gly Leu Gly Tyr Asn Pro Trp
 325 330 335

Arg Leu Cys Pro Val Ser Gln Val Glu Glu Val Lys Cys Ile Leu Arg
 340 345 350

Leu Leu Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Ile Tyr Ser Val Val Phe Thr
 355 360 365

Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Glu Gln Gly Ala Ala Met Lys Thr Lys
 370 375 380

Val Ser Asn Phe Arg Ile Pro Pro Ala Ser Met Ser Ser Phe Asp Ile
 385 390 395 400

Leu Ser Val Ala Val Phe Ile Phe Phe Tyr Arg Arg Val Leu Asp Pro
 405 410 415

Phe Val Gly Lys Leu Lys Lys Thr Asp Ser Lys Gly Leu Thr Glu Leu
 420 425 430

Gln Arg Met Gly Val Gly Leu Val Ile Ala Val Leu Ala Met Val Ser
 435 440 445

Ala Gly Leu Val Glu Cys Tyr Arg Leu Lys Tyr Ala Lys Gln Gly Cys
 450 455 460

Leu His Cys Asn Asp Ser Ser Thr Leu Ser Ile Phe Trp Gln Ile Pro
 465 470 475 480
 Gln Tyr Ala Phe Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly Gln
 485 490 495
 Leu Glu Phe Phe Asn Ala Gln Thr Pro Asp Gly Leu Lys Ser Phe Gly
 500 505 510
 Ser Ala Leu Cys Met Thr Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser Ser
 515 520 525
 Leu Leu Val Ser Val Val Met Lys Ile Ser Thr Glu Asp His Met Pro
 530 535 540
 Gly Trp Ile Pro Gly His Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Arg Phe Tyr
 545 550 555 560
 Phe Leu Leu Ala Ala Leu Thr Ser Ile Asp Leu Ile Ala Tyr Ile Ala
 565 570 575
 Cys Ala Lys Trp Tyr Lys Ser Ile Gln Leu Glu Ala Lys Thr Gly Glu
 580 585 590
 Ile Asp Glu Thr Gln Val
 595

<210> 548
 <211> 1761
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8755099

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 549

<400> 548
 atggaagaaa aggtaaataa ggagcaccag gtttgacat cggatggagc tattgatagc 60
 cagggatcatc ctgcagttcg agagaaaacg ggtgactggg ttgctgcaat tttgatattta 120
 gtgaatcaag ggcttgctac tttggcattc tttggaattg gaggtaattt ggtgttgttt 180
 ttgacgagag tgatgggtca agacaatgct gaagcagcca acagtgtgag caagtggaca 240
 gggacagttt acctcttctc tcttcttggg gccttcctta gtgactctta ctggggaagg 300
 tacatgacct gtgccatctt ccaggtcata tttgttattg gtttggtgtc attatcacta 360
 tcgtcttaca tattcctact gaagccaagt ggttgtggaa ataaagagtt accatgtgga 420
 tcacactcat catacacaac gattttattc tatgtttcca tatacctaag agctctagga 480
 aatggaggat accagcctaa cattgctaca tttggggctg atcaatttga tgaaggagat 540
 accagggaac aacattcaaa aattgtattt ttcagctatt tttatttggc tttgaacatt 600
 gggatcactct tctccaacac catattgaat tattttgagg atgatggact atggactttg 660

gggttctggg cttcagctgg ctctgctgct ctggcattgg ttttgtttct ttgtggcaca 720
 cgaaggtata gatactttaa gcctaattgga aaccctcttc ctagattttg ccaagttttt 780
 gtggctgcta caagaaaatg gaaggccaag gtgttacaag atgataaact ttacgagggt 840
 gatgaattct caaccgatga agggagaaaa atgctccata ctgaaggatt tagattctta 900
 gacaaagcag ctttatcac atcaaagaat ttcaaacaaa tggaagagag taaatgcagt 960
 ccatggatc tatccactgt gacacaagta gaagaagtga aatgcattct aagactactc 1020
 ccaatttggc tatgcacat attatactct gtcgtttttg ctcaaattggc atcacttttt 1080
 gtggagcaag gcgatgcat ggacactaga atatcatctt tccacattcc tccagcaagc 1140
 atgtccacct ttgacattct aagtgtagca attgtcatct tcatttatag gcgagtctc 1200
 gacctcttg tggccagaac aatgaaatca aaaggactca ctgaacttca aaggatggga 1260
 attggtctag tcctagcaat tatggccatg gtttcagcag gattggtgga gcactttagg 1320
 ctaaagaatg caatagaaga ctgcaatgaa tgtaaagggt ctagtccact ttccatattt 1380
 tggcaagtgc cacaatatgt gtttgtgggg gcatcagaag ttttcatgta tgtgggtcaa 1440
 ttagagttct tcaatgcaca aacacctgat ggattaaaga gttttggtag tgcactttgc 1500
 atgacttcaa tatcacttgg aaactacgtt agtagcttgc ttgttgcaat tgtgatgaag 1560
 atttctgcca cagatgagat gccaggatgg atcccaggaa acttgaacaa agggcatttg 1620
 gatatgtttt acttcctctt agcagcactc accgcagctg atcttgtaat atatgtactg 1680
 atggctaggt ggtataaata tgtcaaattt caaggaaaca atgagaatga caccaacaaa 1740
 gaagaccctg aagtagtgta g 1761

<210> 549

<211> 586

<212> белок

<213> Glycine max

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (101)..(504)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8755099

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1291,8 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 549

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

Leu Arg Leu Leu Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Leu Tyr Ser Val Val
 340 345 350
 Phe Ala Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Glu Gln Gly Asp Ala Met Asp
 355 360 365
 Thr Arg Ile Ser Ser Phe His Ile Pro Pro Ala Ser Met Ser Thr Phe
 370 375 380
 Asp Ile Leu Ser Val Ala Ile Val Ile Phe Ile Tyr Arg Arg Val Leu
 385 390 395 400
 Asp Pro Leu Val Ala Arg Thr Met Lys Ser Lys Gly Leu Thr Glu Leu
 405 410 415
 Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Val Leu Ala Ile Met Ala Met Val Ser
 420 425 430
 Ala Gly Leu Val Glu His Phe Arg Leu Lys Asn Ala Ile Glu Asp Cys
 435 440 445
 Asn Glu Cys Lys Gly Ser Ser Ser Leu Ser Ile Phe Trp Gln Val Pro
 450 455 460
 Gln Tyr Val Phe Val Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly Gln
 465 470 475 480
 Leu Glu Phe Phe Asn Ala Gln Thr Pro Asp Gly Leu Lys Ser Phe Gly
 485 490 495
 Ser Ala Leu Cys Met Thr Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser Ser
 500 505 510
 Leu Leu Val Ala Ile Val Met Lys Ile Ser Ala Thr Asp Glu Met Pro
 515 520 525
 Gly Trp Ile Pro Gly Asn Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Met Phe Tyr
 530 535 540
 Phe Leu Leu Ala Ala Leu Thr Ala Ala Asp Leu Val Ile Tyr Val Leu
 545 550 555 560
 Met Ala Arg Trp Tyr Lys Tyr Val Lys Phe Gln Gly Asn Asn Glu Asn
 565 570 575
 Asp Thr Asn Lys Glu Asp Pro Glu Val Val
 580 585

<210> 550

<211> 584

<212> белок

<213> Artificial sequence

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (100)..(504)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1304,3 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 550

Met Asp Gln Lys Val Arg Gln Phe Glu Val Cys Thr Gln Asp Gly Ser
1 5 10 15

Val Asp Arg His Gly Asn Pro Ala Ile Arg Ala Asn Thr Gly Lys Trp
20 25 30

Leu Thr Ala Ile Leu Ile Leu Val Asn Gln Gly Leu Ala Thr Leu Ala
35 40 45

Phe Phe Gly Val Gly Val Asn Leu Val Leu Phe Leu Thr Arg Val Met
50 55 60

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

Thr Val Tyr Ile Phe Ser Leu Leu Gly Ala Phe Leu Ser Asp Ser Tyr
85 90 95

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

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

Ser Gly Cys Gly Val Glu Glu Ser Pro Cys Lys Pro His Ser Thr Val
130 135 140

Lys Thr Val Ile Phe Tyr Leu Ser Val Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Tyr
145 150 155 160

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

Ala Asp Asp Ser Val Glu Gly His Ser Lys Ile Ala Phe Phe Ser Tyr
180 185 190

Phe Tyr Leu Ala Leu Asn Leu Gly Ser Leu Leu Ser Asn Thr Val Leu
195 200 205

Gly Tyr Phe Glu Asp Gln Gly Ala Trp Pro Leu Gly Phe Trp Ala Ser
210 215 220

Ala Gly Ser Ala Phe Ala Gly Leu Val Leu Phe Leu Thr Gly Thr Pro
225 230 235 240

Lys Tyr Arg His Phe Lys Pro Arg Glu Ser Pro Trp Ser Arg Phe Cys
245 250 255

Gln Val Leu Val Ala Ser Thr Arg Lys Ala Lys Ile Asp Val Asn Tyr
260 265 270

Glu Asp Met Asn Leu Tyr Asp Ser Glu Thr Gln Arg Thr Gly Asp Lys
275 280 285

Lys Ile Leu His Thr Lys Gly Phe Arg Phe Leu Asp Arg Ala Ala Ile
290 295 300

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

<210> 551

<211> 596

<212> белок

<213> Glycine max

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (110)..(518)

<223> Название Pfam: PTR2

Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1258,7 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 551

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

Glu Ser Glu Glu Val Thr Leu Asp Gly Ser Val Asp Phe His Gly Arg
20 25 30

Pro Ala Ile Arg Ala Lys Ser Gly Arg Trp Val Ala Ala Ile Ile Ile
35 40 45

Leu Leu Asn Gln Ala Leu Ala Thr Leu Ala Phe Phe Gly Ile Gly Val
50 55 60

Asn Leu Val Leu Phe Leu Thr Arg Val Val Gly Gln Asn Asn Ala Asp
65 70 75 80

Ala Ala Asn Asn Val Ser Lys Trp Thr Gly Thr Val Tyr Ile Phe Ser
85 90 95

Leu Val Gly Ala Phe Leu Ser Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Lys Thr
100 105 110

Cys Ala Val Phe Gln Val Ile Phe Val Ile Gly Leu Met Ser Leu Ser
115 120 125

Leu Ser Ser Tyr Leu Phe Leu Leu Lys Pro Lys Gly Cys Gly Asn Glu
130 135 140

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

Leu Ser Ile Tyr Leu Val Ala Leu Gly Asn Gly Gly Tyr Gln Pro Asn
165 170 175

Ile Ala Thr Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Glu Glu His Ser Lys Glu
180 185 190

Gly His Asn Lys Val Ala Phe Phe Ser Tyr Phe Tyr Leu Ala Phe Asn
195 200 205

Ile Gly Gln Leu Phe Ser Asn Thr Ile Leu Val Tyr Phe Glu Asp Glu
210 215 220

Gly Met Trp Ala Leu Gly Phe Trp Leu Ser Ala Gly Ser Ala Phe Ala
225 230 235 240

Ala Leu Val Leu Phe Leu Val Cys Thr Pro Arg Tyr Arg His Phe Lys
245 250 255

Pro Ser Gly Asn Pro Leu Ser Arg Phe Ser Gln Val Leu Val Ala Ala
260 265 270

Ser Arg Lys Ser Lys Val Gln Met Ser Ser Asn Gly Glu Asp Leu Phe
 275 280 285

Asn Met Asp Ala Lys Glu Ala Ser Asn Asn Ala Asn Arg Lys Ile Leu
 290 295 300

His Thr His Gly Phe Lys Phe Leu Asp Arg Ala Ala Phe Ile Ser Ser
 305 310 315 320

Arg Asp Leu Gly Asp Gln Lys Gly Leu Gly Tyr Asn Pro Trp His Leu
 325 330 335

Cys Pro Val Ser Gln Val Glu Glu Val Lys Cys Ile Leu Arg Leu Leu
 340 345 350

Pro Ile Trp Leu Cys Thr Ile Ile Tyr Ser Val Val Phe Thr Gln Met
 355 360 365

Ala Ser Leu Phe Val Glu Gln Gly Ala Ala Met Lys Thr Lys Val Ser
 370 375 380

Asn Phe Arg Ile Pro Pro Ala Ser Met Ser Ser Phe Asp Ile Leu Ser
 385 390 395 400

Val Ala Val Phe Ile Phe Phe Tyr Arg Arg Val Leu Asp Pro Phe Val
 405 410 415

Gly Lys Leu Lys Lys Thr Asp Ser Lys Gly Leu Thr Glu Leu Gln Arg
 420 425 430

Met Gly Val Gly Leu Val Ile Ala Val Leu Ala Met Val Ser Ala Gly
 435 440 445

Leu Val Glu Cys Tyr Arg Leu Lys Tyr Ala Lys Gln Gly Cys Ile His
 450 455 460

Cys Asn Asp Ser Ser Thr Leu Ser Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr
 465 470 475 480

Ala Phe Ile Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr Val Gly Gln Leu Glu
 485 490 495

Phe Phe Asn Ala Gln Thr Pro Asp Gly Leu Lys Ser Phe Gly Ser Ala
 500 505 510

Leu Cys Met Thr Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr Val Ser Ser Leu Leu
 515 520 525

Val Ser Val Val Met Lys Ile Ser Thr Glu Asp His Met Pro Gly Trp
 530 535 540

Ile Pro Gly Asn Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Arg Phe Tyr Phe Leu
 545 550 555 560

Leu Ala Ala Leu Thr Ser Ile Asp Leu Ile Ala Tyr Ile Ala Cys Ala
 565 570 575

Lys Trp Tyr Lys Ser Ile Gln Leu Glu Ala Asn Thr Gly Glu Ile Asp
 580 585 590

Glu Pro Glu Val
 595

<210> 552
<211> 526
<212> белок
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (37)..(446)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1087,2 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 552
Met Gly Gln Asp Asn Ala Glu Ala Ala Asn Asn Val Ser Lys Trp Thr
1 5 10 15
Gly Thr Val Tyr Ile Phe Ser Leu Leu Gly Ala Phe Leu Ser Asp Ser
20 25 30
Tyr Trp Gly Arg Tyr Lys Thr Cys Ala Ile Phe Gln Ala Ser Phe Val
35 40 45
Ala Gly Leu Met Met Leu Ser Leu Ser Thr Gly Ala Leu Leu Leu Glu
50 55 60
Pro Ser Gly Cys Gly Val Glu Asp Ser Pro Cys Lys Pro His Ser Thr
65 70 75 80
Phe Lys Thr Val Leu Phe Tyr Leu Ser Val Tyr Leu Ile Ala Leu Gly
85 90 95
Tyr Gly Gly Tyr Gln Pro Asn Ile Ala Thr Phe Gly Ala Asp Gln Phe
100 105 110
Asp Ala Glu Asp Ser Val Glu Gly His Ser Lys Ile Ala Phe Phe Ser
115 120 125
Tyr Phe Tyr Leu Ala Leu Asn Leu Gly Ser Leu Phe Ser Asn Thr Val
130 135 140
Leu Gly Tyr Phe Glu Asp Gln Gly Glu Trp Pro Leu Gly Phe Trp Ala
145 150 155 160
Ser Ala Gly Ser Ala Phe Ala Gly Leu Val Leu Phe Leu Ile Gly Thr
165 170 175
Pro Lys Tyr Arg His Phe Thr Pro Arg Glu Ser Pro Trp Ser Arg Phe
180 185 190
Cys Gln Val Leu Val Ala Ala Thr Arg Lys Ala Lys Ile Asp Val His
195 200 205
His Glu Glu Leu Asn Leu Tyr Asp Ser Glu Thr Gln Tyr Thr Gly Asp
210 215 220

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

<210> 553
 <211> 857
 <212> ДНК
 <213> Zea mays
 <220>

<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1384304

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 554

<400> 553
ttactgcttc aattcgatcg ttgctagaaa gttgaaacca cgacatcgga ggcgtgaaaa 60
agttttaagt cacaccgaat caatcaagtg ggagggacac gttcttcaac ctattaatca 120
aaccctactc ttctcgggtca cgaaagtctt ggaagctttg cctgatttcg agcgacgatg 180
gacagatcgg cgtcgggtggg tatcaaggac ggcggatttg gtggcaacca cttgtattct 240
ccatcatttt cttcttcac tccatgaga catgtcaatt acagttgtgg atcttgtggg 300
tacgagctga acttgagctc caccaatcga attacatcat caattggatc gaagtatggg 360
aatccatga agactggaat catatccttc ttcaacattg acgaggggag attcagccag 420
gttgatgagt tccaatgcat gcctcacttc tccagatact cttgggggtt gttcagacgc 480
aagactaagc ttctctgtcg ccaatgtaat aactacatag gcaatgcttc ttatgacaag 540
gccctcctg agtacgact cgtaacacaa aactcatcgc ccaggaaggg tgtcactgac 600
actgttacca agtatgatat cagaattcgt gcgcttcaac cttcttccgg tgttgcttct 660
ctgtgactga gtgtgtttct tctacaactg tatattgtag aaaattcttc aaagtatcag 720
tactgttttc ataaggtggg ttcggctttt tctttctttc tcaaattgta cagtaattta 780
acaatttgcc tttttttttt ttttttgttt ctgagaatat tgagggtaaa tatgaatttc 840
acttgctcat gttcatc 857

<210> 554
<211> 162
<212> белок
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1384304

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 368,1 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 1

<400> 554
Met Asp Arg Ser Ala Ser Val Gly Ile Lys Asp Gly Gly Phe Gly Gly
1 5 10 15
Asn His Leu Tyr Ser Pro Ser Phe Ser Ser Ser Ser Ser Met Arg His
20 25 30
Val Asn Tyr Ser Cys Gly Ser Cys Gly Tyr Glu Leu Asn Leu Ser Ser
35 40 45

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

<210> 555
 <211> 495
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 564098

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 556

<400> 555
 atggagagat cagcgtcggg ggggtgtaac gacggccggt ttggtggcaa ccaattctat 60
 tcgccatctt tctcttcttc ttcttcttct tcttccatga gacatgttaa ttacagttgt 120
 ggatcttgtg ggtatgaact aaacctgagc tccacgaatc gaatcacatc gacaatcgga 180
 tcaaagtacg gtaaattccat gaagagtggg atcatatctt tcttcaacat cgacgagggg 240
 agattcagtc aggtc gatga gttccaatgc atgcctcact tctctagata ctcttggggg 300
 ttgtttcgac acagaacgaa gcttctatgt cgcaaagtga ataattatat cggcaatgct 360
 tctcaggaga aggctcctga gtatgcactt gttacacaaa actcggatcc gacatcgct 420
 aggattggta gtgttacgaa gtacgatatc agaatccgct cgcttcaacc ttcttctgcg 480
 gtcgctttgc tgtga 495

<210> 556
 <211> 164
 <212> белок
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 564098

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 378,1 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 1

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 556

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

<210> 557
<211> 495
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1443290

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 558

<400> 557

atggaaaaat ctaagggttg caagggagct tacctcaacg ggaatccccca tcattccttc 60
tcttcttctct ctgcttctca aagacatgtc agctacagct gcggtatttg cgggtatgaa 120

ttgaacttga gctcctccaa tcggaacacc tcattctattg gctctaaata tgggaaatcc 180
 ataaagagag ggatcatctc attcttcttc atcgatgaga gcagatttac ccaggttgat 240
 gaattccaat gcattccctt cttttcaaga aactcctggg gtttgttcca ccggagaaca 300
 gcacttcttt gccgcaagtg tggaataat attggaattg cttatgatga taaagcctca 360
 gcttatccac ttgtagcaga cggatctgac tcttcctcag tcagtgaagt ttccaaacat 420
 cgaaaatatg atgttaaaat ccgtgccttg cagccttctt ctgttgacca gtttagcact 480
 ccaattcaca cctga 495

<210> 558
 <211> 164
 <212> белок
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1443290

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 417,4 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 1

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 558
 Met Glu Lys Ser Lys Val Gly Lys Gly Ala Tyr Leu Asn Gly Asn Pro
 1 5 10 15
 His His Ser Phe Ser Ser Ser Ser Ala Ser Gln Arg His Val Ser Tyr
 20 25 30
 Ser Cys Gly Ile Cys Gly Tyr Glu Leu Asn Leu Ser Ser Ser Asn Arg
 35 40 45
 Asn Thr Ser Ser Ile Gly Ser Lys Tyr Gly Lys Ser Ile Lys Arg Gly
 50 55 60
 Ile Ile Ser Phe Phe Phe Ile Asp Glu Ser Arg Phe Thr Gln Val Asp
 65 70 75 80
 Glu Phe Gln Cys Ile Pro Phe Phe Ser Arg Asn Ser Trp Gly Leu Phe
 85 90 95
 His Arg Arg Thr Ala Leu Leu Cys Arg Lys Cys Gly Asn Asn Ile Gly
 100 105 110
 Ile Ala Tyr Asp Asp Lys Ala Ser Ala Tyr Pro Leu Val Ala Asp Gly
 115 120 125
 Ser Asp Ser Ser Ser Val Ser Glu Val Ser Lys His Arg Lys Tyr Asp
 130 135 140
 Val Lys Ile Arg Ala Leu Gln Pro Ser Ser Val Asp Gln Phe Ser Thr
 145 150 155 160

Pro Ile His Thr

<210> 559
<211> 936
<212> ДНК
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1042157

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 560

<400> 559
attatcttct tcttctctac ctttcgatcc ttctactttg gcgtgaccga accattccac 60
tccttcgcaa aacgggtgtcg tgccgatcgc gttcgttcgg ttaaactcgc gcgttcagaa 120
tcctccgga caacgctctt cgcccaattc cctataattc actcctctct ctctctcgct 180
ttctctggta acctcctcgc gacgggtggct cttccgcatt ccgccgccgc cactgccatc 240
gccgttgccg ccgccgaaa aactaatca atagatggat gattctgcgt tcaaacgagg 300
cggtcacttt aatcgaactt actcgtgctc ttctcagaga gatgtctggt acagctgtgg 360
cacttggtgt tatgagctga acctatcctc ctcaaaccgg aacctgcat ccattggatc 420
taaatacggg aagtccataa agcgaggat tatatcattc ttcagcattg atcttagcag 480
atttactcag gttgatgaaa ttcagtgtgt gccccatttt gataagcact catgggggtt 540
gtttcgccga agaaccaagc ttctttgtcg caagtgtggc aaccatattg gaaatgcata 600
caatggttac acttcgtcct ttctcttgt gtcagacgga gcagaatcat ctctagttc 660
caaagtggtc agtcatacaa aatatgacat tcgcatttgt gccttacaac ctccatcttc 720
tgaagaatct ggaatccccg tgtttgcttg aactacctgg taaaaatagt aattcctaca 780
cagccaaatc cggtgacagg gtgggttagaa gttcattaat atatgcagat ggtttggtct 840
gtttttgtg cttttcctaa tgaaaatgtg actaatagtc gtgtgaaaga gttgtaagaa 900
ttaaattaa aattattaca ggtgtgggat tttatg 936

<210> 560
<211> 158
<212> белок
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1042157

<220>
<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 404,0 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 1

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 560

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

<210> 561

<211> 994

<212> ДНК

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1919714

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 562

<400> 561

gagcgcgttc cctcttctct agaaactgct gctggttttt tttcatcctt ttaactcagt 60
ccctgaaaat tgagccgtta acgtcaacc gattcagggc gaaccgtttc ctactcaaa 120
atcctcgcac aaactcagca gttaattaa cacttcataa agttgagtcg ctttattagc 180
acagttgccg ttatagtgat aatcaaagg gttgattctg taggaagaag gaaaaagta 240
atggagaaat ctgtttttgt taaagatgta caacaactca atggaaatct ccaccattct 300
ttttcctctg tttctcaaag agatgtaact tacagctgtg gttcttgtgg gtatgagcta 360

aacctaagtt cctctagtag aaacaccgca acaatcggct ctaaataatgg aaaattgatt 420
aagcgagggga tgatatcatt cttcaatata gacgagacca gatttacgca ggtcgatgaa 480
ttccaatgca gaccctactt ttcgaagcac tcatgggggtt tattccgcca tagaaccaaa 540
ttactttgtc gcaagtgtgg gaaccacatt ggcgatgctt atgatgataa atcttctggc 600
taccctcatg tcttagatgg ttctgattca tcctccggca ctgaaccttc taaccataga 660
aaatatgatg ttagaatccg tgcctacag ccttcgactg ctgaaggact cggctctcca 720
ctttttgctg gatttctgc agtgcacatc tgatgggtctt cggtttgaat tatcaacgac 780
tgactgagcg ttttcgatg ggattattgc tgtctattag ttggtttgag tcttccattt 840
tatgctgtct ttgctgtgtt tctgttaagt gtatatatga aaggtaagta atgtggagct 900
ttaaaatgag gttgagcaca gtaatgtcat tacccaaatt taagtgtaat atctgtttga 960
gttgaattaa atcaagtatt tttcttttgg cttt 994

<210> 562

<211> 163

<212> белок

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1919714

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 433,3 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 1

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 562

Met Glu Lys Ser Val Phe Val Lys Asp Val Gln Gln Leu Asn Gly Asn
1 5 10 15

Leu His His Ser Phe Ser Ser Val Ser Gln Arg Asp Val Thr Tyr Ser
20 25 30

Cys Gly Ser Cys Gly Tyr Glu Leu Asn Leu Ser Ser Ser Ser Arg Asn
35 40 45

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

Ile Ser Phe Phe Asn Ile Asp Glu Thr Arg Phe Thr Gln Val Asp Glu
65 70 75 80

Phe Gln Cys Arg Pro Tyr Phe Ser Lys His Ser Trp Gly Leu Phe Arg
85 90 95

His Arg Thr Lys Leu Leu Cys Arg Lys Cys Gly Asn His Ile Gly Asp
100 105 110

Ala Tyr Asp Asp Lys Ser Ser Gly Tyr Pro His Val Leu Asp Gly Ser
115 120 125

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

Arg Ile Arg Ala Leu Gln Pro Ser Thr Ala Glu Gly Leu Gly Ser Pro
145 150 155 160

Leu Phe Ala

<210> 563

<211> 164

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157336039

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 402,2 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 1

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 563

Met Glu Asn Ser Met Val Leu Ala His Glu Thr Gln Pro His Arg Asp
1 5 10 15

Phe Ser Ala Ser Ser Leu Arg Asp Val Ser Tyr Ser Cys Gly Ser Cys
20 25 30

Gly Tyr Glu Leu Lys Leu Cys Ser Ser Asn Arg Asn Thr Lys Asn Ile
35 40 45

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

Gln Val Asp Glu Ser Arg Phe Thr Leu Val Asp Glu Phe Lys Cys Ile
65 70 75 80

Pro Tyr Phe Ile Ser Arg His Ser Trp Gly Leu Phe Cys His Arg Thr
85 90 95

Lys Leu Leu Cys Arg Lys Cys Ser Asn His Val Gly Asn Ala Tyr Val
100 105 110

Arg Lys Ser Pro Tyr Pro Leu Val Leu Asp Glu Ser Asp Ser Ala Pro
115 120 125

Ala Pro Ala Thr Ala Thr Thr Asp Ile Ser Thr Cys Arg Lys Tyr Asp
130 135 140

Ile Arg Leu Arg Ala Leu Gln Pro Ser Ser Ser Glu Pro Ser Ala Ile
145 150 155 160

Pro Leu Leu Thr

<210> 564
<211> 459
<212> ДНК
<213> Solanum lycopersicum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8454153

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 565

<400> 564
atggacatca gtcatgactt agcaaaagt gattc gatgc caaaca aaaa ctcatctccc 60
tgctgtggca gttgtgggta tgagttaa at cttaattcat caagtcgcaa tactgcttcc 120
attgggtcca agtatgggaa gtccatta ag aaagggatga tctccttctt gtccattgat 180
gagagcagat ttaccaggt tgatgaattc aagtgtgtac cgttcttttt ctccaaacgt 240
tcttggggct tgttcagcg gcgaacaaa cttcagtgca gaaaatgtgg taacgatatt 300
ggaattgctt atgatgatag tgcttcttct taccacttg tagccgatgc atcagataca 360
gcctccggta gtgaaataac cactcatagg aaatacaata tcaaaatccg ctcgttgcaa 420
ccgtcttctc cagcatcggg tactcctctc cctgagtga 459

<210> 565
<211> 152
<212> белок
<213> Solanum lycopersicum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8454153

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 376,0 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 1

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 565
Met Asp Ile Ser His Asp Leu Ala Lys Val Asp Ser Met Pro Asn Lys
1 5 10 15
Asn Ser Ser Pro Cys Cys Gly Ser Cys Gly Tyr Glu Leu Asn Leu Asn
20 25 30
Ser Ser Ser Arg Asn Thr Ala Ser Ile Gly Ser Lys Tyr Gly Lys Ser
35 40 45
Ile Lys Lys Gly Met Ile Ser Phe Leu Ser Ile Asp Glu Ser Arg Phe
50 55 60

Thr Gln Val Asp Glu Phe Lys Cys Val Pro Phe Phe Phe Ser Lys Arg
 65 70 75 80
 Ser Trp Gly Leu Phe Gln Arg Arg Thr Lys Leu Gln Cys Arg Lys Cys
 85 90 95
 Gly Asn Asp Ile Gly Ile Ala Tyr Asp Asp Ser Ala Ser Ser Tyr Pro
 100 105 110
 Leu Val Ala Asp Ala Ser Asp Thr Ala Ser Gly Ser Glu Ile Thr Thr
 115 120 125
 His Arg Lys Tyr Asn Ile Lys Ile Arg Ser Leu Gln Pro Ser Ser Ser
 130 135 140
 Ala Ser Gly Thr Pro Leu Pro Glu
 145 150

<210> 566
 <211> 1007
 <212> ДНК
 <213> Oryza sativa

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1722302

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 567

<400> 566
 agagccagcc gagccagcgc ggcgcggctc cctttgcct gccctgcact gaccgttggg 60
 gagccaagca acccaaccsa agcgcctctt tcttctcctc ctcttctctc caaatcgatc 120
 gggatccgat gcgcacggag gaggaaggag catggtgagg acgcccgaga ggagctactc 180
 ctgctcctcc gccaaaggaag tcgcctacag ctgtgggttac tgtggctatg cattgaacct 240
 gagctcctca acacggaaca cagcgaacat tggatccaag tatggtaagc agatcaggaa 300
 aggtgtaatc tcattctttg cgatcgacga gagtcggttc acacaaactg atgaggtgag 360
 ctgcatgcca tacttccatt caaggcgtc ctggggtttg ttcagaaaga ggacaagggt 420
 gatctgccgc aatgtggtg gccgtatcgg taatgcttat gaggatgagg attccacatt 480
 gtatgatggt tcagatgatt tgcacatgag ctccgagggc tacagcatgt cgagtggaaa 540
 gaaatagtgt atcaagatta atgactgca gccttcaacc gatgactctg gtgttccctt 600
 cacctgtga tgctgttctg aacttctgca gtatgactt ttcgattctt gccttgcgct 660
 atactggact gtcaatcaag taactgcaga accaagagat tacgtgctag tgtgtaactg 720
 tatattttga taggaatgct gaattttgcc tacctgtatt tataaatgg aagagtttgt 780
 tgtctattta catatacatt cagagttcag tgggtgtgca actgtgcatc atggacctgg 840
 atttggcaat ccatatttgg gcaaagtgtt agttagaaat caggtttctg atgatgttca 900
 gtgggtgtgta cttgtgtctt gtactgaaat attgtagtgt cttttgattt tttgtgtatc 960

taaagaatga tgtaaactct cagctattct aaacggcagt ttttttt

1007

<210> 567

<211> 152

<212> белок

<213> *Oryza sativa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1722302

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 374,0 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 1

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 567

Met Val Arg Thr Pro Glu Arg Ser Tyr Ser Cys Ser Ser Ala Lys Glu
1 5 10 15

Val Ala Tyr Ser Cys Gly Tyr Cys Gly Tyr Ala Leu Asn Leu Ser Ser
20 25 30

Ser Thr Arg Asn Thr Ala Asn Ile Gly Ser Lys Tyr Gly Lys Gln Ile
35 40 45

Arg Lys Gly Val Ile Ser Phe Phe Ala Ile Asp Glu Ser Arg Phe Thr
50 55 60

Gln Thr Asp Glu Val Ser Cys Met Pro Tyr Phe His Ser Arg Arg Ser
65 70 75 80

Trp Gly Leu Phe Arg Lys Arg Thr Arg Leu Ile Cys Arg Lys Cys Gly
85 90 95

Gly Arg Ile Gly Asn Ala Tyr Glu Asp Glu Asp Ser Thr Leu Tyr Asp
100 105 110

Gly Ser Asp Asp Leu His Met Ser Ser Glu Gly Tyr Ser Met Ser Ser
115 120 125

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

Asp Ser Gly Val Pro Phe Thr Leu
145 150

<210> 568

<211> 450

<212> ДНК

<213> *Sorghum bicolor*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8733140

<220>

<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 569

<400> 568
atggcgaggg ccctcgaccg ctacacctcc ggcaaggatg tcgcctacag ttgtggatac 60
tgtggctatg cattaactt gagctcctcc gcacggaaca cagcgaacat tggatccaag 120
tatggcaagc acatcaggaa aggcgttgtc tcattctttg caatcgatga gagccgtttt 180
acacaaactg atgaggtgag ctgcaccccg tacttccatt caagccattc atgggggatc 240
ttcagaaata gaacacgggt gctctgccgg aagtgcagtg gtcattattgg taatgcttat 300
gaagatgagg atcccacctt gtgcatgagg tcagatgacc tggacatgag ctccaagggc 360
agcagcacat ccctcggaa gaaatatggtt attaagatca atgcactgca gccctcatca 420
gatgactctg gagctctctt ctccccgtga 450

<210> 569
<211> 149
<212> белок
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8733140

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 356,4 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 1

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 569
Met Ala Arg Ala Leu Asp Arg Tyr Thr Ser Gly Lys Asp Val Ala Tyr
1 5 10 15
Ser Cys Gly Tyr Cys Gly Tyr Ala Leu Asn Leu Ser Ser Ser Ala Arg
20 25 30
Asn Thr Ala Asn Ile Gly Ser Lys Tyr Gly Lys His Ile Arg Lys Gly
35 40 45
Val Val Ser Phe Phe Ala Ile Asp Glu Ser Arg Phe Thr Gln Thr Asp
50 55 60
Glu Val Ser Cys Thr Pro Tyr Phe His Ser Ser His Ser Trp Gly Phe
65 70 75 80
Phe Arg Asn Arg Thr Arg Leu Leu Cys Arg Lys Cys Ser Gly His Ile
85 90 95
Gly Asn Ala Tyr Glu Asp Glu Asp Pro Thr Leu Cys Asp Gly Ser Asp
100 105 110
Asp Leu Asp Met Ser Ser Lys Gly Ser Ser Thr Ser Pro Arg Lys Lys
115 120 125

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

Ala Leu Phe Ser Pro
145

<210> 570
<211> 495
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1452096

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 571

<400> 570
atggaaaaaat ctacggcttt caggggaagct tacctcaacg ggaatcacca tcattccttt 60
tcttcttcct ctgcttctca tagacatggt agctacagct gcggtatctg cgggtatgag 120
ttgaacttga gctcctccaa tcgaaacacg tcaacaattg gctctaaata tgggaaatcc 180
ataaagcgag ggaaaatctc attcttcttc atcgatgaga gtagatttac tcagggttgat 240
gaattccaat gctttccctt cttttcaaaa aactcccttg gtttgttccg ccagagaact 300
gcacttcttt gccgcaagtg tggaatcac attggaattg cttatgctga tgaagcttca 360
gcttatccac ttgtagcaga cggatctgac tcttcctcag tcagtgaagt tttcaaacgt 420
cgaaaatatg atgttaaaat ccgtgccttg cagccttctt ctgccgagca gtttagcatt 480
ccactttaca cctga 495

<210> 571
<211> 164
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1452096

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 385,9 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 1

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 571
Met Glu Lys Ser Thr Ala Phe Arg Glu Ala Tyr Leu Asn Gly Asn His
1 5 10 15

His His Ser Phe Ser Ser Ser Ala Ser His Arg His Val Ser Tyr
20 25 30

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

<210> 572
 <211> 897
 <212> ДНК
 <213> Glycine max

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1645639

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 573

<400> 572
 ccttcattca tctcaaaatg aaaaattccg tgtttaacaa caaagcaciaa gttcaccaaa 60
 atcgaacttg ctctctctat tcctattcct actcttctca gagggatgtc tgctacagtt 120
 gtggtacatg cgggtatgag cttaacctat cctcctctaa ccggaatata tcatccatcg 180
 gttcaaaata tgggaaatcc ataaagcgag gcattatattc attcctcaac gttgatgaca 240
 gcagattcac ccgcgccgat gaaattgaat tcgccccata tttttcaaag cacaagtggg 300
 gtttgttccg ccgaaaaacc aagcttcttt gtcgcaagtg ttgcaacatc attggatatg 360
 cctacaacga tcgcacttca tcattttttc ccttcgtatc aaacagaaca gaaccatcac 420
 caccaccga agcatcaaat tcaagtccaa tgaaatacga tattcgcatt cgtgctttac 480
 aaccttcatc ttctcaagaa catggaatca ctgtgttggc ttaaaatttc aaatacgcgg 540
 taaaaaattg ttatcactaa ctacggggag gttgtgattt cttttttttt ttttttttat 600
 agatttgaag ttctgttttg gcaaggggtgt tgtgttcccc tttccctgtg tctcaagtgt 660

gattaatata cacttgtata ctagaagtag tagctgtgga atttttggaa tgttaagtta 720
aattttgcaa aacaacgaag atagaaagaa tatttatggt ggtgctactt cgtaaactcag 780
aagatattat ctagttttga atagtcagat atcaggagtg gattgcccgg cctcacaatg 840
tatgaatata atgttgatat ataatcgtat attgtatggt ataattattat tttcagc 897

<210> 573
<211> 168
<212> белок
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1645639

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 298,1 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 1

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 573
Met Lys Asn Ser Val Phe Asn Asn Lys Ala Gln Val His Gln Asn Arg
1 5 10 15
Thr Cys Ser Ser Tyr Ser Tyr Ser Tyr Ser Ser Gln Arg Asp Val Cys
20 25 30
Tyr Ser Cys Gly Thr Cys Gly Tyr Glu Leu Asn Leu Ser Ser Ser Asn
35 40 45
Arg Asn Ile Ser Ser Ile Gly Ser Lys Tyr Gly Lys Ser Ile Lys Arg
50 55 60
Gly Ile Ile Ser Phe Leu Asn Val Asp Asp Ser Arg Phe Thr Arg Ala
65 70 75 80
Asp Glu Ile Glu Phe Ala Pro Tyr Phe Ser Lys His Lys Trp Gly Leu
85 90 95
Phe Arg Arg Lys Thr Lys Leu Leu Cys Arg Lys Cys Cys Asn His Ile
100 105 110
Gly Tyr Ala Tyr Asn Asp Arg Thr Ser Ser Phe Phe Pro Phe Val Ser
115 120 125
Asn Arg Thr Glu Pro Ser Pro Pro Thr Glu Ala Ser Asn Ser Ser Pro
130 135 140
Met Lys Tyr Asp Ile Arg Ile Arg Ala Leu Gln Pro Ser Ser Ser Gln
145 150 155 160
Glu His Gly Ile Thr Val Leu Ala
165

<210> 574

<211> 154
<212> белок
<213> *Vitis vinifera*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 157344920

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 220,8 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 1

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 574
Met Glu Met Leu Ala Gly Glu Asp Asp Arg Ser Ser Gly Phe His His
1 5 10 15
Leu His Leu Ser Cys Ser Leu Arg Asp Val His Tyr Ser Cys Gly Ser
20 25 30
Cys Gly Tyr Gln Leu Asn Leu Asn Ser Cys Asn Arg Thr Ser Val Leu
35 40 45
Gly Ser Lys Tyr Glu Lys Ser Ile Lys Lys Gly Ile Ile Ser Phe Phe
50 55 60
Ser Ile Asp Glu Thr Arg Phe Thr Gln Thr Asn Glu Leu Arg Cys Leu
65 70 75 80
Pro Tyr Phe Asn Ser Arg Cys Ser Trp Gly Leu Phe Arg Arg Arg Ser
85 90 95
Lys Leu Leu Cys Lys Lys Cys Gly Asn His Ile Gly Asn Ala Tyr Lys
100 105 110
Thr Asn Asn Arg Ser Gly Lys Leu Asp Ser Ser Ala Trp Asp Gly Ile
115 120 125
Ser Asp Ser Ser Arg Ile Tyr Asp Ile Lys Ile Cys Ala Leu Gln Pro
130 135 140
Ser Ser Ser Leu Glu Ser Asp Ala Phe Val
145 150

<210> 575
<211> 157
<212> белок
<213> *Oryza sativa subsp. japonica*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 115440865

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 302,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 1

<220>

<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 575

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

<210> 576
<211> 761
<212> ДНК
<213> Zea mays

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 340925

<220>

<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 577

<400> 576

ggccaagcca agcaatcaag cgggggtgtc ggtccgccga gcggagggcg agcatggtga 60
gggccctcga ccgctactcc tccggcaaag atgtcgccta cagctgtgga tactgcggct 120
tcgcgttgaa cttgagctcc tccacgcgga acacggccaa cattgggtcc aagtacggca 180
agcacatcag gaaaggcgtc gtctccttct tcgcatcgga cgagagccgc ttcacgcagg 240
ccgacgaggt gagctgcacg ccgtacttcc gctccagccg ttcgtggggc ttcttcagga 300
acaggacgcg gctgctctgc cggaagtgcg gtggccacac tggttatgcc tacgaagacg 360
agggctccgc cctgcgcgac gaggggccag cagatgacct ggacatgagc tccagctcca 420
ggggaagcag cagctcccct cggaagaagt atgttatcaa gatcagtgcg ctgcggccgt 480

tatcagacga ctctggtgct ctcctctccc cgtgatggcg atctggattc tgagctgcag 540
ccatgtgtaa attaagggat agtgggttctc ttcagttact tcgtgagcag aatttttttg 600
gtttattgta cgttacaagt tacatcatgt tcatatttat tttgtgtaat aagggtgtggt 660
tgatgtaata tcttgtttat gattaggtca tggagataat agacatctag ctttagcatt 720
gatgttcctg tttgctagtc agtaaattaa gggatttgat c 761

<210> 577
<211> 153
<212> белок
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 340925

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 299,1 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 1

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 577
Met Val Arg Ala Leu Asp Arg Tyr Ser Ser Gly Lys Asp Val Ala Tyr
1 5 10 15
Ser Cys Gly Tyr Cys Gly Phe Ala Leu Asn Leu Ser Ser Ser Thr Arg
20 25 30
Asn Thr Ala Asn Ile Gly Ser Lys Tyr Gly Lys His Ile Arg Lys Gly
35 40 45
Val Val Ser Phe Phe Ala Ile Asp Glu Ser Arg Phe Thr Gln Ala Asp
50 55 60
Glu Val Ser Cys Thr Pro Tyr Phe Arg Ser Ser Arg Ser Trp Gly Phe
65 70 75 80
Phe Arg Asn Arg Thr Arg Leu Leu Cys Arg Lys Cys Gly Gly His Thr
85 90 95
Gly Tyr Ala Tyr Glu Asp Glu Gly Pro Ala Leu Arg Asp Glu Gly Pro
100 105 110
Ala Asp Asp Leu Asp Met Ser Ser Ser Arg Gly Ser Ser Thr Ser
115 120 125
Pro Arg Lys Lys Tyr Val Ile Lys Ile Ser Ala Leu Arg Pro Leu Ser
130 135 140
Asp Asp Ser Gly Ala Leu Leu Ser Pro
145 150

<210> 578
<211> 516

<212> ДНК
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8669404

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 579

<400> 578
atggacaggt ctctcgacag aaactcctcc atcaaggacg tcacttatag ctgcggggtac 60
tgcggtctacg cgctgaacst gagctcctcg gcgcggggaca cggagggcat cgggtgctcc 120
aagtaccgca agcagatcaa gaagggcgtc gtcgccttcg tcgcggtgga cgagaccggy 180
ttcacgctcg ccgacgaggt cacctgcatg ccctacttcc gctccgcccg ctctgggggc 240
ctcttcagga ggcggggcgcg cctgctctgc cgcaagtgcg gcgggacgcat cggcaacgcc 300
tacgaggagg aggacgacgc cagggactac tccagctcca gcctcttcga cggcgacggc 360
gacggctcct cggatgacat gcgccggagc tccggcttgg gctcggggccg cagcagcatc 420
gtgtcgtcga gccagaagaa ctacgtgatc aagatcagcg cgctgcagcc gtcgtcagat 480
gattctgctg ctgtttgttcc cttcacacat cgatga 516

<210> 579
<211> 171
<212> белок
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8669404

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 236,2 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 1

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 579
Met Asp Arg Ser Leu Asp Arg Asn Ser Ser Ile Lys Asp Val Thr Tyr
1 5 10 15
Ser Cys Gly Tyr Cys Gly Tyr Ala Leu Asn Leu Ser Ser Ser Ala Arg
20 25 30
Asp Thr Glu Gly Ile Gly Cys Ser Lys Tyr Arg Lys Gln Ile Lys Lys
35 40 45
Gly Val Val Ala Phe Val Ala Val Asp Glu Thr Arg Phe Thr Leu Ala
50 55 60
Asp Glu Val Thr Cys Met Pro Tyr Phe Arg Ser Ala Arg Ser Trp Gly
65 70 75 80

Leu Phe Arg Arg Arg Ala Arg Leu Leu Cys Arg Lys Cys Gly Gly Arg
 85 90 95
 Ile Gly Asn Ala Tyr Glu Glu Glu Asp Asp Ala Arg Asp Tyr Ser Ser
 100 105 110
 Ser Ser Leu Phe Asp Gly Asp Gly Asp Gly Ser Ser Asp Asp Met Arg
 115 120 125
 Arg Ser Ser Gly Leu Gly Ser Gly Arg Ser Ser Ile Val Ser Ser Ser
 130 135 140
 Gln Lys Asn Tyr Val Ile Lys Ile Ser Ala Leu Gln Pro Ser Ser Asp
 145 150 155 160
 Asp Ser Ala Ala Val Val Pro Phe Thr His Arg
 165 170

<210> 580
 <211> 619
 <212> ДНК
 <213> *Gossypium hirsutum*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 100028078

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 581

<400> 580
 attcagagag gatgtcccaa gctcacgtct cttacagctg tggatcttgt ggttaccctt 60
 tgaacttgac ctcttccaat cgaatcgcca ccagcatagg ctctgaatat cgcaaatecg 120
 tagagaaagg tcttatctcc tttctatctg ttgatcttag tcgattcaca caagtcgacg 180
 aggtacattg ctttcctgtc agttggggcc gtcacatgatc aaaaactaaa ctactttgcc 240
 gtaaagtgg ggttcatgta gggatgggt atggagatgc gcctgccctt tgtggttttg 300
 actctcccga ctcatctagt gctgctttta ggaagtttac aataaagatc cgagctctac 360
 agccttcaga cgagtgctaa caaggttgac atgggagatt ctttatggac ggtgttactt 420
 cgatcatgct cctacctgat gattgcctct gttttatctt caattttctt gactgtagga 480
 atgaccgtga atcatttggc ctaacttgcc accgctggct taatattcaa aacttgaatc 540
 gtcggtcctt gcaatttcca tgttctttcg gcattgttgg cccttcctcg ttatctcaga 600
 gctgtaccga tatcaactc 619

<210> 581
 <211> 122
 <212> белок
 <213> *Gossypium hirsutum*

<220>
 <221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 100028078

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 148,3 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 1

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 581

Met Ser Gln Ala His Val Ser Tyr Ser Cys Gly Ser Cys Gly Tyr Pro
1 5 10 15

Leu Asn Leu Thr Ser Ser Asn Arg Ile Ala Thr Ser Ile Gly Ser Glu
20 25 30

Tyr Arg Lys Ser Val Glu Lys Gly Leu Ile Ser Phe Leu Ser Val Asp
35 40 45

Leu Ser Arg Phe Thr Gln Val Asp Glu Val His Cys Phe Pro Val Ser
50 55 60

Trp Gly Arg His Arg Ser Lys Thr Lys Leu Leu Cys Arg Lys Cys Gly
65 70 75 80

Val His Val Gly Tyr Gly Tyr Gly Asp Ala Pro Ala Leu Cys Gly Phe
85 90 95

Asp Ser Pro Asp Ser Ser Ser Ala Ala Phe Arg Lys Phe Thr Ile Lys
100 105 110

Ile Arg Ala Leu Gln Pro Ser Asp Glu Cys
115 120

<210> 582

<211> 471

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1503869

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 583

<400> 582

atggaatcat ggattgggtt tagatgtgtg cttgaaatag tgtgttcatt tcttcgaaaa 60
agaaagaaaa gctgcggttc ttgtgggtat cagttaaact tgaactcttg caaccggaac 120
actccagata ttggagttaa ttacaagaaa tccataaaga aaggaagtat ttcattcttc 180
agcattgatg aaaccaggtt cactcaaatt gaagaacttc gatgtacacc atacttcaat 240
tccatgctgtt cctgggggttt attccagcga agaaccaagc ttctttgtta caaatgtgga 300
aatcatcttg ggattgctta caagagaaat aatacctctt cctcccctct cagattgggg 360
aaatgtcgat cagatttgat ctcttgggat gggatttctg atgccagaat ttatgttatc 420

aagatacgtt ccttcgagcc tgcttctact gaggactata gtttgagctg a

471

<210> 583

<211> 156

<212> белок

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1503869

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 190,6 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 1

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 583

Met Glu Ser Trp Ile Gly Phe Arg Cys Val Leu Glu Ile Val Cys Ser
1 5 10 15

Phe Leu Arg Lys Arg Lys Lys Ser Cys Gly Ser Cys Gly Tyr Gln Leu
20 25 30

Asn Leu Asn Ser Cys Asn Arg Asn Thr Pro Asp Ile Gly Val Asn Tyr
35 40 45

Lys Lys Ser Ile Lys Lys Gly Ser Ile Ser Phe Phe Ser Ile Asp Glu
50 55 60

Thr Arg Phe Thr Gln Ile Glu Glu Leu Arg Cys Thr Pro Tyr Phe Asn
65 70 75 80

Ser Met Arg Ser Trp Gly Leu Phe Gln Arg Arg Thr Lys Leu Leu Cys
85 90 95

Tyr Lys Cys Gly Asn His Leu Gly Ile Ala Tyr Lys Glu Asn Asn Thr
100 105 110

Ser Ser Ser Pro Leu Arg Leu Gly Lys Cys Arg Ser Asp Leu Ile Ser
115 120 125

Trp Asp Gly Ile Ser Asp Ala Arg Ile Tyr Val Ile Lys Ile Arg Ser
130 135 140

Leu Gln Pro Ala Ser Thr Glu Asp Tyr Ser Leu Ser
145 150 155

<210> 584

<211> 453

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1525651

<220>

<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 585

<400> 584
atgacaaaag aatttactgg ggggtggcct ttcaatcaac cagatcctgc taaaggggag 60
cgtaaaaca ggcaatctgc aagaattaag cttctgtttg agctgcaaag ctgtggctct 120
tgtggatacc cttgaattt aacatcttcc aatcgaatca cctccaacat aggttctgga 180
tatcagaaat ctataaagaa aggttatatc tccttccttt ctgttgatct tagtcgatcc 240
acacaggttg atgaggtaaa ctgtcttctt gtgtcttggg gtcgttatca ttcaaaaagt 300
aaacttcttt gtcgtaaag tggggttcac gtaggctatg gatatggaga ttcgcccgc 360
ctatgtgggt ttgactctcc caactcatca agctcagctt ataaaaaatt taccataaag 420
atccgagctc tacagccttc agaagagtgc taa 453

<210> 585
<211> 150
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1525651

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 143,5 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 1

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 585
Met Thr Lys Glu Phe Thr Gly Gly Gly Pro Phe Asn Gln Pro Asp Pro
1 5 10 15
Ala Lys Gly Glu Arg Lys Thr Arg Gln Ser Ala Arg Ile Lys Leu Leu
20 25 30
Phe Glu Leu Gln Ser Cys Gly Ser Cys Gly Tyr Pro Leu Asn Leu Thr
35 40 45
Ser Ser Asn Arg Ile Thr Ser Asn Ile Gly Ser Gly Tyr Gln Lys Ser
50 55 60
Ile Lys Lys Gly Tyr Ile Ser Phe Leu Ser Val Asp Leu Ser Arg Phe
65 70 75 80
Thr Gln Val Asp Glu Val Asn Cys Leu Pro Val Ser Trp Gly Arg Tyr
85 90 95
His Ser Lys Ser Lys Leu Leu Cys Arg Lys Cys Gly Val His Val Gly
100 105 110
Tyr Gly Tyr Gly Asp Ser Pro Ala Leu Cys Gly Phe Asp Ser Pro Asn
115 120 125

Ser Ser Ser Ser Ala Tyr Lys Lys Phe Thr Ile Lys Ile Arg Ala Leu
130 135 140

Gln Pro Ser Glu Glu Cys
145 150

<210> 586
<211> 1076
<212> ДНК
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 2031281

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 587

<400> 586
aaatcgcccg aggaaaagcg cgcggcaggg caggagacgc cgatcccccg tgtccggttg 60
cgagcgagac cgaggccsca cсааасаacc gccccgcctt tttagccagc cggccggttcg 120
tcgcccccg ctccccccc actcgccccca cgtctcctct gtctctccga tcggcaggag 180
ggaaaagtgg acggctccag cgaagcgagc gccaccgtcg ctttcgcctc gccatggaga 240
ggctctctga cagcagctac tccgcctcca tcaaggacgt cacatacagc tgcgggtact 300
gcggtacgc gctgcacctg agctcctcgg cgcgggacac ggcgggcatc ggctccaagt 360
accgcaagca gatcaagaag ggcgtggctg ctttcgtcgc cgtcgacgag agccgcttca 420
cgctaccga cgaggtcacc tgcattgcct acttccgctc caggcgtgcc tggggcctcc 480
tcaggaagcg ttcgcgcctg ctctgccgca agtgccggcg ccgcatcggc gacgcctacg 540
aggaggagga cagggactcc ggcctcagcg acggcgacgc cttctcggac gacctgcgcg 600
cgagcttggg ctccgggtggc agcggcagca gcgcgtcgag ccagaggaac tacgtgatca 660
agatcagcgc gctgcagccg tcgtcagacg attctgacgc agctgccttc aactatgat 720
gaagatagat ggcgtcgggt tgctgcaagg cgctcttctt ccagcttggg tgaattcgac 780
ttttgtgta tcagggatgc gactttgtaa gcgcgggagg aaatacagca agaaagagct 840
tggcacagct gagaactttt cagatggtaa ccaactgcat gctgttttca gacatcttgc 900
tgtcagtagt gctcttcggt tcctatgtaa atttgtgaaa tgtacagctt ggttattgaa 960
tttttctttg tattaggaaa tgattagggt tgctgtatgt tagttgatcc catagaatth 1020
gtactgtgtc ataactcatg atccaccacg gttgcaatth tgagtgtct tgcttc 1076

<210> 587
<211> 161
<212> белок
<213> Panicum virgatum

<220>

<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 2031281

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 255,8 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 1

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 587

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

<210> 588
<211> 1157
<212> ДНК
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 483742

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 589

<400> 588

aggatacctg attaaagaat tgcttaacta gcagcggcgc aaagcctcgg ccggaggcca 60
atcctccgtg tccggtcggg cgcaaccgca ccaacaact tccttttaag caaacgcgctc 120

gcgttcctga attcctgacc cccgctctct ctccccacc cgcactcgcc ccacgtctcc 180
 tctctcccgt cccgtctgct ctctgatcag caggagagaa aggtggatgc gccagcgaag 240
 cgagcacctg ccctaactgt cggccatgga gaggtctctc gacagctact cctccatcaa 300
 ggacgtcacc tacagctgcg ggtactgcbg gtacgcbgctg aacctgagct cctcggcgcg 360
 ggacacggag ggcacggggc ccaagtaccg caagcagatc aggaagggcg tcgtcgcctt 420
 cgtcgcggtc gacgagagcc ggttcacgct ggcccacgag ctcacctgca cgcctactt 480
 ccgctccgcc cgctcctggg gcctcttcag gagggcggtcg cgcctgctct gccgcaagtg 540
 cggggggcac atcggcagcg cctacggcta cggggaggag gaggaggacg ccagggactc 600
 cagctcctcc agcctcttcg gcggtgacgg ctctcggat gacacgcgcc cgagctccgg 660
 ctcgggcccgc agcagcgtcg cgtcgagcca gaagagctac gtggtcagga tcagcgcgct 720
 gcagccgtct tcggatgact ctgctgctgt tcccttcacg catcgatgat gcattgcagg 780
 tgtcgagttg gtgtgccgtg ttcttcttcc agcctggatg aatttgaatt tgctgtaacc 840
 tgggatggcg atggactgca ggaggacgaa gtggagcaag ggaagatatt tcttggcgtg 900
 tctagacttt tcagaggttt gatcagctgc atgctgcttt cagtcacttt gctgtttgta 960
 atgcctctgt gtttcctctg tacattggta agtatagagc aacatggttt ttgaaatfff 1020
 ggttgggtgc gtgtaaata ttaaaggfff tctgtatffc gattgattct atagcgtttg 1080
 tattatgtca tagaattgaa atfffgatta gtcttgact cttgtctcgc ttgcatgtgt 1140
 ggatgtffta gcttccc 1157

<210> 589
 <211> 167
 <212> белок
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 483742

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 231,0 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 1

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 589
 Met Glu Arg Ser Leu Asp Ser Tyr Ser Ser Ile Lys Asp Val Thr Tyr
 1 5 10 15
 Ser Cys Gly Tyr Cys Gly Tyr Ala Leu Asn Leu Ser Ser Ser Ala Arg
 20 25 30

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

<210> 590
 <211> 674
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 100802111

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 591

<400> 590
 cgcgccccac tcccagacg ccgtcgccta gatccatgag acttcccgat cttcctgcgg 60
 cccgaggatg tcccagagcg acgtcgacta cagttgcgga tcttgtggat accctctaaa 120
 cctttcatct tctaaccgaa gcacatctga agtaggctca tataagaagt ctctgaagaa 180
 aggactgatt tcattcattt ctgttgatct cagccgattt actcaggtgg acgaggtatc 240
 ttgctttccc ctcacctggc gtggttacag gccaaaaact aagcttctgt gccgaatatg 300
 tggggcatct attggctacg gatacgggta gccggctggt ttgtgtagtt ttgatccagc 360
 aagttcatct tcctccagta catcccagaa gtatttaata aagatccaag cactccaacc 420
 ttcagacagg actcagtaag tgaatatgg aaagagagga aataggtgtc agcctagaga 480
 actccatcag ttacctatct gatgattgct tgctttctat atttaacaag ctagaaagcg 540
 ggtcagagag gaggctttc ggtttaactt gcaagaattg gttcaagggt cggaaccttg 600
 gccggaaatc actaacattc cattgttctt ttaatcctgc catagacaag gagcatgcc 660

<210> 591
 <211> 123
 <212> белок
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 100802111

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 137,0 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 1

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 591
 Met Ser Gln Ser Asp Val Asp Tyr Ser Cys Gly Ser Cys Gly Tyr Pro
 1 5 10 15
 Leu Asn Leu Ser Ser Ser Asn Arg Ser Thr Ser Glu Val Gly Ser Tyr
 20 25 30
 Lys Lys Ser Leu Lys Lys Gly Leu Ile Ser Phe Ile Ser Val Asp Leu
 35 40 45
 Ser Arg Phe Thr Gln Val Asp Glu Val Ser Cys Phe Pro Leu Thr Trp
 50 55 60
 Arg Gly Tyr Arg Pro Lys Thr Lys Leu Leu Cys Arg Ile Cys Gly Ala
 65 70 75 80
 Ser Ile Gly Tyr Gly Tyr Gly Glu Pro Ala Val Leu Cys Ser Phe Asp
 85 90 95
 Pro Ala Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ser Gln Lys Tyr Leu Ile Lys
 100 105 110
 Ile Gln Ala Leu Gln Pro Ser Asp Arg Thr Gln
 115 120

<210> 592
 <211> 799
 <212> ДНК
 <213> Triticum aestivum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1460255

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 593

<400> 592
 atcagctcgc caccagcaag caaccgctct ttttagtccc cactcgctcc acgatccctc 60
 cccactccg gccggccacg cgcaaagcga aacgctcccc gactccggcc aagagctcca 120

gcgcccgcgc cgccgaccgt cgttcgtcca tatgggtgagg tccaactcca tcgacagctg 180
 ctactcctcc atccaggacg tcacctacag ctgcggggtac tgcgggtacg cgctgaacct 240
 gagctcggcg gcgcggaaca cggccaacat cggctccaag tacggcaagc agatcaggaa 300
 gaagggcatc gtggccttcg tcgccgtcga cgagacgcgc ttcacgcagg ccgacgaggt 360
 cacctgcgcg ccccgctcc gccctggac ctggcgcctc ttccggcgga ggtcgcgcct 420
 gctctgcggc aagtgcggcg gccgcatcgg cgccgcctac gaggtcgacg aggaggacga 480
 ggaccccgcc ggcctctcc cgtgcggcgg ctcggacgac gacgacgacg acctgcggac 540
 gagcccggc gatgatgtcg gcgcgctccag aaggaggaac tacctgatca ggatcggcgc 600
 gctgcagccc tcgacggacg atcctcctcc tgccgatccc ttctctctat gatatgatat 660
 gatattgata tgacacaccg ctgctgaatt ttgttccttt gttcatagtg gaagacgacc 720
 cgagagcttg atgtgtgtaa gttgatcctg ctatagtttt tgtgtcctgg taatggagtg 780
 agccatgggtt gcaattttg 799

<210> 593
 <211> 166
 <212> белок
 <213> Triticum aestivum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1460255

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 204,0 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 1

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 554

<400> 593
 Met Val Arg Ser Asn Ser Ile Asp Ser Cys Tyr Ser Ser Ile Gln Asp
 1 5 10 15
 Val Thr Tyr Ser Cys Gly Tyr Cys Gly Tyr Ala Leu Asn Leu Ser Ser
 20 25 30
 Ala Ala Arg Asn Thr Ala Asn Ile Gly Ser Lys Tyr Gly Lys Gln Ile
 35 40 45
 Arg Lys Lys Gly Ile Val Ala Phe Val Ala Val Asp Glu Thr Arg Phe
 50 55 60
 Thr Gln Ala Asp Glu Val Thr Cys Ala Pro Arg Leu Arg Pro Trp Thr
 65 70 75 80
 Trp Arg Leu Phe Arg Arg Arg Ser Arg Leu Leu Cys Gly Lys Cys Gly
 85 90 95

Gly Arg Ile Gly Ala Ala Tyr Glu Val Asp Glu Glu Asp Glu Asp Pro
 100 105 110
 Ala Gly Leu Ser Ala Cys Gly Gly Ser Asp Asp Asp Asp Asp Leu
 115 120 125
 Arg Thr Ser Pro Gly Asp Asp Val Gly Ala Ser Arg Arg Arg Asn Tyr
 130 135 140
 Leu Ile Arg Ile Gly Ala Leu Gln Pro Ser Thr Asp Asp Pro Pro Pro
 145 150 155 160
 Ala Asp Pro Phe Ser Leu
 165

<210> 594
 <211> 870
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 26006

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 595

<400> 594
 aaaaagtacg aaaggaat atgagtgagg agaagaggaa gcaacacttc gtgctagtagtac 60
 atgggtgctg ccacggcgca tgggtgctggt acaagggttaa gcctcttctc gaggccttgg 120
 gccatcgtgt aaccgcctta gacctagctg cttccgggat agacacaacc aggtcaatca 180
 ctgacatttc tacatgtgaa caatattctg agccattgat gcagctaatag acttcattgc 240
 cgaatgatga gaaggttgta ctcgttggtc atagctttgg aggtttgagt ttagccttag 300
 ccatggataa gtttcccgat aaaatctctg tctctgtctt cgtgactgca ttcattgccg 360
 acaccaaca ctcaccatcg ttcgtcgagg aaaagtttgc aagcagcatg acaccagaag 420
 gatggatggg ctctgagctc gagacatatg gttcagataa ttccggcttg tctgtgttct 480
 tcagaccga cttcatgaag caccgtctct accaactttc tcctgtggag gatcttgagc 540
 ttggattgct tctaaagagg cctagttcat tgtttattaa tgaattatcg aagatggaga 600
 acttttctga gaaagggtat ggatctgttc ctcgagctta cattgtgtgc aaagaggaca 660
 acattatctc ggaagaccat caacgatgga tgatccataa ttatccggcg aatttagtga 720
 ttgagatgga agagacggat catatgcca tgttttgcaa acctcaagta ctaagtgacc 780
 atctattggc aatcgctgac aatttctctt aaataatatt ttgatgaaaa tgtatttggga 840
 gtggatacaa taaaaatgtg ttctaaatgg 870

<210> 595
 <211> 263
 <212> белок

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (35)..(257)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 26006

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 698,2 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<400> 595

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

His Met Pro Met Phe Cys Lys Pro Gln Val Leu Ser Asp His Leu Leu
245 250 255

Ala Ile Ala Asp Asn Phe Ser
260

<210> 596
<211> 1072
<212> ДНК
<213> Triticum aestivum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 644331

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 597

<400> 596
atcggagcca cagctacagc tcaagcacag aaaaacagcc aaaaaacccc acccatgcac 60
atggaggctt gtgcgggcca agctagcagc gcgcacatcg tcctggtgca cggcgcacatgc 120
ctcggcggct ggtcctgggt caaggtggcg acgcggctca ggtcggccgg gcaccgcgctc 180
agcacgcctg acctcgcggc gtccggcgctc gacccagggc cgctgcgcga ggtgcccagc 240
ttccgcgact acaccaagcc gctgctggac ctctggagt ccctcccgtc cggcgagaag 300
gtggtgctcg tcggccacag cctcggcggc gtgaacgtcg ccctcgcctg cgagctgttt 360
ccggagaaga tcgccgctgc ggtgttcgtc gccgccttca tgccggacca caggtcgccg 420
ccgtcgtacg tccttgaaaa gttcgtggag gggagaacgc tggactggat ggacacggag 480
ttaagcctc aagatcctga ggggaagctg cctacttcca tgctgttcgg gccgctggctc 540
actcgtgcaa agttcttcca gttgtgttcg ccggaggacc tcacgctggg acgatccctg 600
atgagggcca actccatggt cgtggacgac ctgaggctgc agccgccgca caccgaggcc 660
cgctacgggt cggcgcgcaa ggcgtacgctc gtcttcaagg acgaccacgc catcgtcgag 720
cagttccagc ggtggatggt gcacaactac cccgtggacg aggtgatgga aatcgatggc 780
gcgaccaca tggcgttgct ctcgacgccg accgagctgg cgcgctgcct cgctgacatc 840
gccgtcaagt atgctgcttg acttctcgc aaaaaataaa agaaaagtct gctgcttgac 900
gatgggtggt cgcacgttgc ttgctgatct atacatctgt ctaccttatg gtttgtccc 960
ttcgtaggt ttcaagact tctactgcac tctatttcag accgataatg tttcaacatc 1020
gtatcgtggt gcatgtaact ttgctattta atatttgaag ataaatggtg gc 1072

<210> 597
<211> 266
<212> белок
<213> Triticum aestivum

<220>

<221> отличающийся признак
<222> (38)..(259)
<223> Название Pfam: Abhydrolase_1
Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 644331

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 483,0 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 8

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 597

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

Ala Asp His Met Ala Leu Leu Ser Thr Pro Thr Glu Leu Ala Arg Cys
245 250 255

Leu Ala Asp Ile Ala Val Lys Tyr Ala Ala
260 265

<210> 598

<211> 263

<212> белок

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (34)..(257)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 15227859

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 482,4 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 598

Met Glu Lys Asn Asn Lys Lys Arg Phe Val Leu Val His Gly Leu Cys
1 5 10 15

His Gly Ala Trp Cys Trp Tyr Lys Val Lys Thr His Leu Glu Ala Val
20 25 30

Gly His Cys Val Thr Ala Val Asp Leu Ala Ala Ser Gly Ile Asn Met
35 40 45

Thr Arg Leu Glu Glu Ile Gln Thr Leu Lys Asp Tyr Cys Lys Pro Leu
50 55 60

Leu Glu Leu Leu Asn Ser Leu Gly Ser Asp Asp Asp Lys Val Ile Leu
65 70 75 80

Val Ala His Ser Met Gly Gly Ile Pro Ala Ala Leu Ala Ser Asp Ile
85 90 95

Phe Pro Ser Lys Ile Ala Thr Ile Val Phe Leu Thr Ala Phe Met Pro
100 105 110

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

Val Pro Gln Glu Gly Trp Leu Asp Thr Val Phe Gly Thr Tyr Gly Lys
130 135 140

His Glu Cys Pro Leu Glu Phe Ala Leu Phe Gly Pro Lys Phe Met Ala
145 150 155 160

Lys Asn Leu Tyr Gln Leu Ser Pro Val Gln Asp Leu Glu Leu Ala Lys
165 170 175

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

Arg Ser Phe Ser Glu Glu Gly Tyr Gly Thr Val Thr Arg Ile Tyr Ile
195 200 205

Val Cys Gly Glu Asp Met Ala Val Pro Glu Asp Tyr Gln Trp Trp Met
210 215 220

Ile Lys Asn Phe Pro Pro Lys Glu Val Met Glu Ile Lys Cys Ala Asp
225 230 235 240

His Met Ala Met Phe Ser Lys Pro His Lys Leu Cys Ala Leu Leu Val
245 250 255

Glu Ile Ala Cys Lys Tyr Ala
260

<210> 599
<211> 780
<212> ДНК
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1504349

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 600

<400> 599
atgggagagg tcaacaatca aaaaaagcat tttgttttga tccatgggtc agttgcagga 60
gcttggatat ggtacaaggt caagccaagg ctagaggaag ctggccaccg agtcacagct 120
cttgacatgg ctgcatcagg ggtgaacaca aaaacaattg aagaagtctg cactttcgat 180
ctgtataatg agcccttgat ggagttcatg gccaaattac ctgaaaatga aaaggttgta 240
ttggtggggc acagtttagg tggcttgaat ctggcttttg ctatggagaa attcccagag 300
aaggtttctc ttgctgtttt tcttactgca atcttgectg ataccgtgca ccagccatct 360
tatatgtag aaaagtttgc tgaaatcggg cccagggacg aagaatggca agacactctg 420
ttttcattcc atggaacccc tgaagaaccg catacatgtg ttcatatggg ttgagagttt 480
atgaagtgca agccctttca tctttcctcc gctgagatgc tcttaaatag accaggatcg 540
atgtttgtgg aaagcctgtc caaggcaaag aagttcactg atgagagata tggatcagtg 600
ccgagagttt atattgtttg tactgaggat ttaatgatgc ttgcctcatt tcagcgctgg 660
atgattgagc aaaatggggg aaaggaagtg atggagattc ctgcagatca tatgccagtt 720
ttttctacgc ctacagaact ctgccattct atactggagt tggcacgcaa gcatgcttag 780

<210> 600
<211> 259
<212> белок

<213> Populus balsamifera subsp. trichocarpa

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (36)..(122)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1504349

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 517,3 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 600

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

Ser Val Ala Gly Ala Trp Ile Trp Tyr Lys Val Lys Pro Arg Leu Glu
20 25 30

Glu Ala Gly His Arg Val Thr Ala Leu Asp Met Ala Ala Ser Gly Val
35 40 45

Asn Thr Lys Thr Ile Glu Glu Val Arg Thr Phe Asp Leu Tyr Asn Glu
50 55 60

Pro Leu Met Glu Phe Met Ala Lys Leu Pro Glu Asn Glu Lys Val Val
65 70 75 80

Leu Val Gly His Ser Leu Gly Gly Leu Asn Leu Ala Phe Ala Met Glu
85 90 95

Lys Phe Pro Glu Lys Val Ser Leu Ala Val Phe Leu Thr Ala Ile Leu
100 105 110

Pro Asp Thr Val His Gln Pro Ser Tyr Met Leu Glu Lys Phe Ala Glu
115 120 125

Ile Gly Pro Arg Asp Glu Glu Trp Gln Asp Thr Leu Phe Ser Phe His
130 135 140

Gly Thr Pro Glu Glu Pro His Thr Cys Val His Met Gly Cys Glu Phe
145 150 155 160

Met Lys Cys Lys Pro Phe His Leu Ser Ser Ala Glu Met Leu Leu Asn
165 170 175

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

Thr Asp Glu Arg Tyr Gly Ser Val Pro Arg Val Tyr Ile Val Cys Thr
195 200 205

Glu Asp Leu Met Met Leu Ala Ser Phe Gln Arg Trp Met Ile Glu Gln
210 215 220

Asn Gly Val Lys Glu Val Met Glu Ile Pro Ala Asp His Met Pro Val
225 230 235 240

Phe Ser Thr Pro Thr Glu Leu Cys His Ser Ile Leu Glu Leu Ala Arg
245 250 255

Lys His Ala

<210> 601
<211> 867
<212> ДНК
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1265088

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 602

<400> 601
gaagaaaatg agtgaggagg agaggaagca acacgtcggt ctagtacctg gtgcttgcca 60
tggcgcctgg tgctggtaca aggttaagcc gcagctcgag gcttctggcc accgcgtaac 120
cgccgtagat ctagctgcct ccggtataga catgaccagg tcaatcacag atatatccac 180
atgcgaacaa tactcagagc cattgatgca gctaatagacc tcaactaccag atgatgagaa 240
ggttgtgctt gttggtcata gcttaggagg tttgagttta gctatggcca tggatatggt 300
tccgacaaa atctctgttt ctgtctttgt gactgctatg atgccagaca ccaaacactc 360
accatccttc gtatgggata agctaagaaa agaaacttca cgagaggaat ggtagacac 420
cgtgtttacg agcgagaaac ctgattttcc tagcgagttt tggatttttg gaccagaatt 480
catggccaag aacttgatc agttgtctcc agtccaagat cttgaattgg cgaaaatggt 540
ggtgagggca aaccattga ttaagaaaga tatggcagag agaagaagct tcagtgagga 600
aggatacggg tccggttacac gtatatttat tgtatgcgga aaggatcttg tgtcaccgga 660
agattaccag cgatcgatga tcagcaactt tccccaaaa gaagtaatgg agatcaaaga 720
cgcagatcat atgccaatgt tctccaagcc tcaacaacta tgtgctcttc tcttgagat 780
tgcaataaaa tatgcctaaa taaatctgaa atatcatcat cactgcatat caattacaaa 840
ttcagtgctc accacaataa taagcca 867

<210> 602
<211> 263
<212> белок
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (35)..(257)
<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1265088

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 556,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 602

Met Ser Glu Glu Glu Arg Lys Gln His Val Val Leu Val His Gly Ala
1 5 10 15

Cys His Gly Ala Trp Cys Trp Tyr Lys Val Lys Pro Gln Leu Glu Ala
20 25 30

Ser Gly His Arg Val Thr Ala Val Asp Leu Ala Ala Ser Gly Ile Asp
35 40 45

Met Thr Arg Ser Ile Thr Asp Ile Ser Thr Cys Glu Gln Tyr Ser Glu
50 55 60

Pro Leu Met Gln Leu Met Thr Ser Leu Pro Asp Asp Glu Lys Val Val
65 70 75 80

Leu Val Gly His Ser Leu Gly Gly Leu Ser Leu Ala Met Ala Met Asp
85 90 95

Met Phe Pro Thr Lys Ile Ser Val Ser Val Phe Val Thr Ala Met Met
100 105 110

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

Glu Thr Ser Arg Glu Glu Trp Leu Asp Thr Val Phe Thr Ser Glu Lys
130 135 140

Pro Asp Phe Pro Ser Glu Phe Trp Ile Phe Gly Pro Glu Phe Met Ala
145 150 155 160

Lys Asn Leu Tyr Gln Leu Ser Pro Val Gln Asp Leu Glu Leu Ala Lys
165 170 175

Met Leu Val Arg Ala Asn Pro Leu Ile Lys Lys Asp Met Ala Glu Arg
180 185 190

Arg Ser Phe Ser Glu Glu Gly Tyr Gly Ser Val Thr Arg Ile Phe Ile
195 200 205

Val Cys Gly Lys Asp Leu Val Ser Pro Glu Asp Tyr Gln Arg Ser Met
210 215 220

Ile Ser Asn Phe Pro Pro Lys Glu Val Met Glu Ile Lys Asp Ala Asp
225 230 235 240

His Met Pro Met Phe Ser Lys Pro Gln Gln Leu Cys Ala Leu Leu Leu
245 250 255

Glu Ile Ala Asn Lys Tyr Ala
260

<210> 603

<211> 250

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (31)..(244)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 565,8 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 603

Met Met Lys Gln His Phe Val Leu Val His Gly Ser Cys Leu Gly Ala
1 5 10 15

Trp Cys Trp Tyr Lys Val Lys Pro Leu Leu Glu Ala Ser Gly His Arg
20 25 30

Val Thr Ala Leu Asp Leu Ala Ala Cys Gly Ile Asp Thr Arg Ser Ile
35 40 45

Thr Asp Ile Ser Thr Cys Glu Gln Tyr Ser Glu Pro Leu Ile Gln Leu
50 55 60

Met Thr Ser Leu Pro Asn Asp Glu Lys Val Val Leu Val Gly His Ser
65 70 75 80

Tyr Gly Gly Leu Thr Leu Ala Ile Ala Met Asp Lys Phe Pro Asp Lys
85 90 95

Ile Ser Val Ser Val Phe Val Thr Ser Phe Met Pro Asp Thr Lys Asn
100 105 110

Ser Pro Ser Phe Val Leu Glu Lys Phe Ala Ser Thr Met Thr Pro Glu
115 120 125

Asp Trp Met Gly Ser Glu Leu Glu Pro Tyr Val Val Phe Ser Ala Glu
130 135 140

Phe Thr Lys His Arg Ile Leu Gln Leu Ser Pro Ile Glu Asp Leu Glu
145 150 155 160

Leu Arg Leu Leu Leu Lys Arg Pro Gly Ser Leu Phe Leu Asn Asp Leu
165 170 175

Ser Arg Met Lys Asn Phe Ser Glu Lys Gly Tyr Gly Ser Val Pro Arg
180 185 190

Ala Tyr Ile Val Ser Lys Asp Asp His Thr Ile Ser Glu Glu Tyr Gln
195 200 205

Arg Trp Met Ile Asp Asn Tyr Pro Pro Asn Leu Val Ile Glu Met Glu
210 215 220

Gly Thr Asp His Leu Pro Leu Phe Cys Lys Pro Gln Leu Leu Ser Asp
225 230 235 240

His Leu Leu Ala Ile Ala Asp Lys Phe Ser
245 250

<210> 604

<211> 263

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *indica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (36)..(257)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 125527987

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 481,1 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 604

Met Ala Asp Gly Lys Val Ala Cys Lys His Leu Val Leu Val His Gly
1 5 10 15

Ala Cys Ile Gly Gly Trp Thr Tyr Phe Lys Val Ala Thr Arg Leu Arg
20 25 30

Ser Ala Gly Tyr Arg Val Thr Ala Pro Asp Leu Gly Ala Ser Gly Val
35 40 45

Asp Pro Arg Pro Leu Arg Glu Val Pro Thr Phe Arg Asp Tyr Thr Ala
50 55 60

Pro Leu Leu Gly Leu Leu Gly Ser Leu Pro Pro Gly Glu Lys Val Val
65 70 75 80

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

Leu Phe Pro Asp Lys Ile Ala Ala Ala Val Phe Leu Cys Ala Phe Met
100 105 110

Pro Asp His Thr Ser Arg Pro Ser His Val Leu Glu Lys Phe Ile Glu
115 120 125

Gly Lys Trp Leu Asp Trp Met Asp Thr Glu Phe Lys Pro Gln Asp Ala
130 135 140

Glu Gly Lys Leu Pro Thr Ser Met Leu Phe Gly Pro Gln Ile Ala Glu
145 150 155 160

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

<210> 605
 <211> 267
 <212> белок
 <213> Citrus sinensis

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (37)..(261)
 <223> Название Pfam: Abhydrolase_1
 Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 14279437

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 736,8 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 8

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 605
 Met Glu Glu Val Val Gly Met Glu Glu Lys His Phe Val Leu Val His
 1 5 10 15
 Gly Val Asn His Gly Ala Trp Cys Trp Tyr Lys Leu Lys Ala Arg Leu
 20 25 30
 Val Ala Gly Gly His Arg Val Thr Ala Val Asp Leu Ala Ala Ser Gly
 35 40 45
 Ile Asn Met Lys Arg Ile Glu Asp Val His Thr Phe His Ala Tyr Ser
 50 55 60
 Glu Pro Leu Met Glu Val Leu Ala Ser Leu Pro Ala Glu Glu Lys Val
 65 70 75 80

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

<210> 606

<211> 262

<212> белок

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (35)..(256)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 650,2 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 606

Met Ser Glu Asn Lys Arg Lys Gln His Phe Val Leu Val His Gly Ser
 1 5 10 15

Cys His Gly Ala Trp Cys Trp Tyr Lys Val Lys Pro Leu Leu Glu Ala
 20 25 30

Ala Gly His Gln Val Thr Ala Leu Asn Leu Ala Ala Ser Gly Ile Asp
35 40 45

Thr Arg Ser Ile Thr Asp Ile Ser Thr Cys Glu Gln Tyr Ser Glu Pro
50 55 60

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

Val Gly His Ser Phe Gly Gly Leu Ser Leu Ala Ile Ala Met Asp Lys
85 90 95

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

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

Met Ala His Glu Ala Trp Met Gly Thr Glu Phe Lys Pro Tyr Gly Ser
130 135 140

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

Gly Leu Tyr Gln Leu Ser Pro Val Glu Asp Leu Glu Leu Gly Leu Leu
165 170 175

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

Asn Phe Ser Asp Glu Gly Tyr Gly Asn Val Pro Arg Ala Tyr Ile Val
195 200 205

Cys Lys Glu Asp Lys Gly Ile Pro Glu Ala Phe Gln Arg Trp Leu Ile
210 215 220

Asp Asn Phe Pro Val Asn Ile Val Met Glu Ile Asp Glu Thr Asp His
225 230 235 240

Met Pro Met Phe Cys Lys Pro Gln Gln Leu Cys Asp His Phe Met Glu
245 250 255

Ile Ala Asp Lys Phe Val
260

<210> 607

<211> 953

<212> ДНК

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1065042

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 608

<400> 607

aggaaataat atacaaaatc aaagggttaag aaaaaaatg ggtgaggaga agaatcagca 60

gcacttcgtg ctagtacatg gtgcatgcc a cggcgcgtgg tgctggaaca aggttaagcc 120

gcttctcgag gcctccggcc accgcgtaac cgccttagac ctagctgctt cgggtataga 180
cacaaccagg tctatcactg agatctccac atgcgaacaa tactctgagc cattgatata 240
gctaatcgcc tcattaccaa gtgatgagaa ggttgtgctc gttggtcata gctttggagg 300
gttcagctta gccatggcca tggataagtt tccagacaaa atctctgtct cagtcttctg 360
gactgctttc atgcccgata ccaaactc accatcgttc gtcgtggata agtttaaacy 420
ggatacgcca ccagaagcat ggttgggctc ggagttcaaa tcatatggct cagacaatc 480
cgggtgtgtca atgtctttca gactgagtt catgaagcac gctctctatc aactttctcc 540
tggtgaggat attgagcttg gattgctttt aaagaggccc ggatcattgt tcatcaacga 600
tttatccaag gtggagaact tttcggacaa agggatgga tctgttcctc gagcttacct 660
tgtgtgcaaa gaggacaaaa caattacaaa agaaattcag tgggtgatga tcgataatta 720
tccgacgaaa gtagtgaagg agatggagga cacagatcat atgccaatgt tctgcaagcc 780
tcagttacta agtgactatc tcttggaat cgcggaaaaa ttagcttaaa ttatcttggt 840
atgaaaatgt atttgatc aaataagtgt tgcctgcaa atgggtcttt ctaaagatca 900
agacttttat cgcgttcaaa tgtttgacat aatttaaaat aaacttaaca gtc 953

<210> 608

<211> 263

<212> белок

<213> Brassica napus

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (35)..(257)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1065042

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 641,8 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 608

Met Gly Glu Glu Lys Asn Gln Gln His Phe Val Leu Val His Gly Ala
1 5 10 15

Cys His Gly Ala Trp Cys Trp Asn Lys Val Lys Pro Leu Leu Glu Ala
20 25 30

Ser Gly His Arg Val Thr Ala Leu Asp Leu Ala Ala Ser Gly Ile Asp
35 40 45

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

<210> 609

<211> 265

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (36)..(259)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157329790

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 751,6 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 609

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

<210> 610

<211> 272

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (53)..(266)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1
Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 15227861

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 566,2 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 610

Met Tyr Glu Asn Gly Ile Ser Phe Ile Ile Ser Leu Leu Ile Cys Gly
1 5 10 15

Cys Val Lys Ser Glu Glu Met Met Lys Gln His Phe Val Leu Val His
20 25 30

Gly Ser Cys Leu Gly Ala Trp Cys Trp Tyr Lys Val Lys Pro Leu Leu
35 40 45

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

Ile Asp Thr Arg Ser Ile Thr Asp Ile Ser Thr Cys Glu Gln Tyr Ser
65 70 75 80

Glu Pro Leu Ile Gln Leu Met Thr Ser Leu Pro Asn Asp Glu Lys Val
85 90 95

Val Leu Val Gly His Ser Tyr Gly Gly Leu Thr Leu Ala Ile Ala Met
100 105 110

Asp Lys Phe Pro Asp Lys Ile Ser Val Ser Val Phe Val Thr Ser Phe
115 120 125

Met Pro Asp Thr Lys Asn Ser Pro Ser Phe Val Leu Glu Lys Phe Ala
130 135 140

Ser Thr Met Thr Pro Glu Asp Trp Met Gly Ser Glu Leu Glu Pro Tyr
145 150 155 160

Val Val Phe Ser Ala Glu Phe Thr Lys His Arg Ile Leu Gln Leu Ser
165 170 175

Pro Ile Glu Asp Leu Glu Leu Arg Leu Leu Leu Lys Arg Pro Gly Ser
180 185 190

Leu Phe Leu Asn Asp Leu Ser Arg Met Lys Asn Phe Ser Glu Lys Gly
195 200 205

Tyr Gly Ser Val Pro Arg Ala Tyr Ile Val Ser Lys Asp Asp His Thr
210 215 220

Ile Ser Glu Glu Tyr Gln Arg Trp Met Ile Asp Asn Tyr Pro Pro Asn
225 230 235 240

Leu Val Ile Glu Met Glu Gly Thr Asp His Leu Pro Leu Phe Cys Lys
245 250 255

Pro Gln Leu Leu Ser Asp His Leu Leu Ala Ile Ala Asp Lys Phe Ser
260 265 270

<210> 611

<211> 259

<212> белок

<213> *Gentiana triflora* var. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (32)..(253)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1
Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 146272407

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 686,5 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 611

Met Ser Pro Thr Lys His Phe Val Ala Val His Gly Val Gly His Gly
1 5 10 15

Ala Trp Val Tyr Tyr Lys Leu Lys Pro Arg Ile Glu Ala Ala Gly Phe
20 25 30

Lys Phe Thr Ala Ile Asp Leu Ala Ala Ala Gly Val Asn Pro Lys Lys
35 40 45

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

Val Leu Ala Ala Val Pro Glu Gly Glu Lys Val Ile Leu Val Gly His
65 70 75 80

Ser Gly Gly Gly Leu Ser Ala Ala Val Gly Met Glu Lys Phe Pro Lys
85 90 95

Lys Ile Ser Val Ala Val Phe Leu Asn Ala Ile Met Pro Asp Thr Lys
100 105 110

Asn Arg Pro Ser Tyr Val Met Glu Glu Tyr Thr Ala Arg Thr Pro Ile
115 120 125

Glu Ala Trp Lys Asp Thr Gln Phe Ser Ala Tyr Gly Glu Pro Pro Ile
130 135 140

Thr Ala Leu Leu Cys Gly Pro Glu Phe Ile Ser Thr Ser Leu Tyr His
145 150 155 160

Leu Ser Pro Val Glu Asp His Thr Leu Gly Lys Leu Leu Val Arg Pro
165 170 175

Gly Ala Leu Phe Val Glu Asp Leu Leu Lys Gly Ala Val Lys Phe Thr
 180 185 190
 Asp Glu Gly Phe Gly Ser Val Pro Arg Val Tyr Val Val Ala Thr Glu
 195 200 205
 Asp Lys Thr Ile Pro Pro Glu Phe Gln Arg Trp Met Ile Glu Asn Asn
 210 215 220
 Pro Val Ala Glu Val Lys Glu Ile Glu Gly Ala Asp His Leu Pro Gln
 225 230 235 240
 Phe Ser Lys Pro Asp Glu Leu Thr Gln Val Leu Val Asp Ile Ala Lys
 245 250 255

Asn His Gly

<210> 612
 <211> 909
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 95094

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 613

<400> 612
 aactttataa cgctattctc aaacaagcaa agaaccttaa ccaaaaagaa aacgtctacg 60
 gagacatatg gagaggaaac atcacttcgt gttagttcac aacgcttatac atggagcctg 120
 gatctggtagc aagctcaagc ccctccttga atcagccggc caccgcggtta ctgctgtcga 180
 actcgccgcc tccgggatcg acccagcacc aatccaggcc gttgaaaccg tcgacgaata 240
 ctccaaaccg ttgatcgaaa ccctcaaatac tcttccagag aacgaagagg taattctggt 300
 tggattcagc ttcggaggca tcaacatcgc tctcgccgcc gacatatttc cggcgaagat 360
 taaggttctt gtgttctca acgccttctt gcccgacaca acccagctgc cttctcacgt 420
 tctggacaag tatatggaga tgcttgaggg tttgggagat tgtgagtttt catctcatga 480
 aacaagaaat gggacgatga gtttattgaa gatgggacca aaattcatga aggcacgtct 540
 ttacaaaat tgtcccatag aggattacga gctggcaaaa atggtgcata ggcaagggtc 600
 atttttcaca gaggatctat caaagaaaga aaagtttagc gaggaaggat atggttcggt 660
 gcaacgagtt tacgtaatga gtagtgaaga caaagccatc ccctgcgatt tcattcgttg 720
 gatgattgat aatttcaacg tctcgaaagt ctacgagatc gatggcggag atcacatggt 780
 gatgctctcc aaaccccaaa aactctttga ctctctctct gctattgcca ccgattatat 840
 gtaataatct taaagtctgt tttacttttt tctcatcggt actaataaaa caaacccctt 900
 tttccgggc 909

<210> 613
<211> 258
<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (32)..(252)
<223> Название Pfam: Abhydrolase_1
Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 95094

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 495,0 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 8

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 613
Met Glu Arg Lys His His Phe Val Leu Val His Asn Ala Tyr His Gly
1 5 10 15
Ala Trp Ile Trp Tyr Lys Leu Lys Pro Leu Leu Glu Ser Ala Gly His
20 25 30
Arg Val Thr Ala Val Glu Leu Ala Ala Ser Gly Ile Asp Pro Arg Pro
35 40 45
Ile Gln Ala Val Glu Thr Val Asp Glu Tyr Ser Lys Pro Leu Ile Glu
50 55 60
Thr Leu Lys Ser Leu Pro Glu Asn Glu Glu Val Ile Leu Val Gly Phe
65 70 75 80
Ser Phe Gly Gly Ile Asn Ile Ala Leu Ala Ala Asp Ile Phe Pro Ala
85 90 95
Lys Ile Lys Val Leu Val Phe Leu Asn Ala Phe Leu Pro Asp Thr Thr
100 105 110
His Val Pro Ser His Val Leu Asp Lys Tyr Met Glu Met Pro Gly Gly
115 120 125
Leu Gly Asp Cys Glu Phe Ser Ser His Glu Thr Arg Asn Gly Thr Met
130 135 140
Ser Leu Leu Lys Met Gly Pro Lys Phe Met Lys Ala Arg Leu Tyr Gln
145 150 155 160
Asn Cys Pro Ile Glu Asp Tyr Glu Leu Ala Lys Met Leu His Arg Gln
165 170 175
Gly Ser Phe Phe Thr Glu Asp Leu Ser Lys Lys Glu Lys Phe Ser Glu
180 185 190

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

Tyr Met

<210> 614
 <211> 985
 <212> ДНК
 <213> Musa acuminata

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1714893

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 615

<400> 614
 acttgccata gcacctcaa atgaattatg gagaaggaag gggcgacggg agctgcaaca 60
 agaagcacat aattctcgtc catggcgctt gccatggagc atggctcttg cacaaggtga 120
 cgaccagtt gaggtccgct ggggtaccagg ttacgggtgcc cgacctcgcg gcctccggcg 180
 tcgacgagcg gcggttccag gacctgcgat cgttcatcca ctactcccag ccgctcctgg 240
 acatattggc ctgcctcctt cctgggtgaga gggtcattct ggtaggccac agcctcggag 300
 gcctcaacat agctttggct atggacaggt tccctgagaa gatcgccgcc gccgtcttcg 360
 tcaccgcctt gatgccgat tcagtcaacc cgccctccta cgtcatggac aagcttaaaa 420
 aggaaaaaac catgttattt tggagcgaca cacaatttgg cttgggtcggg gacgaagata 480
 aaggtcccgt ttccctgcta ttcggcccca aatthttatc caagctttac acgcgtagcc 540
 caccgagga tctgacgctg gcgaggacc tcatgaggcc ttcttccttc ttccttgaag 600
 acctcgggtc catgcctccc ttctccgagt cgggttacgg atcgggtggag aagatctacg 660
 tcgtgtgctc tcaggatgag atcctcacgg aaggthttca gcgctggatg atcgagaaca 720
 acccagtga agaggtgaga gagctggagg acgctgacca tatgcccatt ttctcaacct 780
 cgaagcagct gtttcagtgc ctctcggatg ttgccgatgc ctgtgcttga tctcccggg 840
 ttttactatt acaagccacc aaatactgtg gccatagtaa ataagatagt tgttcgtgcg 900
 ttgctgctgt gatcgatgca tcatggtttg ctatcagcaa cgggtgtattt gtttcagtta 960
 tcaaatcatg gacagctgag aagac 985

<210> 615
<211> 269
<212> белок
<213> Musa acuminata

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (42)..(263)
<223> Название Pfam: Abhydrolase_1
Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1714893

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 688,3 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 8

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 615
Met Asn Tyr Gly Glu Gly Arg Gly Asp Gly Ser Cys Asn Lys Lys His
1 5 10 15
Ile Ile Leu Val His Gly Ala Cys His Gly Ala Trp Ser Trp His Lys
20 25 30
Val Thr Thr Gln Leu Arg Ser Ala Gly Tyr Gln Val Thr Val Pro Asp
35 40 45
Leu Ala Ala Ser Gly Val Asp Glu Arg Arg Phe Gln Asp Leu Arg Ser
50 55 60
Phe Ile His Tyr Ser Gln Pro Leu Leu Asp Ile Leu Ala Cys Leu Pro
65 70 75 80
Pro Gly Glu Arg Val Ile Leu Val Gly His Ser Leu Gly Gly Leu Asn
85 90 95
Ile Ala Leu Ala Met Asp Arg Phe Pro Glu Lys Ile Ala Ala Ala Val
100 105 110
Phe Val Thr Ala Leu Met Pro Asp Ser Val Asn Pro Pro Ser Tyr Val
115 120 125
Met Asp Lys Leu Lys Lys Glu Lys Thr Met Leu Phe Trp Ser Asp Thr
130 135 140
Gln Phe Gly Leu Val Gly Asp Glu Asp Lys Gly Pro Val Ser Leu Leu
145 150 155 160
Phe Gly Pro Lys Phe Leu Ser Lys Leu Tyr Thr Arg Ser Pro Pro Glu
165 170 175
Asp Leu Thr Leu Ala Arg Thr Leu Met Arg Pro Ser Ser Phe Phe Leu
180 185 190
Glu Asp Leu Gly Ser Met Pro Pro Phe Ser Glu Ser Gly Tyr Gly Ser
195 200 205

Val Glu Lys Ile Tyr Val Val Cys Ala Gln Asp Glu Ile Leu Thr Glu
210 215 220

Gly Phe Gln Arg Trp Met Ile Glu Asn Asn Pro Val Lys Glu Val Arg
225 230 235 240

Glu Leu Glu Asp Ala Asp His Met Pro Met Phe Ser Thr Pro Lys Gln
245 250 255

Leu Phe Gln Cys Leu Ser Asp Val Ala Asp Ala Cys Ala
260 265

<210> 616

<211> 265

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (36)..(259)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157329890

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 755,1 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 616

Met Glu Val Asp Arg Lys Gln Gly Arg His Phe Val Leu Val His Gly
1 5 10 15

Ala Cys His Gly Ala Trp Ser Trp Tyr Lys Val Lys Pro Arg Leu Glu
20 25 30

Ala Ala Gly His Arg Val Thr Ala Leu Asp Met Ala Ala Ser Gly Ile
35 40 45

Asn Arg Lys Gln Ile Gln Glu Val His Ser Met His Glu Tyr Ser Gln
50 55 60

Pro Leu Leu Glu Met Met Ala Thr Leu Pro Pro Asn Glu Lys Val Ile
65 70 75 80

Leu Val Gly His Ser Leu Gly Gly Leu Asn Leu Ala Val Ala Met Glu
85 90 95

Lys Phe Pro Glu Lys Val Ser Val Ala Val Phe Leu Thr Ala Phe Met
100 105 110

Pro Asp Thr Leu His Arg Pro Ser Tyr Val Leu Asp Gln Tyr Val Glu
115 120 125

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

<210> 617
 <211> 913
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 859635

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 618

<400> 617
 gtgtgacttt taggagagta agaaaatatac gaaggtcaga agaatgagtg aggaaaagag 60
 gaaacaacat tttgtactag tacatgggtc gtgccatggc gcgtgggtgct ggtacaagggt 120
 taagccgctg ctagagggcgg tggggccaccg cgtaactgct gtggacttag ctgcctccgg 180
 aatagacaca acgaggtcga tcaactgacat cccacatgc gaacaatact cggagccatt 240
 gacgaagctc ctgacctcat tgccaaatga tgaaaagggt gtgctcgttg gtcacagctt 300
 tgggtggcttg aacttagcca tagccatgga aaagtttccc gaaaaaatct ctgtcgctgt 360
 attcttgact gctttcatgc cggacaccga aactcacca tccttcgtct tggacaagtt 420
 tggaagcaac atgcctcaag aagcatggat gggcaccgaa ttcgaacctt atggttcaga 480
 caattccgga ctgagtatgt tttttagccc tgacttcatg aagttgggtc tctaccagct 540
 ttctccagtt gaggatcttg aactgggatt acttttaatg aggccaggat cgttatttat 600
 taacgattta tcgaagatga aaaacttctc ggatgaagga tatgggtctg ttctctgagt 660

tttcatagtg tgtaaagagg acaaagcaat tccagaagaa cgccagagat ggatgattga 720
 taattttccg gtgaatttag tgatggagat ggaggagaca gatcatatgc caatgttctg 780
 caagcctcag caactcagtg attacttcct gaaaatcgcg gacaaattcg tttaatcaaa 840
 tcttcatgaa actgtattgg atttgatata ataaaggttt gttgcaaatg aattaataat 900
 gatgaatatt ttt 913

<210> 618
 <211> 263
 <212> белок
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (35)..(257)
 <223> Название Pfam: Abhydrolase_1
 Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 859635

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 673,2 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 8

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 618
 Met Ser Glu Glu Lys Arg Lys Gln His Phe Val Leu Val His Gly Ser
 1 5 10 15
 Cys His Gly Ala Trp Cys Trp Tyr Lys Val Lys Pro Leu Leu Glu Ala
 20 25 30
 Val Gly His Arg Val Thr Ala Val Asp Leu Ala Ala Ser Gly Ile Asp
 35 40 45
 Thr Thr Arg Ser Ile Thr Asp Ile Pro Thr Cys Glu Gln Tyr Ser Glu
 50 55 60
 Pro Leu Thr Lys Leu Leu Thr Ser Leu Pro Asn Asp Glu Lys Val Val
 65 70 75 80
 Leu Val Gly His Ser Phe Gly Gly Leu Asn Leu Ala Ile Ala Met Glu
 85 90 95
 Lys Phe Pro Glu Lys Ile Ser Val Ala Val Phe Leu Thr Ala Phe Met
 100 105 110
 Pro Asp Thr Glu His Ser Pro Ser Phe Val Leu Asp Lys Phe Gly Ser
 115 120 125
 Asn Met Pro Gln Glu Ala Trp Met Gly Thr Glu Phe Glu Pro Tyr Gly
 130 135 140

Ser Asp Asn Ser Gly Leu Ser Met Phe Phe Ser Pro Asp Phe Met Lys
145 150 155 160

Leu Gly Leu Tyr Gln Leu Ser Pro Val Glu Asp Leu Glu Leu Gly Leu
165 170 175

Leu Leu Met Arg Pro Gly Ser Leu Phe Ile Asn Asp Leu Ser Lys Met
180 185 190

Lys Asn Phe Ser Asp Glu Gly Tyr Gly Ser Val Pro Arg Val Phe Ile
195 200 205

Val Cys Lys Glu Asp Lys Ala Ile Pro Glu Glu Arg Gln Arg Trp Met
210 215 220

Ile Asp Asn Phe Pro Val Asn Leu Val Met Glu Met Glu Glu Thr Asp
225 230 235 240

His Met Pro Met Phe Cys Lys Pro Gln Gln Leu Ser Asp Tyr Phe Leu
245 250 255

Lys Ile Ala Asp Lys Phe Val
260

<210> 619
<211> 263
<212> белок
<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (36)..(257)
<223> Название Pfam: Abhydrolase_1
Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 115440397

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 481,7 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 8

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 619
Met Ala Asp Gly Lys Val Ala Cys Lys His Leu Val Leu Val His Gly
1 5 10 15

Ala Cys Ile Gly Gly Trp Thr Tyr Phe Lys Val Ala Thr Arg Leu Arg
20 25 30

Ser Ala Gly Tyr Arg Val Thr Ala Pro Asp Leu Gly Ala Ser Gly Val
35 40 45

Asp Pro Arg Pro Leu Arg Glu Val Pro Thr Phe Arg Asp Tyr Thr Ala
50 55 60

Pro Leu Leu Gly Leu Leu Gly Ser Leu Pro Pro Gly Glu Lys Val Val
65 70 75 80

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

<210> 621

<211> 792

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1457048

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 622

<400> 621
atggtagaga ccaagaatca gaagcatttt gttctagtag atggagcttg ccatgggggt 60
tggtgctggc aaaagttcaa aacgctgctt gagtcagcaa gtaacagggt cacggtgctt 120
gaccttgctg cttcaggcgc caacatgaag gcaatccaag atgtagaaac acttgatgaa 180
tatacggagc ctttgttaga gtttctggcc tcattacaac cgaaggagaa ggtcattcta 240
gtagggcaca gcctaggagg tttgagtttg gctcttgcta tggaaaagtt cccagagaag 300
attgctgttg ctgttttctt atcagctttc atgccagata ccacacacaa gccatcattt 360
gtcttgatc agtataacga gaggaccccg gcggattcct ggttggacac tcaattttta 420
ccatacagca gttctcaaag tcattctcaca acaatgtctt ttggacccaa attcttatcc 480
tccaagctct atcagctaag cccacctgag gatcttgagc aagcaaagac tatggtaagg 540
ccaggatcac tgtttctgta tgatttgta aaggcaaaca gtttctccac gacgggctat 600
gggtcagtca aacgagtgta tgttatctgc gatgaagatt tagcgatacc agaagagttt 660
caacgctgga tgattgaaa cagtgctggt gaagaagtta tggaaattga aggtgcagac 720
catatgggta tgttcagcaa gccacaagaa ctcttcatt gtctctcaga gatagcaaat 780
aaacatgctt aa 792

<210> 622
<211> 263
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (35)..(257)
<223> Название Pfam: Abhydrolase_1
Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1457048

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 751,8 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 8

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 622
Met Val Glu Thr Lys Asn Gln Lys His Phe Val Leu Val His Gly Ala
1 5 10 15
Cys His Gly Ala Trp Cys Trp Gln Lys Phe Lys Thr Leu Leu Glu Ser
20 25 30
Ala Ser Asn Arg Val Thr Val Leu Asp Leu Ala Ala Ser Gly Ala Asn
35 40 45

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

<210> 623

<211> 264

<212> белок

<213> *Rauvolfia serpentina*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (38)..(260)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 50401192

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 698,1 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 623

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

<210> 624

<211> 795

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1451281

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 625

<400> 624

```
atgggagagg tcaacaatca aaaacagcat tttgttttga tccatgggtc agttgcagga 60
gcttggatat ggtacaaggt caagccaagg cttagaggaag ctggccaccg tgtcacagct 120
cttgacatgg ctgcatcagg ggtgaacaca caaaaaattg aagaagtctg cacttttgat 180
cagtataatg agcccttgat ggagttcatg gccaaattac ctgaaaatga aaaggttgta 240
ttggtggggc acagtttagg tggcttgaat ctggcttttg ctatggagaa attcccagag 300
aaggtttctc ttgctgtttt tcttactgca atcttgctg atacggtgca ccagccatct 360
tatatgttag aaaagtttgc tgaaatcggg cccaagggag aagagtggca agacactctg 420
ttttcattcc atggaacccc tgaagaaccg catacatgtg ttcacatggg atgcgagttt 480
atgaagtgca agccctttca tctttcctcc gctgaggatc tagctctgca gatgctctta 540
aatagaccag gatcgatggt tgtggaaagc ctgtccaagg caaagaagtt cactgatgag 600
agatatggat cagtgccgag agtttatatt gtttgactg aggatttaat gatgcctgcc 660
tcatttcagc gctggatgat tgagcaaaat ggggtaaagg aagtgatgga gattcctgca 720
gatcatatgc cagttttttc tacgcctaca gaactctgcc attctatact ggagttggca 780
cgcaagcatg cttag 795
```

<210> 625

<211> 264

<212> белок

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (36)..(258)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1451281

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 547,1 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 625

```
Met Gly Glu Val Asn Asn Gln Lys Gln His Phe Val Leu Ile His Gly
1           5           10          15
```

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

<210> 626

<211> 792

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1510252

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 627

<400> 626

atggtagaga ccaagaatca ggagcatttt gttctagtagac atggagcttg ccatgggggct 60

tgggtgctggc aaaagttcaa aacgctgctt gagtcagcaa gtaacagggg caccggtgctt 120
 gaccttgctg cttcagggcgc caacatgaag gcaatccaag atgtagaaac acttgatgaa 180
 tatacggagc ctttgttaga gtttctggcc tcattacaac cgaaggagaa ggtcattcta 240
 gtagggcaca gcctaggagg tttgagtttg gctcttgcta tggaaaagtt cccagagaag 300
 attgctgttg ctgttttctt atcagctttc atgccagata ccacacacaa gccatcattt 360
 gtcttgatc agtataacga gaggaccccg gcggattcct ggttggacac tcaattttta 420
 ccatacagca gttctcaaag tcatctcaca acaatgtctt ttggacccaa attcttatcc 480
 tccaagctct atcagctaag cccacctgag gatcttgagc aagcaaaaac tttggtaagg 540
 ccaggatcaa tgtttctgga tgatttgta aaggcaaaca gtttctccac gacgggctat 600
 gggtcagtca aacgagtata tgttatcttt gacaaagatt tagcgatacc agtagagttt 660
 caacgctgga tgattgaaaa cagtgctggt gaagaagtta tggaaattga aggtgcagac 720
 catatggtta tgttcagcaa gccacaagaa ctcttcatt gtctctcaga gatagcaaat 780
 aaacatgctt aa 792

<210> 627
 <211> 263
 <212> белок
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (35)..(257)
 <223> Название Pfam: Abhydrolase_1
 Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1510252

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 731,8 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 8

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 627
 Met Val Glu Thr Lys Asn Gln Glu His Phe Val Leu Val His Gly Ala
 1 5 10 15
 Cys His Gly Ala Trp Cys Trp Gln Lys Phe Lys Thr Leu Leu Glu Ser
 20 25 30
 Ala Ser Asn Arg Val Thr Val Leu Asp Leu Ala Ala Ser Gly Ala Asn
 35 40 45
 Met Lys Ala Ile Gln Asp Val Glu Thr Leu Asp Glu Tyr Thr Glu Pro
 50 55 60

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

<210> 628

<211> 1062

<212> ДНК

<213> *Panicum virgatum*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1822691

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 629

<400> 628

ggcgccgagac gtggctgcag gcgcacgaga ggtgatcgag cattcgagcc gacgcgcgcg 60
 cagcaagcag caccgtaccc gagtttctcg ccatgggagg cagcaagcac atcgtgctcg 120
 tccacggcgc gtgcctcggc ggctggctct ggttcaaggt ggccaccggt ctccgcgccc 180
 cgggggtaccg cgtggacgcg ccggacctgg cggcgctcggg cgtggaccgg cggccgctcc 240
 gcgaggtgcc cacgttccgg gactacacgg cgccgctgct ggacctctc gcggcgctcc 300

cggccgggga ccgcgtggtg ctcgtcggcc acagcctcgg cggcctgagc gtcgccctgg 360
 ccgccgagct gttcccggac aaggtcgccg ccgccgtggt cctctgcgcc ttcattgccc 420
 actgcgccgc gcggccgctc cacgtgctcg agaagtctgt ggaggggaag tggctggact 480
 ggatggacac ggagatgaag ccgcaggacg cggagggcaa gctccccacg tccatgatgt 540
 tcgggccccg gatcctgcgg gagaagttct accagctctg ctcgccccgag gacatcacc 600
 tggcgtcgtc cctgatgcgg gtgagctcga tgttcgtgga ggacctggcc gccagcagc 660
 cgttcaccgc gggcgggtac ggctcgggtc gcaggggtga cgtggtgtgc tcggaggact 720
 acggcatcgt ggaggggttc cagagctgga tggaggagaa caaccgggtg gaggaggatga 780
 gggagatcgc cgccgaccac ctggtgatgc tctccaggcc cgacgagctg gcgcgggtgc 840
 tcgccgacat cgccgacaag tacgcgtgat gaatgatgat gatgaggaag atcgatgctc 900
 gatagatctg ccgctgcgtg gatgcatggt gttctgttgt gatcagcttt cttttctttc 960
 ttaatcaaaa aagaaacctt ggagaactcg agcctgttgt ttcgaaatga gattgaagtt 1020
 cacggtgtgg cgagcaattg accaatcgtg gatgtttatt ag 1062

<210> 629
 <211> 258
 <212> белок
 <213> Panicum virgatum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (32)..(252)
 <223> Название Pfam: Abhydrolase_1
 Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1822691

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 489,6 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 8

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 629
 Met Gly Gly Ser Lys His Ile Val Leu Val His Gly Ala Cys Leu Gly
 1 5 10 15
 Gly Trp Ser Trp Phe Lys Val Ala Thr Arg Leu Arg Ala Ala Gly Tyr
 20 25 30
 Arg Val Asp Ala Pro Asp Leu Ala Ala Ser Gly Val Asp Pro Arg Pro
 35 40 45
 Leu Arg Glu Val Pro Thr Phe Arg Asp Tyr Thr Ala Pro Leu Leu Asp
 50 55 60

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

Tyr Ala

<210> 630

<211> 259

<212> белок

<213> Rheum australe

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (31)..(253)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 197312921

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 688,8 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 630

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

<210> 631

<211> 795

<212> ДНК

<213> Solanum lycopersicum

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8456439

<220>

<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 632

<400> 631
atggaagcta acaagaaaca aggaaaacat tttgttctag tacatggtgc aggccatgga 60
gcttgggtgtt ggtacaagct aaaaccattg ctagaggctg caggccacaa ggtcactgct 120
cttgacttag cagcctctgg cattgatttg agaaaaatag agcaacttca cacacttcat 180
gattacactt tgccattatt ggaattaatg gaatctcttc cacaagagga gaaagccata 240
ttagttggac atagtcttgg tggatgaat ttagcacttg ctatggaaaa atacccaaaa 300
aagatctatg ctgctgtttt cttggctgct tttatgcctg attctattca catatcttcc 360
tatgttatgg atcagtacaa tgaacggaca ccagcagaga attggttaga tactcaattt 420
ttaccatatg gtaccctga agagccactc acatccatga cttttgggtcc caaatttttg 480
gctgataagc tttaccggtt aagccctcct gaggatggtg cattaggatt atcattagtg 540
agaacaagtt ctctgtttct ggaagatttg tcaaaggcca agtatttgac agatgaagga 600
tatggatctg tgaagagagt ttatgtagtg tgtacagagg ataaaggcat atcaaaagaa 660
tttcaacaat ggcaaattga taatattggt gttactgaag caaaggaaat taaagggtgct 720
gatcatatgg caatgctatg tatgccc aaaactttgtg acactctcgt ggagattgca 780
gataaataca attga 795

<210> 632
<211> 264
<212> белок
<213> Solanum lycopersicum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (36)..(258)
<223> Название Pfam: Abhydrolase_1
Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 8456439

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 748,2 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 8

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 632
Met Glu Ala Asn Lys Lys Gln Gly Lys His Phe Val Leu Val His Gly
1 5 10 15
Ala Gly His Gly Ala Trp Cys Trp Tyr Lys Leu Lys Pro Leu Leu Glu
20 25 30

Ala Ala Gly His Lys Val Thr Ala Leu Asp Leu Ala Ala Ser Gly Ile
35 40 45

Asp Leu Arg Lys Ile Glu Gln Leu His Thr Leu His Asp Tyr Thr Leu
50 55 60

Pro Leu Leu Glu Leu Met Glu Ser Leu Pro Gln Glu Glu Lys Ala Ile
65 70 75 80

Leu Val Gly His Ser Leu Gly Gly Met Asn Leu Ala Leu Ala Met Glu
85 90 95

Lys Tyr Pro Lys Lys Ile Tyr Ala Ala Val Phe Leu Ala Ala Phe Met
100 105 110

Pro Asp Ser Ile His Ile Ser Ser Tyr Val Met Asp Gln Tyr Asn Glu
115 120 125

Arg Thr Pro Ala Glu Asn Trp Leu Asp Thr Gln Phe Leu Pro Tyr Gly
130 135 140

Thr Pro Glu Glu Pro Leu Thr Ser Met Thr Phe Gly Pro Lys Phe Leu
145 150 155 160

Ala Asp Lys Leu Tyr Arg Leu Ser Pro Pro Glu Asp Val Ala Leu Gly
165 170 175

Leu Ser Leu Val Arg Thr Ser Ser Leu Phe Leu Glu Asp Leu Ser Lys
180 185 190

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

Val Val Cys Thr Glu Asp Lys Gly Ile Ser Lys Glu Phe Gln Gln Trp
210 215 220

Gln Ile Asp Asn Ile Gly Val Thr Glu Ala Lys Glu Ile Lys Gly Ala
225 230 235 240

Asp His Met Ala Met Leu Cys Met Pro Lys Lys Leu Cys Asp Thr Leu
245 250 255

Val Glu Ile Ala Asp Lys Tyr Asn
260

<210> 633

<211> 260

<212> белок

<213> Brassica rapa

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (35)..(257)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 632,2 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 633

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

<210> 634

<211> 258

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (32)..(252)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 15028131

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 489,9 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 634

```

Met Glu Arg Lys His His Phe Val Leu Val His Asn Ala Tyr His Gly
1          5          10          15

Ala Trp Ile Trp Tyr Lys Leu Lys Pro Leu Leu Glu Ser Ala Gly His
          20          25          30

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

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

Thr Leu Lys Ser Leu Pro Glu Asn Glu Glu Val Ile Leu Val Gly Phe
65          70          75          80

Ser Phe Gly Gly Ile Asn Ile Ala Leu Ala Ala Asp Ile Phe Pro Ala
          85          90          95

Lys Ile Lys Val Leu Val Phe Leu Asn Ala Phe Leu Pro Asp Thr Thr
          100          105          110

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

Leu Gly Asp Cys Glu Phe Ser Ser His Glu Thr Arg Asn Gly Thr Met
          130          135          140

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

Asn Cys Pro Ile Glu Asp Tyr Glu Leu Ala Lys Met Leu His Arg Gln
          165          170          175

Arg Ser Phe Phe Thr Glu Asp Leu Ser Lys Lys Glu Lys Phe Ser Glu
          180          185          190

Glu Gly Tyr Gly Ser Val Gln Arg Val Tyr Val Met Ser Ser Glu Asp
          195          200          205

Lys Ala Ile Pro Cys Asp Phe Ile Arg Trp Met Ile Asp Asn Phe Asn
          210          215          220

Val Ser Lys Val Tyr Glu Ile Asp Gly Gly Asp His Met Val Met Leu
225          230          235          240

Ser Lys Pro Gln Lys Leu Phe Asp Ser Leu Ser Ala Ile Ala Thr Asp
          245          250          255

```


<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 486,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 636

Met Lys His Tyr Val Leu Val His Gly Gly Cys His Gly Ala Trp Cys
1 5 10 15

Trp Tyr Lys Val Lys Pro Met Leu Glu His Ser Gly His Arg Val Thr
20 25 30

Val Phe Asp Leu Thr Ala His Gly Val Asn Met Ser Arg Val Glu Asp
35 40 45

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

Ser Phe Gly Ser Asp Asp Lys Val Val Leu Val Ala His Ser Leu Gly
65 70 75 80

Gly Ile Pro Ala Ala Leu Ala Ala Asp Met Phe Pro Ser Lys Ile Ser
85 90 95

Val Ala Val Phe Val Thr Ser Phe Met Pro Asp Thr Thr Asn Pro Pro
100 105 110

Ser Tyr Val Phe Glu Lys Phe Leu Gly Ser Ile Thr Glu Glu Glu Arg
115 120 125

Met Asp Phe Glu Leu Gly Ser Tyr Gly Thr Asp Asp His Pro Leu Lys
130 135 140

Thr Ala Phe Leu Gly Pro Asn Tyr Leu Lys Asn Met Tyr Leu Leu Ser
145 150 155 160

Pro Ile Glu Asp Tyr Glu Leu Ala Lys Met Leu Met Arg Val Thr Pro
165 170 175

Ala Ile Thr Ser Asn Leu Thr Gly Thr Lys Ser Leu Thr Ala Gln Gly
180 185 190

Tyr Gly Ser Ile Ser Arg Val Tyr Ile Val Cys Gly Glu Asp Lys Gly
195 200 205

Ile Arg Val Asp Phe Gln Arg Trp Met Ile Glu Asn Ser Pro Val Lys
210 215 220

Glu Val Met Glu Ile Lys Asp Ala Asp His Met Pro Met Phe Ser Lys
225 230 235 240

Pro His Glu Leu Cys Asp Arg Leu Leu Lys Ile Ala Asp Lys Tyr Pro
245 250 255

<210> 637

<211> 263

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (35)..(257)
<223> Название Pfam: Abhydrolase_1
Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 27754457

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 671,9 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 8

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 637

```
Met Ser Glu Glu Lys Arg Lys Gln His Phe Val Leu Val His Gly Ser
1          5          10          15

Cys His Gly Ala Trp Cys Trp Tyr Lys Val Lys Pro Leu Leu Glu Ala
          20          25          30

Val Gly His Arg Val Thr Ala Val Asp Leu Ala Ala Ser Gly Ile Asp
          35          40          45

Thr Thr Arg Ser Ile Thr Asp Ile Pro Thr Cys Glu Gln Tyr Ser Glu
          50          55          60

Pro Leu Thr Lys Leu Leu Thr Ser Leu Pro Asn Asp Glu Lys Val Val
65          70          75          80

Leu Val Gly His Ser Phe Gly Gly Leu Asn Leu Ala Ile Ala Met Glu
          85          90          95

Lys Phe Pro Lys Lys Ile Ser Val Ala Val Phe Leu Thr Ala Phe Met
          100         105         110

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

Asn Met Pro Gln Glu Ala Trp Met Gly Thr Glu Phe Glu Pro Tyr Gly
          130         135         140

Ser Asp Asn Ser Gly Leu Ser Met Phe Phe Ser Pro Asp Phe Met Lys
145         150         155         160

Leu Gly Leu Tyr Gln Leu Ser Pro Val Glu Asp Leu Glu Leu Gly Leu
          165         170         175

Leu Leu Met Arg Pro Gly Ser Leu Phe Ile Asn Asp Leu Ser Lys Met
          180         185         190

Lys Asn Phe Ser Asp Glu Gly Tyr Gly Ser Val Pro Arg Val Phe Ile
          195         200         205

Val Cys Lys Glu Asp Lys Ala Ile Pro Glu Glu Arg Gln Arg Trp Met
          210         215         220

Ile Asp Asn Phe Pro Val Asn Leu Val Met Glu Met Glu Glu Thr Asp
225         230         235         240
```


His Met Pro Met Phe Cys Lys Pro Gln Gln Leu Ser Asp Tyr Phe Leu
245 250 255

Lys Ile Ala Asp Lys Phe Val
260

<210> 638

<211> 258

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (32)..(252)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 16648679

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 486,1 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 638

Met Glu Arg Lys His His Phe Val Leu Val His Asn Ala Tyr His Gly
1 5 10 15

Ala Trp Ile Trp Tyr Lys Leu Lys Pro Leu Leu Glu Ser Ala Gly His
20 25 30

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

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

Thr Leu Lys Ser Leu Gln Glu Asn Glu Glu Gly Ile Leu Val Gly Phe
65 70 75 80

Ser Phe Gly Gly Ile Asn Ile Ala Leu Ala Ala Asp Ile Phe Pro Ala
85 90 95

Lys Ile Lys Val Leu Val Phe Leu Asn Ala Phe Leu Pro Asp Thr Thr
100 105 110

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

Leu Gly Asp Cys Glu Phe Ser Ser His Glu Thr Arg Asn Gly Thr Met
130 135 140

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

Asn Cys Pro Ile Glu Asp Tyr Glu Leu Ala Lys Met Leu His Arg Gln
 165 170 175
 Gly Ser Phe Phe Thr Glu Asp Leu Ser Lys Lys Glu Lys Phe Ser Glu
 180 185 190
 Glu Gly Tyr Gly Ser Val Gln Arg Val Tyr Val Met Ser Ser Glu Asp
 195 200 205
 Lys Ala Ile Pro Cys Asp Phe Ile Arg Trp Met Ile Asp Asn Phe Asn
 210 215 220
 Val Ser Lys Val Tyr Glu Ile Asp Gly Gly Asp His Met Val Met Leu
 225 230 235 240
 Ser Lys Pro Gln Lys Leu Phe Asp Ser Leu Ser Ala Ile Ala Thr Asp
 245 250 255

Tyr Met

<210> 639

<211> 263

<212> белок

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (35)..(257)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 15227863

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 691,9 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 639

Met Ser Glu Glu Lys Arg Lys Gln His Phe Val Leu Val His Gly Ala
 1 5 10 15

Cys His Gly Ala Trp Cys Trp Tyr Lys Val Lys Pro Leu Leu Glu Ala
 20 25 30

Leu Gly His Arg Val Thr Ala Leu Asp Leu Ala Ala Ser Gly Ile Asp
 35 40 45

Thr Thr Arg Ser Ile Thr Asp Ile Ser Thr Cys Glu Gln Tyr Ser Glu
 50 55 60

Pro Leu Met Gln Leu Met Thr Ser Leu Pro Asn Asp Glu Lys Val Val
 65 70 75 80

Leu Val Gly His Ser Phe Gly Gly Leu Ser Leu Ala Leu Ala Met Asp
 85 90 95

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

<210> 640
 <211> 795
 <212> ДНК
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1451282

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 641

<400> 640
 atgggagagg tcaacaatca aaaaagcat tttgttttga tccatgggtc agttgcagga 60
 gcttgatgat ggtacaaggt caagccaagg ctgaggaag ctggccaccg agtcacagct 120
 cttgacatgg ctgcatcagg ggtgaacaca aaaacaattg aagaagtctg cactttcgat 180
 ctgtataatg agcccttgat ggagttcatg gccaaattac ctgaaaatga aaaggttgta 240
 ttgggtggggc acagtttagg tggcttgaat ctggcttttg ctatggagaa attcccagag 300
 aaggtttctc ttgctgtttt tcttactgca atcttgctg ataccgtgca ccagccatct 360
 tatatgtag aaaagtttgc tgaatcggg cccagggacg aagaatggca agacactctg 420
 ttttcattcc atggaacccc tgaagaaccg catacatgtg ttcatatggg ttgcgagttt 480

atgaagtgca agccctttca tctttcctcc gctgaggatc tcgctctgca gatgctctta 540
 aatagaccag gatcgatggt tgtggaaagc ctgtccaagg caaagaagtt cactgatgag 600
 agatatggat cagtgccgcg agtttatatt gtttgtactg aggatttaat gatgcttgcc 660
 tcatttcagc gctggatgat tgagcaaaat ggggtaaagg aagtgatgga gattcctgca 720
 gatcatatgc cagttttttc tacgcctaca gaactctgcc attctatact ggagttggca 780
 cgcaagcatg cttag 795

<210> 641
 <211> 264
 <212> белок
 <213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (36)..(258)
 <223> Название Pfam: Abhydrolase_1
 Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 1451282

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 540,7 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 8

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 641
 Met Gly Glu Val Asn Asn Gln Lys Lys His Phe Val Leu Ile His Gly
 1 5 10 15
 Ser Val Ala Gly Ala Trp Ile Trp Tyr Lys Val Lys Pro Arg Leu Glu
 20 25 30
 Glu Ala Gly His Arg Val Thr Ala Leu Asp Met Ala Ala Ser Gly Val
 35 40 45
 Asn Thr Lys Thr Ile Glu Glu Val Arg Thr Phe Asp Leu Tyr Asn Glu
 50 55 60
 Pro Leu Met Glu Phe Met Ala Lys Leu Pro Glu Asn Glu Lys Val Val
 65 70 75 80
 Leu Val Gly His Ser Leu Gly Gly Leu Asn Leu Ala Phe Ala Met Glu
 85 90 95
 Lys Phe Pro Glu Lys Val Ser Leu Ala Val Phe Leu Thr Ala Ile Leu
 100 105 110
 Pro Asp Thr Val His Gln Pro Ser Tyr Met Leu Glu Lys Phe Ala Glu
 115 120 125

Ile Gly Pro Arg Asp Glu Glu Trp Gln Asp Thr Leu Phe Ser Phe His
130 135 140

Gly Thr Pro Glu Glu Pro His Thr Cys Val His Met Gly Cys Glu Phe
145 150 155 160

Met Lys Cys Lys Pro Phe His Leu Ser Ser Ala Glu Asp Leu Ala Leu
165 170 175

Gln Met Leu Leu Asn Arg Pro Gly Ser Met Phe Val Glu Ser Leu Ser
180 185 190

Lys Ala Lys Lys Phe Thr Asp Glu Arg Tyr Gly Ser Val Pro Arg Val
195 200 205

Tyr Ile Val Cys Thr Glu Asp Leu Met Met Leu Ala Ser Phe Gln Arg
210 215 220

Trp Met Ile Glu Gln Asn Gly Val Lys Glu Val Met Glu Ile Pro Ala
225 230 235 240

Asp His Met Pro Val Phe Ser Thr Pro Thr Glu Leu Cys His Ser Ile
245 250 255

Leu Glu Leu Ala Arg Lys His Ala
260

<210> 642

<211> 258

<212> белок

<213> Catharanthus roseus

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (32)..(252)

<223> Название Pfam: Abhydrolase_1

Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 53830670

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 723,2 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 8

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 642

Met Glu Val Met Lys His Phe Val Thr Val His Gly Val Gly His Gly
1 5 10 15

Ala Trp Val Tyr Tyr Lys Leu Lys Pro Arg Ile Glu Ala Ala Gly His
20 25 30

Arg Cys Thr Ala Val Asn Leu Ala Ala Ser Gly Ile Asn Glu Lys Lys
35 40 45

Leu Glu Glu Val Arg Ser Ser Ile Asp Tyr Ala Ala Pro Leu Leu Glu
50 55 60

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

<210> 643
 <211> 259
 <212> белок
 <213> *Gentiana triflora* var. *japonica*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (32)..(253)
 <223> Название Pfam: Abhydrolase_1
 Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 146272405

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 682,5 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 8

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 643

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

Asn His Gly

<210> 644

<211> 1739

<212> ДНК

<213> Glycine max

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 625057

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 645

<400> 644

ctattcttac acggcatgga tctcgtggcc actctgtttt agtttaatca gaagcaaaat 60
ссасааааас аасагтгтат таааатттсг гаассггааа ааттгттатт атттггатаг 120
ггттататгг аааагсггсг таассгггтс сасааасасг гаасгсгсггс гсгсгггггс 180
тсггггггсг гсаттсггсг сггггггггс тсасатггс татаасгсгс агсгсгсгсг 240
сгсгсгсгсг тсгггггггс тсгггггггс гсгггггггс гсгггггггс тсгггггггс 300
аггггггггс гсгггггггс агсггггггс тггггггггс гсгггггггс ссгггггггс 360
агасгггггс саасгггггс гсгггггггс атсггггггс гсгггггггс саасгггггс 420
атсггггггс сггггггггс агсггггггс гсгггггггс гсгггггггс сгггггггс 480
аггггггггс сггггггггс гсгггггггс гсгггггггс тсгггггггс атсггггггс 540
саатгггггс гсгггггггс гсгггггггс сггггггггс атсггггггс гсгггггггс 600
аасггггггс аагггггггс агсггггггс гсгггггггс атсггггггс гсгггггггс 660
гсгггггггс гсгггггггс гсгггггггс гсгггггггс гсгггггггс гсгггггггс 720
тггггггггс гсгггггггс аагггггггс гсгггггггс тсгггггггс гсгггггггс 780
асгггггггс атсггггггс агсггггггс тсгггггггс гсгггггггс аггггггггс 840
асгггггггс сггггггггс атсггггггс агсггггггс ссгггггггс тсгггггггс 900
сггггггггс татаататтс тсгггггггс сааасггггс тасггггггс гсгггггггс 960
гсгггггггс гсгггггггс гсгггггггс сггггггггс гсгггггггс гсгггггггс 1020
атсггггггс гсгггггггс атсггггггс асгггггггс сгггггггс гсгггггггс 1080
гсгггггггс гсгггггггс гсгггггггс сггггггггс гсгггггггс гсгггггггс 1140
тсгггггггс гсгггггггс гсгггггггс аггггггггс тсгггггггс тсгггггггс 1200
сггггггггс саасгггггс гсгггггггс гсгггггггс гсгггггггс атсггггггс 1260
сггггггггс гсгггггггс тсгггггггс гсгггггггс тсгггггггс гсгггггггс 1320
тсгггггггс ааасгггггс атсггггггс агсггггггс тсгггггггс тсгггггггс 1380
атгггггггс агсггггггс тсгггггггс тсгггггггс сгггггггс тсгггггггс 1440
тсгггггггс гсгггггггс агсггггггс гсгггггггс ссгггггггс гсгггггггс 1500
сггггггггс аггггггггс аггггггггс ссгггггггс сггггггггс гсгггггггс 1560
сггггггггс гсгггггггс сггггггггс гсгггггггс гсгггггггс гсгггггггс 1620
гсгггггггс гсгггггггс сггггггггс сггггггггс таатгсгггс гсгггггггс 1680
гсгггггггс тсгггггггс тааасггггс гсгггггггс гсгггггггс тсгггггггс 1739

<210> 645

<211> 458
<212> белок
<213> Glycine max

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (88)..(453)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2

Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 625057

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1204,2 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 5

<400> 645

Met Ser Ile Thr His Ser Leu Thr Thr Pro Leu Ser Ser Ser Ser Ser
1 5 10 15

Ala Phe Leu Ala Pro Ser Ser Phe Asn Cys Arg Gly Gln Val Ser Leu
20 25 30

Pro Val Lys Ser Val Ser Ile Cys Lys Cys Val Ala Thr Pro Glu Ala
35 40 45

Glu Thr Ala Tyr Lys Thr Gly Val Asn Arg Asn Pro Asn Met Gly Lys
50 55 60

Leu Gln Ala Gly Tyr Leu Phe Pro Glu Ile Ala Arg Arg Arg Ser Ala
65 70 75 80

His Leu Leu Lys Tyr Pro Asp Ala Lys Val Ile Ser Leu Gly Ile Gly
85 90 95

Asp Thr Thr Glu Pro Ile Pro Glu Val Ile Thr Asp Ala Met Ser Lys
100 105 110

Arg Ser His Ala Leu Ser Thr Ile Glu Gly Tyr Ser Gly Tyr Gly Ala
115 120 125

Glu Gln Gly Glu Lys Pro Leu Arg Arg Ala Leu Ala Ser Thr Phe Tyr
130 135 140

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

Lys Cys Asp Ile Ser Arg Leu Gln Ile Val Phe Gly Ser Asn Val Lys
165 170 175

Met Ala Val Gln Asp Pro Ser Tyr Pro Ala Tyr Val Asp Ser Ser Val
180 185 190

Ile Met Gly Gln Thr Gly Leu Phe Gln Lys Asn Val Glu Lys Phe Ala
195 200 205

Asn Ile Glu Tyr Met Arg Cys Asn Pro Glu Asn Gly Phe Phe Pro Asp
210 215 220

Leu Ser Ser Ile Ser Arg Pro Asp Ile Ile Phe Phe Cys Ser Pro Asn
225 230 235 240

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

<210> 646
 <211> 1701
 <212> ДНК
 <213> *Gossypium hirsutum*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1925947

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 647

<400> 646
 aaggcatcac atttgtggtt atttggccgc ataaaaaaga agcagctttt tccattaatt 60
 tcggagggaa aaaaaagggg aaaaaaatc tgaaaatgtc tctgatgaac aatctatcaa 120
 cttcaatgat ttcttcatct tcatctactt tcttggctcc aaccagtttc aattcaagca 180

gaaccagag	tgtttcagtt	ccattgaaaa	gcatcaatat	agttaaatgt	gttgccactc	240
ctcaagaaca	acaaaatgct	tacaaaacta	aagtttctcg	caatgcgaac	atagctaagc	300
ttcaagctgg	ttacctgttt	ccagaggttg	ccaggagaag	ggctgcacac	ttgctcaagt	360
acccgaatgc	tcaagtgata	agccttgga	tcggtgatac	tactgaacct	attccagatg	420
ttattacgtc	tgcaatggct	aagaggtctc	atgcattgtc	tacgctggag	ggttacagtg	480
gttatggagc	tgaacaaggt	gaaaaggcat	tgagagctgc	acttgcttca	acattctatc	540
gcaaccttgg	cattgaggat	gatgatattt	ttgtctcaga	tggtgctaaa	tgtgacatat	600
ctcgccttca	ggttgttttc	ggatctaata	tcacaatggc	agtgcaagac	ccgtcatacc	660
cggttacgt	agattccagc	gttatcatgg	gtcagaccgg	acagtttcaa	aaggatggtg	720
agaagtatgg	aaatatcgag	tatatgaggt	gtacacccca	gaatggattc	tttcttgatt	780
tatccaaagt	tgctagaact	gatatcatat	tcttctgttc	accaaacaat	cctactgggtg	840
ctgctgcaac	acgagagcaa	ttgactcgat	tggttaagtt	tgcaaaggac	aatgggtcta	900
tcatagtcta	tgattctgca	tatgctatgt	atatgtcaga	cgataaccct	cgttctatct	960
ttgaaattcc	aggagcaaaa	gaggttgcaa	ttgaaacagc	ttcttttagt	aagtatgctg	1020
ggtttactgg	ggttcgtctc	ggttggactg	ttattccaaa	acagcttctg	ttctcagatg	1080
gattccctgt	tgccaaagac	ttcaaccgta	tcgtttgtag	ttgctttaac	ggtgcatcta	1140
atattgccca	agctgggtggc	ttggcttgcc	tttcatccga	agggctcgag	gccatgcaag	1200
aggtgatcgg	cttctataaa	gaaaacacca	aaattatagt	agaaacgttc	aactcgcttg	1260
ggtttaaagt	atatggagga	aagaatgcac	catacgtgtg	ggttcacttc	cctggccgta	1320
gctcatggga	tgtgttcagc	gaaatactcg	agaagaccca	cattgttact	acgcctggaa	1380
gtggtttcgg	acctggcggg	gaaggtttca	tcagagtcag	cgcatcttgg	cacagggaga	1440
atgtcttgg	agcttgacga	agattcaagc	agctttacaa	ttgaatctaa	tagcatttga	1500
ctggttacct	cggtttcaga	cccgagacga	aaggccgtat	gcttctatga	tttttgttct	1560
caattccgta	atattgcttg	taatatctcg	tcagattcta	tgcttagaaa	agactagtaa	1620
tgcttcttat	ttatcctgta	acattcactg	aaaactacct	ttttatttat	ataaataacc	1680
gcttgatttc	gccaagcaaa	t				1701

<210> 647

<211> 462

<212> белок

<213> *Gossypium hirsutum*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (92)..(457)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2

Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1925947

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1229,4 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 5

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 647

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

Ser Thr Phe Leu Ala Pro Thr Ser Phe Asn Ser Ser Arg Thr Gln Ser
20 25 30

Val Ser Val Pro Leu Lys Ser Ile Asn Ile Val Lys Cys Val Ala Thr
35 40 45

Pro Gln Glu Gln Gln Asn Ala Tyr Lys Thr Lys Val Ser Arg Asn Ala
50 55 60

Asn Ile Ala Lys Leu Gln Ala Gly Tyr Leu Phe Pro Glu Val Ala Arg
65 70 75 80

Arg Arg Ala Ala His Leu Leu Lys Tyr Pro Asn Ala Gln Val Ile Ser
85 90 95

Leu Gly Ile Gly Asp Thr Thr Glu Pro Ile Pro Asp Val Ile Thr Ser
100 105 110

Ala Met Ala Lys Arg Ser His Ala Leu Ser Thr Leu Glu Gly Tyr Ser
115 120 125

Gly Tyr Gly Ala Glu Gln Gly Glu Lys Ala Leu Arg Ala Ala Leu Ala
130 135 140

Ser Thr Phe Tyr Arg Asn Leu Gly Ile Glu Asp Asp Asp Ile Phe Val
145 150 155 160

Ser Asp Gly Ala Lys Cys Asp Ile Ser Arg Leu Gln Val Val Phe Gly
165 170 175

Ser Asn Val Thr Met Ala Val Gln Asp Pro Ser Tyr Pro Ala Tyr Val
180 185 190

Asp Ser Ser Val Ile Met Gly Gln Thr Gly Gln Phe Gln Lys Asp Val
195 200 205

Glu Lys Tyr Gly Asn Ile Glu Tyr Met Arg Cys Thr Pro Glu Asn Gly
210 215 220

Phe Phe Pro Asp Leu Ser Lys Val Ala Arg Thr Asp Ile Ile Phe Phe
225 230 235 240

Cys Ser Pro Asn Asn Pro Thr Gly Ala Ala Ala Thr Arg Glu Gln Leu
245 250 255

Thr Arg Leu Val Lys Phe Ala Lys Asp Asn Gly Ser Ile Ile Val Tyr
260 265 270

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

<210> 648

<211> 1386

<212> ДНК

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1514501

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 649

<400> 648

atgtcgccga cgcaactttt atcgacttcg atttcttctt cttcctctgc ttttttagcc 60
 gcacctattg ctttcaaagc tagaaaccag aatgtttcga tcgcgtcgaa aacgccttct 120
 atttgcacgt gtgctgctgc tcctcaagaa cagaaaaccg tttacaaaac acaagtctcc 180
 cgcaatgcaa atattgcaaa gcttcaagct ggttacttat ttccagaggt tgctcgaagg 240
 aggaatgctg acatgctgaa atacctgat gcaaaagtga taagccttgg aattgggtgac 300
 actacagaac ctatcccaga agttataact tctgcaatag caaagagagc agaagcactg 360

tctacttttg agggttacag tggttatgga cctgaacaag gtgaaaaacc tttgagaact 420
gcaattgctt caacatttta ttcaggtctt gggatcgagg aggatgatat atttgtctct 480
gatggtgcca aatgtgacat atctcgctc cagatgggat ttggggcaaa tgtaaccatg 540
gcagtgcaag atccatcata cccggcttac gttgattcta gtgtcatcat gggccagact 600
ggacagtttc agaaagacgt tgagaagtac ggtaagattg aatacatgag gtgcactcca 660
gagaatgggt ttttcctga tttatccaaa gtttctcgaa cggatatcat atttttctgt 720
tcaccgaaca atcctactgg ttctgctgca acaagggagc aactgacca actagtacaa 780
tttgcaaagg acaatggatc aatcatcgtc tatgattcag catatgccat gtatatgtct 840
gatgataacc cacgatccat atttgaaatt ccgggagcca aagaggttgc tttggagaca 900
tcacttttta gtaagtatgc tgggtttact ggagttcgtc tggggtggac tgttgttcca 960
aacagcttc tatattctga tgggttccca gttgtaaagg atttcaaccg tgttgtttgc 1020
actagcttta atggggcatc caacatttgc caagctggtg gtcgggcttg cctttcacct 1080
gaaggcctta aggcaatgag tgaggtgatt ggattctata aagaaaactc caacattata 1140
atggatacat tcaattcgct cggttttaat gtatatggag gaaagaatgc tccctatgtg 1200
tgggttact tccctggcca aagctcgtgg gatgttttca gtgaaattct tgagaaaact 1260
catgtagtta ccacacctgg gagtggtttt ggacctggtg ggggaaggtt tgtcagagtc 1320
agtgcttttg gccacagga aatgtttta gaagcctgca gaagattcaa gcagctttac 1380
aattga 1386

<210> 649
<211> 461
<212> белок
<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (91)..(456)
<223> Название Pfam: Aminotran_1_2
Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 1514501

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1200,7 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 5

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 649
Met Ser Pro Thr Gln Leu Leu Ser Thr Ser Ile Ser Ser Ser Ser Ser
1 5 10 15

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

Gly Gly Arg Ala Cys Leu Ser Pro Glu Gly Leu Lys Ala Met Ser Glu
 355 360 365
 Val Ile Gly Phe Tyr Lys Glu Asn Ser Asn Ile Ile Met Asp Thr Phe
 370 375 380
 Asn Ser Leu Gly Phe Asn Val Tyr Gly Gly Lys Asn Ala Pro Tyr Val
 385 390 395 400
 Trp Val His Phe Pro Gly Gln Ser Ser Trp Asp Val Phe Ser Glu Ile
 405 410 415
 Leu Glu Lys Thr His Val Val Thr Thr Pro Gly Ser Gly Phe Gly Pro
 420 425 430
 Gly Gly Glu Gly Phe Val Arg Val Ser Ala Phe Gly His Arg Glu Asn
 435 440 445
 Val Leu Glu Ala Cys Arg Arg Phe Lys Gln Leu Tyr Asn
 450 455 460

<210> 650
 <211> 1386
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 849672

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 651

<400> 650
 atgtcgtcga cccatcagtt agtttcttcg atgatctctt cttcctcacc cactttctta 60
 gcccttcaa attttaatct cagaactcga aatgcttgct tacccatggc aaaacggggtc 120
 aatacttgca aatgtgttgc tacgccgcaa gagaagatcg agtataagac caaagtgtca 180
 cggaattcaa acatgtccaa acttcaggct ggatacctat tcccggagat tgcaagaaga 240
 aggtctgcac acttgttgaa atatccagat gcacaagtta taagtcttgg aataggcgac 300
 acaactgagc caattcctga agtgatcact tctgctatgg caaagaaagc tcatgagttg 360
 tcaacaatag agggatatag tggttatggt gctgaacaag gtgcaaagcc actgagagct 420
 gctattgcca aaacattcta cgggtgcctt ggcatagggg atgatgacgt ttttgtttct 480
 gatggagcta aatgtgatat ctcacgtctc caggttatgt ttggttccaa tgttacaatt 540
 gctgttcagg atccttcata tccggcttat gtggactcca gtggttattat gggtcagact 600
 gggcaattta aactgatgt gcaaaagtat ggaacatcg agtacatgag atgcactcca 660
 gagaatggct tctttccga cttgtccacc gttggcagga cagatataat tttcttctgt 720
 tccccaaata accctacggg tgctgctgcc acgagagagc aactaacgca gttagttgag 780
 tttgcaaaga agaacggttc tataatagtg tatgattccg cctatgcaat gtacatgtct 840

gatgataacc cacgatccat cttcгааатс сctggagcag aggaggтсgc tatggagaca 900
gcttcgttca gcaaatatgc tggtttсact ggagttcgac ttggttggac tgtcatcccc 960
aaaaagctac tctattcaga cggtttсcct gttgсcaаag acttcaatcg gattatctgc 1020
acttgtttca atggтсgatc таататсtct caagctggтg ctcttgcttg ccttacaccc 1080
gaaggacttg aggcaatgca таaggтgatt ggattctata aаgаааacac ааacataatc 1140
attgacacat tcacatctct cgggtatgat gtatatggag gaaagaatgc gccttacgta 1200
tgggttсact tcccgaacca aagctcatgg gatgtgtttg ctgagattct ggagaagact 1260
catgtggтta caactccagg aagtgggttt ggaccagggg gtgaagggtt cgttcgtgтc 1320
agtgcctttg gtcacagaga gaacatctta gaggcatgтc gaagattcaa gcagctttac 1380
aatga 1386

<210> 651

<211> 461

<212> белок

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (91)..(456)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2

Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 849672

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1209,6 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 5

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 651

Met Ser Ser Thr His Gln Leu Val Ser Ser Met Ile Ser Ser Ser Ser
1 5 10 15

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

Cys Leu Pro Met Ala Lys Arg Val Asn Thr Cys Lys Cys Val Ala Thr
35 40 45

Pro Gln Glu Lys Ile Glu Tyr Lys Thr Lys Val Ser Arg Asn Ser Asn
50 55 60

Met Ser Lys Leu Gln Ala Gly Tyr Leu Phe Pro Glu Ile Ala Arg Arg
65 70 75 80

Arg Ser Ala His Leu Leu Lys Tyr Pro Asp Ala Gln Val Ile Ser Leu
85 90 95

Gly Ile Gly Asp Thr Thr Glu Pro Ile Pro Glu Val Ile Thr Ser Ala
 100 105 110

Met Ala Lys Lys Ala His Glu Leu Ser Thr Ile Glu Gly Tyr Ser Gly
 115 120 125

Tyr Gly Ala Glu Gln Gly Ala Lys Pro Leu Arg Ala Ala Ile Ala Lys
 130 135 140

Thr Phe Tyr Gly Gly Leu Gly Ile Gly Asp Asp Asp Val Phe Val Ser
 145 150 155 160

Asp Gly Ala Lys Cys Asp Ile Ser Arg Leu Gln Val Met Phe Gly Ser
 165 170 175

Asn Val Thr Ile Ala Val Gln Asp Pro Ser Tyr Pro Ala Tyr Val Asp
 180 185 190

Ser Ser Val Ile Met Gly Gln Thr Gly Gln Phe Asn Thr Asp Val Gln
 195 200 205

Lys Tyr Gly Asn Ile Glu Tyr Met Arg Cys Thr Pro Glu Asn Gly Phe
 210 215 220

Phe Pro Asp Leu Ser Thr Val Gly Arg Thr Asp Ile Ile Phe Phe Cys
 225 230 235 240

Ser Pro Asn Asn Pro Thr Gly Ala Ala Ala Thr Arg Glu Gln Leu Thr
 245 250 255

Gln Leu Val Glu Phe Ala Lys Lys Asn Gly Ser Ile Ile Val Tyr Asp
 260 265 270

Ser Ala Tyr Ala Met Tyr Met Ser Asp Asp Asn Pro Arg Ser Ile Phe
 275 280 285

Glu Ile Pro Gly Ala Glu Glu Val Ala Met Glu Thr Ala Ser Phe Ser
 290 295 300

Lys Tyr Ala Gly Phe Thr Gly Val Arg Leu Gly Trp Thr Val Ile Pro
 305 310 315 320

Lys Lys Leu Leu Tyr Ser Asp Gly Phe Pro Val Ala Lys Asp Phe Asn
 325 330 335

Arg Ile Ile Cys Thr Cys Phe Asn Gly Ala Ser Asn Ile Ser Gln Ala
 340 345 350

Gly Ala Leu Ala Cys Leu Thr Pro Glu Gly Leu Glu Ala Met His Lys
 355 360 365

Val Ile Gly Phe Tyr Lys Glu Asn Thr Asn Ile Ile Ile Asp Thr Phe
 370 375 380

Thr Ser Leu Gly Tyr Asp Val Tyr Gly Gly Lys Asn Ala Pro Tyr Val
 385 390 395 400

Trp Val His Phe Pro Asn Gln Ser Ser Trp Asp Val Phe Ala Glu Ile
 405 410 415

Leu Glu Lys Thr His Val Val Thr Thr Pro Gly Ser Gly Phe Gly Pro
 420 425 430

Gly Gly Glu Gly Phe Val Arg Val Ser Ala Phe Gly His Arg Glu Asn
435 440 445

Ile Leu Glu Ala Cys Arg Arg Phe Lys Gln Leu Tyr Lys
450 455 460

<210> 652

<211> 459

<212> белок

<213> Vitis vinifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (89)..(454)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2

Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157355942

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1189,7 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 5

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 652

Met Tyr Ser Leu Met Ser Ser Pro Ser Ile Ser Ser Ser Ser Ser Ser
1 5 10 15

Phe Leu Gly Gln Thr His Phe Asp Ser Arg Asn Pro Asn Ala Cys Leu
20 25 30

Pro Thr Lys Asp Ser Trp Ile Cys Lys Cys Val Ala Thr Pro Ser Thr
35 40 45

Glu Thr Thr Ala His Thr Thr Lys Val Ser Arg Asn Ala Asn Met Ala
50 55 60

Lys Leu Gln Ala Gly Tyr Leu Phe Pro Glu Ile Ala Arg Arg Arg Ser
65 70 75 80

Ala His Met Leu Lys Tyr Pro Asp Ala Gln Val Ile Ser Leu Gly Ile
85 90 95

Gly Asp Thr Thr Glu Pro Ile Pro Glu Val Ile Thr Ser Gly Met Ala
100 105 110

Lys Lys Ala His Ala Leu Ser Thr Leu Glu Gly Tyr Ser Gly Tyr Gly
115 120 125

Ala Glu Gln Gly Glu Lys Gln Leu Arg Ala Ala Ile Ala Ser Thr Phe
130 135 140

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

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

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

<210> 653

<211> 464

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (94)..(459)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2
Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 115452503

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1198,1 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 5

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 653

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

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

<210> 654

<211> 1695

<212> ДНК

<213> *Panicum virgatum*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1790933

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 655

<400> 654

acccgcaactg cacactcccc ttaccctttc ctacgccgcc gcctcttctg ctgacgccat 60
 ggccgccgcc cccgcctctt ctgccgccgc tatggccgcg gcacccgcaa tcaccgcgtc 120
 ctctccttt gtctcgtcgt cgccgtgctc tctcaggggtg tcgaagacaa gccccggcg 180
 acccagggga agagtgtccc acaaaatcag ctgcgtcagt agcccaccgg ccgccgaaac 240
 atcttacaag actagtgtcc cgcgcaatgc taacatggcc aagctccaag caggatattt 300

atttctgag attgccagga gaagagcagc tcatttgctc aagttccctg atgctaagat 360
 tataagcctt gggataggtg aactacgga gccattcca gatgtcataa cgaatgccat 420
 ggcagagaga gcacatgcct tatcaacaat tgatggctac agtgggttatg gagctgagca 480
 aggtgaaaag aaactaaggt cagcaattgc tgcaacctac tatgtggacc ttggtattga 540
 agattcagac atatttgtct ctgatgggtgc caaatgtgac atttcccgcc tgcaggttct 600
 ttttggatct aatgtgacga ttgcggtcca agacccatca taccctgcat atgttgattc 660
 aagtgttatc atgagccaaa ctggcttata tcagcaagat gttcagaagt acgggaacat 720
 cgagtacatg agatgcaatc ctgaaaatgg atttttccct gatctgtcaa ctgtcccacg 780
 tacagatata attttctttt gctcaccgaa caacccact ggtgctgctg cctctcggga 840
 ccaactgacg agactagtca aatttgctaa ggacaatggg tctatcattg tctatgatcc 900
 tgcctatgct atgtacatat cagatgatag cccaaagtct atctttgaaa ttcttggtgc 960
 gagagagggt gccattgaga cagcatcatt ctcgaaatat gctgggttca ctggtgtccg 1020
 tctagggttg actgttgtcc ccaaggagct tcttttctca gatgggcatc cagtcgctaa 1080
 agatttcaac cgcatttgtg gcacctgctt caatggcgca tcaaacattg ctcaagctgg 1140
 tggcttagct tgcctctctc cagaggggtct gaaggctatg catgatgttg ttggcttcta 1200
 caaggagaat actgaaataa ttgtcgacac gtttacatcg cttggattca atgtatatgg 1260
 tgccaagaac gtccttatg tgtgggtgca cttccctggg cgcaattcgt gggatgtggt 1320
 cgctgagatc cttgagaagg cgaacgttgt cactacgcct ggcagtggat ttggacctgg 1380
 cggcgaaggc tttgtgaggg tcagcgcgtt tggccacaga gaaaacatca ttgaagccgc 1440
 taggagatta aaacagctgt acaagtgagc actgacgcag cttcagtaac gtcttggag 1500
 gacgatatca ataagattgc atcatgattt ggaacaccaa attcgctctg tgcagctact 1560
 tggagatatt agaagcgaaa cttgataatt tcctaggctt ttatgttggtg gtagttcttt 1620
 caaataatth ccaattcgaa agatgcttgt tgtatccccg agacatttga atcaccaggt 1680
 agtggttata tggcc 1695

<210> 655

<211> 469

<212> белок

<213> *Panicum virgatum*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (99)..(464)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2

Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 1790933

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1198,3 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 5

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 655

Met Ala Ala Ala Pro Ala Ser Ser Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Pro
1 5 10 15

Ala Ile Thr Ala Ser Ser Ser Phe Val Ser Ser Ser Pro Cys Ser Leu
20 25 30

Arg Val Ser Lys Thr Ser Pro Arg Arg Pro Thr Gly Arg Val Ser His
35 40 45

Lys Ile Ser Cys Val Ser Ser Pro Pro Ala Ala Glu Thr Ser Tyr Lys
50 55 60

Thr Ser Val Pro Arg Asn Ala Asn Met Ala Lys Leu Gln Ala Gly Tyr
65 70 75 80

Leu Phe Pro Glu Ile Ala Arg Arg Arg Ala Ala His Leu Leu Lys Phe
85 90 95

Pro Asp Ala Lys Ile Ile Ser Leu Gly Ile Gly Asp Thr Thr Glu Pro
100 105 110

Ile Pro Asp Val Ile Thr Asn Ala Met Ala Glu Arg Ala His Ala Leu
115 120 125

Ser Thr Ile Asp Gly Tyr Ser Gly Tyr Gly Ala Glu Gln Gly Glu Lys
130 135 140

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

Glu Asp Ser Asp Ile Phe Val Ser Asp Gly Ala Lys Cys Asp Ile Ser
165 170 175

Arg Leu Gln Val Leu Phe Gly Ser Asn Val Thr Ile Ala Val Gln Asp
180 185 190

Pro Ser Tyr Pro Ala Tyr Val Asp Ser Ser Val Ile Met Ser Gln Thr
195 200 205

Gly Leu Tyr Gln Gln Asp Val Gln Lys Tyr Gly Asn Ile Glu Tyr Met
210 215 220

Arg Cys Asn Pro Glu Asn Gly Phe Phe Pro Asp Leu Ser Thr Val Pro
225 230 235 240

Arg Thr Asp Ile Ile Phe Phe Cys Ser Pro Asn Asn Pro Thr Gly Ala
245 250 255

Ala Ala Ser Arg Asp Gln Leu Thr Arg Leu Val Lys Phe Ala Lys Asp
260 265 270

Asn Gly Ser Ile Ile Val Tyr Asp Ser Ala Tyr Ala Met Tyr Ile Ser
275 280 285

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

<210> 656

<211> 1389

<212> ДНК

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 8641620

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 657

<400> 656

atggcagcag ccctgcccgg tgccccgca atcaccgcct catcctcctt tcttgcttcg 60
 ccgccgttcg ctctcaaggc atcgacgact agccaccgcc gacctgcggg gagagtctcc 120
 gtcaacatcc gctgcgtcag tagcccgccg gccgtcgaca catcttaca gactaatgtc 180
 ccgcgcaatg ctaacatggc caagctccaa gcaggatatc tgtttcctga gattgccagg 240
 agaagagcag ctcatcttgc gaagtatcca gatgccaaga taataagcct tgggataggt 300
 gacactaccg agcccattcc aatgtcata acaaatgcc tggcagagag agcacttgcc 360

ttgtcaacaa ttgatggcta cagcggttat ggagccgagc aaggtgaaaa gaaactcaga 420
 gcagcaattg ctgcaaccta ctatgctggac cttgggtattg aagattcaga tattttttgtc 480
 tctgatgggtg ccaagtgtga cataatctcgc ttgcaggtcc tttttggatc taatgtgaca 540
 attgcgggtcc aagatccctc ataccctgca tatgtttgatt caagtgttat catgggcca 600
 actgacttat atcagcaaga tgttcagaag tacggaaaca ttcaatacat gagatgcagt 660
 ccagaaaatg gattttttccc tgatctgtca actatccctc ggacagatat tatttttcttt 720
 tgttcacca acaatcctac tgggtgctgct gcatctcggg accaactgac caaattagta 780
 aaatttgcaa aggacaatgg gtccatcatt gtctatgatt ctgcttatgc aatgtacata 840
 tcagatgaca gcccaaagtc tatctttgaa attcctggag caaaggaggt tgctcttgag 900
 acagcgtcat tctcgaata tgctgggttc actgggtgtcc gtctagggtg gactgttgct 960
 cccaaggagc tccttttctc tgatggacat ccagttgcta aagatttcaa tcgcatagtc 1020
 tgcacttgct tcaatgggtgc atcaaacatt tcacaagctg gtgggttagc ttgcctctct 1080
 ccagaggggtc tgaaggctat gcatgatggt gttggcttct acaaggagaa cactgaaata 1140
 attgttgaca catttacatc acttggattc aacgtgtatg gtgcgaagaa cgctccttac 1200
 gtatgggtgc acttccttg cgcgaattcg tgggacgtgt ttgctgagat cctggagaag 1260
 gcgaatgtgg ttactactcc tggcagtgga tttggaccgg gtggcgaagg ctttgtgagg 1320
 gtcagcgcac tcggacacag agataacatc attgaagctg caaggagatt aaagcagctg 1380
 tacaagtga 1389

<210> 657
 <211> 462
 <212> белок
 <213> Sorghum bicolor

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (92)..(457)
 <223> Название Pfam: Aminotran_1_2
 Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8641620

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1203,6 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 5

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 657
 Met Ala Ala Ala Pro Ala Gly Ala Pro Ala Ile Thr Ala Ser Ser Ser
 1 5 10 15

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

Ala Gly Gly Leu Ala Cys Leu Ser Pro Glu Gly Leu Lys Ala Met His
355 360 365

Asp Val Val Gly Phe Tyr Lys Glu Asn Thr Glu Ile Ile Val Asp Thr
370 375 380

Phe Thr Ser Leu Gly Phe Asn Val Tyr Gly Ala Lys Asn Ala Pro Tyr
385 390 395 400

Val Trp Val His Phe Pro Gly Arg Asn Ser Trp Asp Val Phe Ala Glu
405 410 415

Ile Leu Glu Lys Ala Asn Val Val Thr Thr Pro Gly Ser Gly Phe Gly
420 425 430

Pro Gly Gly Glu Gly Phe Val Arg Val Ser Ala Phe Gly His Arg Asp
435 440 445

Asn Ile Ile Glu Ala Ala Arg Arg Leu Lys Gln Leu Tyr Lys
450 455 460

<210> 658
<211> 1718
<212> ДНК
<213> Zea mays

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 281497

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 659

<400> 658
aaaaaaactc acatcggttc ctacacccta ctccctccgt cagccagcga agttccttca 60
gtcactcaac accttacgtc cctagccatc ctccgccgcc tccgtctctg cttccctaga 120
gccgtcgcga tggcagcagc ccctgccggt gccctgcaa tcaccgcatc ctctctcttt 180
gtttcttctg ctccgttctg tctcaaggca tcgatgacca gccagcgccg acccgcgggg 240
agagtctcca tcgtcatccg ctgcgtcagt agcccgcggy cgtcgacac atctttcaag 300
actaatgtcc cgcgcaatgc taatatggcc aaactccaag caggatattt gtttctctgag 360
attgccagga gaagagccgc tcatttgctg aagtttccag atgcaaaaat tataagcctt 420
ggaataggcg aactaccga gccattcca aatgtcataa caaatgccat ggcagagaga 480
gcacatgcct tgtcaacaat tgatggctac agcgggttatg gagctgagca aggtgaaaag 540
aaactcagag cagcaattgc tgcaacctac tatgcccacc ttggtattga agattcagac 600
atatttgtct ctgatgggtgc caaatgtgac atatctcgct tgcaggtcct ttttggatct 660
aatgtgacaa ttgcgggtcca agatccatca taccctgcat atggttgattc aagtgttatc 720
atggggcaaa ctgatttata tcagcaagac gttcagaagt atggaaacat tgagtacatg 780
agatgcgggtc cagaaaatgg attttttctt gatctgtcaa ctgtccctag gacagatatt 840

attttctttt gttcacccaa caatcctact ggtgctgctg catctcggga ccaactaacc 900
 aaattagtaa aatttgcaaa ggacaacggg tccatcatag tctatgattc tgcttatgca 960
 atgtacatat cagatgacag cccaaagtct atctttgaaa ttcttgagc aaaggaggtt 1020
 gctattgaga cagcctcatt ctcgaaatac gctgggttca caggtgtccg tmtagggttg 1080
 actgttgtcc ccaaggagct ccttttctcg gatggacatc cagttgctaa agatttcaat 1140
 cgcatagttt gcacttgctt caatggtgca tcaaacattg cgcaagctgg tggtttagcc 1200
 tgcctctctc cagacggtct aaaggctatg caagatggtg ttggcttcta caaggagaac 1260
 actgaaataa tsgettgagac atktacatca ctcgattca acgtgtatgg cgccaagaac 1320
 gctccatacg tatgggtgca cttccctggc cgcaattcgt gggatgtggt cgctgagatc 1380
 ctggagaagg ccaatgtggt cactactcct ggcactggat ttggaccggg tggcgaaggc 1440
 tttgtgaggg tcagcgcggt cgggcacaga gagaacatca ttgaagccgc aaggaggya 1500
 aagcagctgt ataagtgagc accgatgcag cttctgtgcc ctctagaca gatgtatcaa 1560
 taagaacaca tcagggcacc aaaaatcgct tggatgaagct gccagaagat gttagatttt 1620
 gaactttttt ttttaattct cgtgcggtgt ctacattcra accatttcga actctagaca 1680
 atgcttggtg taatcctgag acccttcatt cactgggtg 1718

<210> 659
 <211> 462
 <212> белок
 <213> Zea mays

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (92)..(457)
 <223> Название Pfam: Aminotran_1_2
 Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 281497

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1192,4 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 5

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (315)..(315)
 <223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (381)..(381)
 <223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (385)..(385)

<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (457)..(457)

<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<400> 659

Met Ala Ala Ala Pro Ala Gly Ala Pro Ala Ile Thr Ala Ser Ser Ser
1 5 10 15

Phe Val Ser Ser Ser Pro Phe Cys Leu Lys Ala Ser Met Thr Ser Gln
20 25 30

Arg Arg Pro Ala Gly Arg Val Ser Ile Val Ile Arg Cys Val Ser Ser
35 40 45

Pro Pro Ala Val Asp Thr Ser Phe Lys Thr Asn Val Pro Arg Asn Ala
50 55 60

Asn Met Ala Lys Leu Gln Ala Gly Tyr Leu Phe Pro Glu Ile Ala Arg
65 70 75 80

Arg Arg Ala Ala His Leu Leu Lys Phe Pro Asp Ala Lys Ile Ile Ser
85 90 95

Leu Gly Ile Gly Asp Thr Thr Glu Pro Ile Pro Asn Val Ile Thr Asn
100 105 110

Ala Met Ala Glu Arg Ala His Ala Leu Ser Thr Ile Asp Gly Tyr Ser
115 120 125

Gly Tyr Gly Ala Glu Gln Gly Glu Lys Lys Leu Arg Ala Ala Ile Ala
130 135 140

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

Ser Asp Gly Ala Lys Cys Asp Ile Ser Arg Leu Gln Val Leu Phe Gly
165 170 175

Ser Asn Val Thr Ile Ala Val Gln Asp Pro Ser Tyr Pro Ala Tyr Val
180 185 190

Asp Ser Ser Val Ile Met Gly Gln Thr Asp Leu Tyr Gln Gln Asp Val
195 200 205

Gln Lys Tyr Gly Asn Ile Glu Tyr Met Arg Cys Gly Pro Glu Asn Gly
210 215 220

Phe Phe Pro Asp Leu Ser Thr Val Pro Arg Thr Asp Ile Ile Phe Phe
225 230 235 240

Cys Ser Pro Asn Asn Pro Thr Gly Ala Ala Ala Ser Arg Asp Gln Leu
245 250 255

Thr Lys Leu Val Lys Phe Ala Lys Asp Asn Gly Ser Ile Ile Val Tyr
260 265 270

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

<210> 660

<211> 465

<212> белок

<213> *Physcomitrella patens* subsp. *patens*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (92)..(457)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2

Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 168013851

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1134,3 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 5

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 660

Met Ser Ile Pro Ser Ala Arg Leu Cys Thr Val Pro Ala Thr Arg Asn
 1 5 10 15

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

Ala Gly Gly Leu Ala Cys Val Ser Ser Glu Gly Leu Lys Ala Met His
355 360 365

Glu Thr Val Lys Phe Tyr Lys Glu Asn Thr Lys Ile Leu Val Glu Thr
370 375 380

Phe Glu Ser Leu Gly Phe Lys Thr Phe Gly Gly Lys Asn Ala Pro Tyr
385 390 395 400

Val Trp Val Gln Phe Pro Gly Lys Ser Ser Trp Asp Val Phe Ser Glu
405 410 415

Ile Leu Glu Gln Thr His Ile Val Thr Thr Pro Gly Ser Gly Phe Gly
420 425 430

Pro Gly Gly Glu Gly Phe Ile Arg Ala Ser Ala Phe Gly His Arg Glu
435 440 445

Asn Ile Leu Glu Ala Ser Arg Arg Leu Lys Glu Tyr Phe Gly Ser Lys
450 455 460

Lys
465

<210> 661
<211> 1503
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 143214

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 662

<400> 661
atattgctct gcaaatttgt ctgaaaaaat ctttgtgcga agcaggaaaa atgtcgtcga 60
cccatcagtt agtttcttcg atgatctctt cttcctcatc cactttctta gcccttcaa 120
attttaatct cagaactcga aatgcttgct taccatggc aaaacgggtc aatacttgca 180
aacttcaggc tggataccta ttcccggaga ttgcaagaag aaggctcga cacttggtga 240
aatatccaga tgcacaagtt ataagtcttg gaataggcga cacaactgag ccaattcctg 300
aagtgatcac ttctgctatg gcaaagaaag ctcatgagtt gtcaacaata gagggatata 360
gtggttatgg tgctgaacaa agtgcaaagc cactgagagc tgctattgcg aaaacattct 420
acggtggcct tggcataggg gatgatgacg tttttgttct tgatggagct aaatgtgata 480
tctcacgtct ccaggttatg tttggttcca atgttacaat tgctgttcag gatccttcat 540
atccggctta tgtggactcc agtgttatta tgggtcagac tgggcaattt aacctgatg 600
tgcaaaagta tggaaacatc gagtacctga gatgcactcc agagaatggc ttctttcccg 660
acttgccac cgttggcagg acagatataa ttttcttctg ttccccaaat aaccctacgg 720
gtgctgctgc cagcagagag caactaacgc agttagttga gtttgcaaag aagaacgggtt 780

ctataatagt gtatgattcc gcctatgcaa tgtacatgtc tgatgataac ccacgatcca 840
tcttcgaaat ccctggagca gaggaggtcg ctatggagac agcttcgttc agcaaatatg 900
ctggtttcac tggagttcga cttggttgga ctgtcatccc gaaaaagcta ctctattcag 960
acggtttccc tgttgccaaa gacttcaatc ggattatctg cacttgtttc aatgggtgcat 1020
ctaatatctc tcaagctggg gctcttgctt gccttacacc cgaaggactt gaggcaatgc 1080
ataaggtgat tggattctat aaagaaaaca caaacataat cattgacaca ttcacatctc 1140
tcgggatga tgtatatgga ggaagaatg cgccttacgt atggggttcac ttcccgaacc 1200
aaagctcatg ggatgtgttt gctgagattc tggagaagac tcatgtgggtt acaactccag 1260
gaagtgagtt tggaccaggg ggtgaagggt tcgttcgtgt cagtgccttt ggtcacagag 1320
agaacatctt agaggcatgt cgaagattca agcagcttta caaatgaaga accttgtttg 1380
taatcgttcc tcatcatcat caccctcttt aatgacatga tttgagttaa aataatgtcg 1440
tttcattgt tttctggaat ttgtagaaga cacttttgac accagtgttt caagcaattt 1500
ggc 1503

<210> 662
<211> 438
<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (68)..(433)
<223> Название Pfam: Aminotran_1_2
Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 143214

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1113,6 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 5

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 662
Met Ser Ser Thr His Gln Leu Val Ser Ser Met Ile Ser Ser Ser Ser
1 5 10 15
Ser Thr Phe Leu Ala Pro Ser Asn Phe Asn Leu Arg Thr Arg Asn Ala
20 25 30
Cys Leu Pro Met Ala Lys Arg Val Asn Thr Cys Lys Leu Gln Ala Gly
35 40 45
Tyr Leu Phe Pro Glu Ile Ala Arg Arg Arg Ser Ala His Leu Leu Lys
50 55 60

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

Thr Thr Pro Gly Ser Glu Phe Gly Pro Gly Gly Glu Gly Phe Val Arg
405 410 415

Val Ser Ala Phe Gly His Arg Glu Asn Ile Leu Glu Ala Cys Arg Arg
420 425 430

Phe Lys Gln Leu Tyr Lys
435

<210> 663
<211> 1678
<212> ДНК
<213> Panicum virgatum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 1781022

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 664

<400> 663
gtccccctg acagcgaagc agaggctcat caccctacc aagtacccat cctccgcgc 60
cgccatggca gcagccccca cgggcggccc cgccatcacc atgtcctcct cctccttct 120
ctctccgtcg ccgttctatg tcaaggcgtc gaggaccagc caccgccgac ccgccaggag 180
aatgcctgtc accgtccgct gcgtcagtag cccgccggcc gccgatacag ctcaacaagc 240
tagtgtcccg cgcaatgcaa acatgaccaa gctccaagca ggatatctgt ttcttgagat 300
agccaggaga agagcagctc atttgctgaa gtaccctgat gctgagatta taagccttgg 360
gataggtgac actaccgagc ccattcctga cgtcataaca aatgccatgg cagagagagc 420
acatgcctta tcaacaattg atggctacag tggttatgga gctgagcaag gtgaaaagaa 480
actaagggca gcaattgctg caacctacta tgcggacctt ggtattgaag attcagacat 540
atgtgtctct gatggtgcca aatgtgacat ttctcgcctc caggtccttt ttggatctaa 600
tgtgacaatt gcggtccaag acccatcata cctgcatat gttgattcaa gtgttatcat 660
gggccaacc gacttatatc agcaagatgt tcagaagtat gggaacattg agtacatgag 720
atgcaatccc gaaaatggat ttttcctga tctgtcaact gtcccacgaa cagatataat 780
tttcttttgt tcaccaaca accctactgg tgctgctgca tctcgggacc aactaacaaa 840
actagtcaaa tttgctaagg acaatgggtc catcattgtc tatgattctg cttatgctat 900
gtacatatca gatgatagtc caaagtccat ctttgaaatt cctggagcaa aagaggttgc 960
cattgagaca gcatcattct caaaatatgc tgggttccact ggtgtccgtc taggttggac 1020
tgttgtccc aaggaacttc ttttctcaga tggacatcca gttgctaaag atttcaaccg 1080
catagtctgc acttgcttca atggcgcac aaacattgct caagctgggtg gcttagcttg 1140
cctctctaca gagggcctga aggctatgcg tgacgtcggt ggcttctaca aggagaacac 1200

tgaataatt gttgacacat ttacatcgct tgggttcaac gtgtatggtg ccaagaacgc 1260
 tccttacgtg tgggtgcaact tccctgatcg caagtcgtgg gatgtgttcg ctgagatcct 1320
 cgagaaggca aacgttgtca ctactcctgg cagtggattt ggaccaggcg gcgaaggctt 1380
 tgtgagggtc agtgcattcg gccacagaga gaacatcatt gaagccgcta ggagattaaa 1440
 gcatatgtac aaatgagcac cgacgcaact tctgtatcgc acttgaagga ctgtaccaat 1500
 aagatcacag ctggatttgg aatgccaaat cctctctttg gagctaccag gagatattag 1560
 aagtgatact tgataatttc gtaggctttt tttttaatgg tgttactcca ttcaaaccat 1620
 ttccattttg aaataatgct ttgtatacct gaggcgttta aatcaccaat ggttatat 1678

<210> 664
 <211> 463
 <212> белок
 <213> Panicum virgatum

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (93)..(458)
 <223> Название Pfam: Aminotran_1_2
 Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 1781022

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1192,3 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 5

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 664
 Met Ala Ala Ala Pro Thr Gly Gly Pro Ala Ile Thr Met Ser Ser Ser
 1 5 10 15
 Ser Phe Leu Ser Pro Ser Pro Phe Tyr Val Lys Ala Ser Arg Thr Ser
 20 25 30
 His Arg Arg Pro Ala Arg Arg Met Pro Val Thr Val Arg Cys Val Ser
 35 40 45
 Ser Pro Pro Ala Ala Asp Thr Ala His Lys Thr Ser Val Pro Arg Asn
 50 55 60
 Ala Asn Met Thr Lys Leu Gln Ala Gly Tyr Leu Phe Pro Glu Ile Ala
 65 70 75 80
 Arg Arg Arg Ala Ala His Leu Leu Lys Tyr Pro Asp Ala Glu Ile Ile
 85 90 95
 Ser Leu Gly Ile Gly Asp Thr Thr Glu Pro Ile Pro Asp Val Ile Thr
 100 105 110

Asn Ala Met Ala Glu Arg Ala His Ala Leu Ser Thr Ile Asp Gly Tyr
 115 120 125

Ser Gly Tyr Gly Ala Glu Gln Gly Glu Lys Lys Leu Arg Ala Ala Ile
 130 135 140

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

Val Ser Asp Gly Ala Lys Cys Asp Ile Ser Arg Leu Gln Val Leu Phe
 165 170 175

Gly Ser Asn Val Thr Ile Ala Val Gln Asp Pro Ser Tyr Pro Ala Tyr
 180 185 190

Val Asp Ser Ser Val Ile Met Gly Gln Thr Asp Leu Tyr Gln Gln Asp
 195 200 205

Val Gln Lys Tyr Gly Asn Ile Glu Tyr Met Arg Cys Asn Pro Glu Asn
 210 215 220

Gly Phe Phe Pro Asp Leu Ser Thr Val Pro Arg Thr Asp Ile Ile Phe
 225 230 235 240

Phe Cys Ser Pro Asn Asn Pro Thr Gly Ala Ala Ala Ser Arg Asp Gln
 245 250 255

Leu Thr Lys Leu Val Lys Phe Ala Lys Asp Asn Gly Ser Ile Ile Val
 260 265 270

Tyr Asp Ser Ala Tyr Ala Met Tyr Ile Ser Asp Asp Ser Pro Lys Ser
 275 280 285

Ile Phe Glu Ile Pro Gly Ala Lys Glu Val Ala Ile Glu Thr Ala Ser
 290 295 300

Phe Ser Lys Tyr Ala Gly Phe Thr Gly Val Arg Leu Gly Trp Thr Val
 305 310 315 320

Val Pro Lys Glu Leu Leu Phe Ser Asp Gly His Pro Val Ala Lys Asp
 325 330 335

Phe Asn Arg Ile Val Cys Thr Cys Phe Asn Gly Ala Ser Asn Ile Ala
 340 345 350

Gln Ala Gly Gly Leu Ala Cys Leu Ser Thr Glu Gly Leu Lys Ala Met
 355 360 365

Arg Asp Val Val Gly Phe Tyr Lys Glu Asn Thr Glu Ile Ile Val Asp
 370 375 380

Thr Phe Thr Ser Leu Gly Phe Asn Val Tyr Gly Ala Lys Asn Ala Pro
 385 390 395 400

Tyr Val Trp Val His Phe Pro Asp Arg Lys Ser Trp Asp Val Phe Ala
 405 410 415

Glu Ile Leu Glu Lys Ala Asn Val Val Thr Thr Pro Gly Ser Gly Phe
 420 425 430

Gly Pro Gly Gly Glu Gly Phe Val Arg Val Ser Ala Phe Gly His Arg
 435 440 445

Glu Asn Ile Ile Glu Ala Ala Arg Arg Leu Lys His Met Tyr Lys
450 455 460

<210> 665
<211> 1612
<212> ДНК
<213> Triticum aestivum

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 618639

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 666

<400> 665
actgatttcc ccctccacct atctaccgcg cgccgccacg cccgccgccg acgacgatgg 60
caactaccgc ctaccctcc accacgacca cccccggtc cttcctctcg tcgccttctc 120
tctccctcag ggcacgaag tcgagccacc tccggacgac gagaaggctg cccgttaatg 180
tacgctgcg cagtagctct ccggccgccg atacatctta cacgacgaag gtctcgcgga 240
atgccaacat agccaagctc caagcaggct atttgtttcc ggagattgcc agaagaaggg 300
cagctcatct gctaaagcat cctgacgcca aaattataag tctgggaata ggtgacacta 360
ctgagcccat tccggaggtc ataacaaatg ccatggcaga gagagcacat gctttatcca 420
cagtggatgg ctacagtggg tatggagctg aacaagggtg aaagaaacta agggcagcaa 480
ttgctgcaac ctactatgcg gatcttggtg ttgacgaaac tgatatattt gtctctgatg 540
gtgccaatg tgacatttct cgcctacagg ttctttttgg atctaaagtg aagattgcag 600
ttcaagatcc atcatatccc gcatatggtg attcaagtgt tatcatgggg caaactgact 660
tatatcagca ggatgttcag aagtatggaa atattgaata catgagatgc agtcctgaaa 720
atggattttt ccctgatctt tccaagggtc cacggacaga tatcatattc ttctgttcac 780
ccaacaatcc tactgggtgct gctgcatcta gggaccagct aacacagttg gtcaaattcg 840
caaaggacaa tgggtccata atagtctatg attctgctta tgccatgtac atatcagatg 900
acagccaaa atccatcttt gaaattcctg gggcgaagga ggttgccctc gagacagcat 960
ctttctctaa atatgctggg ttactgggtg tccgactggg ttggactgtg gtccctaagg 1020
agtcctttt ctccgatggg catccagtcg ctaaagattt caaccgcata gtctgcactt 1080
ccttcaatgg cgcacgacc atctctcagg ccggtggttt aggctgcctc tctccagagg 1140
gtctaaaggc tatgcaagac gttgtcggat tctacaagga gaacacaaa atcattgtcg 1200
acagtttga gtcgctcgga ttcaacgtct acggtgcgaa gaatgcccc tatgtgtggg 1260
tgcaattccc tgaccgcaat tcctgggatg tctttgccga gatccttgag aaggcaaacg 1320
tggctactac tcccggcagt ggatttgggc ccggcgggtg gggctttgtg agggctcagtg 1380

catttggcca cagagagaac attattgaag ctgcgagaag actgaagcag ctatacaaat 1440
gagcgttggg ttagcaggtg gccccctctg tcgctgggga gccaggcaat aagaaccag 1500
cagcatttgg agcagcaggt ttgcttctcg gctgctggga agtgtagaa tagagacagg 1560
gtgttgtttt tgctccattc gtaaccattt aatactggaa atttgcttgt tc 1612

<210> 666
<211> 461
<212> белок
<213> Triticum aestivum

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (91)..(456)
<223> Название Pfam: Aminotran_1_2
Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 618639

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1169,6 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 5

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 666
Met Ala Thr Thr Ala Ser Pro Ser Thr Thr Thr Thr Pro Arg Ser Phe
1 5 10 15
Leu Ser Ser Pro Ser Phe Ser Leu Arg Ala Ser Lys Ser Ser His Leu
20 25 30
Arg Thr Thr Arg Arg Leu Pro Val Asn Val Arg Cys Ala Ser Ser Ser
35 40 45
Pro Ala Ala Asp Thr Ser Tyr Thr Thr Lys Val Ser Arg Asn Ala Asn
50 55 60
Ile Ala Lys Leu Gln Ala Gly Tyr Leu Phe Pro Glu Ile Ala Arg Arg
65 70 75 80
Arg Ala Ala His Leu Leu Lys His Pro Asp Ala Lys Ile Ile Ser Leu
85 90 95
Gly Ile Gly Asp Thr Thr Glu Pro Ile Pro Glu Val Ile Thr Asn Ala
100 105 110
Met Ala Glu Arg Ala His Ala Leu Ser Thr Val Asp Gly Tyr Ser Gly
115 120 125
Tyr Gly Ala Glu Gln Gly Glu Lys Lys Leu Arg Ala Ala Ile Ala Ala
130 135 140
Thr Tyr Tyr Ala Asp Leu Gly Ile Asp Glu Thr Asp Ile Phe Val Ser
145 150 155 160

Asp Gly Ala Lys Cys Asp Ile Ser Arg Leu Gln Val Leu Phe Gly Ser
 165 170 175
 Lys Val Lys Ile Ala Val Gln Asp Pro Ser Tyr Pro Ala Tyr Val Asp
 180 185 190
 Ser Ser Val Ile Met Gly Gln Thr Asp Leu Tyr Gln Gln Asp Val Gln
 195 200 205
 Lys Tyr Gly Asn Ile Glu Tyr Met Arg Cys Ser Pro Glu Asn Gly Phe
 210 215 220
 Phe Pro Asp Leu Ser Lys Val Pro Arg Thr Asp Ile Ile Phe Phe Cys
 225 230 235 240
 Ser Pro Asn Asn Pro Thr Gly Ala Ala Ala Ser Arg Asp Gln Leu Thr
 245 250 255
 Gln Leu Val Lys Phe Ala Lys Asp Asn Gly Ser Ile Ile Val Tyr Asp
 260 265 270
 Ser Ala Tyr Ala Met Tyr Ile Ser Asp Asp Ser Pro Lys Ser Ile Phe
 275 280 285
 Glu Ile Pro Gly Ala Lys Glu Val Ala Leu Glu Thr Ala Ser Phe Ser
 290 295 300
 Lys Tyr Ala Gly Phe Thr Gly Val Arg Leu Gly Trp Thr Val Val Pro
 305 310 315 320
 Lys Glu Leu Leu Phe Ser Asp Gly His Pro Val Ala Lys Asp Phe Asn
 325 330 335
 Arg Ile Val Cys Thr Ser Phe Asn Gly Ala Ser Thr Ile Ser Gln Ala
 340 345 350
 Gly Gly Leu Gly Cys Leu Ser Pro Glu Gly Leu Lys Ala Met Gln Asp
 355 360 365
 Val Val Gly Phe Tyr Lys Glu Asn Thr Lys Ile Ile Val Asp Thr Phe
 370 375 380
 Glu Ser Leu Gly Phe Asn Val Tyr Gly Ala Lys Asn Ala Pro Tyr Val
 385 390 395 400
 Trp Val His Phe Pro Asp Arg Asn Ser Trp Asp Val Phe Ala Glu Ile
 405 410 415
 Leu Glu Lys Ala Asn Val Val Thr Thr Pro Gly Ser Gly Phe Gly Pro
 420 425 430
 Gly Gly Glu Gly Phe Val Arg Val Ser Ala Phe Gly His Arg Glu Asn
 435 440 445
 Ile Ile Glu Ala Ala Arg Arg Leu Lys Gln Leu Tyr Lys
 450 455 460

<210> 667

<211> 461

<212> белок

<213> *Populus balsamifera* subsp. *trichocarpa*

<220>

<221> отличающийся признак
<222> (91)..(456)
<223> Название Pfam: Aminotran_1_2
Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 118483001

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1195,3 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 5

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 667

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

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

<210> 668

<211> 1582

<212> ДНК

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 38404

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 669

<400> 668

aggttcattt gctctgcaaa tttgtctgaa aaaatctttg tgcgaatcag gaaaaatgtc 60

gtcgaccat cagttagttt cttcgatgat ctcttcttcc tcatccactt tcttagcccc 120

ttcaaatttt aatctcagaa ctcgaaatgc ttgcttacc atggcaaac gggtaatac 180

ttgcaaagt gttgctacgc cgcaagagaa gatcgagtat aagaccaaag tgtcacggaa 240

ttcaaacatg tccaaacttc aggctggata cctattcccc gagattgcaa gaagaaggtc 300
 tgcacacttg ttgaaatadc cagatgcaca agttataagt cttggaatag gcgacacaac 360
 tgagccaatt cctgaagtga tcaacttctgc tatggcaaag aaagctcatg agttgtcaac 420
 aatagaggga tatagtgggt atggtgctga acaagggtgca aagccactga gagctgctat 480
 tgcgaaaaca ttctacgggt gccttggcat aggggatgat gacgtttttg tttctgatgg 540
 agctaaatgt gatatctcac gtctccaggt tatgtttgggt tccaatgtta caattgctgt 600
 tcaggatcct tcatatccgg cttatgtgga ctccagtggt attatgggtc agactgggca 660
 atttaacact gatgtgcaaa agtatggaaa catcgagtac atgagatgca ctccagagaa 720
 tggcttcttt cccgacttgt ccaccgttgg cgggacagat ataattttct tctgttcccc 780
 aaataaccct acgggtgctg ctgccacgag agagcaacta acgcagttag ttgagtttgc 840
 aaagaagaac ggttctataa tagtgtatga ttccgcctat gcaatgtaca tgtctgatga 900
 taaccacga tccatcttcg aaatccctgg agcagaggag gtcgctatgg agacagcttc 960
 gttcagcaaa tatgctgggt tcaactggagt tcgacttgggt tggactgtca tcccgaaaaa 1020
 gctactctat tcagacgggt tcctgttgc caaagacttc aatcggatta tctgcaactg 1080
 tttcaatggg gcatctaata tctctcaagc tgggtgctctt gcttgcttta cccccgaagg 1140
 acttgaggca atgcataagg tgattggatt ctataaagaa aacacaaaca taatcattga 1200
 cacattcaca tctctcgggt atgatgtata tggaggaaag aatgcgcctt acgtatgggt 1260
 tcaactcccc aaccaagct catgggatgt gtttgctgag attctggaga agactcatgt 1320
 ggttacaact ccaggaagtg ggtttggacc aggggggtgaa gggttcgttc gtgtcagtg 1380
 ctttggtcac agagagaaca tcttagaggc atgtcgaaga ttcaagcagc tttacaaatg 1440
 aagaaccttg tttgtaatcg ttcctcatca tcatcaccct ctttaatgac atgatttgag 1500
 ttaaaataat gtcgtttcca ttgttttctg gaattttag aagacacttt tgacaccagt 1560
 gtttcaagca atttggcaaa gc 1582

<210> 669

<211> 461

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (91)..(456)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2

Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 38404

<220>

<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1204,4 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 5

<220>

<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 669

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

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

<210> 670

<211> 426

<212> белок

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (56)..(421)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2

Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 3549670

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1114,7 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 5

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 670

Met Ala Lys Arg Val Asn Thr Cys Lys Cys Val Ala Thr Pro Gln Glu
 1 5 10 15

Lys Ile Glu Tyr Lys Thr Lys Val Ser Arg Asn Ser Asn Met Ser Lys
 20 25 30

Leu Gln Ala Gly Tyr Leu Phe Pro Glu Ile Ala Arg Arg Arg Ser Ala
 35 40 45

His Leu Leu Lys Tyr Pro Asp Ala Gln Val Ile Ser Leu Gly Ile Gly
 50 55 60

Asp Thr Thr Glu Pro Ile Pro Glu Val Ile Thr Ser Ala Met Ala Lys
 65 70 75 80

Lys Ala His Glu Leu Ser Thr Ile Glu Gly Tyr Ser Gly Tyr Gly Ala
 85 90 95

Glu Gln Gly Ala Lys Pro Leu Arg Ala Ala Ile Ala Lys Thr Phe Tyr
 100 105 110

Gly Gly Leu Gly Ile Gly Asp Asp Asp Val Phe Val Ser Asp Gly Ala
 115 120 125

Lys Cys Asp Ile Ser Arg Leu Gln Val Met Phe Gly Ser Asn Val Thr
 130 135 140

Ile Ala Val Gln Asp Pro Ser Tyr Pro Ala Tyr Val Asp Ser Ser Val
 145 150 155 160

Ile Met Gly Gln Thr Gly Gln Phe Asn Thr Asp Val Gln Lys Tyr Gly
 165 170 175

Asn Ile Glu Tyr Met Arg Cys Thr Pro Glu Asn Gly Phe Phe Pro Asp
 180 185 190

Leu Ser Thr Val Gly Arg Thr Asp Ile Ile Phe Phe Cys Ser Pro Asn
 195 200 205

Asn Pro Thr Gly Ala Ala Ala Thr Arg Glu Gln Leu Thr Gln Leu Val
 210 215 220

Glu Phe Ala Lys Lys Asn Gly Ser Ile Ile Val Tyr Asp Ser Ala Tyr
 225 230 235 240

Ala Met Tyr Met Ser Asp Asp Asn Pro Arg Ser Ile Phe Glu Ile Pro
 245 250 255

Gly Ala Glu Glu Val Ala Met Glu Thr Ala Ser Phe Ser Lys Tyr Ala
 260 265 270

Gly Phe Thr Gly Val Arg Leu Gly Trp Thr Val Ile Pro Lys Lys Leu
 275 280 285

Leu Tyr Ser Asp Gly Phe Pro Val Ala Lys Asp Phe Asn Arg Ile Ile
 290 295 300

Cys Thr Cys Phe Asn Gly Ala Ser Asn Ile Ser Gln Ala Gly Ala Leu
 305 310 315 320

Ala Cys Leu Thr Pro Glu Gly Leu Glu Ala Met His Lys Val Ile Gly
 325 330 335

Phe Tyr Lys Glu Asn Thr Asn Ile Ile Ile Asp Thr Phe Thr Ser Leu
 340 345 350

Gly Tyr Asp Val Tyr Gly Gly Lys Asn Ala Pro Tyr Val Trp Val His
 355 360 365

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

Thr His Val Val Thr Thr Pro Gly Ser Gly Phe Gly Pro Gly Gly Glu
 385 390 395 400

Gly Phe Val Arg Val Ser Ala Phe Gly His Arg Glu Asn Ile Leu Glu
 405 410 415

Ala Cys Arg Arg Phe Lys Gln Leu Tyr Lys
 420 425

<210> 671
 <211> 464
 <212> белок
 <213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (94)..(459)
 <223> Название Pfam: Aminotran_1_2
 Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> общедоступный GI ID № 37703720

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 1198,2 в CMM, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 5

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 671
 Met Ala Ala Ser Pro Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Thr Val Ser Ser
 1 5 10 15

Phe Val Ser Pro Ser Ser Phe Ser Ser Val Lys Ala Ser Lys Pro Asp
 20 25 30

Arg Leu Arg Pro Ala Arg Arg Ala Ala Ala Val Asn Val Arg Cys Val
 35 40 45

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

Asn Ala Asn Met Ala Lys Leu Gln Ala Gly Tyr Leu Phe Pro Glu Ile
 65 70 75 80

Ala Arg Arg Arg Ala Ala His Leu Leu Lys Phe Pro Asp Ala Lys Ile
 85 90 95

Ile Ser Leu Gly Ile Gly Asp Thr Thr Glu Pro Ile Pro Asp Val Ile
 100 105 110

Thr Asn Ala Met Ala Glu Arg Ala His Ala Leu Ser Thr Val Asp Gly
 115 120 125

Tyr Ser Gly Tyr Gly Ala Glu Gln Gly Glu Lys Lys Leu Arg Ala Ala
 130 135 140

Ile Ala Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Leu Gly Ile Glu Glu Thr Asp Ile
 145 150 155 160
 Phe Val Ser Asp Gly Ala Lys Cys Asp Ile Ser Arg Leu Gln Val Leu
 165 170 175
 Phe Gly Ser Asn Val Lys Ile Ala Val Gln Asp Pro Ser Tyr Pro Ala
 180 185 190
 Tyr Val Asp Ser Ser Val Ile Met Gly Gln Thr Gly Leu Tyr Gln Glu
 195 200 205
 Asp Val Gln Lys Tyr Gly Asn Ile Glu Tyr Met Lys Cys Ser Pro Glu
 210 215 220
 Asn Gly Phe Phe Pro Asp Leu Ser Ser Val Pro Arg Thr Asp Ile Ile
 225 230 235 240
 Phe Phe Cys Ser Pro Asn Asn Pro Thr Gly Ala Ala Ala Ser Arg Asp
 245 250 255
 Gln Leu Thr Lys Leu Val Lys Phe Ala Lys Asp Asn Gly Ser Ile Ile
 260 265 270
 Val Tyr Asp Ser Ala Tyr Ala Met Tyr Ile Ser Asp Asp Ser Pro Lys
 275 280 285
 Ser Ile Phe Glu Ile Pro Gly Ala Lys Glu Val Ala Ile Glu Thr Ala
 290 295 300
 Ser Phe Ser Lys Tyr Ala Gly Phe Thr Gly Val Arg Leu Gly Trp Thr
 305 310 315 320
 Val Val Pro Lys Glu Leu Leu Phe Ser Asp Gly His Pro Val Ala Lys
 325 330 335
 Asp Phe Asn Arg Ile Val Cys Thr Cys Phe Asn Gly Ala Ser Asn Ile
 340 345 350
 Ser Gln Ala Gly Gly Leu Gly Cys Leu Ser Pro Glu Gly Leu Lys Ala
 355 360 365
 Met Ser Asp Val Val Gly Phe Tyr Lys Glu Asn Thr Lys Ile Ile Val
 370 375 380
 Asp Thr Phe Thr Ser Leu Gly Phe Asn Val Tyr Gly Ala Lys Asn Ala
 385 390 395 400
 Pro Tyr Val Trp Val His Phe Pro Gly Arg Asn Ser Trp Asp Val Phe
 405 410 415
 Ala Glu Ile Leu Glu Lys Ala His Val Val Thr Thr Pro Gly Ser Gly
 420 425 430
 Phe Gly Pro Gly Gly Glu Gly Phe Val Arg Val Ser Ala Phe Gly His
 435 440 445
 Arg Glu Asn Ile Ile Glu Ala Ala Arg Arg Leu Lys Gln Leu Tyr Lys
 450 455 460

<210> 672

<211> 432

<212> белок
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (56)..(421)
<223> Название Pfam: Aminotran_1_2
Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>
<221> отличающийся признак
<223> общедоступный GI ID № 152149571

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1077,2 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 5

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (30)..(30)
<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (78)..(78)
<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (138)..(138)
<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (162)..(162)
<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (181)..(181)
<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (242)..(242)
<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (244)..(244)
<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (263)..(263)
<223> Хаа означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<220>
<221> отличающийся признак

<222> (331)..(331)

<223> Xaa означает любую аминокислоту, неизвестен или прочее

<400> 672

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

Ala Cys Leu Thr Pro Glu Gly Leu Glu Ala Xaa His Lys Val Ile Gly
325 330 335

Phe Tyr Lys Glu Asn Thr Asn Ile Ile Ile Asp Thr Phe Thr Ser Leu
340 345 350

Gly Tyr Asp Val Tyr Gly Gly Lys Asn Ala Pro Tyr Val Trp Val His
355 360 365

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

Thr His Val Val Thr Thr Pro Gly Ser Gly Phe Gly Pro Gly Gly Glu
385 390 395 400

Gly Phe Val Arg Val Ser Ala Phe Gly His Arg Glu Asn Ile Leu Glu
405 410 415

Ala Cys Arg Arg Phe Lys Gln Leu Tyr Lys His His His His His His
420 425 430

<210> 673

<211> 439

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (69)..(434)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2

Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 125603687

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1136,6 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 5

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 673

Met Ala Ala Ser Pro Ala Ala Gly Ala Ala Ala Ala Thr Val Ser Ser
1 5 10 15

Phe Val Ser Pro Ser Ser Phe Ser Ser Val Asn Phe Arg Phe Glu Ala
20 25 30

Phe Lys Thr Lys Val Pro Arg Asn Ala Asn Met Ala Lys Leu Gln Ala
35 40 45

Gly Tyr Leu Phe Pro Glu Ile Ala Arg Arg Arg Ala Ala His Leu Leu
50 55 60

Lys Phe Pro Asp Ala Lys Ile Ile Ser Leu Gly Ile Gly Asp Thr Thr
65 70 75 80

Glu Pro Ile Pro Asp Val Ile Thr Asn Ala Met Ala Lys Arg Ala His
85 90 95

Ala Leu Ser Thr Val Asp Gly Tyr Ser Gly Tyr Gly Ala Glu Gln Gly
 100 105 110

Glu Lys Lys Leu Arg Ala Ala Ile Ala Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Leu
 115 120 125

Gly Ile Glu Glu Thr Asp Ile Phe Val Ser Asp Gly Ala Lys Cys Asp
 130 135 140

Ile Ser Arg Leu Gln Val Leu Phe Gly Ser Asn Val Lys Ile Ala Val
 145 150 155 160

Gln Asp Pro Ser Tyr Pro Ala Tyr Val Asp Ser Ser Val Ile Met Gly
 165 170 175

Gln Thr Gly Leu Tyr Gln Glu Asp Val Gln Lys Tyr Gly Asn Ile Glu
 180 185 190

Tyr Met Lys Cys Ser Pro Glu Asn Gly Phe Phe Pro Asp Leu Ser Ser
 195 200 205

Val Pro Arg Thr Asp Ile Ile Phe Phe Cys Ser Pro Asn Asn Pro Thr
 210 215 220

Gly Ala Ala Ala Ser Arg Asp Gln Leu Thr Lys Leu Val Lys Phe Ala
 225 230 235 240

Lys Asp Asn Gly Ser Ile Ile Val Tyr Asp Ser Ala Tyr Ala Met Tyr
 245 250 255

Ile Ser Asp Asp Ser Pro Lys Ser Ile Phe Glu Ile Pro Gly Ala Lys
 260 265 270

Glu Val Ala Ile Glu Thr Ala Ser Phe Ser Lys Tyr Ala Gly Phe Thr
 275 280 285

Gly Val Arg Leu Gly Trp Thr Val Val Pro Lys Glu Leu Leu Phe Ser
 290 295 300

Asp Gly His Pro Val Ala Lys Asp Phe Asn Arg Ile Val Cys Thr Cys
 305 310 315 320

Phe Asn Gly Ala Ser Asn Ile Ser Gln Ala Gly Gly Leu Gly Cys Leu
 325 330 335

Ser Pro Glu Gly Leu Lys Ala Met Ser Asp Val Val Gly Phe Tyr Lys
 340 345 350

Glu Asn Thr Lys Ile Ile Val Asp Thr Phe Thr Ser Leu Gly Phe Asn
 355 360 365

Val Tyr Gly Ala Lys Asn Ala Pro Tyr Val Trp Val His Phe Pro Gly
 370 375 380

Arg Asn Ser Trp Asp Val Phe Ala Glu Ile Leu Glu Lys Ala His Val
 385 390 395 400

Val Thr Thr Pro Gly Ser Gly Phe Gly Pro Gly Gly Glu Gly Phe Val
 405 410 415

Arg Val Ser Ala Phe Gly His Arg Glu Asn Ile Ile Glu Ala Ala Arg
 420 425 430

Arg Leu Lys Gln Leu Tyr Lys
435

<210> 674

<211> 397

<212> белок

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (27)..(392)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2

Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 108707679

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1033,3 в CMM, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 5

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 674

Met Ala Lys Leu Gln Ala Gly Tyr Leu Phe Pro Glu Ile Ala Arg Arg
1 5 10 15

Arg Ala Ala His Leu Leu Lys Phe Pro Asp Ala Lys Ile Ile Ser Leu
20 25 30

Gly Ile Gly Asp Thr Thr Glu Pro Ile Pro Asp Val Ile Thr Asn Ala
35 40 45

Met Ala Lys Arg Ala His Ala Leu Ser Thr Val Asp Gly Tyr Ser Gly
50 55 60

Tyr Gly Ala Glu Gln Gly Glu Lys Lys Leu Arg Ala Ala Ile Ala Ala
65 70 75 80

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

Asp Gly Ala Lys Cys Asp Ile Ser Arg Leu Gln Val Leu Phe Gly Ser
100 105 110

Asn Val Lys Ile Ala Val Gln Asp Pro Ser Tyr Pro Ala Tyr Val Asp
115 120 125

Ser Ser Val Ile Met Gly Gln Thr Gly Leu Tyr Gln Glu Asp Val Gln
130 135 140

Lys Tyr Gly Asn Ile Glu Tyr Met Lys Cys Ser Pro Glu Asn Gly Phe
145 150 155 160

Phe Pro Asp Leu Ser Ser Val Pro Arg Thr Asp Ile Ile Phe Phe Cys
165 170 175

Ser Pro Asn Asn Pro Thr Gly Ala Ala Ala Ser Arg Asp Gln Leu Thr
180 185 190

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

<210> 675

<211> 419

<212> белок

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (49)..(414)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2

Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 157352390

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 830,2 в СММ, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 5

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 675

Met Ser Ala Thr Ala Lys Cys Met Gln Met Ala Gly Val Cys Thr Arg
1 5 10 15

Val Thr Arg Asn Leu Asn Met Glu Lys Leu Arg Asn Gly Tyr Leu Phe
20 25 30

Pro Glu Ile Ala Met Arg Glu Leu Glu His Met Lys Lys Tyr Pro Asn
35 40 45

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

Asp Ile Val Thr Ser Ser Met Ala Asn His Ala Arg Arg Leu Ser Thr
65 70 75 80

Val Glu Gly Tyr Arg Gly Tyr Gly Ala Glu Gln Gly Asn Lys Ala Leu
85 90 95

Arg Lys Ala Ile Ala Glu Thr Leu Tyr Gly Asp Leu Pro Ile Lys Asp
100 105 110

Thr Glu Ile Phe Val Ser Asp Gly Ser Gln Cys Asp Ile Ser Arg Leu
115 120 125

Gln Leu Leu Leu Gly Ser Asn Val Thr Ile Ala Val Gln Asp Pro Thr
130 135 140

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

Phe Gln Asp Glu Thr Gly Lys Tyr Gln Asn Ile Lys Tyr Met Pro Cys
165 170 175

Arg Pro Gln Asn Asn Phe Phe Pro Asp Leu Thr Thr Thr Ala Thr Thr
180 185 190

Asp Val Ile Phe Ile Cys Ser Pro Asn Asn Pro Thr Gly His Ala Ala
195 200 205

Ser Arg Lys Gln Leu Glu Gln Leu Val Glu Phe Ala Arg Ala Asn Arg
210 215 220

Ser Ile Ile Ile Phe Asp Ser Ala Tyr Ala Ala Tyr Val Thr Asp Glu
225 230 235 240

Ser Pro Arg Ser Ile Phe Glu Ile Pro Gly Ala Arg Glu Val Ala Ile
245 250 255

Glu Ile Ser Ser Phe Ser Lys Phe Ala Gly Phe Thr Gly Val Arg Leu
260 265 270

Gly Trp Thr Val Val Pro Asp Glu Leu Leu Phe Ser Asn Gly Phe Pro
275 280 285

Val Ile Lys Asp Tyr Asn Arg Ile Val Cys Thr Cys Phe Asn Gly Ala
290 295 300

Ser Ser Ile Ala Gln Ala Gly Gly Leu Ala Cys Leu Ser Ser Asp Gly
305 310 315 320

Leu Met Val Met Gln Ser Val Val Asp Tyr Tyr Lys Glu Asn Ala Lys
325 330 335

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

Ile Asn Ala Pro Tyr Ala Trp Val His Phe Pro Gly Met Lys Ser Trp
355 360 365

Asp Val Phe Thr Glu Leu Leu Glu Lys Thr His Ile Ile Thr Val Pro
370 375 380

Gly Cys Gly Phe Gly Pro Gly Gly Glu Glu His Ile Arg Val Ser Ala
385 390 395 400

Phe Gly His Arg Glu Cys Ile Leu Glu Ala Ser Arg Arg Leu Lys Ser
405 410 415

Leu Leu Ser

<210> 676

<211> 441

<212> белок

<213> Chlamydomonas reinhardtii

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (69)..(433)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2

Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 159469820

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 829,9 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 5

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 676

Met Gln Leu Asn Val Arg Ser Thr Ala Ser Gly Ala Arg Ser Ser Thr
1 5 10 15

Arg Ser Arg Arg Met Thr Ala Val Val Gln Ala Val Ala Gln Arg Ala
20 25 30

Gly Thr Ile Asp Val Gln Arg Asn Glu Asn Phe Gly Lys Leu Arg Ala
35 40 45

Gly Tyr Leu Phe Pro Glu Ile Ala Arg Arg Arg Lys Ala His Gln Glu
50 55 60

Lys Asn Pro Asp Ala Lys Ile Ile Ser Leu Gly Ile Gly Asp Thr Thr
65 70 75 80

Glu Pro Leu Pro Lys Tyr Ile Ala Asp Ala Met Ala Lys Ala Ala Ala
85 90 95

Gly Leu Ala Thr Arg Glu Gly Tyr Ser Gly Tyr Gly Ala Glu Gln Gly
 100 105 110

Gln Gly Ala Leu Arg Glu Ala Val Ala Ser Thr Phe Tyr Gly His Ala
 115 120 125

Gly Arg Ala Ala Asp Glu Ile Phe Ile Ser Asp Gly Ser Lys Cys Asp
 130 135 140

Ile Ala Arg Ile Gln Met Met Phe Gly Ser Lys Pro Thr Val Ala Val
 145 150 155 160

Gln Asp Pro Ser Tyr Pro Val Tyr Val Asp Thr Ser Val Met Met Gly
 165 170 175

Met Thr Gly Asp His Asn Gly Thr Gly Phe Asp Gly Ile Glu Tyr Met
 180 185 190

Val Cys Asn Pro Asp Asn His Phe Phe Pro Asp Leu Ser Lys Ala Lys
 195 200 205

Arg Thr Asp Ile Ile Phe Phe Cys Ser Pro Asn Asn Pro Thr Gly Ala
 210 215 220

Ala Ala Thr Arg Ala Gln Leu Thr Glu Leu Val Asn Phe Ala Arg Lys
 225 230 235 240

Asn Gly Ser Ile Leu Val Tyr Asp Ala Ala Tyr Ala Leu Tyr Ile Ser
 245 250 255

Asn Pro Asp Cys Pro Lys Thr Ile Tyr Glu Ile Pro Gly Ala Asp Glu
 260 265 270

Val Ala Ile Glu Thr Cys Ser Phe Ser Lys Tyr Ala Gly Phe Thr Gly
 275 280 285

Val Arg Leu Gly Trp Thr Val Val Pro Lys Ala Leu Lys Tyr Ala Asn
 290 295 300

Gly Glu Pro Val His Ala Asp Trp Asn Arg Val Met Thr Thr Cys Phe
 305 310 315 320

Asn Gly Ala Ser Asn Ile Val Gln Ala Gly Gly Leu Ala Cys Leu Gln
 325 330 335

Pro Glu Gly Leu Lys Glu Met Asn Ala Met Ile Lys Phe Tyr Lys Glu
 340 345 350

Asn Ala Gln Ile Leu Lys Thr Thr Phe Thr Glu Met Gly Phe Ser Val
 355 360 365

Tyr Gly Gly Asp Asp Ala Pro Tyr Ile Trp Val Gly Phe Pro Gly Lys
 370 375 380

Pro Ser Trp Asp Val Phe Ala Glu Ile Leu Glu Arg Cys Asn Ile Val
 385 390 395 400

Thr Thr Pro Gly Ser Gly Phe Gly Pro Ala Gly Glu Gly Phe Val Arg
 405 410 415

Ala Ser Ala Phe Gly Ser Arg Glu Asn Ile Leu Glu Ala Val Arg Arg
 420 425 430

Phe Lys Glu Ala Tyr Gly Lys Arg Asn
435 440

<210> 677

<211> 402

<212> белок

<213> *Ostreococcus lucimarinus* CCE9901

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (27)..(396)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2

Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> общедоступный GI ID № 145344081

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 639,3 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 5

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 677

Met Ala Gln Leu Lys Ala Gly Tyr Leu Phe Pro Glu Ile Ala Arg Ile
1 5 10 15

Arg Asn Ala His Leu Glu Lys Asn Pro Asp Ala Lys Ile Ile Ser Leu
20 25 30

Gly Ile Gly Asp Thr Thr Glu Pro Ile Pro Lys Pro Ile Thr Asp Gly
35 40 45

Met Val Ala Ala Ala Ala Leu Gly Thr Lys Glu Gly Tyr Ser Ala
50 55 60

Lys Gly Gly Tyr Gly Pro Glu Ala Gly Gln Met Glu Leu Arg Lys Thr
65 70 75 80

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

Phe Ala Ser Asp Gly Ser Lys Cys Asp Ile Ser Arg Met Leu Gln Met
100 105 110

Phe Gly Ser Gly Arg Lys Ile Ala Val Gln Asp Pro Ser Tyr Pro Ala
115 120 125

Tyr Val Asp Ser Ser Val Ile Met Gly His Ser Thr Gly Phe Asn Asp
130 135 140

Ala Val Lys Gln Tyr Glu Asn Ile Thr Tyr Met Pro Cys Gly Ala Glu
145 150 155 160

Asn Asp Phe Phe Pro Asp Leu Ser Ala Ala Lys Ser Ala Glu Leu Ile
165 170 175

Phe Phe Cys Ser Pro Asn Asn Pro Thr Gly Ala Ala Ala Thr Arg Ala
180 185 190

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

<210> 678

<211> 708

<212> ДНК

<213> *Oryza sativa* subsp. *japonica*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> антисмысловой Os01g58420 относительно конструкции от 5' к 3'

<400> 678

ctagtctct accggcggcg gccggttcag atccagatcg aaagctgccg ccttgttcgc 60
 cgtaaccgct ggaggtgacg gcgcgagatc aaccaccgac gaggagtcgg agtcactttg 120
 tgcaaccgcc gccacggtga ccggcggtgc aagcttcac atacggtatc cagcctcagc 180
 tgcggcagcc gctgcagcct gctcatagaa aaagtaagga tgcgttgctg gacgtgcaac 240
 gggatatacct ctgaaaggaa agcgaacgcc ggtgccggcg actgcagtca cagcagccgc 300
 gcggtggaac aaatccaagt ccagagtcgg cggcagaggg atggcccgc taggcgtctg 360

aaccccgccg ccaccggtgt ctaccgtgct attgctgctg gggctgccgc cacagccgac 420
catcgactgt gatgcaaacg gaaagtttgt ttttgcttg gcaccccgga actctcgagc 480
ggcggcgctg taggcgcggg cggcctcctc tgccgtgctg taggtaccga gccacacccg 540
gctcttcttg gcagggtcac ggatctccgc tgcgtaacgc cccacgggc gcttgccgac 600
gccctgtag tgaggacccc cggctccgac acctccgccg acgccaagac caagcccggg 660
gggtggcgcc acagcaacct tctccaccgt agctgctctg ggcgccat 708

<210> 679
<211> 495
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 832857

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres локус ID № AT1G16910

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 243

<400> 679
atgacgagta сааасасгас ааасаааггс ааатгсатаг тагааггасс ассасгас 60
стаагсгтт атгагтсаса ааааагсгс гасгггааса сгттггсса гтатсатг 120
ацаагатгс сасггттса сгтатгггг тгтгаатсаа ассасатсст сгатттсстс 180
сааагтсгтг асггттгг таааааааа гттсататсс ааггатгсгт тттсстгга 240
сагааагас сасггггага гтгтаасгс ссгттгааас аггсггггг аагсстгаг 300
гсстггасг гасгггггг атгагггггс гсгггггггс гтгггггггс гсгггггггс 360
сггггггггс гсгггггггг атгаггггггг сгггггггггс гтгггггггс гсгггггггс 420
гсгггггггс тттггггггс ааааааааа сггггггггс гтгггггггс гсгггггггс 480
асгггггггс сгггггггс 495

<210> 680
<211> 1003
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 870022

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres локус ID № AT1G78815

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 244

<400> 680

aagacsaaaa gaaaaaaaaa aacttttttct tttctgatga atcgtatcta ttagctatga 60
gcctgagggtg atgatcatgt caacataacc atcaacgttc taccatggct agtcatagca 120
acaaaggcaa aggcatagca gaaggatcgt ctcaaccgca atcgcaaccg caaccacaac 180
cacaccaacc gcaatcacct cctaaccgcg cagcgttaag cgggtacgag tcacagaaac 240
gacgagactg gaacacgttt tgtcaatacc tgcgtaacca acagccaccg gttcacatct 300
cgcagtgtgg atcaaaccac atcctcgatt tcctccaata tctcgaccag tttgggaaga 360
caaaggttca tatccatgga tgcgttttct tcggacaggt tgagccagcg ggacagtgta 420
actgtccttt aaaacaagcg tgggggagtt tagatgcttt gatcggacgg ctaagagcgg 480
ctttcgagga gaacggagga ttgccggaga gaaacccttt tgccggcggc ggaattaggg 540
tttttctgag ggaagtgaga gattcacagg cgaaggcaag aggagtccg tacaagaaaa 600
gaaaaaagag gaagaagagg aatcctatga agagtcatga tggatgaagat ggtactacgg 660
gaactagtag tagctccaac ttggcttctt agcgggaagca aacaaaaaat ctataataaa 720
acaaagtgga attagttaat ggtaagcatt taatactctc cataatctct attaattttc 780
agtactttaa tcctattttg tgatctatth acaattttac atatagagtg aaaagaaaca 840
attctacatt cgtttcttga tagtcagctc ttaatgcata gttgaatttt atacgtatca 900
taccsaaact ataagattaa tcttgatctt agatcatata catatatcat catgggtgtg 960
accctaagtt tcataatcat ttttcttaac tatttatgtg gat 1003

<210> 681

<211> 660

<212> ДНК

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 828846

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres локус ID № AT2G31160

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 245

<400> 681

atggatatga ttccscaatt gatggaaggc tcttcagctt acggagggtg cacaacstc 60
aacatcatct caaacaactc ctctccgctc accggagcca cggagggtga agcaacgcaa 120
ccactgtctt cctctctctc accatcggcg aactcaagcc gttacgagaa ccagaagagg 180

agagactgga acacgttcgg acagtactta aggaaccatc ggccaccgct ttcgctttcc 240
cgatgcagtg gagctcacgt gctcaggttc ctccgttact tggaccagtt cggtaagaca 300
aaagtccaca cgaacatttg tcacttctat ggccatccta atcctccggc accgtgtccg 360
tgtcctctcc gacaagcttg ggggaagtctt gacgctctta tcggtcgtct tcgagctgcc 420
tttgaggaaa acggaggcaa gcctgagacg aatccttttg gagctcgtgc cgttaggctt 480
tatctaaggg aagttagaga tatgcagagt aaagctagag gtgttagcta cgagaagaag 540
aagcgaaagc gtcctcttcc ttcgtcgtcg acttcttctt cctccgccgt agctagccac 600
cagcaatttc aaatgctacc gggtagtagt tctactactc aattaaagtt tgagaagtaa 660

<210> 682

<211> 907

<212> ДНК

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 861920

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres локус ID № AT2G42610

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 246

<400> 682

attacataat tcttcagatc cataaaaca attgatccct taaccttctt caccaacatc 60
tctcttacac tcaacaagag atcatatcat gtcctctcca agagaaagag gaaagagttt 120
gatggaatca tcaggatcag agccaccggt gacaccaagc cgttacgagt cgcagaagag 180
acgtgactgg aacactttcg gacagtactt gaagaatcag agaccgcctg tgccgatgtc 240
tcactgcagc tgtaaccagc tgcttgattt cctcaggtac ttagaccagt tcggtaagac 300
aaaggtgcac gtgcctggct gtatgttcta cggccagcct gagccaccag ctctttgcac 360
gtgccctctc agacaagctt ggggaagtct tgacgctttg atcggacggc tgagagcggc 420
ttacgaggag aacggtggac ctccggagac taaccctttc gctagcggag cgataagggt 480
ttatctgagg gaggttaggg agtgtcaggc taaggctaga gggattcctt acaagaagaa 540
gaagaagaag aagccaacgc cggagatggg aggtgggaga gaggactctt ctctctctc 600
ctcttcttc agcttctctt aagagattct ccatcgtcgt gaaagacttt gtggatcagt 660
aagtctcaa gagggatcaa atgtaaaaga gacctcaat ctatctactg gtatcttcaa 720
catactttc gggaccattt ttgcagctct tcgtcccctc ctcttcattt ccgcagatct 780
ccgtcgtcat aaatatcttc atctattctc ttattaagct ctattcatat ttattctctt 840
attaagcact tttcttttga ataaagtaag tgtaaagagt ttatatattg aattcaggtg 900

<210> 683
 <211> 606
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 839537

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres локус ID № AT3G04510

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 247

<400> 683
 atggatttga tctctcaaaa ссасаасаас агааасста атааасатс ссгасгсаа 60
 асстстстст сстттстстс тссасстстс тстагсгст асгасаасса гааасгсгст 120
 гастггааса стттстгсса атастсгаа аассасстатс сасгстстс тстагстстс 180
 тгсатггггсг сасасгстстс гатттстстс гсттасстстс асстаттсгг саааассааа 240
 гтссасстс аааастгсгс сттстстстгсг стсссаатс сасггстстс тгтстстстг 300
 сстстсгсгс аасгстгггг стсастсгсгс гссстсаттс гтсгтстстсг тгсасгстс 360
 гасгасаасг гтггсгстсс сгасастсгсг сстттстстстс сасггстстсг сасгстстстс 420
 стсасггггг ттагасаттст ссасггстагс тсасгтггтсг ттагстатга гаагаасггг 480
 аааасгггтса асаасаасга аааастсгсг тсссаасстс агтсссаасстс гсстстстс 540
 сасгасстс агсасггасга аггтсатстс атгатгггста атастсасса сггтгсаст 600
 саатаа 606

<210> 684
 <211> 588
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres Annot ID № 8755109

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Ceres локус ID № AT3G23290

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 248

<400> 684
 atggatcata тсатсгггстст татггггсаса асааасатгт сасатаасас ааасстстатг 60

atcgctgccg cagccactac cactacgacc tcttcgtctt cctcttcgtc ctccggagge 120
 tcggggacta accagctaag caggtacgag aatcagaaga gaagagattg gaacactttc 180
 ggacagtatc tacgcaatca ccgtccacca ctttctctct cccgttgcag tgggtgctcat 240
 gttcttgaat tcctcaggta cctcgaccaa ttcggcaaga ctaagggttca cacacaccta 300
 tgtccgttct tcggacaccc aaaccaccca gcaccatgtg cctgtccact ccgacaagcg 360
 tggggtagtc tggacgact cattggccgt cttagagctg cttttgaaga gaacgggtgg 420
 tcaccagaga cgaacccttt tgggtgcacga gccgttcgac tctacctaag ggaagtacgt 480
 gactcgagg ctaaagcacg tgggatcagc tatgaaaaa agaagcgcaa gcgacctct 540
 ccgccactac caccggctca gccggcgatt tcaagtagcc ctaattaa 588

<210> 685

<211> 573

<212> ДНК

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 853637

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres локус ID № AT5G28490

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 249

<400> 685

atggatttga tctctacca ассааасааg аассстаатт сстсаасаа астааасаа 60
 сстсстсаа gccggtacga гаассааааа сgссгtgact ggaacacttt ctgtcaatac 120
 ctccggaacc accgtctctc gctctctctc ccctcgtgta gcggcgссaсa сgtgctcgag 180
 ttctccgct accttgacca gttcgggaaa асааааgтtс accaccagaa ctgtgccttc 240
 tttggcctcc ctaaccctcc tgctccttgt ccttgtctct tccggcaagc ttgggggtca 300
 ctcgacgctc ttatcggccg cctccgссgсc gcctacgagg agaacgggtgg cccacctgaa 360
 gctaaccat ttggctcacg cgcсgtcagg ttattcctcc gtgaagtcag agactttcaa 420
 gccaaagctc gaggtgтtag ctatgagaag ааgаgгаага gаgtcaacag gcagaaaccg 480
 caaacgcagc cgcctctaca gcttcagcaa cagcaacagc agccacaaca aggtcagtct 540
 atgatggcta attactcggg tgcaacagta tga 573

<210> 686

<211> 549

<212> ДНК

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 856813

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres локус ID № AT5G58500

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 250

<400> 686
atggaggag aaaccgagc saaacgagc gcaagttcct cctcatcccc gagccggtac 60
gagtctcaaa agaggsagaga ctggaacact ttccttcagt atctaaggaa ccacaagcca 120
cctctgaatc tgtctcgttg tagtggcgca cacgtccttg agttccttaa gtacctcgac 180
cagtttggtg agaccaaagt ccatgccacg gcttgtccct tcttcggaca acctaaccca 240
ccgtctcagt gcacttgccc tctcaagcaa gcttggggaa gtctcgatgc tctcatcggc 300
cgtctaaggg ctgctttcga ggaaatcggc ggtgggtcttc ctgagtcaaa ccctttcgct 360
gccaaggctg ttaggatcta tcttaaagaa gtccgtcaaa cacaggctaa ggctcgaggg 420
attccttacg acaagaagaa aagaaaacgt ccgcatacag acacggcaac tccaatcgcc 480
ggtgacggag acgatgccga aggaagtggg ggtgctgctt tggctcgttac ggctgcaact 540
acggtatag 549

<210> 687
<211> 815
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 28780

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres локус ID № AT1G07090

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 251

<400> 687
aactactaaa cactaaatta tcaatccgct ctcttctcaa aaaaaaaaaa tcgactctaa 60
aatcaaactc tctcaaagct ccccaaaaaa accctagttc tgaatggaat cggcgggatcc 120
cggacgatcc gatccggtaa aaggagacga cccgggtcca tctttcgtct cttcaccacc 180
agctacacct agcaggtatg agtcacagaa gcgacgcgac tggaacacgt tcttgcagta 240
cctcaagaac cacaagccgc ctctcgcggt gtcacgggtg agcggagcgc atgtgatcga 300
gtttctcaag tacctcgacc agttcggtaa gaccaaagtc cacgtggcgg cttgtcctta 360

cttcggccat cagcaacctc cgtctccttg ctcatgccct ctcaagcaag cttgggggatc 420
tctc gatgct ttgatcggac ggttgagagc tgcctacgag gagaacgggtg gacgggccgga 480
ttctaaccg ttcgccgcac gtgcgggttcg gatttacttg agggaagtca gagagagtca 540
ggcaaaggct cgtgggattc cttacgagaa aaagaaacgg aaacggccgc caactgtcac 600
caccgttaga gttgacgtcg cttcttcgag acaaagtgac ggagaccctt gtaacgtcgg 660
tgctccatct gttgccgagg cgtaccgcc ttagatcgaa ttatatataa tattatagtt 720
ttcttgatta atgatatata tatacttatac tctatgtatg tatggaactc acttcatctt 780
ttgttcctta gtacctaatt attaaattht gttcc 815

<210> 688

<211> 1470

<212> ДНК

<213> Populus balsamifera

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1461228

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 689

<400> 688

atgtcgccga cgcaactttt atcgacttcg atttcttctt cttcctctgc ttttttagcc 60
gcacctattg ctttcaaagc tagaaaccag aatgtttcga tcgctcgaac aacgccttct 120
atgtgcacgt gtgctgctgc tcctcaagaa cagaaaaccg tttacaaaac acaagtctcc 180
cgcaatgcaa atattgcaaa gcttcaagct ggttacttat ttccagaggt tgctcgaagg 240
aggaatgctc acatgctgaa ataccctgat gcaaaagtga taagccttgg aattggtgac 300
actacagaac ctatcccaga agttataact tctgcaatag caaagagagc agaagcactg 360
tctacttttg agggttacag tggttatgga cctgaacaag gtgaaaaacc tttgagaact 420
gcaattgctt caacatttta ttcaggtctt gggatcaggg aggatgatat atttgtctct 480
gatggtgcca aatgtgacat atctcgcctc cagatgggat ttggggcaaa tgtaaccatg 540
gcagtgcaag atccatcata cccggcttac gttgattcta gtgtcatcat gggccagact 600
ggacagtthc agaaagacgt tgagaagtac ggtaagattg aatacatgag gtgcactcca 660
gagaatgggt ttttcctga tttatccaaa gtttctcga cggatatcat atttttctgt 720
tcaccgaaca atcctactgg ttctgctgca acaagggagc aactgacca actagtacaa 780
tttgcaaagg acaatggatc aatcatcgtc tatgattcag catatgccat gtatatgtct 840
gatgataacc cacgatccat atttgaaatt cggggagcca aagaggttgc tttggagaca 900
tcatctttta gtaagtatgc tgggtttact ggagttcgtc tgggggtggac tgttgttcca 960
aaacagcttc tatattctga tgggttccca gttgtaaagg atttcaaccg tgttgtttgc 1020

```

actagcttta atggggcatc caacatttgc caagctgggtg gtcggggcttg cttttcacct 1080
gaaggcctta aggcaatgag tgaggtgatt ggattctata aagaaaactc caacattata 1140
atggatacat tcaattcgct cggttttaat gtatatggag gaaagaatgc tccctatgtg 1200
tgggttcact tccctggcca aagctcgtgg gatgttttca gtgaaattct tgagaaaact 1260
catgtagtta ccacacctgg gagtggtttt ggacctgggtg ggggaagtttg gttagaccac 1320
caaggcagaa tattttctga aaaaacagca agcccgtca caacaagctc ggactctcga 1380
aaggacaaga tctccataaa gcaggggggag caaccaagac agccttccag cgatgtagc 1440
aatgcaaатc tttacacatc aagttggtaa 1470

```

<210> 689

<211> 489

<212> белок

<213> Populus balsamifera

<220>

<221> отличающийся признак

<222> (91)..(464)

<223> Название Pfam: Aminotran_1_2

Описание Pfam: аминотрансфераза класса I и II

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 1461228

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 1109,0 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 5

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 645

<400> 689

Arg Asn Ala Asn Ile Ala Lys Leu Gln Ala Gly Tyr Leu Phe Pro Glu
1 5 10 15

Val Ala Arg Arg Arg Asn Ala His Met Leu Lys Tyr Pro Asp Ala Lys
20 25 30

Val Ile Ser Leu Gly Ile Gly Asp Thr Thr Glu Pro Ile Pro Glu Val
35 40 45

Ile Thr Ser Ala Ile Ala Lys Arg Ala Glu Ala Leu Ser Thr Leu Glu
50 55 60

Gly Tyr Ser Gly Tyr Gly Pro Glu Gln Gly Glu Lys Pro Leu Arg Thr
65 70 75 80

Ala Ile Ala Ser Thr Phe Tyr Ser Gly Leu Gly Ile Glu Glu Asp Asp
85 90 95

Ile Phe Val Ser Asp Gly Ala Lys Cys Asp Ile Ser Arg Leu Gln Met
100 105 110

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

<210> 690

<211> 819

<212> ДНК

<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 827940

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 691

<400> 690
atgtatgaaa acgggataag ctttataatc tctttactta tatgtggatg tgtgaagagt 60
gaggagatga tgaagcaaca tttcgtgcta gtacatgggtt cgtgcctcgg cgcgtgggtgc 120
tggtacaagg tgaagccgct gctcaggct tcgggccatc gtgtaaccgc cttagaccta 180
gctgcttgtg gtatagacac aaggtcgatc actgacattt ccacatgcga acaatattct 240
gagccgttga ttcagctaат gacttcattg ccgaatgatg agaaggttgt gctcgtgggt 300
catagctatg gaggtttgac ttttagccata gccatggata agtttcccga caaaatctct 360
gtctctgtct tcgtaacttc tttcatgccc gacaccaaaa actcaccatc gttcgtcctg 420
gaaaagtttg caagcaccat gacaccagaa gattggatgg gctctgagct cgagccgtat 480
gtggctttca gcgctgagtt cacgaagcac cgtatcctcc aactttctcc tattgaagat 540
cttgagctta gattgcttct aaagaggcct ggttcattat ttcttaatga tttatcgagg 600
atgaagaact tttctgaaaa agggatgga tctgttctct gagcttacat tgtgagcaaa 660
gatgaccaca ccatctcgga agaatatcaa cgatggatga tcgataacta tccgccgaat 720
ttagtgatag agatggaagg gacggatcat ttgccattgt tttgcaaacc tcaactacta 780
agtgaccatc tattggcaat cgccgacaaa ttctcttaa 819

<210> 691
<211> 272
<212> белок
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (53)..(266)
<223> Название Pfam: Abhydrolase_1
Описание Pfam: альфа/бета-гидролаза fold

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 827940

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 566,2 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 8

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 595

<400> 691

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

<210> 692

<211> 1743

<212> ДНК

<213> Sorghum bicolor

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Ceres Annot ID № 6086224

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 693

<400> 692

atggatccta ccactattga ttcgaaatgg acgtctccca tcaactgaaga tgggtccatg 60
gacagacgag gaaaccagc tgtcaagaca accaccggag gatggagatc tgccatcctg 120
ctgtagcta actatggact cgcgacgtgc gccttcttcg gcgtcggcgt gaacctcgtg 180
gtgttcctgc gccgggtgct ccaccagggc aacgccgagg cggccaacaa catcagcaag 240
tggacagggg cegtctacat cttctccctc atcggcgcct tcctcagcga ctcctactgg 300
ggccgttacg tcacctgcgc catctttcag atcatctatg tgacgggcct ggtgatcctg 360
tcgcttgctg catggttctt gttggtgaag ccctccggct gcggcggcgt caaggtgcac 420
tgcgacgagc cgtcggcgcc cggcgtcgcg ctgttctacc tgtccaccta catgatcgcg 480
ttcggcaacg gaggtacca gccttccatc gcgaccttcg gatcggacca gttcgacgag 540
acggaccca aggagggcg ctccaaggtc gccttcttca gctacttcta cctggcgctc 600
aacgtggggg cctgttttc caacacggtg ctggtgtact acgaggactc agggcgggtg 660
gtcatggggg tctgggtctc ggcggccgcc gccgcgctgg cgctcgtgct cttcttgctc 720
ggcacgcca actaccggca cttcaagccg agcggcaacc cgctgaccg cgtcgcgcag 780
gtgttcgctg ccgcgttccg caagtggcac gctgaggttc cccgcggcga gtcctccac 840
gaggtggaag gagaggacc taagatctcg ggcattccga agatccttca cagcgacgag 900
ctcaggttcc tcgacaaagc ggcgacgatc accgaggggg agaagatgga gaaccctggtg 960
aggctctgca cggtgacgca ggtggaggag gtgaagtgca tcctgaagat gctgccatc 1020
tggctgtgca cgatcgtgta ctcgggtggtg ttcaccaga tggcgtcgtg gttcgtggag 1080
cagggcgcca ccatggacac caacatcggg tcgttccact tccccgcagc gagcatgtcg 1140
ctgttcgacg tcctcagcgt gctggcgctt atcgccatct accggcgggt cctggtgccc 1200
gtcatggcgc ggctgtcggg caaccgcag gccctgacgg agctgcagcg catgggcgtc 1260
gggctcgtga tcggcatggc ggcgatggtg gtggcggcg tgggtggagg ggagcggctg 1320
aagcgcgtgg cagccccgga ccagccgagc tcctgagcg tgctgtggca ggtgccgcag 1380
tacgcgctga tcggggcgtc ggaggtgttc atgtacgtgg ggcagctgga gttcttcaac 1440
gggcagcgc ccgacggcgt caagagcttc ggcagcgcgc tgtgcatggc gtccatctcg 1500
ctggggaact acgtgagcat catgctggtg agcgtggtca caagcctcac cgccggggag 1560
aagcgtccgg ggtgatccc tgggaacctc aactccggcc acctggacag gttctacttc 1620
ctcctcgcag cgctctcgtc cgtcgacctc gccgtctaca tcgctgtgc catgtggtac 1680
aagggcatca agcttgacgg cggcgacggc gatgacagta gaaaggtctc tgcgcatgct 1740
tag 1743

<210> 693

<211> 520

<212> белок
<213> Sorghum bicolor

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (103)..(499)
<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Ceres Annot ID № 6086224

<220>
<221> отличающийся признак
<223> оценка в битах 1335,6 в СММ, основанной на последовательностях,
представленных на фигуре 11

<220>
<221> отличающийся признак
<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 693

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

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

<210> 694

<211> 1374

<212> ДНК

<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<223> Клон Ceres ID № 476769

<220>
<221> отличающийся признак
<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 695

<400> 694
agatcaattt gacgagaaga acgaaaaaca aaagaacgcg agagaagctt tcttctctta 60
tttttacttt gccctcaatg ttggatctct gttctccaac actatattag tatactacga 120
ggattcagga atgtggacaa tgggtttctt ggtgtccttg gcctcagctg ttattgcctt 180
agtttcatac ttagcaggat atcgaaaata tagatatgta aagggatatg ggaatccggt 240
gataagggta gttcagggtg ttgtggccac tgntagaaag tggaagggtg gtccagccaa 300
ggaactccaa ctttatgagg ttgatggtcc agaatctgcc ataaaaggga gtagaaagat 360
tcatcacagc aatgatttta gattcatgga caaggcagca acaataacgg agaaagatgc 420
agttaatctc aagaatcact ggcggctatg tactgtaact caagttgagg aagccaaatg 480
cgtactgaga atgctaccag tttggctatg tactataatt tattcagttg tgtttacgca 540
aatggcttct ctttttgtcg agcaagggga tgtgatgaac aacaagatag gaaattttca 600
cttgccagca gccagcatgt cagtgtttga tatctgcagt gtccttttat gcaactggaat 660
ttatcgccaa atccttgttc ctctagcagg aagatttagt ggcaatccta ggggactaac 720
tgagcttcaa agaatgggag ttggcctaат tattggaatg ttagctattc ttgcagctgg 780
tgccacagag tttgaaaggc tcaaacacat tacaccggg gaaaaggcta gttctttgag 840
tatattttgg caaatcccac agtatgttct agttgggtgct tcagaagttt tcatgtatgt 900
gggtcaactg gagttcttta atgggcaagc cccagatggc ataaaaagct ttgggagctc 960
actttgcatg gcttcaattt ctcttgaaa ctatgtgagt agcttgctgg tgtacatggt 1020
gatgggaatc actgcaagag gcgagaatcc gggatggatt cccaataact tgaatgtggg 1080
gcacatggat aggtttttct tcctcgttgc agtgctaact gctcttgatt ttgtactcta 1140
cttattatgt gctcgctggt acaagagcat caaccttgga gatggtgaca tgggaagcca 1200
agaggacgag gaagtgatca gtaaagtttg attcagttgt tttgaatttt catttccttg 1260
ctaggaattt gtttatctta gtagttttaa taaggctggt caaggatgtc ctttttggtg 1320
acacaaagca tgaccagttc aattgagaga ggattgacaa aatattggtg ggat 1374

<210> 695
<211> 366
<212> белок
<213> Glycine max

<220>
<221> отличающийся признак
<222> (1)..(283)

<223> Название Pfam: PTR2
Описание Pfam: семейство POT

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 476769

<220>

<221> отличающийся признак

<223> оценка в битах 498,5 в CMM, основанной на последовательностях, представленных на фигуре 11

<220>

<221> отличающийся признак

<223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 695

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

Leu Val Ser Tyr Leu Ala Gly Tyr Arg Lys Tyr Arg Tyr Val Lys Gly
20 25 30

Tyr Gly Asn Pro Val Ile Arg Val Val Gln Val Phe Val Ala Thr Val
35 40 45

Arg Lys Trp Lys Val Gly Pro Ala Lys Glu Leu Gln Leu Tyr Glu Val
50 55 60

Asp Gly Pro Glu Ser Ala Ile Lys Gly Ser Arg Lys Ile His His Ser
65 70 75 80

Asn Asp Phe Arg Phe Met Asp Lys Ala Ala Thr Ile Thr Glu Lys Asp
85 90 95

Ala Val Asn Leu Lys Asn His Trp Arg Leu Cys Thr Val Thr Gln Val
100 105 110

Glu Glu Ala Lys Cys Val Leu Arg Met Leu Pro Val Trp Leu Cys Thr
115 120 125

Ile Ile Tyr Ser Val Val Phe Thr Gln Met Ala Ser Leu Phe Val Glu
130 135 140

Gln Gly Asp Val Met Asn Asn Lys Ile Gly Asn Phe His Leu Pro Ala
145 150 155 160

Ala Ser Met Ser Val Phe Asp Ile Cys Ser Val Leu Leu Cys Thr Gly
165 170 175

Ile Tyr Arg Gln Ile Leu Val Pro Leu Ala Gly Arg Phe Ser Gly Asn
180 185 190

Pro Arg Gly Leu Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly Val Gly Leu Ile Ile
195 200 205

Gly Met Leu Ala Ile Leu Ala Ala Gly Ala Thr Glu Phe Glu Arg Leu
210 215 220

Lys His Ile Thr Pro Gly Glu Lys Ala Ser Ser Leu Ser Ile Phe Trp
225 230 235 240

Gln Ile Pro Gln Tyr Val Leu Val Gly Ala Ser Glu Val Phe Met Tyr
245 250 255

Val Gly Gln Leu Glu Phe Phe Asn Gly Gln Ala Pro Asp Gly Ile Lys
 260 265 270
 Ser Phe Gly Ser Ser Leu Cys Met Ala Ser Ile Ser Leu Gly Asn Tyr
 275 280 285
 Val Ser Ser Leu Leu Val Tyr Met Val Met Gly Ile Thr Ala Arg Gly
 290 295 300
 Glu Asn Pro Gly Trp Ile Pro Asn Asn Leu Asn Val Gly His Met Asp
 305 310 315 320
 Arg Phe Phe Phe Leu Val Ala Val Leu Thr Ala Leu Asp Phe Val Leu
 325 330 335
 Tyr Leu Leu Cys Ala Arg Trp Tyr Lys Ser Ile Asn Leu Gly Asp Gly
 340 345 350
 Asp Met Gly Ser Gln Glu Asp Glu Glu Val Ile Ser Lys Val
 355 360 365

<210> 696

<211> 1654

<212> ДНК

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> отличающийся признак

<223> Клон Ceres ID № 15650

<220>

<221> отличающийся признак

<223> кодирует последовательность пептида SEQ ID NO. 697

<400> 696

attatagaat atctaataat gaagaatcgg tttcaaaatt aataatgact gattataatt 60
 acattgacaa catgcaggga ctaataacaa ttacactcac agcatcgttt cctcaactcc 120
 acccagcatc atgcaacagc caggaccac tcagttgcgg cgggccgaat aagctccaga 180
 tcggagtttt gctattggga ctctgtttcc tctccgtagg gagtggagga atacgacctt 240
 gtagcatccc ttttgggggtt gatcagtttg accaacgaac tgaggaaggg gttaaaggag 300
 tggccagttt cttcaactgg tattacatga ctttactgt ggttctgatc attacgcaga 360
 ccgtagttgt gtatatccag gatcaagtca gttggattat cggttttagt atccctaccg 420
 gactcatggc tcttgcgggtt gttatgtttt ttgccggaat gaagcgttat gtctacgtta 480
 aaccagaagg aagtatattc tctgggatcg ctcaagttat cgtggcagct cgtaagaagc 540
 gaaagctgaa acttccggcg gaagatgacg gcaactgtcac ctattacgac ccagccatca 600
 agtctagcgt gttatccaag ttacaccgca gtaaccaatt caggtgtctt gacaaagccg 660
 cgggtggttat agaaggtgac ctaacacccg agggacctcc cgcagacaag tggcgggttat 720
 gcagcgtcca agaagtggaa gaagtgaagt gtttgatccg aattgttcct atctggtcgg 780
 ccggaataat ctactcgcg gccatgacaa cacaaggcac tttcacggtc tctcaagctt 840

tgaaaatgga tcgaaactta ggtcctaaat tcgagattcc ggctgggttca ctctccgtca 900
 tctctctect cacaatcggc atctttcttc ctttctacga ccgcgttttt gtaccattca 960
 tgcggcgaat caccggccat aaatccggaa tcacactcct ccaaaggata ggaacagggg 1020
 tcgttttcac gatcttttct atgatcgttg cgggcattgt ggagcgtatg agacgcatac 1080
 gctccatcaa tgccggagat ccaacgggaa tgactccaat gtcggtggtt tggctttcgc 1140
 cgcagctaат tctcatggga ctatgtgaag cattcaatat catcggacaa attgagttct 1200
 tcaacagtca gtttccagag cacatgagaa gtatcgctaa ttctctcttc tctttatcgt 1260
 tcgccgggtc gagctacctt agtagtttcc ttgtgactgt cgttcataaa ttctccgggtg 1320
 ggcatgatcg tccggattgg ctaaacaaga atctcaacgc gggaaaattg gattacttct 1380
 attatctgat tgcgggttttg ggtgtgggta atctgggtta cttttgggat tgtgctcggg 1440
 gataccggta caaggtcggg ttaccgattg aagactttga ggaggacaag tcctccgatg 1500
 atgttgagat gacttccaag aaatcgatgg aatgatttaa tagactatcc ttagggacaa 1560
 caagaagatt gtcgatgttg tttgaataat tactatgaca atgtatgtat cataatatgt 1620
 aagaactaga atatataata aatttttacc ttcc 1654

<210> 697
 <211> 496
 <212> белок
 <213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
 <221> отличающийся признак
 <222> (13)..(406)
 <223> Название Pfam: PTR2
 Описание Pfam: семейство POT

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> Клон Ceres ID № 15650

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> оценка в битах 341,4 в СММ, основанной на последовательностях,
 представленных на фигуре 11

<220>
 <221> отличающийся признак
 <223> функциональный гомолог SEQ ID NO. 426

<400> 697
 Met Thr Asp Tyr Asn Tyr Ile Asp Asn Met Gln Gly Leu Ile Thr Ile
 1 5 10 15
 Thr Leu Thr Ala Ser Phe Pro Gln Leu His Pro Ala Ser Cys Asn Ser
 20 25 30
 Gln Asp Pro Leu Ser Cys Gly Gly Pro Asn Lys Leu Gln Ile Gly Val
 35 40 45

Leu Leu Leu Gly Leu Cys Phe Leu Ser Val Gly Ser Gly Gly Ile Arg
 50 55 60

Pro Cys Ser Ile Pro Phe Gly Val Asp Gln Phe Asp Gln Arg Thr Glu
 65 70 75 80

Glu Gly Val Lys Gly Val Ala Ser Phe Phe Asn Trp Tyr Tyr Met Thr
 85 90 95

Phe Thr Val Val Leu Ile Ile Thr Gln Thr Val Val Val Tyr Ile Gln
 100 105 110

Asp Gln Val Ser Trp Ile Ile Gly Phe Ser Ile Pro Thr Gly Leu Met
 115 120 125

Ala Leu Ala Val Val Met Phe Phe Ala Gly Met Lys Arg Tyr Val Tyr
 130 135 140

Val Lys Pro Glu Gly Ser Ile Phe Ser Gly Ile Ala Gln Val Ile Val
 145 150 155 160

Ala Ala Arg Lys Lys Arg Lys Leu Lys Leu Pro Ala Glu Asp Asp Gly
 165 170 175

Thr Val Thr Tyr Tyr Asp Pro Ala Ile Lys Ser Ser Val Leu Ser Lys
 180 185 190

Leu His Arg Ser Asn Gln Phe Arg Cys Leu Asp Lys Ala Ala Val Val
 195 200 205

Ile Glu Gly Asp Leu Thr Pro Glu Gly Pro Pro Ala Asp Lys Trp Arg
 210 215 220

Leu Cys Ser Val Gln Glu Val Glu Glu Val Lys Cys Leu Ile Arg Ile
 225 230 235 240

Val Pro Ile Trp Ser Ala Gly Ile Ile Ser Leu Ala Ala Met Thr Thr
 245 250 255

Gln Gly Thr Phe Thr Val Ser Gln Ala Leu Lys Met Asp Arg Asn Leu
 260 265 270

Gly Pro Lys Phe Glu Ile Pro Ala Gly Ser Leu Ser Val Ile Ser Leu
 275 280 285

Leu Thr Ile Gly Ile Phe Leu Pro Phe Tyr Asp Arg Val Phe Val Pro
 290 295 300

Phe Met Arg Arg Ile Thr Gly His Lys Ser Gly Ile Thr Leu Leu Gln
 305 310 315 320

Arg Ile Gly Thr Gly Ile Val Phe Thr Ile Phe Ser Met Ile Val Ala
 325 330 335

Gly Ile Val Glu Arg Met Arg Arg Ile Arg Ser Ile Asn Ala Gly Asp
 340 345 350

Pro Thr Gly Met Thr Pro Met Ser Val Phe Trp Leu Ser Pro Gln Leu
 355 360 365

Ile Leu Met Gly Leu Cys Glu Ala Phe Asn Ile Ile Gly Gln Ile Glu
 370 375 380

Phe	Phe	Asn	Ser	Gln	Phe	Pro	Glu	His	Met	Arg	Ser	Ile	Ala	Asn	Ser
385					390					395					400
Leu	Phe	Ser	Leu	Ser	Phe	Ala	Gly	Ser	Ser	Tyr	Leu	Ser	Ser	Phe	Leu
				405					410					415	
Val	Thr	Val	Val	His	Lys	Phe	Ser	Gly	Gly	His	Asp	Arg	Pro	Asp	Trp
			420					425					430		
Leu	Asn	Lys	Asn	Leu	Asn	Ala	Gly	Lys	Leu	Asp	Tyr	Phe	Tyr	Tyr	Leu
		435					440					445			
Ile	Ala	Val	Leu	Gly	Val	Val	Asn	Leu	Val	Tyr	Phe	Trp	Tyr	Cys	Ala
	450					455					460				
Arg	Gly	Tyr	Arg	Tyr	Lys	Val	Gly	Leu	Pro	Ile	Glu	Asp	Phe	Glu	Glu
465					470					475					480
Asp	Lys	Ser	Ser	Asp	Asp	Val	Glu	Met	Thr	Ser	Lys	Lys	Ser	Met	Glu
				485					490					495	

ФОРМУЛА ИЗОБРЕТЕНИЯ

1. Способ получения растения, который включает выращивание растительной клетки, содержащей экзогенную нуклеиновую кислоту, причем указанная экзогенная нуклеиновая кислота содержит регуляторную область, функционально связанную с нуклеотидной последовательностью, кодирующей полипептид, модулирующий уровень биомассы растения, последовательность которого на 85% или более идентична аминокислотной последовательности SEQ ID NO:209 или ее фрагменту, где полипептид или его фрагмент имеют модулирующую уровень биомассы активность, где растение, получаемое из указанной растительной клетки, имеет повышенный уровень биомассы по сравнению с соответствующим уровнем биомассы контрольного растения, которое не содержит указанной нуклеиновой кислоты.

2. Способ по п.1, где полипептид или его фрагмент на 90% или более идентичен остаткам 19-152 последовательности SEQ ID NO:209.

3. Способ получения растения, включающий выращивание растительной клетки, содержащей экзогенную нуклеиновую кислоту, причем указанная экзогенная нуклеиновая кислота содержит регуляторную область, функционально связанную с нуклеотидной последовательностью, которая на 80% или более идентична нуклеотидной последовательности SEQ ID NO:208 или ее фрагменту, кодирующей полипептид, модулирующий уровень биомассы, и имеющий аминокислотную последовательность SEQ ID NO:209 или ее фрагмент, где полипептид или его фрагмент имеют модулирующую уровень биомассы активность, и где растение, получаемое из указанной растительной клетки, имеет повышенный уровень биомассы по сравнению с соответствующим уровнем биомассы контрольного растения, которое не содержит указанной нуклеиновой кислоты.

4. Способ повышения уровня биомассы растения, включающий введение в растительную клетку экзогенной нуклеиновой кислоты, содержащей регуляторную область, функционально связанную с нуклеотидной последовательностью, кодирующей полипептид, модулирующий уровень биомассы, который на 85% или более

идентичен аминокислотной последовательности SEQ ID NO:209 или ее фрагменту, где полипептид или его фрагмент имеют модулирующую уровень биомассы активность, где растение, полученное из указанной растительной клетки, имеет повышенный уровень биомассы по сравнению с соответствующим уровнем биомассы контрольного растения, которое не содержит указанной нуклеиновой кислоты.

5. Способ по любому из пп.1, 3 или 4, где указанный полипептид представляет собой SEQ ID NO:209.

6. Способ повышения уровня биомассы у растения, включающий введение в растительную клетку экзогенной нуклеиновой кислоты, причем указанная экзогенная нуклеиновая кислота содержит регуляторную область, функционально связанную с нуклеотидной последовательностью, которая на 80% или более идентична нуклеотидной последовательности SEQ ID NO:208 или ее фрагменту, кодирующей полипептид, модулирующий уровень биомассы растения, и имеющий аминокислотную последовательность SEQ ID NO:209 или ее фрагмент, где полипептид или его фрагмент имеют модулирующую уровень биомассы активность, и где растение, полученное из указанной растительной клетки, имеет повышенный уровень биомассы растения по сравнению с соответствующим уровнем биомассы контрольного растения, которое не содержит указанной нуклеиновой кислоты.

7. Растительная клетка, включающая экзогенную нуклеиновую кислоту, содержащую регуляторную область, функционально связанную с нуклеотидной последовательностью, кодирующей полипептид, модулирующий уровень биомассы, который на 85% или более идентичен аминокислотной последовательности SEQ ID NO:209 или ее фрагменту, где полипептид или его фрагмент имеют модулирующую уровень биомассы активность, где растение, полученное из указанной растительной клетки, имеет повышенный уровень биомассы растения по сравнению с соответствующим уровнем биомассы контрольного растения, которое не содержит указанной нуклеиновой кислоты.

8. Растительная клетка, включающая экзогенную нуклеиновую кислоту, содержащую регуляторную область, функционально

связанную с нуклеотидной последовательностью, которая на 80% или более идентична нуклеотидной последовательности SEQ ID NO:208 или ее фрагменту, кодирующая полипептид, модулирующий уровень биомассы, и имеющий аминокислотную последовательность SEQ ID NO:209 или ее фрагмент, где полипептид или его фрагмент имеют модулирующую уровень биомассы активность, и где растение, полученное из указанной растительной клетки, имеет повышенный уровень биомассы растения по сравнению с соответствующим уровнем биомассы контрольного растения, которое не содержит указанной нуклеиновой кислоты.

9. Трансгенное растение, содержащее растительную клетку по п.7 или 8, где указанное растение имеет повышенный уровень биомассы по сравнению с соответствующим уровнем контрольного растения, которое не содержит указанную нуклеиновую кислоту.

10. Трансгенное растение по п.9, выбранное из группы, включающей *Panicum virgatum* (просо), *Sorghum bicolor* (сорго, суданская трава), *Miscanthus giganteus* (мискантус), *Saccharum* sp. (сахарный тростник), *Populus balsamifera* (тополь бальзамический), *Zea mays* (маис), *Glycine max* (соя), *Brassica napus* (канола), *Triticum aestivum* (пшеница), *Gossypium hirsutum* (хлопчатник обыкновенный), *Oryza sativa* (рис), *Helianthus annuus* (подсолнечник однолетний), *Medicago sativa* (люцерна), *Beta vulgaris* (сахарная свекла) или *Pennisetum glaucum* (просо африканское).

11. Трансгенное растение по п.9, содержащее полипептид имеющий аминокислотную последовательность SEQ ID NO:209.

12. Семя трансгенного растения по п.11.

13. Выделенная нуклеиновая кислота, содержащая нуклеотидную последовательность, которая на 85% или более идентична нуклеотидной последовательности SEQ ID NO:208 или ее фрагменту, кодирующей полипептид, модулирующий уровень биомассы растения, и имеющий аминокислотную последовательность SEQ ID NO:209 или ее фрагмент, где полипептид или его фрагмент имеют модулирующую уровень биомассы активность.

14. Выделенная нуклеиновая кислота, содержащая нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид,

модулирующий уровень биомассы растения, аминокислотная последовательность которого на 85% или более идентична аминокислотной последовательности SEQ ID NO:209 или ее фрагменту, где полипептид или его фрагмент имеют модулирующую уровень биомассы активность.

По доверенности

SEQ_ID_NO_567	MVRT	-----	-----	-	PERSY	-	SC	SSAKEVAYSC	GYCGYALNLS	31		
SEQ_ID_NO_569	MARA				LDRF	---	Y	TSGKDVAYSC	GYCGYALNLS	28		
SEQ_ID_NO_554	MDRSASVGI	K	DGGFGGN	HL	Y	SPSFS	---	SS	SSMRHVNYSC	GSCGYELNLS	47	
SEQ_ID_NO_556	MERSASVGVN		DGRFGGN	QFY		SPSFS	SSSS	SSMRHVNYSC	GSCGYELNLS	50		
SEQ_ID_NO_563	MENS	M-VLAH	E	---	TQ	---		SSRDVSYSC	GSCGYELNLS	39		
SEQ_ID_NO_560	MDDSA	EKRG			GH	---		SSQRDVCSYSC	GTGCGYELNLS	38		
SEQ_ID_NO_565	MDLSH	DIAK	V	---		---	---	DS	MPNKNSSPC	GSCGYELNLS	32	
SEQ_ID_NO_558	MEKSK	VGKG	A	Y	LNGN	---		PHHSFSSSS	ASQRHVSYSC	GSCGYELNLS	44	
SEQ_ID_NO_562	MEKSV	FVKD	V	Q	LNGN	---		LHHSF	SS	VSQRDVTYSC	GSCGYELNLS	43

SEQ_ID_NO_567	SSTRNTANI	G	SKYGK	Q	RKG	VI	SFFAI	DES	RFTQTDEVSC	MPYFHSRRSW	81								
SEQ_ID_NO_569	SSARNTANI	G	SKYGK	H	RKG	VVSFFAI	DES	RFTQTDEVSC	TPYFHS	SHSW	78								
SEQ_ID_NO_554	STNRI	TSSI	G	SKYGK	SMK	T	G	I	I	SFFNI	DEG	RFSQVDEFQC	MP	H	FSRYSW	96			
SEQ_ID_NO_556	STNRI	TSTI	G	SKYGK	SMK	S	G	I	I	SFFNI	DEG	RFSQVDEFQC	MP	H	FSRYSW	99			
SEQ_ID_NO_563	SSNRNT	K	NI	G	SKYGK	NI	KRG	VI	SFL	Q	VDES	RFT	L	V	DEFKC	I	PYF	SRHSW	89
SEQ_ID_NO_560	SSNRNT	ASI	G	SKYGK	SI	KRG	I	I	SFFSI	D	LS	RFT	Q	V	DEFQC	VP	H	DKHSW	87
SEQ_ID_NO_565	SSSRNT	ASI	G	SKYGK	SI	KKG	MI	SFL	SI	DES	RFT	Q	V	DEFKC	VP	FFF	SKRSW	82	
SEQ_ID_NO_558	SSNRNT	SSI	G	SKYGK	SI	KRG	I	I	SFF	F	DES	RFT	Q	V	DEFQC	LP	F	FSRNSW	93
SEQ_ID_NO_562	SSSRNT	ATI	G	SKYGK	I	KRG	MI	SFFNI	DET	RFT	Q	V	DEFQC	RP	Y	FSKHSW	92		

SEQ_ID_NO_567	GLFR	K	RTRL	I	CRKCGG	R	IGN	A	YEDED	---	STLY	DGSDDL	HMSSE	G	YS	M	126																					
SEQ_ID_NO_569	GF	FR	RTRL	LL	CRKCSG	H	IGN	A	YEDED	---	PTL	C	DGSDDL	DMSSK	G	SS	T	123																				
SEQ_ID_NO_554	GLFR	R	R	K	T	K	L	CRQC	NNY	IGN	AS	Y	D	K	A	P	E	Y	ALVTQNS	S	---	---	P	R	K	G	V	---	T	140								
SEQ_ID_NO_556	GLFR	R	R	T	K	L	L	CRKC	NNY	IGN	A	S	Q	E	K	A	P	E	Y	ALVTQNS	D	---	---	P	T	S	P	R	---	I	142							
SEQ_ID_NO_563	GLF	C	H	R	T	K	L	CRKCS	NH	VGN	A	Y	V	R	K	S	P	Y	PLVLD	E	S	D	S	A	P	A	T	A	T	D	137							
SEQ_ID_NO_560	GLF	R	R	R	T	K	L	CRKCG	N	H	IGN	A	Y	N	G	Y	T	S	S	PLVSD	G	A	E	---	---	S	S	P	S	K	---	V	131					
SEQ_ID_NO_565	GLF	Q	R	R	T	K	L	CRKCG	N	D	GI	A	Y	D	S	A	S	S	PLVAD	A	S	D	---	---	T	A	S	G	S	E	---	I	126					
SEQ_ID_NO_558	GLF	H	R	R	T	A	L	CRKCG	N	N	GI	A	Y	D	D	K	A	S	Y	PLVAD	G	S	D	---	---	S	S	S	V	S	E	---	V	137				
SEQ_ID_NO_562	GLF	R	R	R	T	K	L	CRKCG	N	H	GD	A	Y	D	D	K	S	S	G	P	H	V	L	D	G	S	D	---	---	S	S	S	G	T	E	---	P	136

SEQ_ID_NO_567	SSG	K	K	Y	V	I	K	I	NAL	Q	P	S	T	D	D	S	-	G	V	P	F	T	L	152		
SEQ_ID_NO_569	S	P	R	K	Y	V	I	K	NAL	Q	P	S	S	D	D	S	-	G	A	L	F	S	P	149		
SEQ_ID_NO_554	D	T	V	T	K	Y	D	I	R	RAL	Q	P	S	S	---	---	-	G	V	A	S	L	---	162		
SEQ_ID_NO_556	G	S	V	T	K	Y	D	I	R	RSL	Q	P	S	S	---	---	-	A	V	A	L	L	---	164		
SEQ_ID_NO_563	S	T	C	R	K	Y	D	I	R	RAL	Q	P	S	S	S	E	P	S	A	I	P	L	L	T	164	
SEQ_ID_NO_560	V	S	H	T	K	Y	D	I	R	CAL	Q	P	S	S	S	E	E	S	G	I	P	V	F	A	158	
SEQ_ID_NO_565	T	T	H	R	K	Y	N	I	K	RSL	Q	P	S	S	S	A	S	-	G	T	P	L	P	E	152	
SEQ_ID_NO_558	S	K	H	R	K	Y	D	V	K	RAL	Q	P	S	S	V	D	Q	F	S	T	P	I	H	T	164	
SEQ_ID_NO_562	S	N	H	R	K	Y	D	V	R	I	RAL	Q	P	S	T	A	E	G	L	G	S	P	L	F	A	163

ФИГ. 1

SEQ_ID_NO_263	MMLSHLF	7
SEQ_ID_NO_269	0
SEQ_ID_NO_264	0
SEQ_ID_NO_266	0
SEQ_ID_NO_268	0
SEQ_ID_NO_271	MDAGTARQLE	TIKVMSVVAV	SSVPLCLEKL	SAYLDEKRVA	VGKLGVDGQQ	50
SEQ_ID_NO_273	0

SEQ_ID_NO_263	MSLSKLTQNF	SIFSMFMACG	SLGMSQVRDT	PVKLFGMTIT	PVSHDP	...	53
SEQ_ID_NO_269	19
SEQ_ID_NO_264	22
SEQ_ID_NO_266	23
SEQ_ID_NO_268	24
SEQ_ID_NO_271	QQA KPGACVC	LDRSEKMMMA	ECQGGGGGDF	LIKLFGKTI	PVPETA	95
SEQ_ID_NO_273	28

SEQ_ID_NO_263	YSSSSHVLPD	63
SEQ_ID_NO_269	39
SEQ_ID_NO_264	54
SEQ_ID_NO_266	VSCAI NKHES	SSGTPVAPPE	PEEYCYTATT	CLHEKDKEEQ	EGNHRESSGE	73
SEQ_ID_NO_268	32
SEQ_ID_NO_271	95
SEQ_ID_NO_273AD	30

SEQ_ID_NO_263	SSSSSSSSSL	SLRPHMMNNQ	SMTDNTSLKL	SSNLNNEske	TSENSDDQHS	113
SEQ_ID_NO_269	RISEEKPCTD	QELDADQMNS	SSFNSSSECE	NLQTPSNDEM	TGSESKSEAA	88
SEQ_ID_NO_264	QEFEGKEEDG	TSRQTSEELK	DPTASPGVSE	NPETPSADKE	T-----SKDG	99
SEQ_ID_NO_266	EIANEKQEDV	TSCQITEDSK	DPTSSFGISE	NPKTPSVERE	TSSLKSSKDE	122
SEQ_ID_NO_268	MQQSGGSGSG	TIDPKGQEN	-----NVQD	STGSPFQQEV	ADTEDSSADK	75
SEQ_ID_NO_271	-----DA	KENPHPDSS	DPSPQPEVVD	A-EDPKSSPE	TTHQKPGQGN	135
SEQ_ID_NO_273	KESGSSI SSC	TESDTPENAS	EPSPQPEVMD	A-EDPKSSPE	T-----QPPP	74

ФИГ. 2 (1 из 4)

SEQ_ID_NO_263	EI T T L T S E E E	K T T E L K K P D K	I L P C P R C N S A	D T K F C Y Y N N Y	N V N Q P R H F C R	163
SEQ_ID_NO_269	Q T E G G G S S E E	K V - - L K K P D K	I L P C P R C N S M	D T K F C Y Y N N Y	N I N Q P R H F C K	136
SEQ_ID_NO_264	E Q S E I S G S Q E	K T - - L K K P D K	I L P C P R C N S M	D T K F C Y Y N N Y	N V N Q P R H F C K	147
SEQ_ID_NO_266	E Q R E T S I S Q E	K T - - L K K P D K	I L P C P R C N S M	D T K F C Y Y N N Y	N V N Q P R H F C K	170
SEQ_ID_NO_268	Q Q G E A G N P K E	K F - - L K K P D K	I L P C P R C N S M	D T K F C Y Y N N Y	N I N Q P R H F C K	122
SEQ_ID_NO_271	G S G D A A S Q R E	K - - - L K K P D K	V L P C P R C N S M	D T K F C Y F N N Y	N V N Q P R H F C K	182
SEQ_ID_NO_273	G A G D L A G Q R E	K - - - L K R P D K	V L P C P R C N S M	D T K F C Y F N N Y	N V N Q P R H F C K	121

SEQ_ID_NO_263	K C Q R Y W T A G G	S M R L V P V G S G	R R K N K G W V S S	D Q - - - - - Y	L H I T S E D T D N	206
SEQ_ID_NO_269	S C Q R Y W T A G G	S M R N L P V G A G	R R K S K S S T A N	Y R - - - - - S	I T G S N L A A	179
SEQ_ID_NO_264	N C Q R Y W T A G G	T M R N V P V G A G	R R K N K N S S A S	Q Y - - - - - P	L Q T A R A S A A N	190
SEQ_ID_NO_266	K C Q R Y W T A G G	T M R N V P V G A G	R R K N K S S S A S	H Y R H L M V S E A	L R T V Q V H A M N	220
SEQ_ID_NO_268	N C Q R Y W T A G G	A M R N V P V G A G	R R K S K S A S A T	S H - - - - - F	L Q R V R A G L P V	165
SEQ_ID_NO_271	N C Q R Y W T A G G	A M R N V P V G A G	R R K N K N A V A A	S H - - - - - F	L H R V G A A C - G	224
SEQ_ID_NO_273	N C Q R Y W T A G G	A M R N V P V G A G	R R K N K H A V A A	S H - - - - - F	L H R V R A A L P A	164

SEQ_ID_NO_263	Y N - - - - -	- - - - S S S T K I	L S F E S S D S L V	- - - - -	- - - - -	224
SEQ_ID_NO_269	P A G D A P L Y Q L	S I K G D Q T A T A	V K F A P D S P L C	N S M A S V L K I	G E Q S K N A - - -	225
SEQ_ID_NO_264	G I H H P A L - -	- - - - G N N G T V	L N F G S D A - - -	- - - - -	- - - - -	210
SEQ_ID_NO_266	G V H N P S F - - -	- - - - G N N T T V	L A F G S D S P L C	D S V A S V L N L	S E K T Q N S - - -	259
SEQ_ID_NO_268	- - - D P L V C A A	A - - - K T N G T V	L S F G - - - - -	- S A M - S S L D L	T E Q M K Q L K E K	201
SEQ_ID_NO_271	G G G D T L K - - -	- - - - T T N G T V	L S F G G H G G G C	V P P G P A C L D L	V E Q L S H H - - -	264
SEQ_ID_NO_273	A A G D P L - - - -	- - - - R A N A T V	L S F G G H G H G A	- P P A - A L Q D L	A E Q V T H L K E K	204

SEQ_ID_NO_263	- - - - -	- - - - - T E	R P K H Q S N E V K	- - - I N A E P V S	Q - - - - - E	245
SEQ_ID_NO_269	- - K P T S T A Q P	R N G E T Q T C P A	S G T - T S D S P R	N E P V N G A V S G	H - - - - - Q	264
SEQ_ID_NO_264	- - - - -	- - - - -	- - - - -	- - - E K G N I A G	L - - - - - E	219
SEQ_ID_NO_266	- - V R N E Y H R P	E H R I F V P C G G	A G S N G D D R S S	G S P A T A S D S S	E K G C N G N S R E	307
SEQ_ID_NO_268	L V P I - - - A G	D E R S V G S R T Q	G P S A K A E D P D	- - - R K E N V T A	D - - - - - K	236
SEQ_ID_NO_271	L A A P V I R N A G	N N P - - G P C S E	G S S N C R D D N K	T - - I N D R S C V	D - - - - - E	302
SEQ_ID_NO_273	L L V P A - R N A G	D P S P V G P C S E	G P S S T D D K A H	G G G I K E K P A V	D - - - - - R	245

ФИГ. 2 (2 из 4)

SEQ_ID_NO_263	PN--NFQGLL	PPQASPVSP	-----PW	PY	QY-----	PP	NPS-----	273
SEQ_ID_NO_269	NGI VGHSGVP	PMHPI PCFP	PPFVYPW	SP	AMNGI -	PAMA	PPVCTAPAE	312
SEQ_ID_NO_264	PVVKNFQAFS	PHV - PCFP	ASWSYPWN	PA	QWSSK---	IP	PPA-----	257
SEQ_ID_NO_266	AVNKDYQSEF	PQV - PCFP	P-----PW	PY	QWNSA---	LP	PP-----	340
SEQ_ID_NO_268	SA-----RV	VQH - PCMTN	-----GVAMM	--	PFSCAPP	VVP	ASAC-----	266
SEQ_ID_NO_271	AAAAANGDDGS	VQH - PASMN	NGGATVW	PP	PY-SC--	AP	SPAA-----	339
SEQ_ID_NO_273	PA-----NGA	PQL--PASMN	--GATVW	--	PYGGC--	AP	SPAA-----	274

SEQ_ID_NO_263	-----	-----	-----FYHMPV	-----	YWGCAL	--P-	VWSTL	291
SEQ_ID_NO_269	ANSSDNGSTA	SVQWSMPPVM	PVPGYFPV	IP	SS- -	VMPFIS	PMPNGAWSSP	360
SEQ_ID_NO_264	-----	-----	FCPPGF	PI S	----	YWGCTV	--P-	GSWNI P
SEQ_ID_NO_266	-----	-----	FYPGF	PVS	----	YWGCTV	--P-	SPWNVP
SEQ_ID_NO_268	-----	-----	YGP GSI	AI P	----	YWGCMV	--P-	GAWSGA
SEQ_ID_NO_271	-----	-----	YFSSGI	AI P	----	YWGCMV	--P-	GAWSLP
SEQ_ID_NO_273	-----	-----	YFSSGI	AI P	----	YWGCMV	PA P	GPWSLP

SEQ_ID_NO_263	-----	-----	-----	-----	-----	D	TSTCLGKRT	302
SEQ_ID_NO_269	MI-----	QP-----	-----	-----	-----	-----	SPVLGKHSR	392
SEQ_ID_NO_264	CL-----	PP-----	-----	-----	-----	-----	SPTLGKHAR	313
SEQ_ID_NO_266	PC-----	-----	-----	-----	-----	-----	PTSTLGKHSR	396
SEQ_ID_NO_268	WP-----	PHSGQSE	TGSSI TSASP	AASTKS--	N	-----	ICFTPGKHPR	334
SEQ_ID_NO_271	WPVQQPPSSQ	SQGPAAGLSS	STSPITTSAP	SVSSGAADS	HTLGLGKHPR	-----	HTLGLGKHPR	418
SEQ_ID_NO_273	WS-----	VQ-----	GLSLPTSAP	SLPSSGPD	DPD	-----	LTLGKHPR	336

SEQ_ID_NO_263	DET-----	-----	SHETVKE	SKNAFERTSL	LESQSI KNE	-----	TSMATNNHVW	342
SEQ_ID_NO_269	DSK-----	-----	PQGDDKA	EKNLWPKTL	RI D-----	D	PDEAAKSSI W	426
SEQ_ID_NO_264	DGE-----	-----	-----	-----	-----	-----	PNEAAKSSI W	332
SEQ_ID_NO_266	DGSI LHPAYL	KEP	SREGTKS	VKGVLPKTS	RI D-----	D	PSEAAKSSI W	440
SEQ_ID_NO_268	DRD-----	-----	EEGGAKG	NGKVWPKM	RI D-----	D	VDEVARSSI L	368
SEQ_ID_NO_271	DRE-----	-----	EGDDGR	NAKVWAPKI	RI D-----	D	VDEVARSSI W	451
SEQ_ID_NO_273	EGD-----	-----	EGRSAHG	GGKVWAPKI	RI D-----	D	ADEVARSSI W	370

ФИГ. 2 (3 из 4)

SEQ_ID_NO_263	YPMVMT-REK	TQ	-----	-----	EF	SFFSNGAE	T	KSSNNRF	VP	373				
SEQ_ID_NO_269	TTLGI EP GDR	S	-----	-----	MF	RSFQSKPE	S	REQ	----	IS	453			
SEQ_ID_NO_264	TTLGI K NDE	-----	GS	NGGS	-----	LL	KAFQSKGD	E	KKR	----	IA	362		
SEQ_ID_NO_266	ATLGI M-SEK	SN	-----	SI	NGGG	-----	LF	KGFQSKNE	D	KND	----	MA	473	
SEQ_ID_NO_268	SLI GI G- GDK	AG	---	KDGG	RGCK	---	LA	RVFEQNEE	AA	RTATPHS	AA	AI	409	
SEQ_ID_NO_271	SLI GI K- GDK	AKQ	QDD	AA	GGHK	QKQL	VG	MVFE	PKRE	A	TKKPAA	-	MM	496
SEQ_ID_NO_273	SLI GI K- GDR	KQDA	DHH	GA	AGHK	---	HG	TVFEQKRE	A	KKQP	---	AM	411	

SEQ_ID_NO_263	ETYLNLQANP	AAMARSMNFR	ESI	396
SEQ_ID_NO_269	GAARVLQANP	AALSRSSQSFQ	ETT	476
SEQ_ID_NO_264	EMSPVLQANP	AALSRSLNFH	ERA	385
SEQ_ID_NO_266	GRTSVLQANP	AALSRSLNFH	ENN	496
SEQ_ID_NO_268	SGLPFLQGNP	AALSRSLTFQ	EGS	432
SEQ_ID_NO_271	TSSPLLHANP	VALTRSVAFQ	EGS	519
SEQ_ID_NO_273	ASSPLLHTNP	VALTRSVTFQ	EGS	434

ФИГ. 2 (4 из 4)

SEQ_ID_NO_132	MMEKRELNSS	RGQRCMQNC	I LNKNAAGFF	- LALTLAI	-	38
SEQ_ID_NO_129	-----	-----	ELPNSML	- LALFLAI	-	15
SEQ_ID_NO_125	-----	-----	RLRDSAAMVA	- LVLAL	-	16
SEQ_ID_NO_127	-----	-----	GLRDSSMLLA	ALSLALAY	-	19
SEQ_ID_NO_131	-----	MTMGL	RVRDSSALLA	- LAVALAC	-	22
SEQ_ID_NO_121	MEFDKS	AKDCYQSLQR	SLAEMKFF	- LALVFM	-	33
SEQ_ID_NO_123	-----	-----	REVI SAFFF	- LMMFSYTGE	L DGSQASI	28
SEQ_ID_NO_120	-----	-----	RLVMSAL	- LCVLV	-	12
SEQ_ID_NO_122	-----	-----	RLVI SAAMCV	- LVLFSYAGE	ITSTLYA EFA	30
SEQ_ID_NO_117	-----	-----	RL-----LFS	- FFFFFFFM	-	13
SEQ_ID_NO_118	-----	-----	RLSLSGFFFF	- FFFFFFFSV	-	18

SEQ_ID_NO_132	-----	AFSPAAG	AYDPLDPNGN	TI KWDI VSW	TADGYVA AVT	74
SEQ_ID_NO_129	-----	TCSVAA	AYDPLDP TGN	TI KWDI QSW	TPDGYVAMVA	51
SEQ_ID_NO_125	-----	TCSVAV	GYDPLDPNGN	TI KWDVI SW	TPDGYVAMVT	52
SEQ_ID_NO_127	-----	CSVSVV	AYDPLDP RGN	TI KWDVI SW	TPDGYVAMVT	55
SEQ_ID_NO_131	-----	CSVAVV	AYDPLDPNGN	TI KWDVI SW	TPDGYVAMVT	58
SEQ_ID_NO_121	-----	LVPHAA	AYDPLDPNGN	TI KWDVMSW	TPDGYVATVT	69
SEQ_ID_NO_123	RFNFVPLVQF	SCS- VEVYAA	AYDPLDPNGN	TI KWDI MSW	TPDGYVAVVT	77
SEQ_ID_NO_120	-----	LFSCAV	AYDPLDPNGN	VTI KWDVMSW	TPDGYVAVVT	48
SEQ_ID_NO_122	SLSFTFHTRP	TDFLMFLIVA	AYDPLDPNGN	VTI KWDVSW	TPDGYVAVVT	80
SEQ_ID_NO_117	-----	LIFTAT	AYDPLDPNGN	TI KWDI MSW	TADGYVATVT	49
SEQ_ID_NO_118	-----	FLYCTS	AYDPLDPNGN	VTI KWDVMSW	TPDGYVAVVA	54

SEQ_ID_NO_132	MHNFQYRHI	PS	PGWTLGW	NWAKKEVI WA	VVGQTTEQG	DCSKWKAGSP	124
SEQ_ID_NO_129	MNNYQYRQ	MA	PGWTLGW	SWAKKEVI WS	I VGAQATEQG	DCSKFKGGI P	100
SEQ_ID_NO_125	MSNYQMYRHI	MA	PGWTVGW	SWAKKEVI WS	MVGAQATEQG	DCSKFKAGI P	101
SEQ_ID_NO_127	MSNYQMYRHI	MS	PGWTVGW	SWAKKEVI WS	I VGAQATEQG	DCSKFKGGI P	104
SEQ_ID_NO_131	MSNYQMYRHI	MA	PGWTLGW	SWAKKEVI WS	I VGAQATEQG	DCSKFKGGI P	107
SEQ_ID_NO_121	MSNFQMYRHI	IS	PGWTLGW	SWAKKEVL WS	MVGAQTTEQG	DCSKFKGNI P	118
SEQ_ID_NO_123	MHNFQMYRHI	IS	PGWTLGW	TWAKKEVI WS	MVGAQTTEQG	DCSKFKGNI P	126
SEQ_ID_NO_120	MHNFQMF RHI	MN	PGWTLGW	TWAKKEVI WS	MI GAQTTEQG	DCSKFKGNI P	97
SEQ_ID_NO_122	MSNFQMF RHI	MN	PGWTLGW	SWAKKEVI WS	MVGAQTTEQG	DCSKFKGNVP	129
SEQ_ID_NO_117	MNNFQI YRHI	QN	PGWTLGW	TWAKKEVI WS	MVGAQTTEQG	DCSKFKGNVP	98
SEQ_ID_NO_118	MNNFQMYRHI	PN	PGWTLGW	TWAKKEVI WS	MVGAQTTEQG	DCSKFKGNVP	103

ФИГ. 3 (1 из 4)

SEQ_ID_NO_132	H	C	C	K	D	P	T	V	V	D	L	L	P	G	V	P	Y	N	Q	Q	F	T	N	C	C	K	G	G	A	L	A	S	W	A	Q	D	P	P	N	S	V	A	S	F	Q	V	S	V	G	174
SEQ_ID_NO_129	H	C	C	K	H	T	P	S	V	D	L	L	P	G	V	P	Y	N	Q	Q	I	A	N	C	C	R	G	G	V	V	S	A	Y	G	Q	D	P	A	G	A	L	S	A	F	Q	V	S	V	G	150
SEQ_ID_NO_125	H	C	C	K	R	T	P	A	V	D	L	L	P	G	V	P	Y	N	Q	Q	I	A	N	C	C	K	A	G	V	V	A	A	Y	G	Q	D	P	A	A	A	V	S	A	F	Q	V	S	V	G	151
SEQ_ID_NO_127	H	C	C	K	R	T	P	A	V	D	L	L	P	G	V	P	Y	N	Q	Q	I	A	N	C	C	K	A	G	V	V	S	A	Y	G	Q	D	P	A	G	S	V	S	A	F	Q	V	S	V	G	154
SEQ_ID_NO_131	H	C	C	K	R	T	P	A	V	D	L	L	P	G	V	P	Y	N	Q	Q	I	A	N	C	C	K	A	G	V	V	S	A	Y	G	Q	D	P	A	G	S	V	S	A	F	Q	V	S	V	G	157
SEQ_ID_NO_121	H	C	C	K	T	P	T	V	V	D	L	L	P	G	V	P	Y	N	Q	Q	F	S	N	C	C	K	G	G	V	M	A	A	W	G	Q	D	P	T	A	S	V	S	A	F	Q	V	S	V	G	168
SEQ_ID_NO_123	H	C	C	K	T	P	T	V	V	D	L	L	P	G	V	P	Y	N	Q	Q	F	S	N	C	C	K	G	G	V	V	S	S	W	G	Q	D	P	A	A	S	V	S	A	F	Q	V	S	V	G	176
SEQ_ID_NO_120	H	C	C	K	L	P	T	V	V	D	L	L	P	G	V	P	Y	N	Q	Q	F	S	N	C	C	K	G	G	V	V	A	A	W	G	Q	D	P	S	Q	A	I	S	S	F	Q	V	S	V	G	147
SEQ_ID_NO_122	H	C	C	K	T	P	T	V	V	D	L	L	P	G	V	P	Y	N	Q	Q	F	S	N	C	C	K	G	G	V	V	A	A	W	G	Q	D	P	S	S	A	V	S	S	F	Q	V	S	I	G	179
SEQ_ID_NO_117	H	C	C	K	T	P	T	V	V	D	L	L	P	G	V	P	Y	N	Q	Q	F	S	N	C	C	K	G	G	V	I	G	A	W	G	Q	D	P	S	A	A	V	S	Q	F	Q	V	S	A	G	148
SEQ_ID_NO_118	H	C	C	K	T	P	T	L	V	D	L	L	P	G	V	P	Y	N	Q	Q	F	S	N	C	C	K	G	G	V	V	A	A	W	G	Q	D	P	S	A	S	V	S	Q	F	Q	V	S	V	G	153

SEQ_ID_NO_132	N	S	G	T	T	N	K	T	V	K	L	P	K	N	F	T	L	K	A	P	G	P	G	Y	T	C	G	P	A	K	I	V	K	S	S	L	F	E	S	T	D	R	R	R	T	T	Q	A	L	M	224
SEQ_ID_NO_129	L	A	G	T	T	N	K	T	V	K	L	P	K	N	F	T	L	M	G	P	G	L	G	Y	T	C	G	P	A	T	V	V	P	S	T	V	Y	W	S	A	D	H	R	R	K	T	Q	A	L	M	200
SEQ_ID_NO_125	L	A	G	T	T	N	K	T	V	K	L	P	R	N	F	T	L	Q	G	P	G	P	G	Y	T	C	G	P	A	R	I	I	P	S	T	V	Y	L	T	P	D	R	R	R	R	T	Q	A	L	M	201
SEQ_ID_NO_127	L	A	G	T	T	N	K	T	V	K	L	P	K	N	F	T	L	M	G	P	G	P	G	Y	T	C	G	P	A	T	V	V	P	S	T	V	Y	W	T	P	D	H	R	R	R	T	Q	A	L	M	204
SEQ_ID_NO_131	L	A	G	T	T	N	K	T	V	K	L	P	R	N	F	T	L	M	G	P	G	L	G	Y	T	C	G	P	A	A	V	V	P	S	T	V	Y	W	T	P	D	H	R	R	R	T	Q	A	L	M	207
SEQ_ID_NO_121	L	A	G	T	S	N	K	T	V	K	L	P	K	N	F	T	L	L	G	P	G	P	G	Y	T	C	G	P	A	K	V	V	P	S	T	V	F	L	T	P	D	R	R	R	K	T	Q	A	L	M	218
SEQ_ID_NO_123	L	A	G	T	S	N	K	T	V	K	L	P	K	N	F	T	L	L	G	P	G	P	G	Y	T	C	G	I	A	K	I	V	P	T	N	F	L	T	P	D	R	R	R	K	T	Q	A	L	M	226	
SEQ_ID_NO_120	Q	A	G	T	S	N	K	T	V	K	L	P	K	N	F	T	L	F	A	P	G	P	G	Y	T	C	G	P	A	K	I	V	P	S	T	N	F	L	T	P	D	K	R	R	K	T	Q	A	L	M	197
SEQ_ID_NO_122	L	A	G	T	S	N	K	T	V	K	L	P	K	N	F	T	L	L	G	P	G	P	G	Y	T	C	G	P	A	K	V	V	P	S	T	V	F	L	T	A	D	K	R	R	K	T	Q	A	L	M	229
SEQ_ID_NO_117	L	A	G	T	T	N	K	T	V	K	L	P	K	N	F	T	L	L	G	P	G	P	G	Y	T	C	G	P	A	K	I	V	P	S	T	V	F	L	T	T	D	K	R	R	K	T	Q	A	L	M	198
SEQ_ID_NO_118	L	A	G	T	S	N	K	T	V	K	L	P	K	N	F	T	L	L	G	P	G	L	G	Y	T	C	G	P	A	K	I	V	P	S	T	I	F	L	T	P	D	K	R	R	K	T	Q	A	L	M	203

SEQ_ID_NO_132	T	W	N	V	T	C	T	Y	S	Q	F	L	A	Q	K	S	S	T	C	C	V	S	L	S	S	F	Y	N	D	T	I	T	P	C	P	T	C	A	C	A	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	265
SEQ_ID_NO_129	T	W	T	V	T	C	T	Y	S	Q	Q	L	A	S	R	Y	P	T	C	C	V	S	F	S	S	F	Y	N	S	T	I	V	P	C	A	R	C	A	C	G	C	G	A	H	K	S	T	G	G	R	250
SEQ_ID_NO_125	T	W	A	L	T	C	T	Y	S	Q	Q	L	A	S	K	Y	P	S	C	C	V	S	F	S	S	F	Y	N	S	T	I	V	P	C	A	R	C	A	C	G	C	-	-	-	-	-	-	G	H	-	244
SEQ_ID_NO_127	T	W	T	V	T	C	T	Y	S	Q	Q	L	A	S	K	Y	P	S	C	C	V	S	F	S	S	F	Y	N	D	T	I	V	P	C	A	K	C	A	C	G	C	-	-	-	-	-	-	G	H	-	247
SEQ_ID_NO_131	T	W	T	V	T	C	T	Y	S	Q	Q	L	A	S	R	Y	P	S	C	C	V	S	F	S	S	F	Y	N	S	T	I	V	P	C	A	R	C	A	C	G	C	-	-	-	-	-	-	G	H	-	251
SEQ_ID_NO_121	T	W	N	V	T	C	T	Y	S	Q	F	L	A	S	K	N	P	T	C	C	V	S	F	S	S	F	Y	N	E	T	I	T	P	C	P	T	C	A	C	G	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	259
SEQ_ID_NO_123	T	W	N	V	T	C	T	Y	S	Q	L	R	A	R	K	N	P	S	C	C	V	S	F	S	S	F	Y	N	E	T	I	T	P	C	P	S	C	A	C	G	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	267
SEQ_ID_NO_120	T	W	N	V	T	C	T	Y	S	Q	F	L	A	R	K	N	P	S	C	C	V	S	L	S	S	F	Y	N	E	T	I	T	P	C	P	S	C	A	C	G	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	238
SEQ_ID_NO_122	T	W	N	V	T	C	T	Y	S	Q	F	L	A	R	K	N	P	G	C	C	V	S	L	S	S	F	Y	N	E	T	I	T	P	C	P	S	C	A	C	G	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	270
SEQ_ID_NO_117	T	W	N	V	T	C	T	Y	S	Q	F	L	A	R	K	H	P	S	C	C	V	S	F	S	S	F	Y	N	D	T	I	T	P	C	P	S	C	A	C	G	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	239
SEQ_ID_NO_118	T	W	N	V	T	C	T	Y	S	Q	F	L	A	R	K	H	P	S	C	C	V	S	F	S	S	F	Y	N	D	T	I	T	P	C	P	S	C	A	C	G	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	244

ФИГ. 3 (2 из 4)

SEQ_ID_NO_132	RNNVTQPSCV	HSDSPVLP	GPTNPLTNSL	QPPLLQCTRH	MCPVRVHWHV	315
SEQ_ID_NO_129	GGKSHSDGCI	AGDSKRALTP	GVNTPKKDG-	-AQLLQCTNH	MCPI RVHWHV	298
SEQ_ID_NO_125	GGHGAAGCI	AGDSKRALSP	GVNTPRKDG-	-QPLLQCTPH	MCPVRVHWHV	291
SEQ_ID_NO_127	GGHAGPGGCI	EGDSKRALSP	GVNTPRKDG-	-QALLQCTPH	MCPVRVHWHV	295
SEQ_ID_NO_131	GGHAGPGGCI	EGDSKRALSA	GVNTPRKDG-	-QALLQCTPH	MCPI RVHWHV	299
SEQ_ID_NO_121	---QNKNSCV	KSNSKESHKK	GI NTPKKDN-	-TPLLQCTHH	MCPI RVHWHV	304
SEQ_ID_NO_123	---QNKNNCV	QSDSKLLSMV	GI NTPRKDN-	-VPLLQCTHH	MCPVRVHWHL	312
SEQ_ID_NO_120	---QNKKHCV	KGNSKI L SMV	GVHTPKKDN-	-EPLLQCTHH	MCPI RVHWHV	283
SEQ_ID_NO_122	---QNKRNCI	KSDSKRI NMV	GI HTPKKDN-	-EPLLQCTHH	MCPI RVHWHV	315
SEQ_ID_NO_117	---ENKKSCV	KADSKI L TTK	GLNTPKKDN-	-TPLLQCTHH	MCPVRVHWHV	284
SEQ_ID_NO_118	---ESKKGCV	KSDSKI L SVK	GI NTPRKDN-	-APLLQCTHH	MCPVRVHWHV	289

SEQ_ID_NO_132	KLNYKDYWRV	KITVTNFNYR	MNYTDWTLVA	QHPNEPNVTQ	VFSFNYKPLT	365
SEQ_ID_NO_129	KLNYKDYWRA	KI AVTNFNYR	MNYTQWTLVA	QHPNLNNVTE	VFSFQYKPLL	348
SEQ_ID_NO_125	KLNYKDYWRA	KI AI TNFNYR	I NYTQWTLVA	QHPNLDNVTE	VFSFQYKPLL	341
SEQ_ID_NO_127	KLNYKDYWRA	KI AI TNFNYR	MNYTQWTLVA	QHPNLDNVTE	VFSFQYKPLL	345
SEQ_ID_NO_131	KLNYKDYWRA	KI AI TNYNYR	MNYTQWTLVA	QHPNLDNVTE	VFSFQYKPLQ	349
SEQ_ID_NO_121	KVNYRDYWRA	KVAVTNFNYR	MNYTEWTLVV	QHPNLNNVTQ	VFSFDYKPLV	354
SEQ_ID_NO_123	KI NYKDYWRV	KVSI TNFNYR	L NYTLWTLVV	QHPNLNNVTQ	VFSFDYKPLV	362
SEQ_ID_NO_120	KTNYKDYWRV	KVAI TNFNYR	MNHSLWTLAV	QHPNLNNTQ	VFSFNYKPLL	333
SEQ_ID_NO_122	KLNYMDYWRV	KVAVTNFNYR	MNYSLWTLAV	QHPNLNNVTQ	VFSFDYKPI L	365
SEQ_ID_NO_117	KTNYKDYWRV	KI AI TNFNYR	MNHTLWTLAI	QHPNLNNVTQ	VFSFDYKPV S	334
SEQ_ID_NO_118	KVNYKDYWRV	KI AVTNFNYR	MNFSLWTLAI	QHPNLNNVTQ	VFSFDYKPLV	339

SEQ_ID_NO_132	PYGSI NDTAM	FWGQKYYNDL	L MQAGPMGSV	QSELLLRKDK	QTFTFKQGWA	415
SEQ_ID_NO_129	PYGNI NDTGM	FYGLKLYNDL	L MEAGPFGNV	QSEVLMRKDD	ATFTFGQGWA	398
SEQ_ID_NO_125	PYGAI NDTGM	FYGLKFYNDL	L MEAGPFGNV	QSEVLMRKDA	RTFTFSQGWA	391
SEQ_ID_NO_127	PYGSI NDTGM	FYGLKFYNDF	L MEAGPFGNV	QSEVLMRKDA	RTFTFSQGWA	395
SEQ_ID_NO_131	PYGSI NDTGM	FYGLKFYNDF	L MEAGPFGNV	QSEVLMRKDA	RTFTFSMGWA	399
SEQ_ID_NO_121	PYESI NDTGM	FYGMKFYNDL	L MEAGPFGNV	QSEVLLQKDK	NTFSLKQGWA	404
SEQ_ID_NO_123	PYESI NDTGM	FYGMKFYNDQ	L MEAGPFGNV	QSEVLEQKDE	NSFTFKQGWA	411
SEQ_ID_NO_120	PYGSI NDTGM	FYGMKYFNDL	L MEAGPTGNV	QSELLLQKDK	DAFTFKQGWA	383
SEQ_ID_NO_122	PYESI NDTGM	FYGMKYFNDL	L MEAGPTGNV	QSEILLQKDK	DTFTLQKQWA	415
SEQ_ID_NO_117	PYGSI NDTGM	FYGTKFYNDL	L MEAGPSGNV	QSEVLLQKDK	KTFTFKQGWA	384
SEQ_ID_NO_118	PYESI NDTGM	FYGMKYYNDL	L MEAGPFGNV	QSEVLLQKDR	NTFTFKQGWA	389

ФИГ. 3 (3 из 4)

SEQ_ID_NO_132	FPRRLYFNGD	QCVMPSPDAY	PWLPSTAHPA	PAPPSLFAFI	LPLALALAV	465
SEQ_ID_NO_129	FPRKI YFNGD	ECKMPPDSY	PYLPNS - - -	- APPRSSIIT	AAASTCLVLL	443
SEQ_ID_NO_125	FPRKI YFNGD	ECKMPPDSY	PYLPNS - - -	- APAAAPVI	ATAASAFLLV	435
SEQ_ID_NO_127	FPRKI YFNGD	ECKMPPDSY	PYLPNA - - -	- APVAASQLV	VSAAASAFLL	440
SEQ_ID_NO_131	FPRKI YFNGD	ECKMPPDSY	PYLPNA - - -	- APVVASQLV	LSAAASAFLL	444
SEQ_ID_NO_121	FPRKVYFNGD	ECMLPPDPTY	PYLPNS - - -	- AYANPTSI	- LSMASLLL	447
SEQ_ID_NO_123	FPRKVYFNGD	ECMLPPDPTY	PFLPNS - - -	- AHQNLAF	- STEISSVIF	454
SEQ_ID_NO_120	FPRKVYFNGD	ECMLPPDPTY	PFLPNS - - -	- APASLLNF	- - PAFMLLLF	425
SEQ_ID_NO_122	FPRKVYFNGE	ECMLPPDPTY	PFLPNS - - -	- APVNLLNF	- - TFFLML	457
SEQ_ID_NO_117	FPRKVYFNGD	ECMLPPDSY	PFLPNS - - -	- AQGNFASF	- - SLTILLL	425
SEQ_ID_NO_118	FPRKVYFNGD	ECMLPPDPTY	PFLPNS - - -	- AHGNLSSLW	TLPALLLLL	434

SEQ_ID_NO_132	PSLFLP	471
SEQ_ID_NO_129	LLLLAA	449
SEQ_ID_NO_125	ALLLVA	441
SEQ_ID_NO_127	ALLLVA	446
SEQ_ID_NO_131	LLLLVA	450
SEQ_ID_NO_121	ILLSMG	453
SEQ_ID_NO_123	LLVTVW	460
SEQ_ID_NO_120	FLLAVW	431
SEQ_ID_NO_122	VMLALW	463
SEQ_ID_NO_117	LESIW	431
SEQ_ID_NO_118	LLISIW	440

ФИГ. 3 (4 из 4)

SEQ_ID_NO_10	GLLYRGGT--	-----GGR-	-----FPFQS-	----YPTA--	---APSAQQFF	154
SEQ_ID_NO_2	DLFHRAAAVT	AVAGGGMR--	-----FPFNG-	----YPVAP--	---RQPMHPYF	177
SEQ_ID_NO_1	DLFHRAAAVT	AVAGTGVR--	-----FPFRG-	----YPVA--	---RPATHPYF	166
SEQ_ID_NO_4	DLFHRAAAVT	AVSPGGMR--	-----FPFKG-	----YPVA--	---RPTPNPYF	173
SEQ_ID_NO_6	DLFHRAAAVN	AVTAGGMR--	-----FPFKG-	----YPVA--	---RPTPHQYF	172
SEQ_ID_NO_8	DLFHRAAAVN	AVSTGMR--	-----FPFKG-	----YPVA--	---CPTPQQYF	171
SEQ_ID_NO_14	TLNIPSHQ--	---HHHLR--	-----HGHPPT	GVLPFGGAW	SLAAEAHPVF	175
SEQ_ID_NO_15	DLTRRLGSLVA	ADGGDNCRRS	GEVGYPIFHQ	QPTVAV---	---LPNGQPVL	160
SEQ_ID_NO_13	NLSHPAAA--	---GQFSAVR--	-----YPAVGF	---VFPIA--	-----QPLF	151
SEQ_ID_NO_11	NLAPAAAA--	-----SAR--	-----FPFQHQ	FPVFTGA--	---VPAANQVL	149
SEQ_ID_NO_12	NLA-PAGA--	---GFAGSIR--	-----FPFQQP	FVAVFPGG--	---MPAAKQAL	169

SEQ_ID_NO_10	FLD-----AK	SATNNR----	-----	QLALC-PPM	FVACFQPPPA	183
SEQ_ID_NO_2	FYEQAAAAAA	AASGYR----	-----	ALKVA-QPV	TVAAV-----	206
SEQ_ID_NO_1	FYEQAAAAAA	AEAGYR----	-----	MMKLA-PPV	TVAAV-----	195
SEQ_ID_NO_4	FYEQAAAAAA	AAAGYR----	-----	MLKVAPPV	TVAAV-----	203
SEQ_ID_NO_6	FYEQAAAAAA	AAAGYR----	-----	MLKVAPPV	TVAAV-----	202
SEQ_ID_NO_8	FYEQAAAAAA	AASGYR----	-----	MLKVAPPV	TVAAV-----	201
SEQ_ID_NO_14	FFDAFSVQGE	SNNNNKNNI I	NNNKI HSKNI	NLCRLDRTVM	VSSG-----	219
SEQ_ID_NO_15	LFDSLWRAGV	VN-----R	-----	PQPYHVTM	GFNGV---NA	189
SEQ_ID_NO_13	FFEPFSRPEK	PKTHRD----	-----	MFDLDRAVA	DFHPA---IA	183
SEQ_ID_NO_11	YFDAVL RAGM	AGPRGF----	-----	AFGYNHHPV	AASEF---HA	181
SEQ_ID_NO_12	YLDAVL RASM	ASHGQF----	-----	GFGYNRPA	AAAG-----	198

SEQ_ID_NO_10	VAVQSDSDSS	SVV--DLHP	DYRSPPPQAK	AFPLAFDLNL	--PPPEEIV	227
SEQ_ID_NO_2	--ARSDSDSS	SVV--DLSP	---SPPAVTA	HKAVAFDLDL	NRPPPSSE-	246
SEQ_ID_NO_1	--AQSDSDSS	SVV--DLAP	---SPPAVTA	NKAAAFDLDL	NRPPPVEN-	235
SEQ_ID_NO_4	--AQSDSDSS	SVV--DRTP	---SPPAVAA	KKEVSFDL DL	NWPPPAEN-	243
SEQ_ID_NO_6	--AQSDSDSS	SVV--DHTP	---SPPAVTA	KKEVGFELDL	NWPPPAEN-	242
SEQ_ID_NO_8	--AQSDSDSS	SVV--DHSP	---SPPAVTE	NKLVGFELDL	NWPPPAEN-	240
SEQ_ID_NO_14	--VHSDSDSS	SVVVDYDHR	---SPF---C	NKGLSLDL DL	NFPPAEVA-	258
SEQ_ID_NO_15	GVGPTVSDSS	SAV---EENQ	-----Y	DGKRGIDL DL	NLAPPMEF-	225
SEQ_ID_NO_13	GSVHSDSDSS	SVV--DFNY	---HD-----	RSTRLLNL DL	NHPPAEVA-	220
SEQ_ID_NO_11	--TTSDSDSS	SVI--DLNH	---NEGEMKG	NGSRIFDL DL	NHPPPH EIA	222
SEQ_ID_NO_12	--AQSDSDSS	SVI--DLNQ	---NEGDMVK	NNGRGLVLDL	NEPPQEMA	239

ФИГ. 4 (2 из 2)

SEQ_ID_NO_660	- MSLPSARLC	TVPATRNLS	SVSFSTATSL	- - - - LPKVS	VLRGASVSL	43
SEQ_ID_NO_653	MAASP	- - - - AAGAAAT	VSSFVSPSSF	SSVKASKPDR	LRPARAAAV	43
SEQ_ID_NO_655	MAAAPASSAA	AMAAAPAITA	SSSFVSSSPC	- SLRMSKTSP	RRPTGRVSHK	49
SEQ_ID_NO_657	MAAAP	- - - - AGAPAITA	SSSFLASPPF	- ALKASTSH	RRPAGRVSVN	42
SEQ_ID_NO_659	MAAAP	- - - - AGAPAITA	SSSFVSSSPF	- CLKASMTSQ	RRPAGRVSIV	42
SEQ_ID_NO_652	MYSLM	- - - - SSPSI SSS	SSSFLGQTHF	- DSRFNPNAC	LPPTKDSM	39
SEQ_ID_NO_651	MSSTH	- - - - QLVSSMI SSS	SSTFLAPSNF	- NLRTNRNAC	LPMAKRVTNT	42
SEQ_ID_NO_649	MSPTQ	- - - - LLSTSISSSS	SAFLAAPAF	- KARLNQNVSI	IASKTPSI	41
SEQ_ID_NO_645	MSITH	- - - - SLTTPSSS	SSAFLAPSSF	- NCRGQVSLP	V - - - KSVSI	39
SEQ_ID_NO_647	MSLMN	- - - - NLSTSMI SSS	SSTFLAPTSF	- NSSRTQSVS	VPLKSI NI	42

SEQ_ID_NO_660	- I RCI AEP LA	EKTTYTTSVN	RNANI AKLQA	GYL FPEI ARR	RNAHI QRYPD	91
SEQ_ID_NO_653	NVRCVSSPPA	TETSFKTKVP	RNANMAKLQA	GYL FPEI ARR	RAAHL LKFPD	93
SEQ_ID_NO_655	- I SCVSSPPA	AETSYKTSVP	RNANMAKLQA	GYL FPEI ARR	RAAHL LKFPD	98
SEQ_ID_NO_657	- I RCVSSPPA	VDTSYKTNVP	RNANMAKLQA	GYL FPEI ARR	RAAHL LKYPD	91
SEQ_ID_NO_659	- I RCVSSPPA	VDTSFKTNVP	RNANMAKLQA	GYL FPEI ARR	RAAHL LKFPD	91
SEQ_ID_NO_652	- CKCVATPST	EITTAHTTKVS	RNANMAKLQA	GYL FPEI ARR	SAHML KYPD	88
SEQ_ID_NO_651	- CKCVATP Q	EKL EYKTKVS	RNSNMSKLQA	GYL FPEI ARR	SAHML KYPD	90
SEQ_ID_NO_649	- CTC A A A P Q E	QKT V Y K T Q V S	RNANI AKLQA	GYL FPEVARR	RNAHML KYPD	90
SEQ_ID_NO_645	- CKCVATP E	AETAYKT GVN	RNPNM GKLQA	GYL FPEI ARR	SAHML KYPD	87
SEQ_ID_NO_647	- VKCVATPQE	QQA Y K T K V S	RNANI AKLQA	GYL FPEVARR	RAAHL LKYPN	91

SEQ_ID_NO_660	AKVI SLGI GD	TTEPIPTVIT	GAMEARARAL	STLEGYSGYG	AEQGEKPLRA	141
SEQ_ID_NO_653	AKI I SLGI GD	TTEPI PDVIT	NAMAKRAHAL	STVDGYSGYG	AEQGEKKLRA	143
SEQ_ID_NO_655	AKI I SLGI GD	TTEPI PDVIT	NAMAERAHAL	STI DGYSYG	AEQGEKKLRS	148
SEQ_ID_NO_657	AKI I SLGI GD	TTEPI PNVIT	NAMAERAL	STI DGYSYG	AEQGEKKLRA	141
SEQ_ID_NO_659	AKI I SLGI GD	TTEPI PNVIT	NAMAERAHAL	STI DGYSYG	AEQGEKKLRA	141
SEQ_ID_NO_652	AQVI SLGI GD	TTEPI PEVIT	SGMAKKAHAL	STLEGYSGYG	AEQGEKQLRA	138
SEQ_ID_NO_651	AQVI SLGI GD	TTEPI PEVIT	SAMAKKAHEL	STI EGYSGYG	AEQGA KPLRA	140
SEQ_ID_NO_649	AKVI SLGI GD	TTEPI PEVIT	SAI AKRAEAL	STLEGYSGYG	PEQGEKPLRT	140
SEQ_ID_NO_645	AKVI SLGI GD	TTEPI PEVIT	DAMSKRSHAL	STI EGYSGYG	AEQGEKPLRR	137
SEQ_ID_NO_647	AQVI SLGI GD	TTEPI PDVIT	SAMAKRSHAL	STLEGYSGYG	AEQGEKALRA	141

ФИГ. 5 (1 из 4)

SEQ_ID_NO_660	GI GAAFYADL	GI DETEI FVS	DGAKCDI TRL	QLVFGPNVTM	AAQDPSYPAY	191
SEQ_ID_NO_653	AI AATYYADL	GI EETDI FVS	DGAKCDI SRL	QVLFGSNVKI	AVQDPSYPAY	193
SEQ_ID_NO_655	AI AATYYMDL	GI ESDDI FVS	DGAKCDI SRL	QVLFGSNVTI	AVQDPSYPAY	198
SEQ_ID_NO_657	AI AATYYADL	GI ESDDI FVS	DGAKCDI SRL	QVLFGSNVTI	AVQDPSYPAY	191
SEQ_ID_NO_659	AI AATYYADL	GI ESDDI FVS	DGAKCDI SRL	QVLFGSNVTI	AVQDPSYPAY	191
SEQ_ID_NO_652	AI ASTFYGDL	SI EESDI FVS	DGAKSDI SRL	QVMFGSNVTM	AVQDPSYPAY	188
SEQ_ID_NO_651	AI AKTFYGGI	GI GDDDV FVS	DGAKCDI SRL	QVMFGSNVTI	AVQDPSYPAY	190
SEQ_ID_NO_649	AI ASTFYSGL	GI EEDDI FVS	DGAKCDI SRL	QVMFGANVTM	AVQDPSYPAY	190
SEQ_ID_NO_645	ALASTFYSDL	GI EEDDI FVS	DGAKCDI SRL	QI VFGSNVKM	AVQDPSYPAY	187
SEQ_ID_NO_647	ALASTFYRNL	GI EDDDI FVS	DGAKCDI SRL	QV VFGSNVTM	AVQDPSYPAY	191

SEQ_ID_NO_660	VDT SVMMGQT	GLFQSDSQY	SKI QYMKCTP	ENDFFPDLSS	TPRTDI I FFC	241
SEQ_ID_NO_653	VDSSVI MGQT	GLYQEDVQKY	GNI EYMKCSP	ENGFFPDLSS	VPRTDI I FFC	243
SEQ_ID_NO_655	VDSSVI MSQT	GLYQQDVQKY	GNI EYMRCNP	ENGFFPDLST	VPRTDI I FFC	248
SEQ_ID_NO_657	VDSSVI MGQT	DL YQQDVQKY	GNI QYMRCS P	ENGFFPDLST	I PRTDI I FFC	241
SEQ_ID_NO_659	VDSSVI MGQT	DL YQQDVQKY	GNI EYMRCS P	ENGFFPDLST	VPRTDI I FFC	241
SEQ_ID_NO_652	VDSSVI LGQT	GQFQKDVEKY	GNI EYMKCNP	ENGFFPDLST	VSRTDI I FFC	238
SEQ_ID_NO_651	VDSSVI MGQT	GQFNTDVQKY	GNI EYMRCTP	ENGFFPDLST	VGRTDI I FFC	240
SEQ_ID_NO_649	VDSSVI MGQT	GQFQKDVEKY	GKI EYMRCTP	ENGFFPDL SK	VSRTDI I FFC	240
SEQ_ID_NO_645	VDSSVI MGQT	GLFQKNVEKF	ANI EYMRCNP	ENGFFPDLSS	ISRPDI I FFC	237
SEQ_ID_NO_647	VDSSVI MGQT	GQFQKDVEKY	GNI EYMRCTP	ENGFFPDL SK	VARTDI I FFC	241

SEQ_ID_NO_660	SPNNPTGASA	SRKQLEELVA	FAKKNCSI I V	YDSAYAI YTS	DDSPKSI YEI	291
SEQ_ID_NO_653	SPNNPTGAAA	SRDQLTKLVK	FAKDNGSI I V	YDSAYAMYI S	DDSPKSI FEI	293
SEQ_ID_NO_655	SPNNPTGAAA	SRDQLTRLVK	FAKDNGSI I V	YDSAYAMYI S	DDSPKSI FEI	298
SEQ_ID_NO_657	SPNNPTGAAA	SRDQLTKLVK	FAKDNGSI I V	YDSAYAMYI S	DDSPKSI FEI	291
SEQ_ID_NO_659	SPNNPTGAAA	SRDQLTKLVK	FAKDNGSI I V	YDSAYAMYI S	DDSPKSI FEI	291
SEQ_ID_NO_652	SPY NPTGNAA	TREQLTRLVQ	FAKDNGSI LV	YDSGYAMYI S	DDSPRSI FEI	288
SEQ_ID_NO_651	SPNNPTGAAA	TREQLTQLVE	FAKKNCSI I V	YDSAYAMYMS	DDNPRSI FEI	290
SEQ_ID_NO_649	SPNNPTGSAA	TREQLTQLVQ	FAKDNGSI I V	YDSAYAMYMS	DDNPRSI FEI	290
SEQ_ID_NO_645	SPNNPTGAVAA	TREQLTQLVQ	FAKDNGSI VI	HDSAYAMYI S	GDNPRSI FEI	287
SEQ_ID_NO_647	SPNNPTGAAA	TREQLTRLVK	FAKDNGSI I V	YDSAYAMYMS	DDNPRSI FEI	291

ФИГ. 5 (2 из 4)

SEQ_ID_NO_660	PGAKECAI ET	ASFSKYAGFT	GVRLGWTVVP	KALKFADGHP	VHTDFNRVMT	341
SEQ_ID_NO_653	PGAKEVAI ET	ASFSKYAGFT	GVRLGWTVVP	KELLFSDGHP	VAKDFNRI VC	343
SEQ_ID_NO_655	PGAREVAI ET	ASFSKYAGFT	GVRLGWTVVP	KELLFSDGHP	VAKDFNRI VC	348
SEQ_ID_NO_657	PGAKEVALET	ASFSKYAGFT	GVRLGWTVVP	KELLFSDGHP	VAKDFNRI VC	341
SEQ_ID_NO_659	PGAKEVAI ET	ASFSKYAGFT	GVRXGWTVVP	KELLFSDGHP	VAKDFNRI VC	341
SEQ_ID_NO_652	PGAKEVAI EV	SSFSKYAGFT	GVRLGWTVVP	KELLYSDGFP	VAKDFNRI EC	338
SEQ_ID_NO_651	PGAEVAMET	ASFSKYAGFT	GVRLGWTVI P	KKLLYSDGFP	VAKDFNRI IC	340
SEQ_ID_NO_649	PGAKEVALET	SSFSKYAGFT	GVRLGWTVVP	KQLLYSDGFP	VAKDFNRVVC	340
SEQ_ID_NO_645	PGAKEVAI ET	SSFSKYAGFT	GVRLGWTVVP	KQLLFSDGFP	VAKDFNRI VC	337
SEQ_ID_NO_647	PGAKEVAI ET	ASFSKYAGFT	GVRLGWTVI P	KQLLFSDGFP	VAKDFNRI VC	341

SEQ_ID_NO_660	TFCNGASNVA	QAGGLACVSS	EGLKAMHETV	KFYKENTKIL	VETFEISLGFK	391
SEQ_ID_NO_653	TFCNGASNI S	QAGGLGCL SP	EGLKAMSDVV	GFYKENTKI I	VDTFTSLGFN	393
SEQ_ID_NO_655	TFCNGASNI A	QAGGLACL SP	EGLKAMHDVV	GFYKENTEI I	VDTFTSLGFN	398
SEQ_ID_NO_657	TFCNGASNI S	QAGGLACL SP	EGLKAMHDVV	GFYKENTEI I	VDTFTSLGFN	391
SEQ_ID_NO_659	TFCNGASNI A	QAGGLACL SP	DGLKAMQDVV	GFYKENTEI X	VETXISLGFN	391
SEQ_ID_NO_652	TFNAASNI S	QASGLACL SP	EGL EAMHKL V	GFYKENTNI I	METFTSLGFS	388
SEQ_ID_NO_651	TFCNGASNI S	QAGALACL TP	EGL EAMHKVI	GFYKENTNI I	IDTFTSLGYD	390
SEQ_ID_NO_649	TSFNGASNI C	QAGGRAACL SP	EGLKAMSEVI	GFYKENSNI I	MDTFNSLGFN	390
SEQ_ID_NO_645	TFCNGASNI S	QAGGLACL SP	EGLKAMRDVI	GFYKENTNI I	METFDISLGFK	387
SEQ_ID_NO_647	TFCNGASNI A	QAGGLACL SS	EGL EAMQEVI	GFYKENTKI I	VETFNSLGFK	391

SEQ_ID_NO_660	TFGGKNAPYV	WQFPGKSSW	DVFSEI LEQT	HIVTTPGSGF	GPGGEGFI RA	441
SEQ_ID_NO_653	VYGAKNAPYV	WHFPGRNSW	DVFAEI LEKA	HVVTTTPGSGF	GPGGEGFVRV	443
SEQ_ID_NO_655	VYGAKNAPYV	WHFPGRNSW	DVFAEI LEKA	NVTTTPGSGF	GPGGEGFVRV	448
SEQ_ID_NO_657	VYGAKNAPYV	WHFPGRNSW	DVFAEI LEKA	NVTTTPGSGF	GPGGEGFVRV	441
SEQ_ID_NO_659	VYGAKNAPYV	WHFPGRNSW	DVFAEI LEKA	NVTTTPGTGF	GPGGEGFVRV	441
SEQ_ID_NO_652	VYGGKNAPYV	WHFPGQSSW	DVFSEI LEKT	HVVTTTPGSGF	GPAGDGFIRV	438
SEQ_ID_NO_651	VYGGKNAPYV	WHFPNQSSW	DVFAEI LEKT	HVVTTTPGSGF	GPGGEGFVRV	440
SEQ_ID_NO_649	VYGGKNAPYV	WHFPGQSSW	DVFSEI LEKT	HVVTTTPGSGF	GPGGEGFVRV	440
SEQ_ID_NO_645	VYGGKDAPYV	WHFPGRSSW	DVFAEI LEKT	HVVTTTPGSGF	GPGGEGFIRV	437
SEQ_ID_NO_647	VYGGKNAPYV	WHFPGRSSW	DVFSEI LEKT	HIVTTPGSGF	GPGGEGFIRV	441

ФИГ. 5 (3 из 4)

SEQ_ID_NO_660	SAFGHRENI L	EASRRRLKEMF	GSKK	465
SEQ_ID_NO_653	SAFGHRENI I	EAARRLKQLY	K - -	464
SEQ_ID_NO_655	SAFGHRENI I	EAARRLKQLY	K - -	469
SEQ_ID_NO_657	SAFGHRDNI I	EAARRLKQLY	K - -	462
SEQ_ID_NO_659	SAFGHRENI I	EAARRXKQLY	K - -	462
SEQ_ID_NO_652	CAFSTRGNVL	EACKRFKRLY	K - -	459
SEQ_ID_NO_651	SAFGHRENI L	EACRRFKQLY	K - -	461
SEQ_ID_NO_649	SAFGHRENVL	EACRRFKQLY	N - -	461
SEQ_ID_NO_645	SAFGHRENVL	EACRRFKQLY	K - -	458
SEQ_ID_NO_647	SAFGHRENVL	EACRRFKQLY	N - -	462

ФИГ. 5 (4 из 4)

SEQ_ID_NO_257
SEQ_ID_NO_253
SEQ_ID_NO_255

MAF	GVR	LC	CLLLVFA	MTS	S	ARNT	SFS	DNE	MA	LA	KG	RSL	K	TL	NDY	48	
MTF	VVRL	LV	CLLLTL	TITS	SL	ARNP	VSVS	GGF	ENS	GF	QR	SL	L	MVN	VEDY	49	
MSFV	VLRL	AV	FLLLTL	VTY	S	-	-	SP	S	S	V	VPV	V	K	GI	ER	47

SEQ_ID_NO_257
SEQ_ID_NO_253
SEQ_ID_NO_255

GDPI	ANR	GH	PSQR	NKN	WG	SGG	GR	K	G	75		
GDPS	ANP	KHD	PGV	PP	SAT	GQ	RV	VGR	G	75		
DGPS	ANP	KHN	PGT	PP	V	T	S	Q	RSP	GR	G	73

ФИГ. 6

SEQ_ID_NO_334	MASLSMT	SS	SMRAQWT	KKQ	NKLFEQALAV	YDKDTPDRWH	NIARAVGG	K	48
SEQ_ID_NO_336	MASMSLS	--	SSRAQWT	AKQ	NKLFEQALAV	YDRDTPDRWH	NIARAVGG	K	46
SEQ_ID_NO_327	MASSSMS	-S	QSSGSWT	AKQ	NKAFEQALAV	YDQDTPNRWQ	NVAKVGG	K	47
SEQ_ID_NO_332	MSSMS	SQ-H	GSSGSWT	AKQ	NKAFEKALAV	YDKETFD	RVWS	NVAKAVGG	K
SEQ_ID_NO_329	MASSSI	--	-ASGSWS	VKD	NKAFEKALAV	YDKDTPDRWY	NVAHAVGG	K	45
SEQ_ID_NO_337	MASSSMS	--	-ASGSWS	VKE	NKAFERALAV	YDKDTPDRWY	NVAHAVGG	K	45
SEQ_ID_NO_326	-MSSSY	QASR	NSRSAWT	PRE	NKLFEKALAL	FDKDTPDRWQ	NIKAVGG	VK	49
SEQ_ID_NO_331	-MASSIT	LSR	DSNSY	WTPKQ	NKLFERALAV	YDKDTPDRWQ	KVA	AVGE-K	48
SEQ_ID_NO_323	MASSSL	SKQK	ASD	SSWTPKQ	NKLFEKALAK	YDKDTPDRWQ	NVAKAVGG	K	49
SEQ_ID_NO_324	MASGSR	---	-GSGL	WTSKQ	NKLFEKALAL	YDKDTPDRWQ	NVAKAVGG	K	45

SEQ_ID_NO_334	SAEEVRRYYE	MLEEDVKHIE	SGKVPLPAYR	CPGGAGAGAL	GYEADRMKHL	98		
SEQ_ID_NO_336	SADEVRRYYE	LLVKDLEHIE	AGKVA	FPAYR	CPGGYD	---	DADSDRLKHL	92
SEQ_ID_NO_327	TTEEVKRHYE	LLVQDINSIE	NGHVFPNYR	TSGGCTNGRL	SQEEKRMRNM	97		
SEQ_ID_NO_332	TAEVKRHYE	ILLRDVFFID	NGM	VFPKYK	TTGGSHNSTS	D	-----	88
SEQ_ID_NO_329	TPEEVKRHYE	LLVQDVKHIE	SGRVFPNYK	KT	TSGST	---	DQEEKRLRNL	92
SEQ_ID_NO_337	TPEEVKKHYE	LLVEDIKHIE	SGKVFPNYK	K	SVSH	---	-EEKRMRNM	89
SEQ_ID_NO_326	SAEEVKKHYE	ILLIEDLQHIE	SGRIPIPKYK	SSGSCNNT	--	NEEESEV	NKN	97
SEQ_ID_NO_331	SVTEVRRHYE	ILLVRDLMYIE	SGQ	PIPKYK	STGSN	RR	---	85
SEQ_ID_NO_323	SADEVKRHYE	ILLLEDLRHIE	SGHVPLPKYK	STGSSTNV	--	EEEEERLLKYL	97	
SEQ_ID_NO_324	SAEEVKRHYE	ILLIEDLKHIE	SGHVPIPNYK	STGSNSI	G	-	DQEQRLCLKI	93

SEQ_ID_NO_334	KI	-----	-----	-----	100
SEQ_ID_NO_336	T	-----	-----	-----	93
SEQ_ID_NO_327	RLQ	-----	-----	-----	100
SEQ_ID_NO_332		-----	-----	-----	88
SEQ_ID_NO_329	NLNLQ	-----	-----	-----	97
SEQ_ID_NO_337	SLH	-----	-----	-----	92
SEQ_ID_NO_326	KLQMATGNLH	IDL	RVLQDF	MAGCNQH	124
SEQ_ID_NO_331		-----	-----	-----	85
SEQ_ID_NO_323	KLN	-----	-----	-----	100
SEQ_ID_NO_324	KLQ	-----	-----	-----	96

ФИГ. 7

SEQ_ID_NO_630	-----	- MQSKHYMVV	HGMSHGAWCW	YKLKPLLESA	GHRVTALDMG	39
SEQ_ID_NO_595	-----	MSE EKRKQHFVLV	HGACHGAWCW	YKVKPLLEAL	GHRVTALDLA	43
SEQ_ID_NO_615	MNYGEGRGDG	SNKKHILV	HGACHGAWSW	HKVTTQLRSA	GYQVTVPLDA	50
SEQ_ID_NO_623	-----	MHSAAN AKQQKHFVLV	HGGCGAWW	YKLKPLLESA	GHKVTAVDLS	46
SEQ_ID_NO_642	-----	MEVMKHFVTV	HGVGHGAWWY	YKLKPRI EAA	GHRCTAVNLA	40
SEQ_ID_NO_611	-----	MSPTKHFVAV	HGVGHGAWWY	YKLKPRI EAA	GFKETAIDL	40
SEQ_ID_NO_605	-----	MEEVV GMEEKHFVLV	HGVNHGAWCW	YKLKARLVAG	GHRVTAVDLA	45
SEQ_ID_NO_620	-----	MKEGKHFVLV	HGACHGGWSW	YKLKPLLEAA	GHKVTALDLA	40
SEQ_ID_NO_632	-----	MEAN KKGKHFVLV	HGAGHGAWCW	YKLKPLLEAA	GHKVTALDLA	44
SEQ_ID_NO_622	-----	MVE TKNQKHFVLV	HGACHGAWCW	QKFKTLLESA	SNRVTVLDLA	43
SEQ_ID_NO_616	-----	MEVD RKQGRHFVLV	HGACHGAWSW	YKVKPRL EAA	GHRVTALDMA	44

SEQ_ID_NO_630	ASGVN- MRPV	EELRSFRDYN	APLLSFMSSL	PEDDKVVLVG	HSLGGI NI AF	88
SEQ_ID_NO_595	ASGI DT TRSI	TDI STCEQYS	EPLMQLMTSL	PNDEKVVLVG	HSFGGL SLAL	93
SEQ_ID_NO_615	ASGVD- ERRE	QDLRSFI HYS	QPLLDI LAQL	PPGERVI LVG	HSLGGL NI AL	99
SEQ_ID_NO_623	AAGI N- PRRL	DEI HTFRDYS	EPLMEVMASI	PPDEKVLLG	HSFGGMSLGL	95
SEQ_ID_NO_642	ASGI N- EKKL	EEVRSI DYA	APLLEVLDSV	PENEKVI LVG	HSGGGMTAAV	89
SEQ_ID_NO_611	AAGVN- PKKL	EEVNSLEEYC	GPLEFDVLA AV	PEGEKVI LVG	HSGGGL SA AV	89
SEQ_ID_NO_605	ASGI N- MKRI	EDVHTFHAYS	EPLMEVLA SL	PAEEKVI LVG	HSLGGVTLAL	94
SEQ_ID_NO_620	ASGI D- LRKI	EELRTL YDYT	LPLMELMESL	SADEKVI LVG	HSLGGMNLGL	89
SEQ_ID_NO_632	ASGI D- LRKI	EQLHTLHDYT	LPLLELMESL	PQEEKAI LVG	HSLGGMNLAL	93
SEQ_ID_NO_622	ASGAN- MKAI	QDVEITLDEYT	EPLLEFLASL	QPKKVI LVG	HSLGGL SLAL	92
SEQ_ID_NO_616	ASGI N- RKQI	QEVHSMHEYS	QPLLEMMATL	PPNEKVI LVG	HSLGGLNLAV	93

SEQ_ID_NO_630	AMEEFPEKVS	AAVFVAALVP	DTV NKPSFEL	DEL FKKI- GA	ANGWLD CQFS	137
SEQ_ID_NO_595	AMDKFPDKI S	VSVFVTA FMP	DTKHSPS FVE	EKFASS- - MT	PEGWMSGSELE	141
SEQ_ID_NO_615	AMDRFPEKI A	AAVFVTALMP	DSVNP PPSYVM	DKL KKE- - KT	MLFMSDTQFG	147
SEQ_ID_NO_623	AME TYP EKI S	VAVFMSA M MP	DPNHS L TYPF	EKYNEK- - CP	ADMMLDSQFS	143
SEQ_ID_NO_642	GMEKFPNKI S	LAVFLNAI MP	DTENRPSYVL	EEYTAK- - TP	PEAWKDCQFS	137
SEQ_ID_NO_611	GMEKFPKKI S	VAVFLNAI MP	DTKNRPSYVM	EEYTAR- - TP	IEAWKDTQFS	137
SEQ_ID_NO_605	AGDKFPFKI S	VAVFVTA FMP	DTTHRPSFVL	EQYSEKMGKE	DDSWLDTQFS	144
SEQ_ID_NO_620	AMEKYPQKI Y	AAVFLAAFMP	DSVHNS SFVL	EQYNER- - TP	AENWLD TQFL	137
SEQ_ID_NO_632	AMEKYPKKI Y	AAVFLAAFMP	DSI H L S SYVM	DQYNER- - TP	AENWLD TQFL	141
SEQ_ID_NO_622	AMEKFPEKI A	VAVFLSA FMP	DTTHKPSFVL	DQYNER- - TP	ADSWLDTQFL	140
SEQ_ID_NO_616	AMEKFPEKVS	VAVFLTA FMP	DTLHRPSYVL	DQYNER- - TP	NDAWLD TQFS	141

ФИГ. 8 (1 из 2)

SEQ_ID_NO_630	TFGSPDEPVT	VLSFGPKFLS	LLLYDSPIE	DYELAKMLTR	PLPNYVTDLG	186
SEQ_ID_NO_595	TYGS DNSGL	SVFFSTDFMK	HRLYQLSPVE	DLELGLLLKR	PSSLFINELS	190
SEQ_ID_NO_615	LVGDEDEKGPV	SLLFGPKFLS	-KLYTRSPPE	DLTLARTLMR	PSSFLEDLG	196
SEQ_ID_NO_623	TYGNPENPGM	SMILGPQFMA	LKMFOQCSVE	DLELAKMLTR	PGSLFFQDLA	193
SEQ_ID_NO_642	AYG - DPPI T	SLVCGPEFIS	STLYHLSPIE	DHALGKILVR	PGSLFIEDLL	185
SEQ_ID_NO_611	AYG - EPPI T	ALLCGPEFIS	TSLYHLSPVE	DHTLGKLLVR	PGALFVEDLL	185
SEQ_ID_NO_605	QCDA SNPSHI	SMLFGREFLT	LKIYQLCPPE	DLELAKMLVR	PGSMFIDNLS	194
SEQ_ID_NO_620	PYGSPEEPLT	SMFFGPKFLA	HKLYQLCSPE	DLALASSLVR	PSSLFMEDLS	187
SEQ_ID_NO_632	PYGTPEEPLT	SMTFGPKFLA	DKLYRLSPPE	DVALGLSLVR	TSSLFLEDLS	191
SEQ_ID_NO_622	PYSSSQSHLT	TMSFGPKFLS	SKLYQLSPPE	DLEQAKTMVR	PGSLFLYDLS	190
SEQ_ID_NO_616	PYGSSEKPN	SMFFGPEFIS	TKLYQLSPIE	DLELMLALAR	PASLFLEDLA	191

SEQ_ID_NO_630	KAEKLSDGK	YGSVRRVYVI	CKEDKAI PDE	LVGQMI EWN	GLKEVI ELQG	234
SEQ_ID_NO_595	KMENFSEKG	YGSVPRAYI V	CKEDNI I SED	HQRWMI HNY	PANLVI E MEE	238
SEQ_ID_NO_615	S-MPPFSESG	YGSVEKI YVV	CAQDEI LTEG	FQRWMI ENN	PVKEVRELED	244
SEQ_ID_NO_623	KAKKFSTER	YGSVKRAYI E	CNEDKSFPVE	FQKWVESV	GADKVKKEI KE	241
SEQ_ID_NO_642	KAEKFTEEG	FGSVPRVYVI	AAEDKTI PPE	FQRWMI ENN	PVKEVKEI KG	233
SEQ_ID_NO_611	KGAVKFTDEG	FGSVPRVYVV	ATEDKTI PPE	FQRWMI ENN	PVAEVKEI EG	234
SEQ_ID_NO_605	KESKFSDEG	YGSVKRVYLV	CEEDGLPKQ	FQHMMI QNY	PVNEVMEI KG	242
SEQ_ID_NO_620	KAKYFTDER	FGSVKRVYI V	CTEDKGI PEE	FQRWQI DNI	GVTEAI EI KG	235
SEQ_ID_NO_632	KAKYLTDEG	YGSVKRVYVV	CTEDKGI SKE	FQQWQI DNI	GVTEAKEI KG	239
SEQ_ID_NO_622	KANSFSTIG	YGSVKRVYVI	CDEDLAI PEE	FQRWMI ENS	AVEEVMEI EG	238
SEQ_ID_NO_616	ELKKFSNEG	YGSVTSVFI R	CDKDEAI RKE	FQQWMI ENSG	GVKEVMNI KD	240

SEQ_ID_NO_630	ADHMPMLSNP	QQLCDCLVQI	AVENP	259
SEQ_ID_NO_595	TDHMPMFCKP	QVLSDFLLAI	ADNFS	263
SEQ_ID_NO_615	ADHMPMFSIP	KQLFQCLSDV	ADACA	269
SEQ_ID_NO_623	ADHMGMLSQP	REVCKCLLDI	SDS - -	264
SEQ_ID_NO_642	ADHMPMFSKP	DELSQCLLDI	AKKHA	258
SEQ_ID_NO_611	ADHLPQFSKP	DELTVQLVDI	AKNHG	259
SEQ_ID_NO_605	GDHMAMLSIP	QKLCDCLSQI	SLKYA	267
SEQ_ID_NO_620	ADHMAMLCEP	QKLCASLLEI	AHKYN	260
SEQ_ID_NO_632	ADHMAMLCMP	KKLCDTLVEI	ADKYN	264
SEQ_ID_NO_622	ADHMVMFSKP	QELFHCLSEI	ANKHA	263
SEQ_ID_NO_616	ADHMA MFSKP	EELCACLLEV	AHKYG	265

ФИГ. 8 (2 из 2)

SEQ_ID_NO_88	-----	----- MDG	LITR-----S	NPPPPQKCA	MME---AWGE	24
SEQ_ID_NO_86	MAASTLQYHF	AFFLFFLVIA	SFSPRI--Q	AQVDETSLK	AMRDALEWPM	46
SEQ_ID_NO_77	-MAASSLNLL	LILSLLTFIS	LQRS-----E	SLSDNPSLT	LLPDGFDWPI	43
SEQ_ID_NO_79	MAAAPLTL	IALLSLLFIS	LQRS-----E	SLPENPSMI	LLGDGFDWPI	43
SEQ_ID_NO_87	-MESPIFFL	IIFLFTITNN	AVI-----E	AQVDKFGLEQ	LVSEDFELPM	44
SEQ_ID_NO_82	MACSSLPKLL	VLCAFFVYIS	NVVV-----V	AQVDESSLK	LI TDSLEWPS	44
SEQ_ID_NO_81	MASSSVLSKL	LLP--LFLT	HI AVSISKTE	AQVEDTRLK	LVRDAFEWPL	46
SEQ_ID_NO_84	MASLLTLALL	LFC--IAFTS	HVAV-----Q	AHMETDAFN	LMSDALEWPT	42

SEQ_ID_NO_88	CGA-----	-----NV	DEENENEVGH	GR--LLRRI R	YYI SYGALAA	57
SEQ_ID_NO_86	SMY- YDESSG	LNDGLVGFDD	GVVDDDEESSR	RS- LFWRRTH	YYI SYGALSA	94
SEQ_ID_NO_77	SHS--DEEFD	IIDGEESEFEV	TEEDDGVTDR	RS- LYWRRTK	YYI SYGALSA	89
SEQ_ID_NO_79	SHG--DALD	IDGGES--FE	DAEEDVADR	RS- LYWKRRR	YYI SYGALSA	87
SEQ_ID_NO_87	AMS--SLYE	E-----TE	DDEMQLDNGG	RS- LLWHKEK	YYI SYGALSA	83
SEQ_ID_NO_82	TMS--LYN	--EFGD--ED	GEDPDGVIDR	RS- MFWHRMR	YYI SYGALSA	85
SEQ_ID_NO_81	SMSFQGLHD	NEEGDE--EV	DDEVENGYSG	RS- LWWKRMR	YYI SYGALSA	94
SEQ_ID_NO_84	TMS--LYD	-----ED--DA	QEDVENAYS R	RS- LFWRMK	YYI SYGALSA	81

SEQ_ID_NO_88	NRI PCPPRSG	RSYYTRNCYR	ATEPVRPYHR	SCTAI TRCLR	DT S	100
SEQ_ID_NO_86	NRI PCPARRSG	RSYYSHNCFA	SRAPVNPYSR	GCSRI ARCCR	---	134
SEQ_ID_NO_77	NRVPCPPRSG	RSYYTHNCFR	ARGPVHPYSL	GCSSI TPGDR	---	129
SEQ_ID_NO_79	NRVPCPPRSG	RSYYTHNCFR	ARGQVHPYSR	GCSSI TRCRR	---	127
SEQ_ID_NO_87	NRI PCPPRSG	RSYYTHHCYH	ATGPAHPYTR	GCSAI TRCRR	---	123
SEQ_ID_NO_82	NRI PCPPRSG	RSYYTHNCFQ	ARGPVRPYTR	GCS T TRCRR	---	125
SEQ_ID_NO_81	NRI PCPPRSG	RSYYTHNCFK	AHGPVHPYTR	GCSRI TRCRR	---	134
SEQ_ID_NO_84	NRI PCPPRSG	RSYYTHNCFR	ARGPVHPYSR	GCSAI TRCRR	---	121

ФИГ. 9

SEQ_ID_NO_210	----- MSA	EMVVGQGGSS	-----	-----	-----	-----	13
SEQ_ID_NO_209	MSSDRHTPTK	DPPDHPSSSS	-----	-----	-----	-----	20
SEQ_ID_NO_230	MSNDQIIIEG	EGGGGGEGS	-----	-----	-----	-----	20
SEQ_ID_NO_214	MSGDQ--RPK	DSAEGSSRSG	-----	-----	-----	-----	18
SEQ_ID_NO_239	MSNDF--RKR	DSAEGSSRST	-----	-----	-----	-----	17
SEQ_ID_NO_212	MSSE--RGR	DI AEGPSRVN	-----	-----	-----	-----	17
SEQ_ID_NO_226	MSS--KGR	EI AEGSSITTT	-----	-----	-----	-----	16
SEQ_ID_NO_220	MESTD--SGS	QQHGGDPGPS	-----	-----	-----	-----	18
SEQ_ID_NO_236	ME-----PGP	DAPRGE GASA	-----	-----	-----	-----	31
SEQ_ID_NO_238	ME-----PGP	DAPAGGGGGG	GTSI SEPAEA	GPSPSSSSAA	SSSSVAVEKA	AAASSSSRQQ	45
SEQ_ID_NO_232	MDPSG--PGP	SSAAAGGAPA	-----	-----	-----	-----	18
SEQ_ID_NO_242	MDPSG--PGP	SSAAAGGAPA	-----	-----	-----	-----	18
SEQ_ID_NO_241	MDPSG--PGP	SPVVGGGGGG	-----	-----	-----	-----	18
SEQ_ID_NO_234	MDPSG--PGP	SSVMGAAGGG	-----	-----	-----	-----	18

SEQ_ID_NO_210	-----	ATAAQ LAPSS	SSNGINEGSR	ELAASPA PSR	YESQKRRDWN	-----	53
SEQ_ID_NO_209	-----	-----	---NHHKQPL	PPQPQPLSR	YESQKRRDWN	-----	47
SEQ_ID_NO_230	-----	S SRSKTTLLA	PSDDHHHHHQ	LPPVPPQLSR	YESQKRRDWN	-----	61
SEQ_ID_NO_214	-----	-----	-----GDH	YQPQPAPLSR	YESQKRRDWN	-----	41
SEQ_ID_NO_239	-----	-----	-----GE	PQQQPQLSR	YESQKRRDWN	-----	39
SEQ_ID_NO_212	-----	-----	-----PG	DQQLPPTPSR	YESQKRRDWN	-----	39
SEQ_ID_NO_226	-----	T ATRSSHGDD	HHHHNQQQQ	QQQQQLPLSR	YESQKRRDWN	-----	57
SEQ_ID_NO_220	-----	-----	-----SVTP	SSPPATPPSR	YESQKRRDWN	-----	42
SEQ_ID_NO_236	E E PQAQAQPP	EGGGQQVALQ	EHLQPQLSQ	QPPVPAGLSR	YESQKRRDWN	-----	81
SEQ_ID_NO_238	A EQE AQQQQG	AQQREQPAVR	AQAQPQPQH	QQQPAGLSR	YESQKRRDWN	-----	95
SEQ_ID_NO_232	-----	-----	-----VAA	APQPPAQLSR	YESQKRRDWN	-----	41
SEQ_ID_NO_242	-----	-----	-----VAA	APQPPAQLSR	YESQKRRDWN	-----	41
SEQ_ID_NO_241	-----	-----	-----DAPAVV	PQQRPAQLSR	YESQKRRDWN	-----	44
SEQ_ID_NO_234	-----	-----	-----EAPAV	APRPAQLSR	YESQKRRDWN	-----	43

ФИГ. 10 (1 из 4)

SEQ_ID_NO_210	TFGQYLKNHR	PPLALPRCSG	AHVVEFLHYL	DQFGKTKVHV	PACPFFGHPH	103
SEQ_ID_NO_209	TFMQYLSQN	PPLMMSQFDY	THVLSFLRYL	DQFGKTKVHH	QACVFFGQPD	97
SEQ_ID_NO_230	TFGQYLKNQR	PPVPLSQCNY	NHVLEFLRYL	DQFGKTKVHL	HGCPFFGQPE	111
SEQ_ID_NO_214	TFGQYLKNQR	PPVSLSQSNC	NHVLDFLRYL	DQFGKTKVHL	HGCVFFGQPN	91
SEQ_ID_NO_239	TFGQYLKNQR	PPVSLAQCSG	NHVLEFLRYL	DQFGKTKVHL	HGCVFFGQPD	89
SEQ_ID_NO_212	TFGQYLKNQR	PPVPLSQCNC	NHVLDFLRYL	DQFGKTKVHL	QGCMFYGQPE	89
SEQ_ID_NO_226	TFGQYLRNQR	PPVALSQCSS	NHVLEFLRYL	DQFGKTKVHS	QGCLFFGQTE	107
SEQ_ID_NO_220	TFLQYLKNHK	PPLALSRCSG	AHVI EFLKYL	DQFGKTKVHV	ATCPYFGHQQ	92
SEQ_ID_NO_236	TFLQYLRNHK	PPLTLARCSG	AHVI EFLKYL	DQFGKTKVHA	DGCAYFGQPN	131
SEQ_ID_NO_238	TFLQYLRNHK	PPLTLARCSG	AHVI EFLRYL	DQFGKTKVHA	EGCAYFGQPN	145
SEQ_ID_NO_232	TFLQYLRNHR	PPLTLARCSG	AHVI EFLRYL	DQFGKTKVHA	SGCAFYGGPS	91
SEQ_ID_NO_242	TFLQYLRNHR	PPLTLARCSG	AHVI EFLRYL	DQFGKTKVHA	SGCAFYGGPS	91
SEQ_ID_NO_241	TFLQYLRNHR	PPLTLARCSG	AHVI EFLRYL	DQFGKTKVHA	AGCAYYGGPA	94
SEQ_ID_NO_234	TFLQYLRNHR	PPLTLARCSG	AHVI EFLRYL	DQFGKTKVHA	AGCAYYGGPA	93

SEQ_ID_NO_210	PPAPCACPLR	QAWGSLDALI	GRLRAAYEEN	-GGKPE SNPF	GARAVRLYL R	152
SEQ_ID_NO_209	PPGPCTCPLK	QAWGSLDALI	GRLRAAYEEH	GGSPDTNPF	ANGSI RVHL R	147
SEQ_ID_NO_230	PPGPCTCPLR	QAWGSLDALI	GRLRAAYEEN	-GGLPEN NPF	ASGAI RVYL R	160
SEQ_ID_NO_214	PPAPCTCPLR	QAWGSLDALI	GRLRAAYEEH	-GGS A ETNPF	GNGAI RVYL R	140
SEQ_ID_NO_239	PPAPCTCPLR	QAWGSLDALI	GRLRAAYEEH	-GGSPET NPF	GNGAI RVYL R	138
SEQ_ID_NO_212	PPAPCTCPLR	QAWGSLDALI	GRLRAAYEEN	-GGSPET NPF	ASGAI RVYL R	138
SEQ_ID_NO_226	PPGPCTCPLR	QAWGSLDALI	GRLRAAYEEN	-GGLPET NPF	ASG T RVYL R	156
SEQ_ID_NO_220	PPSPCACPLK	QAWGSLDALI	GRLRAAYEEH	-GGRPDS NPF	AARAVRI YL R	141
SEQ_ID_NO_236	PPAPCACPLR	QAWGSLDALI	GRLRAAYEES	-GGRPES NPF	AARAVRI YL R	180
SEQ_ID_NO_238	PPAPCTCPLR	QAWGSLDALI	GRLRAAYEES	-GGRPES NPF	AAKAVRI YL R	194
SEQ_ID_NO_232	PPGPCPCPLR	QAWGSLDALI	GRLRAAYEES	-GGTPES NPF	AARAVRI YL R	140
SEQ_ID_NO_242	PPGPCPCPLR	QAWGSLDALI	GRLRAAYEES	-GGTPES NPF	AARAVRI YL R	140
SEQ_ID_NO_241	PPGPCPCPLR	QAWGSLDALI	GRLRAAYEES	-GGTPES NPF	AARAVRI YL R	143
SEQ_ID_NO_234	PPGPCPCPLR	QAWGSLDALI	GRLRAAYEES	-GGTPES NPF	AARAVRI YL R	142

ФИГ. 10 (2 из 4)

SEQ_ID_NO_210	EVRESQAKAR	GI AYEKRNAS	APQFNSNNSS	SNNMYSSTST	STSTSTSTST	199
SEQ_ID_NO_209	EVRESQAKAR	GI PYRKKKRR	KTKNV VVV	-----	-----	175
SEQ_ID_NO_230	EVRDFQAKAR	GI CYKKKKKK	RKMNQKPT	-----	-----	188
SEQ_ID_NO_214	EVKECQAKAR	GI PYKKKT	KTQI RARN	-----	-----	168
SEQ_ID_NO_239	EVRDCQSKAR	GI PYKKKKKK	KNQI KPNN	-----	-----	166
SEQ_ID_NO_212	EVRECQAKAR	GI PYKKKKKK	PHQGGK	-----	-----	163
SEQ_ID_NO_226	EVRDSQAKAR	GI PYKKKKKK	RNVI R	-----	-----	181
SEQ_ID_NO_220	EVRESQAKAR	GI PYEKKKRK	RAPI TVTTA	-- RIVVAPSR	QSEGGGG	184
SEQ_ID_NO_236	EVREAQAKAR	GI PYEKKKRK	RGST SAPAAP	PPVVTAAEAA	ATSGGGEDEE	230
SEQ_ID_NO_238	DVREAQAKAR	GI PYEKKKRK	RGSA AAPVA	PPPVMTAEAA	GTSSGAGGGD	244
SEQ_ID_NO_232	EVRDSQAKAR	GI PYEKKKRK	RSQAAQPAGV	EPGSSSSAAA	AAAGGGD	187
SEQ_ID_NO_242	EVRDSQAKAR	GI PYEKKKRK	RSQAAQPAGV	EPGSSSSAAA	AAAGGGD	187
SEQ_ID_NO_241	EVRDSQAKAR	GI PYEKKKRK	RAQQA AEP	---SSSSSA	APAGGSG	184
SEQ_ID_NO_234	EVRDSQAKAR	GI PYEKKKRK	RAQQQA AAA	ADPASTSSSA	AAAGGSG	189

SEQ_ID_NO_210	-----	-----	-----	-----	TSS SS TSTSSKLRLT	215
SEQ_ID_NO_209	-----	-----	-----	-----	-----VKKDV	180
SEQ_ID_NO_230	-----	-----	-----	-----	-----SSNAHE	194
SEQ_ID_NO_214	-----	-----	-----	-----	-----	168
SEQ_ID_NO_239	-----	-----	-----	-----	-----	166
SEQ_ID_NO_212	-----	-----	-----	-----	-----G	164
SEQ_ID_NO_226	-----	-----	-----	-----	-----PN	183
SEQ_ID_NO_220	-----	-----	-----	-----	-----CNDSDPS	191
SEQ_ID_NO_236	DE-----P	SQSAEQQHTT	PASPPTRISS	AGATSTTAAA	AATTTTTTTR	273
SEQ_ID_NO_238	DEDDDEPPPS	ADEPRRQQT	APTPPPASM	ISSSASSSS	VAPVTTTTTT	294
SEQ_ID_NO_232	-----	-----	-----	-----	-----AGSGGG	203
SEQ_ID_NO_242	-----	-----	-----	-----	-----TSGSGG	203
SEQ_ID_NO_241	-----	-----	-----	-----	-----SISRA	199
SEQ_ID_NO_234	-----	-----	-----	-----	-----TSGRAAA	206

ФИГ. 10 (3 из 4)

SEQ_ID_NO_210	LCP T L P L Q M S	L	226
SEQ_ID_NO_209	A N S S T P N Q S F	T	191
SEQ_ID_NO_230	P T T T T F Q F Q S	S	205
SEQ_ID_NO_214	- - E A K P P M Q S	A	177
SEQ_ID_NO_239	- - E A K S S K Q S	X	175
SEQ_ID_NO_212	G D E S S T I H F	S	175
SEQ_ID_NO_226	G D T S S S N L P M	Q	194
SEQ_ID_NO_220	V A E A M P P - - -	-	198
SEQ_ID_NO_236	G K E K E A A E G S	A	284
SEQ_ID_NO_238	S K E K E G S A P S	S	305
SEQ_ID_NO_232	G S G T A P S A S -	-	212
SEQ_ID_NO_242	G S G T A P S A S -	-	212
SEQ_ID_NO_241	G S S A A P S N T -	-	208
SEQ_ID_NO_234	G S S A A P S T T -	-	215

ФИГ. 10 (4 из 4)

SEQ_ID_NO_437	- MGVEGEGSM	ETALLEEGSI	SSVQTGKASE	DEYTG DGSD	FMGRPSVKEN	49
SEQ_ID_NO_440	-----M	GSVEDDSSRL	EEALI QDEES	KL YTG DGSD	FKGRPV LKKN	41
SEQ_ID_NO_438	-----	MGSLEERLLV	EDEPVKNDGI	GL YTG DGSD	LDGKPV LKEN	40
SEQ_ID_NO_439	-----	---MKYLF SK	NGGLLEDENS	GL YTR DGSD	IKGNPV LKSE	37
SEQ_ID_NO_435	-----	-----	---MGEVAA	ELYTQDGTI D	LKGNPAL KKD	26
SEQ_ID_NO_436	-----	-----	-MNAVGGAPD	SEY P QDGTVD	LRGNPV LKAN	29
SEQ_ID_NO_442	-----MKMRA	LVVEGGE MSA	P T P T P K Q D K C	CEY T L D G S V D	L K G R P A V K G K	45
SEQ_ID_NO_447	MSANEGDLKM	RVIAMGG EAA	SERRAAFEKL	CEY T L D G S V D	L K G R P A V K G K	50
SEQ_ID_NO_444	-----	-MEPGI CNSV	NSVNV EATEK	KVTGGNGSYT	EQSDT SYKKL	39
SEQ_ID_NO_431	-----	-----M	APTAVDSKRI	SDI T E D G S M D	RRGNPAVKAK	31
SEQ_ID_NO_446	-----	-----M	DATTVD SKW	SPAT E D G S M D	RRGNPAVKTT	31
SEQ_ID_NO_433	-----	-----M	DPTTVE SKW	SPTT E D G S M D	RRGNPAKAA	31
SEQ_ID_NO_426	-----	-----	--MDQKVRQF	EVCTQDGSVD	RHGNPAI RAN	28
SEQ_ID_NO_448	-----	-----	--MDQKVRHT	EVCTQDGSVD	RHGNPAI RAK	28
SEQ_ID_NO_430	-----	-----	---MVN KEL	EVCTLDGSI D	SHGHPAVRER	26
SEQ_ID_NO_428	-----MA	CLNICKEEGS	VQGKLVKKEQ	EVCTR DGSD	RHGDPAI RGR	42
SEQ_ID_NO_429	-----	-----	---MYLNPL	SECTFDGSD	RHGHPAVRAR	26

SEQ_ID_NO_437	TGNWRACPF I	LGNECCERLA	YYGI NTNLVT	- YLTKRLHQG	NAAAAKSVTT	98
SEQ_ID_NO_440	TGNWKACPF I	LGNECCERLA	YYGI ATNLVK	PI L LAKLHEG	NVSAARNVTT	91
SEQ_ID_NO_438	TGKWRACPF I	LGTECCERLA	YYGI ATNLVT	- YLTSKLHEG	NASAARNVTT	89
SEQ_ID_NO_439	TGNWRACPF I	LGNECCERLA	YYGI AANLVT	- YLTKKLHEG	NVSAARNVTT	86
SEQ_ID_NO_435	TGNWRACPYI	LANECCERLA	YYGMSTNLVN	- FMKDRMGMA	NAAAANNVTN	75
SEQ_ID_NO_436	TGGWKACPYI	LGNECCERLA	YYGI ATNLVT	- YLSHELHQN	PSTAANNVTN	78
SEQ_ID_NO_442	SGGWL AGALI	LVNQGLATLA	FFGVNVNLVL	- FLTRVLGQS	NEDAANNVSK	94
SEQ_ID_NO_447	SGGWL AGGLI	LVNQGLATMA	FFGVNVNLVL	- FLTRLVQQS	NGDAANNVSK	99
SEQ_ID_NO_444	KGGWKTAI I L	LANQA L ATLA	FFGVGVNLVL	- FLTRVL RQD	SAEAANNVSK	88
SEQ_ID_NO_431	TGNWRS S I L L	LVNYGLVTCA	FFGVGVNLVV	- FLRRVLHQD	NAEAANSI SK	80
SEQ_ID_NO_446	TGRWRS A I L L	LANYGLATCA	FFGVGVNLVV	- FLRRVLHQQ	NAEAANSI SK	80
SEQ_ID_NO_433	SGRWRS A I L L	LANYGLVTCA	FFGVGVNLVV	- FLRRVLHQD	NAEAANNI SK	80
SEQ_ID_NO_426	TGKWL TAI LI	LVNQGLATLA	FFGVGVNLVL	- FLTRVMGQD	NAEAANNVSK	77
SEQ_ID_NO_448	TGKWL TAI LI	LVNQGLATLA	FFGVGVNLVL	- FLTRVMGQD	NAEAANNVSK	77
SEQ_ID_NO_430	TGTWFAGI LI	LVNQGLATLA	FFGVGVNLVL	- FLTRVMGQD	NADAANNVSK	75
SEQ_ID_NO_428	TGTWFAGI LI	LVNQGLATLA	FFGVGVNLVL	- FLTRVLGQD	NAEAANNVSK	91
SEQ_ID_NO_429	TGNWV TAI LI	LVNQGLATLA	FFGVGVNLVL	- FLTRVLGQD	NATAANNVSK	75

ФИГ. 11 (1 из 7)

SEQ_ID_NO_437	WAGTCYLTPL	F GAVLADAYW	GRYWTI AAFS	TI YFI GMATL	TL SASV S SLK	148
SEQ_ID_NO_440	WQGT CYLAPL	I GAVLADSYW	GRYWTI AI FS	MI YFI GMGTL	TL SASI PALK	141
SEQ_ID_NO_438	WSGT CYLAPL	I GAVLADSYW	GRYWTI AVFS	I I YFI GMGTL	TL SASV AAFK	139
SEQ_ID_NO_439	WQGT CYI TPL	I GAVLADAYW	GRYWTI ATFS	TI YFI GMOTL	TL SASVPAFK	136
SEQ_ID_NO_435	WGGTCYI TPL	I GAFLADAYL	GRFWTI ASFM	I I YI FGLGLL	TMATSV HGLV	125
SEQ_ID_NO_436	WSGT CYI TTL	I GAFLADAYL	GRFWTI VVFS	I I YFLGMVLL	TL SAAL PSLK	128
SEQ_ID_NO_442	WTGT VYMFSL	I GAFLSDSYW	GRYKTCAI FQ	AI FVLGLALL	SVSSHLYLIR	144
SEQ_ID_NO_447	WTGT VYMFSL	I GAFLSDSYW	GRYKTCAI FQ	AI FVLGLGLL	SLSSRLYLIR	149
SEQ_ID_NO_444	WTGT VYI FSL	I GAFLSDSYW	GRYLTCAI FQ	F I FVVGLGML	SLSSWRFLIK	138
SEQ_ID_NO_431	WTGT VYI FSL	I GAFMSDSYW	GRYITCAI FQ	MI YVTGLVIL	SLASWFLLVK	130
SEQ_ID_NO_446	WTGT VYI FSL	I GAFLSDSYW	GRYVTCVAFQ	I I YVMGLVVL	SLASWLLLVK	130
SEQ_ID_NO_433	WTGT VYI FSL	I GAFLSDSYW	GRYVTCVAFQ	I I YVTGLVIL	SLASWFLLVK	130
SEQ_ID_NO_426	WTGT VYI FSL	L GAFLSDSYW	GRYKTCAI FQ	ASFVAGLMML	SLSTGALLLE	127
SEQ_ID_NO_448	WTGT VYI FSL	L GAFLSDSYW	GRYKTCAI FQ	ASFVAGLVML	SLSTGALLLE	127
SEQ_ID_NO_430	WTGT VYI FSL	L GAFLSDSYW	GRYI TCAI FQ	VI FVVGLVAL	SLTSYI FLLK	125
SEQ_ID_NO_428	WTGT VYI FSL	L GAFLSDSYW	GRYKTCAI FQ	AI FVTGLVLL	SLSSYL FLLK	141
SEQ_ID_NO_429	WTGT VYI FSL	L GAFLSDSYW	GRYKTCAI FQ	VI FVI GLVLL	SLSSYI FLLK	125

SEQ_ID_NO_437	PPSC - I GSD	CPTAN LAQYG	VFFLGLYLI A	LGTGGI KPCV	SSFGADQFDD	196
SEQ_ID_NO_440	PAEC - LGAV	CPPATPAQYA	VFFI GLYLI A	LGTGGI KPCV	SSFGADQFDD	189
SEQ_ID_NO_438	PSPC - VGSV	CPAATPAQYA	VFFCGLYLI A	LGTGGI KPCV	SSFGADQFDD	187
SEQ_ID_NO_439	PPQC - VGSV	CPSASPAQYA	IFFFGLYLI A	LGTGGI KPCV	SSFGADQFDD	184
SEQ_ID_NO_435	PALCASKGV-	CDPTPGQSA	AVFI ALYLI A	LGTGGI KPCV	SSFGADQFDE	172
SEQ_ID_NO_436	PPSGEGVVAL	- - - - SSTQLA	VFYLA LYLI A	LGTGGI KPCV	SSFGADQFDE	173
SEQ_ID_NO_442	PDGCGMEHAP	CGPHSGKELG	I FYI ALYMI A	FGNGGYQPNI	ATFGADQFDE	194
SEQ_ID_NO_447	PVGCGTEHTP	CASHSGTEMG	I FYI ALYMI A	FGNGGYQPNI	ATFGADQFDE	199
SEQ_ID_NO_444	PVGCGNEETP	CLEPSSVGVG	I FYLSI YLVA	FGYGGHQPTL	ATFGADQFDE	188
SEQ_ID_NO_431	PTGCGAAGEH	CDAPSSAGVA	LFYLS TYMI A	FGNGGYQPSI	ATFGSDQFDE	180
SEQ_ID_NO_446	PSGCGGVKAH	CDGPSAPGVA	LFYLS TYMI A	FGNGGYQPSI	ATFGSDQFDE	180
SEQ_ID_NO_433	PSGCGGV DAR	CDEPSAPGVA	LFYLS TYMI A	FGNGGYQPSI	ATFGSDQFDE	180
SEQ_ID_NO_426	PSGCGVEDSP	CKPHSTFKTV	LFYLS VYLI A	LG YGGYQPNI	ATFGADQFDE	177
SEQ_ID_NO_448	PSGCGVEESP	CKPHSTVKTV	I FYLS VYLI A	LG YGGYQPNI	ATFGSDQFDE	177
SEQ_ID_NO_430	PNGCGSKEIP	CGTHSSYETT	LFYVSI YLVA	LGNGGYQPTI	ATFGADQFDE	175
SEQ_ID_NO_428	PRGCGDEHSP	CGSHSTYQNV	FFYFSI YLVA	LGNGGYQPNI	ATFGADQFDE	191
SEQ_ID_NO_429	PNGCGDKFEP	CGSHSTFEIS	FFYLSI YLI A	LGNGGYQPNI	ATFGADQFDE	175

ФИГ. 11 (2 из 7)

SEQ_ID_NO_437	TDPKEK K K K G	SFFNWFYFSI	NVGALVSSSV	L V W V Q D N V G W	GWGFGI PTLF	246
SEQ_ID_NO_440	TDSRERVKKG	SFFNWFYFSI	NI GALI SSSF	I VWI QENAGW	GLGFGI PALF	239
SEQ_ID_NO_438	TDPVERVQKG	SFFNWFYFSI	NI GALI SSSF	L VWI QDNAGW	GLGFGI PTLF	237
SEQ_ID_NO_439	TDPKERVKKG	SFFNWFYFSI	NI GALI SSSL	I VWI QENAGW	GLGFGI PAVF	234
SEQ_ID_NO_435	HDDVERKSKS	SFFNWFYFSI	NI GALVASSV	L V Y V Q T H V G W	SWGFGI PAVV	222
SEQ_ID_NO_436	NDVKEKKRKS	SFFNWFYFTI	NI GALI ASSA	L V Y I QENVGW	GWGFGI PAVA	223
SEQ_ID_NO_442	DDPAEAHSKV	SFFSYFY LAL	NLGSLFSNTF	L SYLEDKGSW	ALGF WASTAA	244
SEQ_ID_NO_447	EDPAEAHSKV	SFFSYFYMAL	NLGSLFSNTF	L SYLQDHGKW	VLGF WASTAA	249
SEQ_ID_NO_444	KNEKQKNARE	AFFSYFYFAL	NVGSLFSNTI	L V Y Y E D S G M W	TMGFLVSLAS	238
SEQ_ID_NO_431	TDPREARSKV	AFFSYFY LAL	NVGSLFSNTV	L V Y Y E D E G R W	VMGF WWSAAA	230
SEQ_ID_NO_446	TDPEEARSKV	AFFSYFY LAL	NVGSLLSNTV	L V Y Y E D S G R W	VMGF WWSAAA	230
SEQ_ID_NO_433	TDPKEARSKV	AFFSYFY LAL	NVGSLFSNTV	L V Y Y E D S G R W	VMGF WWSAAA	230
SEQ_ID_NO_426	EDSVEGHSKI	AFFSYFY LAL	NLGSLFSNTV	L G Y F E D Q G E W	PLGF WASAGS	227
SEQ_ID_NO_448	DDSVEGHSKI	AFFSYFY LAL	NLGSLLSNTV	L G Y F E D Q G A W	PLGF WASAGS	227
SEQ_ID_NO_430	SDPSEQHSKI	AFFSYFY LAL	NI GSLFSNTI	L D Y F E D D G L W	TLGF CVSAGS	225
SEQ_ID_NO_428	EDPKEGHSKI	AFFSYFY LAL	NLGSLFSNTI	L G Y F E D R G M W	ALGF WASAGS	241
SEQ_ID_NO_429	DNPKESHHSKV	AFFSYFY LAL	NLGSLFSNTI	L G Y F E D G G R W	VLGF WASSAS	225

SEQ_ID_NO_437	MGLAI GSFFS	GTPLYRLQKP	GGSPVTRMCQ	VVVASLRKLR	KT VPLDHS	295
SEQ_ID_NO_440	MGLAI GSFFL	GTPLYRFQKP	GGSPLTRMCQ	VV AASFRKRN	LT VPEDSSL	288
SEQ_ID_NO_438	MGVAI I SFFS	GTPLYRFQKP	GGSPLTRMCQ	VFVASFRKWN	LD VPQDSSL	286
SEQ_ID_NO_439	MGI AI ASFFF	GTPLYRFQKP	GGSPLTRMCQ	VLVA VFHKWN	LS VPDDSTL	283
SEQ_ID_NO_435	MAI AVGSFFV	GTPLYRHQRP	GGSPLTRI AQ	VLVAATRKL G	- - - VPVDGSA	269
SEQ_ID_NO_436	MGI AI VSFLI	GSPLYRHQKP	GGSPI TRI AQ	VLVAATRKLS	MK VQPNGKH	272
SEQ_ID_NO_442	AATALLLFLS	GT LRYRYFQP	GGNPI GRI CQ	VAI AASRKWK	AGASTTGVMS	294
SEQ_ID_NO_447	AATALLLFLS	GTPQYRHAQP	CGNPMAS I CQ	VASAA CRNWK	SGGVSPDVEI	299
SEQ_ID_NO_444	AVI ALVSYLA	G Y R K Y R V K G	YGNPVI R V V Q	VFVA TVRKWK	VG - PAKEHQ	286
SEQ_ID_NO_431	AAMALVLFLL	GTPNYRHF KP	TGNPLTRI AQ	VFVA AFRKWR	AE VPRSEL	278
SEQ_ID_NO_446	AALALVLFLL	GTP G Y R H F K P	SGNPLTRVAQ	VFVAALRKWR	AE VPRGEL	278
SEQ_ID_NO_433	AALALVLFLL	GTPNYRHF KP	SGNPLTRVAQ	VFVAALRKWH	AE VPREEF	278
SEQ_ID_NO_426	AFAGLVLFLL	GTPKYRHFTP	RESPWSRFCQ	VLVAATR KAK	ID VHEELN	276
SEQ_ID_NO_448	AFAGLVLFLL	GTPKYRHFKP	RESPWSRFCQ	VLVASTRKAK	ID VNYDDMN	276
SEQ_ID_NO_430	AALALVLFLL	GT SKYRYFKP	VGNPLPRFCQ	VFVAAL RKWK	VQ MFDGEDK	274
SEQ_ID_NO_428	ALLALVLFLL	GTPRYRHFTP	KGNPLSRCCQ	VVAATR KWK	VQRMPNQGDD	291
SEQ_ID_NO_429	ALLALVLFLL	GTPRYRHFKP	SGNPLSRFCR	VVVAATR KWK	VE MPPEGED	274

ФИГ. 11 (3 из 7)

SEQ_ID_NO_437	LYEV	-	Q	DR	NSAI	QGS	RKL	EHTDEFKCLD	KSAI	ITDDDV	-	-	-	-	RKGGFS	338											
SEQ_ID_NO_440	LYET	-	P	DK	SSAI	EGSR	RKL	QHSDEL RCLD	RAAVI	SDDER	-	-	-	-	KRGDYS	331											
SEQ_ID_NO_438	LFEL	-	P	DK	TSAI	EGSR	RKL	EHSDEL RCLD	KAAVVS	SDDV	-	-	-	-	QQGDLT	329											
SEQ_ID_NO_439	LYET	-	P	DK	SSAI	EGSR	RKL	LHTDEL RCLD	KAAVVS	DNEL	-	-	-	-	TTGDYS	326											
SEQ_ID_NO_435	LYET	-	A	DR	ESGI	EGSR	RKL	EHTEQFRFLD	KAAVET	QADL	-	-	-	-	KJATGP	311											
SEQ_ID_NO_436	LYEA	-	D	DK	ESGI	EGSR	RKL	EHTEEFRFLD	KAAI	PRGDEE	-	-	-	-	LQGTBP	315											
SEQ_ID_NO_442	LYEG	-	-	DE	KADA	AAGR	RKL	LHTQGF SFLD	RAA	HADTD	-	-	-	-	SKLGAR	334											
SEQ_ID_NO_447	LYE	-	-	GD	DKTD	SGSR	RKL	LHTKGF RFLD	RAAL	TEDTN	S	K	L	A	T	C	S	K	T	R	344						
SEQ_ID_NO_444	LYEV	-	D	GP	ESAI	KGSR	RKI	HHSNDFRFLD	KAATI	TEKDA	-	-	-	-	VNLK	327											
SEQ_ID_NO_431	LHEV	-	D	GD	ESQI	AGI	RKI	LHSDQ RFLD	KAATV	TEEDY	C	-	-	-	TPENMQ	322											
SEQ_ID_NO_446	LHEV	VEA	-	GE	DPKV	SGI	RKI	LHSDGL RFLD	KAATI	TEEEE	-	-	-	-	EEG	-	-	320									
SEQ_ID_NO_433	LHEV	-	E	GE	DPKV	SGI	RKI	LHSDDEL RFLD	RAATV	TEEEY	G	-	-	-	APEKMK	322											
SEQ_ID_NO_426	LYDS	-	-	-	ETQY	TGDK	KKI	LHTKGF RFLD	RAAI	VTPDDE	A	E	K	V	E	S	G	S	K	Y	320						
SEQ_ID_NO_448	LYDS	-	-	-	ETQR	TGDK	KKI	LHTKGF RFLD	RAAI	VTPDDE	A	E	K	V	E	S	G	S	A	Y	320						
SEQ_ID_NO_430	LHEV	-	-	E	DC	L	SNGGR	KM	YHTQGF RFLD	KAA	F	I	T	P	K	D	L	K	Q	-	M	E	E	N	K	C	317
SEQ_ID_NO_428	QFES	-	D	V	P	K	D	G	S	K	N	G	D	R	K	I	L	H	T	Q	G	F	R	F	L	D	335
SEQ_ID_NO_429	LYEV	-	D	GD	DC	S	G	N	C	R	R	K	M	L	H	T	Q	G	F	K	F	L	D	319			

SEQ_ID_NO_437	NPWRL	CTVTQ	VEEM	KI	L	LRM	FPI	WATGI	VF	AAVYS	QI	STM	FVE	QGM	TLD	387																																	
SEQ_ID_NO_440	NLWRL	CTVTQ	VEEL	KI	L	IRM	FPV	WATGI	VF	SAVYA	Q	M	STM	FVE	QGT	MMD	380																																
SEQ_ID_NO_438	NPWRL	CTVTQ	VEEL	KI	L	IRM	FPI	WATGI	VF	SAVYA	Q	M	STM	FVE	QGM	VLD	378																																
SEQ_ID_NO_439	NAWRL	CTVTQ	VEEL	KI	L	IRM	FPI	WATGI	VF	SAVYA	Q	M	STM	FVE	QGM	VMD	375																																
SEQ_ID_NO_435	SPWRL	CTVTQ	VEEL	K	S	V	V	R	L	L	P	I	W	A	S	G	I	V	F	A	T	V	Y	Q	M	STM	FV	L	Q	G	N	T	L	D	360														
SEQ_ID_NO_436	SGWRL	T	S	V	T	Q	VEE	V	K	I	V	M	R	L	L	P	I	W	A	S	G	I	V	F	A	T	V	Y	S	Q	M	STM	FV	Q	Q	G	A	L	M	N	364								
SEQ_ID_NO_442	DPWKL	CTVTQ	VEE	V	K	S	I	L	R	L	L	P	I	W	L	C	T	I	L	Y	S	V	V	F	T	Q	M	A	S	L	F	V	V	Q	G	A	A	M	R	R	384								
SEQ_ID_NO_447	DQWRL	CTVTQ	VEQ	V	K	S	I	L	R	I	L	P	I	W	C	T	I	L	Y	S	V	V	F	T	Q	M	A	S	L	F	V	V	Q	G	A	A	M	R	R	394									
SEQ_ID_NO_444	NHWRL	CTVTQ	VEE	A	K	C	V	L	R	M	L	P	V	W	L	C	T	I	I	Y	S	V	V	F	T	Q	M	A	S	L	F	V	E	Q	G	D	V	M	N	376									
SEQ_ID_NO_431	DPWRL	CTVTQ	VEE	V	K	C	I	L	K	M	L	L	P	I	W	L	C	T	I	V	Y	S	V	V	F	T	Q	M	A	S	L	F	V	E	Q	G	T	T	M	N	371								
SEQ_ID_NO_446	-	P	W	R	L	C	T	V	T	Q	VEE	V	K	C	I	L	R	M	L	L	P	I	W	L	C	T	I	V	Y	S	V	V	F	T	Q	M	A	S	L	F	V	E	Q	G	A	T	M	D	368
SEQ_ID_NO_433	DPWRL	CTVTQ	VEE	V	K	C	I	L	K	M	L	L	P	I	W	L	C	T	I	V	Y	S	V	V	F	T	Q	M	A	S	L	F	V	E	Q	G	A	T	M	N	371								
SEQ_ID_NO_426	DPWRL	CSVTQ	VEE	V	K	C	V	L	R	L	L	L	P	I	W	L	C	T	I	L	Y	S	V	V	F	T	Q	M	A	S	L	F	V	V	Q	G	A	A	M	K	369								
SEQ_ID_NO_448	DPWRL	CSVTQ	VEE	V	K	C	V	L	R	L	L	L	P	I	W	L	C	T	I	L	Y	S	V	V	F	T	Q	M	A	S	L	F	V	V	Q	G	A	A	M	K	369								
SEQ_ID_NO_430	SPWF	L	S	T	V	T	Q	VEE	V	K	C	I	L	R	L	L	L	P	I	W	L	C	T	I	L	F	Y	S	V	V	F	S	Q	M	A	S	L	F	V	E	Q	G	A	A	M	E	366		
SEQ_ID_NO_428	DPWRV	C	T	V	N	Q	VEE	F	K	C	I	L	R	L	L	L	P	I	W	L	C	T	I	L	Y	Y	S	V	V	F	T	Q	M	A	S	L	F	V	E	Q	G	A	D	M	K	384			
SEQ_ID_NO_429	SPWRI	C	T	V	T	Q	VEE	V	K	C	I	L	R	L	L	L	P	I	W	L	C	T	I	L	Y	Y	S	V	V	F	T	Q	M	A	S	L	F	V	E	Q	G	A	A	M	K	368			

ФИГ. 11 (4 из 7)

SEQ_ID_NO_437	- TSI GSRFHI	PPASLSVFDV	VSVM L WWPVY	DRVI VPI VSK	YTK RE RGF	434
SEQ_ID_NO_440	- TSVGS FKI	PAASLSTFDV	I SVI FWWPVY	DRFI VPI ARK	FTG KE RGF	426
SEQ_ID_NO_438	- TTI GS FTI	PPASLSTFDV	LSVI VWWPMY	DRL LVPLARK	FTG KE RGF	424
SEQ_ID_NO_439	- TAVGS FKI	PAASLSTFDT	I SVI VWWPVY	DKI LVPI ARR	FTG IE RGF	421
SEQ_ID_NO_435	- ASMGPKFKI	PSASLSI FDT	LSVI AWWPVY	DRI LVP AVRS	VTG RP RGF	407
SEQ_ID_NO_436	- VSMGK ANI	PSASLSI FDT	I SVI VCV M Y	DRFLVPVVRK	RTG HV RGF	410
SEQ_ID_NO_442	TTPE SG FSV	PPSSMSAFDI	LAVATTI FLY	RRAI CPE LAR	LTG RP AGP	431
SEQ_ID_NO_447	TTPLGS FSI	PASSMSAFDI	LTVT TTI FLY	RRAI CPL LAR	LTG RP TGP	441
SEQ_ID_NO_444	- NKI GN FHL	PAASMSVFDI	CSVL L CTG Y	RQI LVPLAGR	FSG NP RGL	422
SEQ_ID_NO_431	- TNI GS FHV	PAASMSVFDI	LSVLAFI AI Y	RRVL VPVMSR	LSG NP QGL	417
SEQ_ID_NO_446	- TNI GS FHF	PAASMSLFDV	LSVLAFI AI Y	RRVL VPVMAR	LSG NP QGL	414
SEQ_ID_NO_433	- TNI GS FHF	PAASMSLFDI	LSVLAFI AI Y	RRVL VPVMAR	LSG NP QGL	417
SEQ_ID_NO_426	- TNI KN FRI	PASSMSSFDI	LSVAFFI FAY	RRFLDPLFAR	LNKTE RNKGL	417
SEQ_ID_NO_448	- TNI KD FRI	PASSMSTFDI	LSVAFFI FAY	RRFLDPLFAR	LNKTEPNKGL	417
SEQ_ID_NO_430	- TKI ST FHI	PPASMSSFDI	LSVVSFI FI Y	RRI LDPLVAR	FTK KS KGL	412
SEQ_ID_NO_428	- TTI SK FHI	PPASMSSFDI	LSVAAFI FI Y	RRVL DPLVAR	IRK DP KGL	430
SEQ_ID_NO_429	- TTL LG FHI	PPASMSSFDI	VSVAAFI FI Y	RRVL DPLVAR	LKGTKA RGL	415

SEQ_ID_NO_437	TELQRMGI GL	F I S I LAMVAA	ALVEI RRL N	V KTYDLVYD	KGTPV - - - P	479
SEQ_ID_NO_440	SELQRMGI GL	F I SVLCMSAA	AI VEI KRLQL	A - KELDLVD	KAVPV - - - P	470
SEQ_ID_NO_438	SELQRMGI GL	F I S I LSM TAA	AI VEI RRLQI	A - K S L GLVD	QNVAV - - - P	468
SEQ_ID_NO_439	SELQRMGI GL	F L SMLCMSAA	AI VEI RRLQL	A - RDLGLVD	EAVSV - - - P	465
SEQ_ID_NO_435	TQLQRMGI GL	V V S M E AMLAA	GVLEL VRLRT	I - AQRGLYG	EHDVV - - - P	451
SEQ_ID_NO_436	TQLQRMGI GL	F I SVLAMVVA	AI VEI ERLKL	A - RR DGVAGN	PQDEALPVES	459
SEQ_ID_NO_442	TELQRMGL GL	V VGALAMATA	GTVEHFRKAR	A - - - - - T	AAMSS - - - D	469
SEQ_ID_NO_447	TELQRMGL GL	V L GAMAMANA	GTVEHFRKAS	A - - - - - T	TANGS - - - E	479
SEQ_ID_NO_444	TELQRMGVGL	I I GMLAI LAA	GAT EFERLKH	I - - - - - TP	GEKAS - - - S	461
SEQ_ID_NO_431	TELQRMGVGL	V VGMAAMVVA	GVVEVERLKR	V - - - - - GA	PDQPS - - - S	456
SEQ_ID_NO_446	TELQRMGVGL	V I GMAAMVVA	GVVEVERLKR	V - - - - - AA	PDQPS - - - S	453
SEQ_ID_NO_433	TELQRMGVGL	V I GMAAMVVA	GAVEVERLRR	V - - - - - AA	PDQPS - - - S	456
SEQ_ID_NO_426	TELQRMGI GL	V I A I MAMI SA	GI VEI HRLKN	K - EPE SATS	I SSSS - - - T	461
SEQ_ID_NO_448	TELQRMGI GL	V I A I TAMI SA	GI VEI YRLKH	K - - - - - ET	ASNSS - - - S	456
SEQ_ID_NO_430	TELQRMGI GL	V L A I I AMVSA	GLVEI FRLKY	AI KEEKNCSH	CEGTS - - - S	458
SEQ_ID_NO_428	TELQRMGI GL	V I A I I AMVSA	GI VELFRLKY	A - - RKDCPR	CESAS - - - S	473
SEQ_ID_NO_429	TELQRMGI GL	I I A I I AMVAA	GI VEM FRLKY	A - - KKDCRQ	CESES - - - S	458

ФИГ. 11 (5 из 7)

SEQ_ID_NO_437	MSI FWQI PQY	FLVGASEVFT	FVGQLEFFYD	QSPDAMRSLC	SALSLLTTAL	529
SEQ_ID_NO_440	LTI F□QI PQY	FLLGAAEVFT	FVGQLEFFYD	QSPDAMRSLC	SALSLLTTSL	520
SEQ_ID_NO_438	MSI LWQI PQY	FLVGASEIFT	FIGQLEFFYD	QSPDAMRSLC	SALSLLTTAL	518
SEQ_ID_NO_439	L SI FWQI PQY	FILGAAEIFT	FIGQLEFFYD	QSPDAMRSLC	SALSLLTTAL	515
SEQ_ID_NO_435	I SI FWQVPQY	FII GAAEVFT	FVGQLEFFYD	QAPDAMRSLM	SALSLLTTVAL	501
SEQ_ID_NO_436	LTI F□VQI PQY	FLI GAAEVFT	FVGQLEFFYD	QAPDAMRSLM	SALSLLTTVAL	509
SEQ_ID_NO_442	LHI M□WQVPQY	ALI GVSEVMM	YVGQLEFFNG	QMPDGLKSFG	SALCMMSMSL	519
SEQ_ID_NO_447	LHI L WQVPQY	ALI GVSEVMM	YVGQLEFFNG	EMP DGE□KSFG	SALCMMSMSL	529
SEQ_ID_NO_444	L SI FWQI PQY	VLVGASEVFM	YVGQLEFFNG	QAPDGI KSFG	SSLCMASI SL	511
SEQ_ID_NO_431	L SVL WQVPQY	ALI GASEVFM	YVGQLEFFNG	QAPDGVKSFG	SSLCMASI SL	506
SEQ_ID_NO_446	L SVL WQVPQY	ALI GASEVFM	YVGQLEFFNG	QAPDGVKSFG	SALCMASI SL	503
SEQ_ID_NO_433	L SVL WQVPQY	ALI GASEVFM	YVGQLEFFNG	QAPDGVKSFG	SALCMASI SL	506
SEQ_ID_NO_426	L SI FWQVPQY	MLI GASEVFM	YVGQLEFFNS	QAPTGLKSFA	SALCMASI SL	511
SEQ_ID_NO_448	L SI FWQVPQY	MMI GASEVFM	YVGQLEFFNS	QAPTGLKSFA	SALCMASI SL	506
SEQ_ID_NO_430	L SI FWQVPQY	VLI GASEVFM	YVGQLEFFNS	QAPDGLKSFG	SALCMTSI SL	508
SEQ_ID_NO_428	L SI LWQI PQY	VLI GASEVFM	YVGQLEFFNG	QAPDGLKSFG	SALCMTSI SL	523
SEQ_ID_NO_429	L SI FWQI PQY	VLI GASEVFM	YVGQLEFFND	QAPDGLKSFG	SALCMTSI SL	508

SEQ_ID_NO_437	GNYLSSLI VT	I V MFATT K	G	GNL GW PDNL	NEGHLDYFFW	VLASLSVLNL	578
SEQ_ID_NO_440	GNYLSSFI LT	VVLYFTTR	G	GNPGW PDNL	NKGHLDYFSG	-LAGLSFLNM	568
SEQ_ID_NO_438	GNYLSSFI LT	MVT□TTR	G	GKPGW PDNL	NEGHLDYFFW	LLAGLSFLNL	567
SEQ_ID_NO_439	GNYLSSFI LT	VVTSI TTR	G	GKPGW PNNL	N□GHLDYFFW	LLAALSFE□NL	564
SEQ_ID_NO_435	GNYLSTLLVT	VVAKLTTR	G	GK□GW PDNL	NVGHLDYFFW	LLAALSLLNF	550
SEQ_ID_NO_436	GNYLSSVLVT	I VTEVTTK	G	GKPGW PNNL	NRGHLDYFFW	MLA I L S I L N□	558
SEQ_ID_NO_442	GNYFSDVI VS	AVTRLTTT	R	GRS□GW PADL	NEGHLDKFYF	LLAVLAVADF	568
SEQ_ID_NO_447	GNYFSDI I VS	AVTKATAV	D	GRPGW PADL	NEGHLNKFYF	LLA I L SVADF	578
SEQ_ID_NO_444	GNYVSSLLVY	MVM□TAR	G	ENPGW PNNL	NVGHMDRFFF	LVAVL TALDF	560
SEQ_ID_NO_431	GNYVSI MLVS	VVTSLTAG	D	RRPGW PGNL	NSGHLDRFYF	LLAALS LVDL	555
SEQ_ID_NO_446	GNYVSI MLVS	VVTSLTAG	E	KRPGW PGNL	NSGHLDRFYF	LLAALS LVDL	552
SEQ_ID_NO_433	GNYVSI MLVS	VVTSLTAG	E	RRPGW PGNL	NSGHLDRFYF	LLAALS LVDL	555
SEQ_ID_NO_426	GNYVSSLLVS	I VMKI STT	D	DVH□GW PE□NL	NKGHLERFYF	LLAGLTAADF	560
SEQ_ID_NO_448	GNYVSSLLVS	I VMKI STR	D	DL□PGW PGNL	NKGHLDRFYF	LLAALTAADF	555
SEQ_ID_NO_430	GNYVSSLLVA	I VMKI STRNE	G	ML□GW PGNL	N□MGHLDRFYF	LLAALTAADL	558
SEQ_ID_NO_428	GNYVSSLLVT	VVMKI STR	D	EMPGW PGNL	NKGHLDRFFF	LLAVL T□ADL	572
SEQ_ID_NO_429	GNYVSSLLVT	I VMKFSTR	D	QMPGW PSNL	NKGHLDRFYF	LLAALTMADF	557

ФИГ. 11 (6 из 7)

SEQ_ID_NO_437	L V Y V S C A H R Y	- K Y K K A S	- - - - -	594
SEQ_ID_NO_440	F L Y I V A A K R Y	- K S K K A S	- - - - -	584
SEQ_ID_NO_438	V I Y V F C A A R Y	- K C K K A S	- - - - -	583
SEQ_ID_NO_439	V I Y V F L C O M Y	- K S K K A S	- - - - -	580
SEQ_ID_NO_435	A V Y L L I A S W Y	- T Y K K T A G D D	H P D A I A K G G A H D	581
SEQ_ID_NO_436	I F Y L V V A K F Y	- T Y K R V H N A A	D V G E D G K P S K S G Y E	591
SEQ_ID_NO_442	A V Y L V C A S R Y	- G S G K V D G R S	S D D E E E G A A G Q V T S L P A Y A	606
SEQ_ID_NO_447	A V Y L V F A G R Y	R K S C K V E G R S	D D E E E G S V D D E E A C H A	614
SEQ_ID_NO_444	V L Y L L C A R W Y	- K S I N L G D G D	M G - - - - S Q E D E E V I - - S K V	592
SEQ_ID_NO_431	A V Y V A C A V W Y	- K G I K L D S N E	E K - - - - A N K I T V H V	584
SEQ_ID_NO_446	A V Y V A C A M W Y	- K G I K L D G G D	G D N - - - R R K V S A H V	582
SEQ_ID_NO_433	A V Y V A C A T W Y	- K G I K L D G G G	E L - - - - T R K N P A H V	583
SEQ_ID_NO_426	V V Y L I C A K W Y	- K Y I K S E A S F	S E - - - - S V T E E E E V	589
SEQ_ID_NO_448	V V Y L V C A K W Y	- K Y I K S E A S F	S E - - - - S I A E E E - - - -	582
SEQ_ID_NO_430	L V Y I A M A R W Y	- K Y V K F H G N N	I E Q G - - N N I E E N V V	589
SEQ_ID_NO_428	V L Y I I C A R W Y	- K Y I K F E R Q Q	E A D S I L S N E E A D L R M	606
SEQ_ID_NO_429	G V Y I I C A K W Y	- K S I K L E G K Y	E D S N - - S K G S D D V M V	589

ФИГ. 11 (7 из 7)