

(19)



**Евразийское  
патентное  
ведомство**

(21)

**201792344**

(13)

**A1**

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

**(43)** Дата публикации заявки  
**2018.08.31**

**(51)** Int. Cl. *C12N 15/29* (2006.01)  
*C12N 15/82* (2006.01)  
*C12N 5/10* (2006.01)  
*A01H 5/00* (2006.01)

**(22)** Дата подачи заявки  
**2016.04.11**

### **(54) ГЕН МУЖСКОЙ СТЕРИЛЬНОСТИ ПШЕНИЦЫ WMS И ЕГО ПРОМОТОР СПЕЦИФИЧНОЙ ДЛЯ ПЫЛЬНИКА ЭКСПРЕССИИ И ИХ ПРИМЕНЕНИЕ**

**(31)** **201510303817.0**

**(32)** **2015.06.04**

**(33)** **CN**

**(86)** **PCT/IB2016/000537**

**(87)** **WO 2016/193798 2016.12.08**

**(71)** Заявитель:

**ШАНЬДУН АГРИКАЛЧЕРАЛ  
ЮНИВЕРСИТИ (CN)**

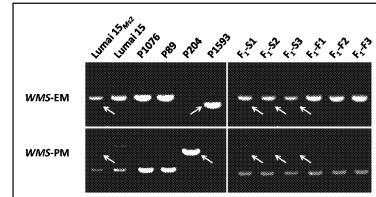
**(72)** Изобретатель:

**Фу Даолинь (US), Луо Миньчэн, Ци  
Цзюань, Ни Фэй, Люй Бо, Ван Шуюнь  
(CN)**

**(74)** Представитель:

**Нилова М.И. (RU)**

**(57)** Согласно настоящему изобретению предложен новый ген WMS, обеспечивающий мужскую стерильность пшеницы, его промотор специфичной для пыльника экспрессии и варианты их применения. Хорошо известный ген Ms2, вызывающий доминантную мужскую стерильность пшеницы, широко применялся для повторяющейся селекции в Китае. Подход на основе секвенирования РНК применяли для выявления специфичного для пыльника транскрипта в паре Ms2-изогенных линий, "Lumai 15" и "Lumai15+Ms2". Как следствие этого, был выявлен ген WMS, который проявляет специфичную для пыльника экспрессию на ранней стадии мейоза и только в пшенице, несущей ген Ms2. Регулирование WMS может привести к изменению мужской fertильности растений. Было установлено, что промотор WMS обладает специфичной для пыльника активностью. Следовательно, настоящее изобретение можно применять для достижения специфичной для пыльника экспрессии гена, для индукции мужской стерильности у различных видов растений, для разработки повторяющейся селекции различных видов растений, а также для того, чтобы облегчить получение гибридных семян.



**A1**

**201792344**

**201792344**

**A1**

# **ГЕН МУЖСКОЙ СТЕРИЛЬНОСТИ ПШЕНИЦЫ WMS И ЕГО ПРОМОТОР СПЕЦИФИЧНОЙ ДЛЯ ПЫЛЬНИКА ЭКСПРЕССИИ И ИХ ПРИМЕНЕНИЕ**

## **РОДСТВЕННАЯ ЗАЯВКА**

5 [0001] Настоящая заявка испрашивает приоритет согласно заявке на патент КНР №201510303817.0, поданной 4 июня 2015 г., содержание которой полностью включено в настоящий документ посредством ссылки.

## **ОБЛАСТЬ ТЕХНИКИ**

10 [0002] Настоящее изобретение относится к одному гену мужской стерильности пшеницы (WMS), его промотору, специальному для пыльника, и вариантам их применения.

## **УРОВЕНЬ ТЕХНИКИ**

[0003] Мужскую стерильность растений можно использовать для того чтобы облегчить скрещивание с целью селективного размножения и получения гибридных семян (Rao et al., 1990; Kempken, Pring, 1999; Mackenzie, 2012). Во многих сельскохозяйственных культурах было обнаружено большое количество линий с мужской стерильностью, которые сохраняют в качестве ценных генетических ресурсов; также предпринимаются многочисленные попытки получить линии с мужской стерильностью, особенно для основных зерновых сельскохозяйственных культур, таких как кукуруза и рис.

[0004] Компания Pioneer Hi-Bred International, Inc. разрабатывает технологию получения семян (SPT) (Waltz, 2012). Для кукурузы технология SPT объединяет использование доминантного гена *Ms45* для придания мужской фертильности, рецессивного гена *ms45* для придания мужской стерильности и гена *DsRed2* в качестве маркера визуальной селекции. Ген *Ms45* регулируется специфичным для пыльника промотором. Линия-закрепитель кукурузы DP-32138-1 (*ms45/ms45, Ms45-DsRed2/\_*) служит донором пыльцы для получения нетрансгенных линий кукурузы с мужской стерильностью (*ms45/ms45*), которые используются в качестве женского инбредного родительского растения для получения гибридных семян. Существуют другие исследования мужской стерильности кукурузы; мутагенез цитохром Р450-подобного гена (*Ms26*) приводит к мужской стерильности у кукурузы (Djukanovic et al., 2013). С другой стороны, специфичная для пыльника экспрессия генов-мишеней имеет решающее значение для придания растению мужской стерильности без других побочных нарушений. Luo et al. (2006) обнаружили специфичный для тапетума ген RTS путем дифференциального скрининга библиотек кДНК риса (Luo et al., 2006). Ген RTS преимущественно экспрессируется в тапетуме во

время мейоза, и его экспрессия подавляется перед периодом цветения. Liu et al. (2013) выявили специфичный для пыльника ген белка-переносчика липидов риса (OsLTP6) с помощью высокопроизводительного скрининга профиля экспрессии (Liu et al., 2013). В целом, специфичная для пыльника экспрессия генов мужской фертильности/стерильности 5 важна для внедрения важнейших линий для получения гибридных семян.

[0005] Редактирование генома позволяет осуществлять специфичную модификацию генов-мишеней у млекопитающих и других эукариотических организмов (Cheng, Alper, 2014). В последнее время эффекторная нуклеаза, подобная активаторам транскрипции 10 (TALEN), и короткие палиндромные повторы, собранные в кластеры с регулярными промежутками (CRISPR)/Cas9, зарекомендовали себя как эффективные инструменты для пшеницы (Wang et al., 2014) и ячменя (Wendt et al., 2013; Gurushidze et al., 2014). Соответственно, редактирование генома можно применять для введения специфичной для 15 мишени модификации в зерновых сельскохозяйственных культурах, которые можно использовать для получения продуктов с добавленной стоимостью.

[0006] Линия пшеницы с мужской стерильностью (далее называемая «Taigu») 20 представляет собой мутированную линию гексаплоидной пшеницы с мужской стерильностью, созданную в Китае (Yang et al., 2009). Мужскую стерильность в «Taigu» определяет один домinantный ген Ms2. При скрещивании пшеницы «Taigu» с гексаплоидной пшеницей с мужской стерильностью их потомство F<sub>1</sub> разделяется на 25 растения с мужской фертильностью/стерильностью: для половины растений характерна мужская фертильность, тогда как для другой половины растений характерна мужская стерильность (Deng, Gao, 1982). Для локуса Ms2 были разработаны фенотипические (карликовые, обусловленные *Rht-D1c*) и молекулярные маркеры (Liu Deng, 1986; Cao et al., 2009). С 1983 года пшеница «Taigu» использовалась в качестве инструмента для 30 периодической селекции в Китае. На сегодняшний день разработаны сотни китайских линий пшеницы для переноса гена Ms2 или тесно связанного локуса *Rht-D1c/Ms2* (в дальнейшем называемого *RM<sub>s2</sub>*), которые в совокупности называются «пшеница Taigu». К 2010 году сорок два сорта пшеницы с улучшенной устойчивостью к болезням и засолению почв, засухоустойчивостью или производительностью были созданы с помощью повторяющейся селекции на основе *RM<sub>s2</sub>*. Чтобы манипулировать геном Ms2 для получения лучшей производственной системы, авторы настоящего изобретения предприняли попытку клонировать ген Ms2 с использованием транскриптомного анализа.

## КРАТКОЕ ОПИСАНИЕ

[0007] Согласно настоящему изобретению предложен новый ген мужской стерильности (WMS) пшеницы, промотор указанного гена и варианты их применения.

[0008] В настоящем изобретении применяется секвенирование РНК, чтобы охарактеризовать транскриптом пыльника «Lumai 15» и «Lumai 15+Ms2» (далее LM15<sub>Ms2</sub>) на ранней стадии мейоза. В результате был выявлен один ген WMS, который демонстрировал специфичную для пыльника экспрессию на ранней стадии мейоза и только в пшенице, несущей доминантный ген Ms2. Предполагается, что ген WMS вовлечен в развитие фенотипа мужской стерильности в пшенице, и манипулирование указанным геном WMS в растениях может изменить fertильность растений. Помимо этого, полагают, что промотор WMS обладает специфичной для пыльника активностью, которая важна для обеспечения экспрессии генов, специфичной для пыльников. Соответственно, можно сказать, что настоящее изобретение обладает большой ценностью в качестве инструмента для обеспечения экспрессии генов, специфичной для пыльников, для развития мужской стерильности у разных видов растений, для разработки периодической селекции у разных видов растений, а также для того чтобы облегчить получение семян. В частности, согласно настоящему изобретению предложены:

[1] выделенная ДНК, имеющая любой из следующих признаков (а)-(е): (а) кДНК, содержащая нуклеотидную последовательность, представленную в SEQ ID NO: 1; (б) ДНК, кодирующая аминокислотную последовательность, представленную в SEQ ID NO: 2; (с) ДНК, содержащая нуклеотидную последовательность, представленную в SEQ ID NO: 6; (д) ДНК, кодирующая белок, который (i) функционально эквивалентен белку, содержащему аминокислотную последовательность, представленную в SEQ ID NO: 2, и (ii) содержит аминокислотную последовательность, представленную в SEQ ID NO: 2, в которой заменены, удалены, добавлены и/или вставлены одна или более аминокислот; и (е) ДНК, которая (i) кодирует белок, который функционально эквивалентен белку, содержащему аминокислотную последовательность, представленную в SEQ ID NO: 2, и (ii) гибридизуется в строгих условиях с ДНК, содержащей нуклеотидные последовательности, представленные в SEQ ID NO: 1 и 6;

[2] ДНК, кодирующая антисмысловую РНК, которая комплементарна продукту транскрипции ДНК, последовательность которой представлена в SEQ ID NO: 1 и 6;

[3] ДНК, кодирующая РНК с рибозимной активностью, которая специфично расщепляет продукт транскрипции ДНК, последовательность которой представлена в SEQ ID NO: 1 и 6;

- [4] ДНК, кодирующая РНК, которая снижает экспрессию ДНК, последовательность которой представлена в SEQ ID NO: 1 и 6, путем совместного подавления при экспрессии в растительных клетках;
- 5 [5] ДНК, кодирующая РНК, которая обладает признаком, являющимся доминантно-отрицательным для эндогенных транскриптов в клетках растений, кодируемых ДНК согласно [1] или ДНК, кодирующая белок, который обладает признаком, являющимся доминантно-отрицательным для эндогенного белка в клетках растений, кодируемого ДНК согласно [1];
- [6] вектор, содержащий ДНК согласно любому из [1] - [5];
- 10 [7] трансформированная растительная клетка, в которую введена ДНК согласно любому из [1] - [5] или вектор согласно [6];
- [8] трансформированное растение, содержащее трансформированные растительные клетки согласно [7];
- [9] клон трансформированных растений или потомство трансформированных растений согласно [8], причем указанный клон или потомство содержит трансформированные растительные клетки согласно [7];
- 15 [10] семя, ткань и орган из трансформированных растений согласно [8] или [9], при условии, что они содержат трансформированные растительные клетки согласно [7];
- [11] ДНК согласно любому из (а)-(с), обладающая активностью специфичного для пыльника промотора: (а) ДНК, содержащая нуклеотидную последовательность, представленную в SEQ ID NO: 5; (б) ДНК, содержащая нуклеотидную последовательность, представленную в SEQ ID NO: 5, в которой один или более нуклеотидов заменены, удалены, добавлены и/или вставлены; и (с) ДНК, которая гибридизуется в строгих условиях с ДНК, содержащей нуклеотидную последовательность, представленную в SEQ ID NO: 5;
- 20 [12] вектор, содержащий ДНК согласно [11];
- [13] трансформированная растительная клетка, содержащая ДНК согласно [11] или [12];
- [14] трансформированное растение, содержащее трансформированные растительные клетки согласно [13];
- 25 [15] клон трансформированных растений или потомство указанных трансформированных растений согласно [14], причем указанный клон или потомство содержит трансформированные растительные клетки согласно [13];
- [16] семя, ткань и орган из трансформированных растений согласно [14] или [15], при условии, что они содержат трансформированные растительные клетки согласно [13];

- [17] генетически модифицированная растительная клетка, полученная путем редактирования генома и/или индуцированного мутагенеза ДНК, содержащих нуклеотидные последовательности, приведенные в SEQ ID NO: 1 и 4, причем указанные модификации регулируют мужскую фертильность растений;
- 5 [18] генетически модифицированное растение, содержащее генетически модифицированные растительные клетки согласно [17];
- [19] растительный клон или потомство генетически модифицированных растений согласно [18], причем указанный клон или потомство содержит модифицированные растительные клетки согласно [17]; и
- 10 [20] семя, ткань и орган из генетически модифицированных растений согласно [18] или [19], при условии, что они содержат модифицированные растительные клетки согласно [17].

#### КРАТКОЕ ОПИСАНИЕ ЧЕРТЕЖЕЙ

- 15 [0009] На Фиг. 1 представлены результаты генотипирования по маркерам *WMS-EM* и *WMS-PM*. На верхних панелях представлены результаты генотипирования по маркеру *WMS-EM*, на нижних панелях представлены результаты генотипирования по маркеру *WMS-PM*; на левых панелях представлены генотипы обычной пшеницы (родительские линии) и клонов ВАС, на правых панелях представлены генотипы экземпляров *F<sub>1</sub>* из комбинации LM15<sub>Ms2</sub>/Lumai 15. Для растений *F<sub>1</sub>* было представлено шесть типичных растений, включая три растения с мужской стерильностью (*S<sub>1</sub>*, *S<sub>2</sub>* и *S<sub>3</sub>*) и три растения с мужской фертильностью (*F<sub>1</sub>*, *F<sub>2</sub>* и *F<sub>3</sub>*). Стрелки указывают на специфичные полосы, разделенные вследствие наличия признака мужской стерильности.
- [00010] На Фиг. 2 представлены клоны ВАС, несущие ген *WMS/wms*. Р89 и Р1076 были получены из 4D-хромосомы, несущей рецессивный ген *wms*; Р204 и Р1593 были получены из 4D-хромосомы, несущей доминантный ген *WMS*. Область с серой штриховкой представляет собой полную матрицу экспрессии гена *WMS* (например, SEQ ID NO: 4) в настоящем изобретении. Размер вставки каждого клона ВАС представлен в масштабированном виде.
- 25 30 [00011] На Фиг. 3 представлены результаты исследования специфичной для пыльника экспрессии гена *WMS*. А) ОТ-ПЦР проводили для детектирования кДНК *WMS* в пыльнике, створке, листе, нижней цветковой чешуе, верхней цветковой чешуе, пестике, корне и стебле. В) Количественную ОТ-ПЦР проводили для измерения уровней кДНК *WMS* в пыльниках, GLP (створке, нижней цветковой чешуе, верхней цветковой чешуе),

листе, пестике и стебле. Актин использовали в качестве контроля для исследований методами ОТ-ПЦР и количественной ОТ-ПЦР.

[00012] На Фиг. 4 представлены результаты, подтверждающие специфичную для пыльника активность промотора *WMS*. А) Плазмиды получали для исследования активности промотора; РС613 представляет собой принимающий вектор, несущий кассету GFP, пригодную для технологии клонирования Gateway; РС966 несет кассету экспрессии *P<sub>WMS</sub>::GFP*, в которой *P<sub>WMS</sub>* представляет собой промотор WMS (SEQ ID NO: 5); РС976 несет геномную копию гена *WMS* (SEQ ID NO: 7); все три вектора имели аналогичный остав плазмида рCAMBIA1300. В) Кратковременная экспрессия флуоресцентного белка GFP в пыльниках пшеницы; стрелки обозначают флуоресцентные сигналы в зеленой части спектра. С) ОТ-ПЦР проводили для детектирования кДНК *WMS* в пыльниках, створке, листе, нижней цветковой чешуе, верхней цветковой чешуе, пестике и стебле трансгенной пшеницы «JZ7-2» (таблица 3), которая была получена в результате генетической трансформации с использованием РС976; также были использованы два 10 контроли, включая пыльник 1 из «Lumai 15» и пыльник 2 из «Lumai 15<sub>Ms2</sub>», масштабная метка 100 мкм.

[00013] На Фиг. 5 представлены результаты скрининга методом TILLING и фертильные пыльники растений M<sub>1</sub>, несущие индуцированные мутации в доминантном гене *WMS*. А) Наличие доминантного гена *WMS* подтверждало с помощью ПЦР с использованием WMS-FP12 и WMS-RP12 (верхняя панель); Детектирование мутации WMS методом TILLING проводили с использованием праймеров WMS-FP8 и WMS-RP8 в отобранных растениях M<sub>1</sub> (S: стерильный отросток; F: фертильный отросток, стрелки указывают полосу после расщепления CellI, нижняя панель). В) Развитие фертильных пыльников у отобранных мутированных вариантов M<sub>1</sub>, несущих ген WMS. «Lumai 15» и «Lumai 15<sub>Ms2</sub>» были включены в качестве контролей. Масштабная метка = 1,5 мм.

[00014] На Фиг. 6 показана генетическая комплементация доминантного гена *WMS* в «Bobwhite». А) Исследование методом ПЦР подтвердило геномную интеграцию (*BAR* и *WMS*) и экспрессию кДНК (*WMS* и актин) в поколении Т<sub>0</sub>. В) Биологическое количественное исследование на основе BAR для определения устойчивости к гербицидам (верхняя панель, масштабная метка = 2,5 мм); экспрессия кДНК *WMS* вызывала развитие фенотипа мужской стерильности в трансгенных растениях Т<sub>0</sub> (нижняя панель, масштабная метка = 1,5 мм). «Bobwhite» использовали в качестве контроля дикого типа.

[00015] На Фиг. 7 показана генетическая комплементация доминантного гена *WMS* в *Brachypodium* «Bd21-3». А) Исследование методом ПЦР подтвердило геномную

интеграцию (*BAR* и *WMS*) и экспрессию кДНК (*WMS* и актин) в поколении Т<sub>0</sub>. В) Биологическое количественно исследование на основе *BAR* для определения устойчивости к гербицидам (верхняя панель, масштабная метка = 2,5 мм); экспрессия кДНК *WMS* вызывала развитие фенотипа мужской стерильности в трансгенных растениях 5 (нижняя панель, масштабная метка = 0,5 мм). *Brachypodium* «Bd21-3» использовали в качестве контроля дикого типа.

## ПОДРОБНОЕ ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ

[00016] Согласно настоящему изобретению предложены ДНК, кодирующие белок WMS. Нуклеотидная последовательность кДНК *WMS* в «пшенице Taigu» представлена в SEQ ID NO: 1, аминокислотная последовательность белка, кодируемого кДНК *WMS*, представлена в SEQ ID NO: 2, полноразмерная нуклеотидная последовательность, включая промотор, транскрипционный фрагмент и терминатор гена *WMS* в «пшенице Taigu», представлена в SEQ ID NO: 4, нуклеотидная последовательность промотора *WMS* 15 в «пшенице Taigu» представлена в SEQ ID NO: 5, и нуклеотидная последовательность транскрипционного фрагмента гена *WMS* в «пшенице Taigu» представлена в SEQ ID NO: 6.

[00017] В область настоящего изобретения включена кДНК и геномная ДНК, которые кодируют белок WMS. Специалист в данной области техники может получить кДНК и геномную ДНК с использованием стандартных методов. кДНК может быть получена, например, путем: а) экстракции мРНК из «пшеницы Taigu» (например, «LM15<sub>Ms2</sub>»); б) синтеза кДНК с использованием мРНК в качестве матрицы; в) амплификации кДНК *WMS* с использованием ПЦР-праймеров, специфичных для кДНК согласно настоящему изобретению (например, SEQ ID NO: 1); г) клонирования продукта 25 ПЦР в векторы. Аналогичным образом, геномная ДНК может быть получена путем выделения из «пшеницы Taigu», создания геномной библиотеки (в которой ВАС, космида, фосмида и т.д. могут быть использованы в качестве вектора), с последующим скринингом положительных клонов с использованием фрагментов ДНК согласно настоящему изобретению (например, SEQ ID NO: 4). Геномную ДНК также можно получить путем 30 клонирования методом ПЦР на основе ДНК-матрицы согласно настоящему изобретению (например, SEQ ID NO: 4).

[00018] В область настоящего изобретения включены ДНК, которые кодируют белки, функционально эквивалентные белку WMS из пшеницы Taigu (например, SEQ ID NO: 2). В настоящей заявке «белки, функционально эквивалентные белку WMS из пшеницы Taigu», обозначают белки-мишени, которые обладают биологической или 35

биохимической функцией, эквивалентной таковой для белка WMS согласно настоящему изобретению (например, SEQ ID NO: 2). Примеры включают индукцию стерильности растений. Для того чтобы оценить, может ли испытываемый ген индуцировать мужскую стерильность, «пшеница Taigu» может быть мутирована с помощью EMS-индуцированного мутагенеза, как показано в примере 7, и мутированные варианты с блокированной или подавленной функцией исследуемого гена могут быть выявлены с помощью TILLING, как показано в примере 8. Мужская стерильность, индуцированная исследуемым геном, может быть подтверждена с использованием генетической комплементации в линии пшеницы с мужской фертильностью «Bobwhite». Например, 5 геномная аллель *WMS* (SEQ ID NO: 7) может быть введена в «Bobwhite» с использованием баллистической трансфекции, как показано в примере 9. Помимо этого целесообразно ввести геномную аллель *WMS* (SEQ ID NO: 7) в модельное растение *Brachypodium* с использованием *Agrobacterium*-опосредованной трансформации, как показано в примере 10. Полученные фенотипы растений могут быть исследованы.

10 15 [00019] Другим примером такой функции является специфичная для пыльника экспрессия, которая характеризуется преобладающей экспрессией в пыльнике, которая по меньшей мере в пять раз или более, предпочтительно в десять раз или более, и более предпочтительно в 15 раз или более, превышает экспрессию в других тканях, перечисленных в примере 5. Чтобы оценить, подвергается ли исследуемый ген 20 специфичной транскрипции в пыльнике растения, мРНК могут быть выделены из различных типов растительных тканей, и кДНК будут синтезированы на основании указанных мРНК. Количественную ПЦР с обратной транскрипцией (кOT-ПЦР) можно использовать для измерения количества кДНК исследуемого гена в различных типах растительных тканей, как показано в примере 5.

25 30 [00020] ДНК, которые кодируют белки, функционально эквивалентные белку WMS (SEQ ID NO: 2), предпочтительно получают из однодольных, более предпочтительно из Gramineae и наиболее предпочтительно из видов Triticeae. Подходящие ДНК включают, например, аллели, гомологи, варианты, производные и мутированные варианты согласно настоящему изобретению (SEQ ID NO: 1 или SEQ ID NO: 6), которые кодируют белок, содержащий аминокислотную последовательность, представленную в SEQ ID NO: 2, в которой одна или более аминокислот заменены, удалены, добавлены или вставлены.

35 [00021] Редактирование генома может быть использовано для блокирования генов-мишеней у растений и животных (Cheng, Alper, 2014). Ряд методик редактирования генома, включающих нуклеазу с цинковыми пальцами (ZFNs), эффекторную нуклеазу, подобную активаторам транскрипции (TALEN) и короткие палиндромные повторы,

регулярно расположенные группами (CRISPR), были успешно использованы для пшеницы (Shan et al., 2014; Wang et al., 2014) и ячменя (Wendt et al., 2013; Gurushidze et al., 2014). Редактирование генома обычно приводит к удалению или вставке одного или нескольких оснований в целевой области, представляющей интерес, при этом вставки или удаления, 5 которые происходят в кодирующих экзонах, могут вызывать изменение аминокислоты или укорачивание белка (Wang et al., 2014). До тех пор, пока ДНК, полученная в результате редактирования генома, кодирует белок, функционально эквивалентный природному белку WMS (SEQ ID NO: 2), такая ДНК может быть включена в качестве ДНК согласно настоящему изобретению, даже если внедренный белок WMS содержит 10 одну или более замен, делеций, добавлений или вставок аминокислот. ДНК согласно настоящему изобретению также включают консервативные мутированные варианты, в которых нуклеотиды мутированы без мутации аминокислотной последовательности белка (консервативные мутации).

[00022] Специалисты в данной области техники могут модифицировать ген WMS и 15 его гомологи согласно настоящему изобретению (SEQ ID NO: 1 и 6) с использованием методик редактирования генома. Помимо этого целевая мутация может быть введена посредством индуцированного мутагенеза или путем скрининга природных идиоплазм. Например, Slade et al. (2005) разработали EMS-индуцированную мутированную популяцию пшеницы и затем успешно выделили целевые мутации, используя метод 20 нацеливания локальных повреждений в геномах (TILLING) (Slade et al., 2005). Помимо этого пул идиоплазм развивается с большим количеством спонтанных мутаций, что позволяет выявить мутацию-мишень при сборе идиоплазм, используя Ecotilling (Till et al., 2006). Специалисты в данной области техники легко разработают мутированные 25 популяции растений, с последующим выявлением мутаций в ДНК (SEQ ID NO: 1 и 6) согласно настоящему изобретению. В то же время спонтанные мутации ДНК (SEQ ID NO: 1 и 6) согласно настоящему изобретению в пule идиоплазм или размножаемых линиях/сортах могут быть легко выявлены. Следовательно, область настоящего изобретения также включает: (a) использование методик редактирования генома, 30 индуцированного мутагенеза и естественного скрининга для получения растительных клеток, которые несут мутации ДНК (SEQ ID NO: 1 и 6) согласно настоящему изобретению; (b) растение, несущее тип растительных клеток, описанных в (a); (c) растительный клон или потомство типа растений, описанных в (b), при условии, что они содержат тип растительных клеток, описанный в (a); (d) семя, ткань и орган клона или 35 потомства, описанного в (b) и (c), при условии, что они содержат тип клетки, описанный в (a).

- [00023] Другие способы получения ДНК, которые кодируют белки, функционально эквивалентные белку WMS (SEQ ID NO: 2), включают полимеразную цепную реакцию (ПЦР) (Saiki et al., 1985; Hemsley et al., 1989; Landt et al., 1990), технологию рекомбинантной ДНК и синтез синтетических генов (Kosuri, Church, 2014), которые хорошо известны специалистам в данной области техники. В частности, специалист в данной области техники может с использованием стандартных способов выделить ДНК, высоко гомологичную гену WMS из пшеницы или других растений, с использованием ПЦР-праймеров, которые специфично гибридизуются с нуклеотидной последовательностью гена *WMS* (SEQ ID NO: 1 и 6), или с использованием фрагмента гена *WMS* (SEQ ID NO: 1 и 6) в качестве зонда для скрининга ДНК и библиотек кДНК. ДНК, которые выделены с использованием технологии ПЦР, технологии рекомбинантной ДНК, синтеза синтетических генов и т.д., и которые кодируют белки, функционально эквивалентные белку WMS (SEQ ID NO: 2), также включены в ДНК согласно настоящему изобретению. Применительно к аминокислотной последовательности выделенные таким образом ДНК, как полагают, являются высоко гомологичными аминокислотной последовательности белка WMS (SEQ ID NO: 2). Высокая степень гомологии означает идентичность последовательностей по всей длине аминокислотной последовательности по меньшей мере на 50% или более, предпочтительно на 70% или более и более предпочтительно на 90% или более (например, на 95%, 96%, 97%, 98% и 99% и более).
- [00024] Идентичность аминокислотной и нуклеотидной последовательностей может быть определена с использованием алгоритма BLAST (Altschul et al., 1990; Karlin, Altschul, 1993). На основе указанного алгоритма были внедрены программы под названием BLASTN, BLASTP, BLASTX, TBLASTN и TBLASTX (Korf et al., 2003). BLASTN выполняет поиск по базе данных нуклеотидных последовательностей с использованием запрашиваемого нуклеотида; BLASTP выполняет поиск по базе данных белков с использованием запрашиваемого белка; BLASTX выполняет поиск по базе данных белков, используя транслированный запрашиваемый нуклеотид; TBLASTN выполняет поиск по базе данных транслированных нуклеотидов с использованием запрашиваемого белка; TBLASTX выполняет поиск по базе данных транслированных нуклеотидов с использованием транслированного запрашиваемого нуклеотида. Основные этапы указанных методов анализа являются общедоступными (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>).
- [00025] Скрининг геномной ДНК или библиотек кДНК может быть основан на технологии Саузерн-блоттинга (Southern, 1975). Саузерн-блоттинг состоит из двух основных этапов. На первом этапе происходит прикрепление фрагментов ДНК к

нитроцеллюлозной или нейлоновой мемbrane, и второй этап заключается в проведении гибридизации между меченым ДНК-зондом и фрагментом ДНК, присоединенным к мемbrane. Во время промывки необходимо создать строгие условия путем контроля температуры, содержания соли и времени. Строгость условий повышается при снижении 5 содержания соли в буфере SCC ( $20\times$ ,  $10\times$ ,  $6\times$ ,  $2\times$ ,  $1\times$ ,  $0,5\times$ ,  $0,2\times$ ,  $0,1\times$ ), повышении температуры ( $42^{\circ}\text{C}$ ,  $50^{\circ}\text{C}$ ,  $55^{\circ}\text{C}$ ,  $60^{\circ}\text{C}$ ,  $65^{\circ}\text{C}$ ,  $70^{\circ}\text{C}$ ,  $75^{\circ}\text{C}$ ) и увеличении продолжительности промывки (1 мин, 2 мин, 5 мин, 10 мин, 15 мин, 20 мин, 30 мин). В настоящем изобретении термин «очень строгие условия» указывает на то, что этап промывки будет выполнен в разбавленном буфере SCC ( $\leq 1\times$ ), при высокой температуре 10 ( $\geq 55^{\circ}\text{C}$ ) и в течение продолжительного периода времени ( $\geq 10$  мин).

[00026] Как полагают, ДНК (SEQ ID NO: 1 и 6), которые кодируют белок WMS согласно настоящему изобретению, также можно применять для придания стерильности растениям с мужской фертильностью. Другими словами, считается, что растения с мужской фертильностью могут приобрести стерильность в результате вставки ДНК (SEQ 15 ID NO: 1 и 6), кодирующей белок WMS согласно настоящему изобретению, в подходящий вектор, введения указанного вектора в растительные клетки, которые способны формировать растения с мужской фертильностью, восстановления полученных рекомбинантных растительных клеток, с последующим воспроизведением трансгенных растений, для которых характерна мужская стерильность. Поскольку растения с мужской 20 стерильностью не могут самоопыляться, их необходимо поддерживать с использованием пыльцы других растений с мужской фертильностью. С другой стороны, ДНК (SEQ ID NO: 1 и 6), которые кодируют белок WMS согласно настоящему изобретению, также можно применять, чтобы придать фертильность растениям с мужской стерильностью, которая обеспечивается геном WMS. Другими словами, считается, что фертильность можно 25 придать растениям с мужской стерильностью путем вставки антисмысловой РНК (acРНК) и/или шпилечной РНК (шРНК) для соответствующей ДНК (SEQ ID NO: 1), кодирующей белок WMS согласно настоящему изобретению, в подходящий вектор, введения указанного вектора в растительные клетки, которые способны формировать растения с мужской стерильностью, с последующим восстановлением полученных рекомбинантных 30 растительных клеток. Поскольку сорта растений с мужской стерильностью не могут самоопыляться, их сложно поддерживать, даже если указанные сорта обладают желательными признаками. Однако если фертильность может быть восстановлена с использованием антисмыслового гена и/или шпилечной РНК для соответствующей ДНК (SEQ ID NO: 1 и 6), которая кодирует белок WMS, самоопыление становится возможным, 35 также как и поддержание желательных признаков.

[00027] Антисмыловые нуклеиновые кислоты регулируют экспрессию гена-мишени посредством транскрипционной интерференции, маскирования РНК, механизмов, зависящих от двухцепочечных РНК (дцРНК), и ремоделирования хроматина (Lapidot, Pilpel, 2006). Антисмыловые последовательности, используемые в настоящем изобретении, могут ингибировать экспрессию гена-мишени любым из вышеуказанных способов. В качестве одного из вариантов реализации настоящего изобретения, антисмыловая последовательность, которая сконструирована так, чтобы быть комплементарной нетранслируемой области, расположенной вблизи 5'-конца мРНК гена, будет эффективно ингибировать трансляцию указанного гена. Также можно использовать последовательность, комплементарную кодирующей области или 3'-концевой нетранслируемой области. Следовательно, ДНК, содержащие антисмыловые последовательности транслируемых областей гена, а также нетранслируемых областей, включены в антисмыловые ДНК, которые могут быть использованы для ДНК (SEQ ID NO: 1) согласно настоящему изобретению. Антисмыловую ДНК, которую используют в настоящем изобретении, лигируют в направлении 3'-конца относительно соответствующего промотора, такого как промотор убиквитина кукурузы (*Ubi*) (Christensen et al., 1992) или промотор *WMS* (SEQ ID NO: 5), и последовательность, содержащую сигнал терминации транскрипции, предпочтительно лигируют с 3'-концом ДНК. Полученные таким образом ДНК могут быть введены в желаемое растение с использованием известных способов. Антисмыловые последовательности ДНК предпочтительно представляют собой последовательности, комплементарные эндогенному гену или его части из растения, подлежащего трансформации, но не обязательно должны быть полностью комплементарными до тех пор, пока они могут эффективно ингибировать экспрессию гена. Транскрибуемая РНК предпочтительно на 90% или более, более предпочтительно на 95% или более (например, 96%, 97%, 98%, 99% или более) комплементарна транскрибуемым продуктам гена-мишени. Для эффективного ингибирования экспрессии гена-мишени с использованием антисмыловой последовательности антисмыловая ДНК должна содержать по меньшей мере 15 нуклеотидов или более, предпочтительно 100 нуклеотидов или более и еще более предпочтительно 500 нуклеотидов или более. Используемые антисмыловые ДНК обычно содержат менее 5 тыс.п.н. и предпочтительно менее 2,5 тыс.п.н.

[00028] Экспрессия эндогенного гена также может быть подавлена с использованием ДНК, которая кодирует ген-мишень (Hammond et al., 2001; Paddison et al., 2002). Для экспрессии шпилечных РНК в растительных клетках ДНК-матрица, которая сконструирована так, чтобы формировать шпилечные РНК или индуцировать РНК-

интерференцию (РНКи), может быть соединена с последовательностью промотора, такого как промотор *Ubi*, и последовательностью терминации транскрипции. С помощью технологии шпилечных РНК или РНКи продукты транскрипции генов-мишней согласно настоящему изобретению могут быть специфично подавлены, так же может быть подавлена экспрессия гена.

[00029] Подавление экспрессии эндогенного гена также может быть достигнуто путем совместного подавления в результате трансформации ДНК, содержащей последовательность, идентичную или сходную с последовательностью гена-мишени (Smyth, 1997; Ketting, Plasterk, 2000). Термин «совместное подавление» относится к явлению подавления экспрессии введенного экзогенного гена и эндогенного гена-мишени, когда ген, содержащий последовательность, идентичную или сходную с последовательностью эндогенного гена-мишени, вводят в растения путем трансформации. Например, чтобы получить растение, в котором ген *WMS* совместно подавлен, представляющие интерес растения трансформируют векторной ДНК, сконструированной для экспрессии гена *WMS* (SEQ ID NO: 1 и 6), или ДНК, содержащей сходную последовательность, затем из полученных таким способом растений отбирают растения с подавленной мужской стерильностью, по сравнению с растениями дикого типа. Гены, используемые для совместного подавления, не обязательно должны быть полностью идентичны генам-мишням, однако должны содержать последовательность, которая идентична им по меньшей мере на 70% или более, предпочтительно на 80% или более, более предпочтительно на 90% или более (например, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% и более). Идентичность последовательности может быть определена с использованием вышеописанного способа.

[00030] Помимо этого подавление экспрессии эндогенного гена в настоящем изобретении также может быть достигнуто путем трансформации растения геном, обладающим характеристиками, которые являются доминантно-отрицательными для гена-мишени. Ген, обладающий доминантно-отрицательными характеристиками, представляет собой ген, который при экспрессии способен устраниć или уменьшить активность исходного эндогенного гена растения. У *Brachypodium* микроРНК (миРНК), miR5200, расщепляет мРНК гена *FT*, который активен во время цветения, и гиперэкспрессия miR5200 задерживает время цветения у *Brachypodium* (Wu et al., 2013). Некоторые миРНК или короткие интерферирующие РНК (киРНК) могут быть нацелены на *WMS* и его гомологи. Также может быть сконструирована синтетическая микроРНК (смиРНК), нацеленная на *WMS* и его гомологи. Подытоживая, следует отметить, что получение эффективных смиРНК, миРНК и киРНК можно контролировать, чтобы регулировать

накопление мРНК *WMS* и его гомологов для управления мужской фертильностью растений.

[00031] Векторы, которые могут быть использованы при трансформации растительных клеток, могут включать разнообразные векторы, при условии, что указанные векторы могут экспрессировать вставленный ген в растительных клетках. Например, могут быть использованы векторы, которые содержат промоторы для экспрессии генов в конкретных тканях растений (например, промотор согласно настоящему изобретению, представленный в последовательности SEQ ID NO: 5) и промоторы для конститтивной экспрессии генов в растительных клетках (например, промотор *Ubi*). Помимо этого также могут быть использованы векторы, содержащие промотор, который активируется при индукции внешним стимулом. В настоящей заявке «растительные клетки» включают различные формы растительных клеток, например, клетки супензионной культуры, протопласты, срезы растений и каллусы различных видов растений.

[00032] Вектор может быть введен в растительную клетку с использованием различных способов, известных специалистам в данной области техники, таких как способы с использованием полиэтиленгликоля, способы электропорации, способы опосредованные *Agrobacterium*, и способы бомбардировки частицами. Восстановление растений из трансформированных растительных клеток также возможно осуществлять с использованием способов, известных специалистам в данной области техники, в зависимости от типа растительных клеток. Например, многие методики получения рекомбинантных растений уже хорошо известны и широко используются в области настоящего изобретения. Подходящие способы включают способ введения генов в протопласты с использованием полиэтиленгликоля с последующим восстановлением растений, способ введения генов в протопласты с использованием электрического импульса с последующим восстановлением растений, способ непосредственного введения генов в клетки с использованием способа бомбардировки частицами с последующим восстановлением растений и способ введения генов с использованием *Agrobacterium* с последующим восстановлением растений. Подходящие способы могут быть соответствующим образом использованы в настоящем изобретении.

[00033] После получения трансформированных растений, в которые был введен геном ДНК согласно настоящему изобретению, потомство указанных растений можно получить путем полового или бесполого размножения. Репродуктивные материалы (семена, каллусы, протопласты и т.д.) могут быть получены из указанных растений, их потомства или клонов. Указанные растения могут быть выпущены в большом количестве,

используя полученные материалы. В объем настоящего изобретения включены растительные клетки, содержащие введенную ДНК согласно настоящему изобретению, растения, содержащие указанные клетки, потомство или клоны указанных растений и репродуктивные материалы указанных растений, их потомство и их клоны.

5 Следовательно, в область настоящего изобретения включены: (а) трансгенные растительные клетки, несущие ДНК согласно настоящему изобретению; (б) растение, несущее тип растительных клеток, описанных в (а); (с) клон растения или потомство типа растений, описанных в (б), при условии, что они содержат тип растительных клеток, описанный в (а); (д) семя, ткань и орган из клона или потомства, описанного в (б) и (с),

10 при условии, что они содержат тип клеток, описанный в (а).

[00034] Можно ожидать, что фертильность/стерильность растений, полученных таким способом, отличается от таковой у растений дикого типа. Так, например, пшеница «Bobwhite» обладает мужской фертильностью, но экспрессия ДНК (например, SEQ ID NO: 4) придает мужскую стерильность трансгенной пшенице Bobwhite. С другой стороны, 15 подавление экспрессии ДНК (например, SEQ ID NO: 4) в пшенице Taigu путем введения антисмысловой ДНК или тому подобного, как полагают, обеспечит развитие фенотипа мужской фертильности у указанной пшеницы. Способы согласно настоящему изобретению могут быть использованы у растений для регулирования фертильности/стерильности, чтобы подавить самоопыление и стимулировать 20 перекрестное опыление, обеспечивая тем самым ценную характеристику гибридной силы.

[00035] Согласно настоящему изобретению предложена ДНК, содержащая промотор со специфичной для пыльника активностью. Примером такого рода ДНК является геномная ДНК (SEQ ID NO: 4), расположенная в направлении 5'-конца относительно стартового кодона в ДНК (SEQ ID NO: 5), кодирующей белок WMS согласно настоящему изобретению. Промоторные ДНК согласно настоящему изобретению включают ДНК, 25 которые высоко гомологичны нуклеотидной последовательности SEQ ID NO: 5, при условии, что они содержат промотор со специфичной для пыльника активностью. Примером указанных типов ДНК является ДНК с промоторной активностью, специфичной для пыльника, содержащая нуклеотидную последовательность, 30 представленную в SEQ ID NO: 5, в которой один или более нуклеотидов заменены, удалены, добавлены или вставлены. Промоторы ДНК согласно настоящему изобретению предпочтительно получены из однодольных, более предпочтительно получены из Gramineae, и наиболее предпочтительно получены из видов Triticeae. Однако, до тех пор, пока они содержат промотор со специфичной для пыльника активностью, источник их 35 происхождения не является ограничивающим.

[00036] Вышеуказанные ДНК, кодирующие белок WMS согласно настоящему изобретению, можно применять для выделения ДНК, содержащей промотор со специфичной для пыльника активностью. Например, геномные ДНК, расположенные в направлении 5'-конца относительно ДНК, кодирующей белок WMS согласно настоящему изобретению, могут быть получены с использованием ДНК (SEQ ID NO: 6) согласно настоящему изобретению или ее части в качестве зонда для скрининга библиотеки геномной ДНК. Поскольку, как полагают, указанные геномные ДНК, расположенные в направлении 5'-конца, содержат промотор со специфичной для пыльника активностью, они имеют высокую промышленную ценность при использовании для специфичной экспрессии произвольных генов в пыльнике. «Произвольный ген» означает ДНК, чья транскрипция может быть индуцирована промотором ДНК (SEQ ID NO: 5) согласно настоящему изобретению. «Произвольный ген» может представлять собой любой кодирующий и некодирующий фрагмент ДНК, причем некодирующий фрагмент ДНК может обладать рибозимной активностью или может быть использован для создания смиРНК, асРНК, шпилечных РНК, микроРНК, миРНК и так далее. Подходящий фрагмент ДНК будет обеспечивать специфичный для пыльника профиль экспрессии под контролем промотора WMS (SEQ ID NO: 5). Помимо этого, поскольку ДНК, которые кодируют белок WMS согласно настоящему изобретению, специфично экспрессируются в растительных пыльниках, как полагают, их можно применять в качестве маркеров для выявления ткани пыльника в срезах целых цветков.

[00037] ДНК с высокой степенью гомологии нуклеотидной последовательности SEQ ID NO: 5 также могут быть получены с использованием методов ПЦР (Saiki et al., 1985), технологии рекомбинантной ДНК и синтеза синтетических генов (Kosuri, Church, 2014). Например, ДНК с высокой степенью гомологии нуклеотидной последовательности SEQ ID NO: 5 может быть выделена из пшеницы и других видов растений с помощью ДНК, содержащей нуклеотидную последовательность, представленную в SEQ ID NO: 5 или ее часть, в качестве матрицы, и с помощью олигонуклеотидов, которые специфично гибридизуются с молекулой ДНК (SEQ ID NO: 5), в качестве ПЦР-праймеров.

[00038] Способы, хорошо известные специалистам в данной области техники, могут быть использованы для получения подходящей ДНК. Например, методики редактирования генома, которые хорошо известны в данной области техники (Cheng и Alper, 2014), можно применять для введения мутаций, включая одну или более замен, делеций, добавлений или вставок нуклеотидов в ДНК, содержащую нуклеотидную последовательность, представленную в SEQ ID NO: 5. Мутации также могут быть введены с помощью сайт-направленного мутагенеза, мутагенеза, индуцированного

мутагеном/излучением, а также методов ПЦР (Saiki et al., 1985; Hemsley et al., 1989; Landt et al., 1990).

[00039] Известные количественные способы исследований с использованием 5 репортерных генов или т.п. можно применять для того чтобы исследовать, обладает ли ДНК, полученная с использованием способов, описанных выше, специфичной для пыльника активностью промотора. Репортерный ген может представлять собой любой репортерный ген, при условии, что его экспрессия поддается детектированию. Например, репортерные гены, обычно используемые специалистами в данной области техники, включают ген люциферазы (LUC), ген  $\beta$ -глюкуронидазы (GUS) и ген зеленого 10 флуоресцентного белка (GFP) и т.д. Уровень экспрессии репортерного гена может быть определен с использованием способов, известных специалистам в данной области техники, в соответствии с типом репортерного гена. Например, уровень экспрессии гена люциферазы, используемого в качестве репортера, может быть определен путем измерения флуоресценции флуоресцентного соединения, вызванной катализитическим 15 действием продукта экспрессии гена люциферазы. Уровень экспрессии гена GUS может быть определен путем оценки интенсивности окрашивания 5-бром-4-хлор-3-индолил-бета-глюкуронида (X-Gluc) или люминесценции Glucuron (ICN), вызванной катализитическим действием продукта экспрессии гена GUS. Уровень экспрессии гена GFP может быть определен путем измерения флуоресценции GFP.

20 [00040] Промотор ДНК согласно настоящему изобретению можно применять для экспрессии произвольного гена специфичным для пыльника образом, например, путем (a) конструирования вектора, содержащего промоторную ДНК согласно настоящему изобретению; (b) функционального присоединения произвольного гена в направлении 3'-конца относительно промоторной ДНК согласно настоящему изобретению в указанном 25 векторе (a); (c) создания трансгенных растительных клеток, несущих промотор WMS (SEQ ID NO: 5) или вектор, описанный в (b); и (d) получения трансгенных растений, содержащих трансгенные растительные клетки, описанные в (c). «Функциональное соединение» означает связывание произвольного гена с промоторной ДНК согласно настоящему изобретению так, что указанный ген может экспрессироваться в ответ на 30 активацию промоторной ДНК согласно настоящему изобретению. Поскольку промоторная ДНК согласно настоящему изобретению обладает высокой активностью, специфичной для пыльника, произвольные гены предпочтительно представляют собой гены, которые могут быть специфично экспрессированы в пыльнике. Например, ген WMS согласно настоящему изобретению, который связан со стерильностью/фертильностью 35 пшеницы, может быть использован соответствующим образом. Общие методы генной

инженерии могут быть использованы для конструирования вектора, содержащего промоторную ДНК согласно настоящему изобретению. Отсутствуют какие-либо ограничения в отношении растительных клеток, в которые вводят вектор. Вышеуказанные способы, известные специалистам в данной области техники, могут быть использованы 5 для введения векторов в растительные клетки, для восстановления трансформированных растительных клеток с получением растений и т.д.

[00041] Следовательно, в область настоящего изобретения включены: (a) генетически модифицированные растительные клетки, содержащие промоторную ДНК согласно настоящему изобретению; (b) растения, содержащие тип клеток, описанный в 10 (a); (c) потомство или клоны растений, описанных в (b), при условии, что они содержат тип клеток, описанный в (a); (d) семя, ткань и орган из клона или потомства, описанного в (b) и (c), при условии, что они содержат тип клеток, описанный в (a).

[00042] Специалисты в данной области техники могут модифицировать промотор *WMS* (SEQ ID NO: 5) и его гомологичную последовательность, используя редактирование 15 генома, введение мутации(й) в промотор *WMS* (SEQ ID NO: 5) и его гомологичную последовательность с помощью мутагенеза, или путем выявления природной спонтанной мутации в промоторе *WMS* (SEQ ID NO: 5) и его гомологичной последовательности. Следовательно, в область настоящего изобретения включены: (a) генетически модифицированные растительные клетки с изменением в промоторе *WMS* (SEQ ID NO: 5), 20 полученным путем редактирования генома, мутагенеза и естественного отбора; (b) растения, содержащие тип клеток, описанный в (a); (c) потомство или клоны растений, описанных в (b), при условии, что они содержат тип клеток, описанный в (a); (d) семя, ткань и орган из клона или потомства, описанного в (b) и (c), при условии, что они содержат тип клеток, описанный в (a).

[00043] Следовательно, в область настоящего изобретения включен ген *WMS* (SEQ ID NO: 1 и 6), гомологи *WMS* и их промотор (например, SEQ ID NO: 5). В другом варианте, специфичная экспрессия гена *WMS* (SEQ ID NO: 1 и 6) способна придать признак мужской стерильности обычным растениям с мужской фертильностью. Подавление экспрессии гена *WMS* в растениях придает признак мужской фертильности 30 обычным растениям с мужской стерильностью. Помимо этого, поскольку промотор гена *WMS*, как полагают, обладает специфичной для пыльника активностью, целесообразной является специфичная экспрессия произвольных генов в пыльнике. Как ожидается, применение *WMS* (SEQ ID NO: 1 и 6), его гомологов и их промоторов (например, SEQ ID NO: 5) значительно улучшит селекцию растений и производство семян.

[00044] Настоящее изобретение далее будет подробно описано с использованием примеров, которые не должны быть истолкованы, как ограничивающее настоящее изобретение.

5

## ПРИМЕРЫ

[00045] Настоящее изобретение было основано на паре *Ms2*-изогенных линий пшеницы «Lumai 15» и «LM15<sub>Ms2</sub>», которые были разработаны в Шаньдунском сельскохозяйственном университете. Растения пшеницы поддерживали в теплице с 16 ч фотопериодом ( $105 \text{ мкмоль} \cdot \text{м}^{-2} \cdot \text{с}^{-1}$ ), дневной температурой 25-30 °C и ночной температурой 15- 20 °C. Вода, стандартные химические вещества и растительные гормоны были получены от Fisher Scientific (Питтсбург, Пенсильвания, США) и Sigma-Aldrich (Сент-Луис, Миссури, США), культуральные среды для растительных тканей были получены от PhytoTechnology Laboratories (Оверленд-Парк, Канзас, США), микробные ростовые среды были получены от BD (Becton, Dickinson, Франклин Лейкс, Нью-Джерси, США), антибиотики были получены от Gold Biotechnology (Сент-Луис, Миссури, США). ПЦР-праймеры согласно настоящему изобретению приведены в таблице 1.

**Таблица 1: ПЦР-праймеры, используемые в настоящем изобретении**

№ праймера	Последовательность праймера (от 5' к 3')	№ последовательности
WMS-RP1	AGGTTGCTTGAGTTCCTCCCG	SEQ ID NO 8
WMS-RP2	CCTTGTGGTGATGAGCGTGAAG	SEQ ID NO: 9
WMS-FP1	CGGGAGGAACCTCAAGCAAACCT	SEQ ID NO: 10
WMS-FP2	GAGTGGTTCACGTGCTGATTAC	SEQ ID NO: 11
WMS-FP3	CAGTACCCGCAGTGGACAC	SEQ ID NO: 12
WMS-RP3	TAAATCACAGGCAGGATTGATAAAC	SEQ ID NO: 13
WMS-FP4	CCGTCAGCACACTGTACTTCA	SEQ ID NO: 14
WMS-RP4	CGATGTAGAGCCTCAAATCC	SEQ ID NO: 15
WMS-FP5	CACATGTTGCGCTCGAAATG	SEQ ID NO: 16
WMS-RP5	AAGAAACGAGCCGTCCAGTA	SEQ ID NO: 17
WMS-FP6	CGCAGTGGACACACGCTTAGCTT	SEQ ID NO: 18
WMS-RP6	TGAGTTGGAGTTGGTCCCCATC	SEQ ID NO: 19
WMS-FP7	TCTCAGAAACGAGCCCCAAGT	SEQ ID NO: 20
WMS-RP7	GAACCATCCCTGGTCGATGT	SEQ ID NO: 21
WMS-FP8	GGCTCTGATACCAAATGTTGTTG	SEQ ID NO: 22
WMS-RP8	ATGGTGGTGTGCCCTAAAAAG	SEQ ID NO: 23

WMS-FP9	GCTTGAAACTGCTGGTATATATG	SEQ ID NO: 24
WMS-RP9	GTAATCAGCACGTGAACCACTC	SEQ ID NO: 25
WMS-FP10	TGTCCTGGATTCTGTGAGTGG	SEQ ID NO: 26
WMS-RP10	CGATCTCCGTGTCCATGTGCTAC	SEQ ID NO: 27
WMS-FP11	<u>GCGGCCGCGGGTGAGGCTTGCCAAGG</u>	SEQ ID NO: 28
WMS-RP11	<u>GGCGCGCCCCGATCTCCGTGTCCATGTGCT</u>	SEQ ID NO: 29
WMS-RP12	CGTAGATGC GGACCCAGGGAT	SEQ ID NO: 30
BAR-FP1	AAGCACGGTCAACTTCCGTA	SEQ ID NO: 31
BAR-RP1	GAAGTCCAGCTGCCAGAAC	SEQ ID NO: 32
Actin-FP1*	TCAGCCATACTGTGCCAATC	SEQ ID NO: 33
Actin-RP1*	CTTCATGCTGCTTGGTGC	SEQ ID NO: 34
Actin-FP2	GCCATGTACGTCGCAATTCA	SEQ ID NO: 35
Actin-RP2	AGTCGAGAACGATAACCAGTAGTACGA	SEQ ID NO: 36

Примечание: чтобы облегчить клонирование гена сайт фермента рестрикции NotI был включен в ПЦР-праймер WMS-FP11, и сайт AscI был включен в ПЦР-праймер WMS-FP11. Сайты ферментов рестрикции были выделены с помощью подчеркивания.

\*Праймеры для ОТ-ПЦР Actin-FP1 и Actin-RP1 были пригодны для использования в образцах кДНК пшеницы и *Brachypodium*.

### Пример 1

#### Исследование транскриптома выявило ген со специфичной для пыльника экспрессией

[00046] Секвенирование РНК (РНК-секв.) включает прямое секвенирование кДНК с использованием технологии секвенирования ДНК с высокой пропускной способностью (Nagalakshmi et al., 2001). Подход на основе секвенирования РНК использовали, чтобы выявить специфичный для пыльника транскрипт в паре *Ms2*-изогенных линий, «Lumai 15» и «LM15<sub>Ms2</sub>». Расстояние между ушками верхних листьев и предпоследних листьев использовали в качестве критерия для выбора пыльников на аналогичной стадии развития.

Пыльники, пестики и верхние листья собирали по отдельности на основном стебле или отростке, на котором расстояние между ушками достигло 4 см. Для пыльников получали три повторных образца для «Lumai 15» и «LM15<sub>Ms2</sub>», соответственно. Для пестиков и также для верхних листьев три повторных образца получали путем объединения равного количества тканей от «Lumai 15» и «LM15<sub>Ms2</sub>». Общую РНК экстрагировали с использованием TRIzol (Life Technologies, Гранд-Айленд, Нью-Йорк, США) и отправляли для секвенирования РНК в компанию Berry Genomics (Пекин, Китай).

[00047] Библиотеки для секвенирования получали для среднего размера вставки 500 п.н. Секвенирование спаренных концевых фрагментов (РЕТ) проводили для двух дорожек считанных спаренных фрагментов длиной 125 п.н. на HiSeq2500 (Illumina, Сан-Диего, США). Исходные данные предварительно обрабатывали с использованием Trimmomatic (Bolger et al., 2014), и окончательные данные получали после устранения адаптера, оснований с низким качеством (половина или более оснований считанной последовательности со значением качества  $Q \leq 3$ ) и неизвестных оснований (неизвестные основания для считанной последовательности  $> 3\%$ ). Объединение окончательных данных транскриптома *de novo* проводили с использованием Trinity (Haas et al., 2013).

5 Представленность транскриптома оценивали с использованием RSEM (Li, Dewey, 2011), и дифференциально экспрессированные транскрипты/гены выявляли с помощью программы edgeR (Robinson et al., 2010). В целом, многие гены были связаны с более высокой экспрессией в пыльниках из «LM15<sub>Ms2</sub>», чем в пыльниках из «Lumai 15». В частности, неизвестный ген (SEQ ID NO: 1) специфично экспрессировался в «LM15<sub>Ms2</sub>», однако не поддавался детектированию в «Lumai 15», была высказана гипотеза, что указанный ген придает признак мужской стерильности пшенице (WMS) в «LM15<sub>Ms2</sub>». Неизвестный ген, обозначенный *WMS*, выбрали для функционального анализа.

10

15

## Пример 2

### Клонирование полноразмерной кДНК гена WMS

[00048] Общую РНК из пыльников «LM15<sub>Ms2</sub>», аликвоту РНК, отправленных на секвенирование РНК, использовали для получения кДНК с использованием набора для синтеза кДНК RevertAid First Strand (Thermo Scientific, Уолтем, Массачусетс, США). 5'- и 3'-концы кДНК гена *WMS* (SEQ ID NO: 1) выявляли в «LM15<sub>Ms2</sub>» с помощью RACE-ПЦР с использованием набора для амплификации кДНК SMARTer RACE (Clontech Laboratories, Маунтин-Вью, Калифорния, США). Для проведения 5' RACE-ПЦР использовали два праймера *WMS*, WMS-RP1 и WMS-RP2, причем WMS-RP2 являлся вложенным по отношению к WMS-RP1. Для 3'-коцевой RACE-ПЦР использовали два других праймера *WMS*, WMS-FP1 и WMS-FP2, причем WMS-FP2 являлся вложенным по отношению к WMS-FP1. Секвенирование 5' и 3' продуктов RACE-ПЦР подтвердило полный размер гена *WMS*, собранного в ходе анализа продуктов секвенирования РНК. Соответственно, полноразмерную кДНК *WMS* клонировали из «LM15<sub>Ms2</sub>» с использованием праймеров *WMS*, WMS-FP3 и WMS-FP3, которые соответствовали нуклеотидной последовательности SEQ ID NO: 1. кДНК длиной 1485 п.н. содержит открытую рамку считывания, содержащую 882 п.н. (OPC). Два внутрирамочных стоп-кодона на 5'-конце кДНК свидетельствуют о том, что предсказанная OPC является верной. В настоящем

20

25

30

35

изобретении область, расположенную в направлении 5'-конца и непосредственно рядом с предсказанным старт-кодоном, рассматривали в качестве промотора гена WMS.

### **Пример 3**

#### **Конструирование геномной библиотеки ВАС на «LM15<sub>Ms2</sub>»**

5 [00049] Библиотеку бактериальных искусственных хромосом (ВАС) конструировали для «LM15<sub>Ms2</sub>» с использованием стандартных протоколов (Luo, Wing, 2003; Shi et al., 2011). В общих чертах, высокомолекулярную (ВММ) геномную ДНК экстрагировали из тканей листьев, частично расщепляли с помощью фермента рестрикции HindIII и разделяли на 1% агарозном геле методом электрофореза в пульсирующем поле (PFGE);  
10 Фрагменты ДНК с массой в диапазоне 100-300 тыс.п.н. выделяли из агарозного геля, повторно разделяли методом PFGE, лигировали в вектор ВАС pIndigoBAC536-S, который разрезали с помощью HindIII и дефосфорилировали; продукт лигирования трансформировали в клетки штамма *E.coli* DH10B, устойчивые к фагу T1 (Invitrogen, Карлсbad, Калифорния, США); Трансформанты отбирали на среде LB с добавлением 12,5  
15 мг/л хлорамфеникола, 80 мг/л X-гал, 100 мг/л IPTG; белые колонии индивидуально собирали в 384-луночные планшеты для микротитрования. В результате 706176 клонов ВАС собирали и помещали в 1839 384-луночных планшетов (таблица 2). Испытание качества на 337 случайно отобранных клонах ВАС выявило, что средний размер вставки составляет 124,6 тыс.п.н., и частота ВАС без вставки составляет 0,50%. Следовательно,  
20 библиотека ВАС «LM15<sub>Ms2</sub>» представляла 5,5-кратное покрытие генома пшеницы (~16 млн.п.н.).

**Таблица 2: Библиотека ВАС пшеницы «LM15<sub>Ms2</sub>»**

Код партии	Кол-во планшетов	Исслед. кол-во	Частота ВАС без вставки (%)	Размер вставки (тыс.п.н.)	Кол-во	Покрытие генома	Доля библиотеки (%)
A	1112	106	0,00	118,0	427008	3,149	57,81
B	330	123	0,81	132,2	126720	1,047	19,22
C	255	77	2,59	147,6	97920	0,903	16,58
D	142	31	0,00	102,1	54528	0,348	6,39
Всего	1839	337	0,50	124,6	706176	5,5	100

### **Пример 4**

#### **Скрининг и секвенирование клонов ВАС «LM15<sub>Ms2</sub>»**

25 [00050] Процедуру скрининга на основе ПЦР разработали для библиотеки ВАС «LM15<sub>Ms2</sub>». Библиотеку ВАС сначала дублировали путем инокуляции нового набора 384-луночных планшетов, первичный плазмидный пул получали из культуры каждого дублированного планшета с использованием набора ZR BAC DNA Miniprep (Zymo

Research Corporation, Ирвин, Калифорния, США), и суперплазмидный пул получали путем объединения равного количества плазмидной ДНК из десяти первичных плазмидных пулов. В общей сложности получили 1839 первичных плазмидных пулов и 184 суперплазмидных пула.

- 5 [00051] Для скрининга библиотеки ВАС конструировали множество ПЦР-праймеров, соответствующих последовательности кДНК гена *WMS* (SEQ ID NO: 1) и испытывали их функциональность для геномных ДНК из «Lumai 15» и «LM15<sub>Ms2</sub>». В результате WMS-FP4 и WMS-RP4 амплифицировали один фрагмент в «Lumai 15» и два фрагмента в «LM15<sub>Ms2</sub>», причем больший фрагмент «LM15<sub>Ms2</sub>» формировал полосу на том же уровне в 1% агарозном геле, как и фрагмент «Lumai 15» (Фиг. 1). По-видимому, меньший фрагмент был специфичным для «LM15<sub>Ms2</sub>», наиболее вероятно для области *Ms2*, которая приводит к мужской стерильности «пшеницы Taigu». Действительно, меньший фрагмент был ассоциирован с мужской стерильностью в большой сегрегационной популяции (около 5000 растений), для которой семена собирали с 10 растений с мужской стерильностью «LM15<sub>Ms2</sub>», которые были опылены пыльцой от растений с мужской фертильностью «Lumai 15», и популяция разделилась примерно на половину растений с мужской фертильностью и половину растений с мужской стерильностью. Соответственно, полученный из экзона ПЦР-маркер, *WMS-EM*, создавали с использованием праймеров WMS-FP4 и WMS-RP4.
- 15 [00052] Маркер *WMS-EM* использовали для скрининга суперплазмидных пулов и затем первичных плазмидных пулов библиотеки ВАС «LM15<sub>Ms2</sub>». После идентификации первичного пула клон ВАС определяли с использованием ПЦР в 384-луночном планшете. В общей сложности выделяли три ВАС-клона (Фиг. 2), при этом один клон дал меньший ПЦР-продукт, и два клона дали больший ПЦР-продукт. Вероятно, ВАС-клоны (P89 и P1076), которые давали больший ПЦР-продукт, получали из 4D хромосомы, лишенной 20 доминантного гена *Ms2*, в то время как клон ВАС (P1593), который давал меньший ПЦР-продукт, получали из 4D хромосомы, несущей доминантный ген *Ms2* (Фиг. 1). Маркер *WMS-EM* для P1593 был полностью связан с мужской стерильностью, что указывает на 25 доминантный ген *WMS* на P1593, в то время как маркер *WMS-EM* для P89/P1076 не выявил тесной связи с мужской стерильностью, что указывает на рецессивный ген *wms* на P89/P1076. Все три ВАС-клона отбирали для секвенирования следующего поколения, 30 предоставленного компанией Berry Genomics. Исходные данные секвенирования предварительно обрабатывали путем устранения адаптеров, оснований с низким качеством (половина или более оснований считанной последовательности со значением качества Q≤5), а также неизвестных оснований (неизвестные основания считанной 35

последовательности >10%). Вектор BAC (pIndigoBAC536-S) и геномную ДНК *E. coli* очищали, используя инструмент для оценки перекрестного соответствия пакета Phrap (Ewing et al., 1998). Сборку окончательных данных *de novo* выполняли для К-мерных деревьев различного размера (21-91) с помощью программы ABySS 1.5.2 (Simpson et al., 2009). К-мерное значение 41 выбирали для сборки данных секвенирования, что соответствует наилучшему значению N50. Анализ результатов секвенирования выявил, что P89 и P1076 содержат идентичный фрагмент массой 54056 п.н., представляющий одну и ту же хромосому, тем не менее, между P89/P1076 и P1593 наблюдали существенный полиморфизм. В соответствии с кДНК *WMS* (SEQ ID NO: 1), все три BAC содержали 10 полную транскрибуемую область гена *WMS/wms*, предсказанная кДНК *WMS* P1593 была идентична нуклеотидной последовательности SEQ ID NO: 1, однако содержала одиннадцать полиморфизмов одного нуклеотида (SNPs) между предсказанный кДНК *wms* P89/P1076 и нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 1. Для сравнения, ген *wms* в P89 и P1076 был полноразмерным с учетом информации о последовательности промотора 15 (SEQ ID NO: 3), однако ген *WMS* в P1593 был неполным, поскольку он располагался на одном конце BAC, что в результате привело к неполному промотору (Фиг. 2).

[00053] Следовательно, множество ПЦР-праймеров разрабатывали так, чтобы они соответствовали промотору *wms* (SEQ ID NO: 3), и затем испытывали их функциональность на геномных ДНК из «Lumai 15» и «LM15<sub>Ms2</sub>». В результате WMS-FP5 20 и WMS-RP5 амплифицировали две полосы в «Lumai 15», но три полосы в «LM15<sub>Ms2</sub>», причем меньший фрагмент «LM15<sub>Ms2</sub>» формировал полосу на том же уровне в 1% агарозном геле, как и фрагмент «Lumai 15» (Фиг. 1). По-видимому, больший фрагмент 25 был специфичным для «LM15<sub>Ms2</sub>». Следовательно, полученный из промотора ПЦР-маркер, *WMS-PM*, создавали с использованием праймеров WMS-FP5 и WMS-RP5. Маркер *WMS-PM* использовали для скрининга библиотеки BAC «LM15<sub>Ms2</sub>». Был выявлен дополнительный клон BAC P204 (Фиг. 1 и 2), который был получен из 4D хромосомы с доминантным геном MS2. Аналогичным образом, клон BAC P204 секвенировали и собирали, при этом было установлено, что он содержит участок размером 1212 п.н., 30 который аналогичен участку в клоне BAC P1593. Для сравнения ген *wms* (SEQ ID NO: 3) содержит 8657 пар оснований, однако соответствующая последовательность гена *WMS* содержит 10592 пар оснований (SEQ ID NO: 4), разница в размерах в основном обусловлена вставкой транспозона в промотор *WMS*.

## **Пример 5**

### **Исследование тканеспецифичной экспрессии гена *WMS***

[00054] ПЦР с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР) и кОТ-ПЦР использовали для измерения уровня мРНК гена *WMS* в каждой ткани пшеницы. Для ОТ-ПЦР использовали два праймера WMS, WMS-FP6 и WMS-RP6, и два праймера, Actin-FP1 и Actin-RP1, для контрольного белка актина. Для кОТ-ПЦР использовали два других праймера *WMS*, WMS-FP7 и WMS- RP7, и два праймера, Actin-FP2 и Actin-RP2, для контрольного белка актина (Fu et al., 2007). Ген *WMS* специфично экспрессировался в пыльниках пшеницы, но не в других тканях, таких как створка, лист, нижняя цветковая чешуя и верхняя цветковая чешуя, пестики, корень и стебель (Фиг. 3А); уровень мРНК *WMS* в пыльнике был в 100 раз выше, чем в любых других исследованных тканях (Фиг. 3В).

## 10 Пример 6

### Идентификация промотора *WMS*

[00055] Область ДНК, расположенную в направлении 5'-конца относительно предсказанного старт-кодона, исследовали путем сравнения указанных генов, доминантного *WMS* и рецессивного *wms*. Для восстановления функционального промотора рассматривали возможность использования относительно длинного фрагмента (от 2 до 4 тыс.п.н) для генов растений, особенно неизвестных генов. В настоящем изобретении фрагмент размером 3502 п.н. (SEQ ID NO: 3) рассматривали в качестве промотора для рецессивного гена *wms* в «Lumai 15». Соответствующая область доминантного гена *WMS* из «LM15<sub>Ms2</sub>» содержала 5578 п.н. (SEQ ID NO: 4). Выбранные промоторы *WMS* и *wms* содержали 2414 идентичных пар нуклеотидов на 5'-конце, тогда как оставшаяся часть последовательности промотора *wms* длинной 1088 п.н. существенно отличалась по сравнению с остальной частью последовательности промотора *WMS* длинной 3164 п.н. Увеличение размера промотора *WMS* в основном было обусловлено вставками двух транспозонов длиной 275 п.н. и 179 п.н., соответственно. Предположительно, область последовательности длинной 5578 п.н., расположенная в направлении 5'-конца относительно области гена *WMS*, обладала активностью, специфичной для пыльника.

[00056] Чтобы подтвердить специфичную для пыльника активность промотора *WMS* (SEQ ID NO: 5), получали две конструкции для экспрессии у растений, включая принимающий вектор PC613 и конструкцию PC966, содержащую репортерный белок GFP (P<sub>WMS</sub>::GFP) (Фиг. 4А), в настоящей заявке P<sub>WMS</sub> обозначает промотор *WMS* (SEQ ID NO: 5). Ген GFP в PC613 и PC966 получали из pGWB4 (Nakagawa et al., 2007). PC613 и PC966 содержали аналогичный плазмидный остов pCAMBIA1300. Линкерная область ДНК между P<sub>WMS</sub> и GFP представляла собой 5'-TAGGGAGAGGCGCGCCGACCCAGCTTCTTGTACAAAGTGGTGATCATG-3', 5'-

концевые нуклеотиды TAGGGAG получали из конца промотора *WMS*, и 3'-концевой нуклеотид ATG обозначает старт-кодон GFP. PC613 и PC966 вводили путем баллистической трансфекции в различные органы цветка (нижнюю цветковую чешую, верхнюю цветковую чешую, пестик и пыльник) в соответствии с инструкциями в примере 5 9. Флуоресценцию GFP наблюдали под флуоресцентным стереомикроскопом через три дня после баллистической трансфекции. Сигналы GFP детектировали в тканях после баллистической трансфекции конструкцией PC966 ( $P_{WMS}::GFP$ ), особенно в пыльнике, но не в тканях после баллистической трансфекции конструкцией PC613. Следовательно, промотор *WMS* (SEQ ID NO: 5) согласно настоящему изобретению обладает промоторной 10 активностью и может стимулировать экспрессию GFP в пыльнике.

[00057] Для выполнения генетической комплементации (пример 9) и для проверки функции промотора *WMS* (SEQ ID NO: 5), геномную аллель *WMS* (SEQ ID NO: 7) клонировали и использовали для сборки конструкции для экспрессии у растений PC976 (Фиг. 4A). Конструирование вектора и баллистическую трансфекцию выполняли, как 15 описано в примере 9. В PC966 и PC976 использовали идентичные фрагменты промотора *WMS* (SEQ ID NO: 5). Тканеспецифичную экспрессию гена *WMS* регистрировали в трансгенной линии пшеницы «JZ7-2» (таблица 3), для детектирования использовали 20 праймеры *WMS*, *WMS-FP6* и *WMS-RP6*, и праймеры актина, *Actin-FP1* и *Actin-RP1*. Как следствие этого промотор *WMS* (SEQ ID NO: 5) согласно настоящему изобретению вызывал специфичную для пыльника экспрессию гена *WMS*, которая отсутствовала в других тканях, включая лист, стебель, створку, нижнюю цветковую чешую, верхнюю цветковую чешую и пестик (Фиг. 4C). В заключение следует отметить, что промотор *WMS* (SEQ ID NO: 5) способен вызывать специфичную для пыльника экспрессию.

[00058] Следовательно, целесообразной является сборка кассеты экспрессии, 25 содержащей промотор *WMS* (SEQ ID NO: 5) и ген-мишень. После введения в растения (например, зерновые сельскохозяйственные культуры, древесные породы, овощи и цветы) кассета экспрессии обеспечит специфичную для пыльника экспрессию гена-мишени. Это будет иметь большое значение для формирования мужской стерильности и других важных признаков у растений.

30 **Пример 7**

**Получение EMS-индукированной популяции «LM15<sub>M<sub>s</sub>2</sub>»**

[00059] Мутированную популяцию «LM15<sub>M<sub>s</sub>2</sub>», содержащую 1200 WMS- 35 положительных растений M<sub>1</sub>, создавали с использованием 87,4 мкМ раствора этилметансульфоната (EMS; Sigma-Aldrich, Сет-Луис, Массачусетс, США). В общих чертах, по 400 семян (M<sub>0</sub>) от растений, полученных в результате скрещивания

«LM15<sub>Ms2</sub>»/«Lumai 15», замачивали в 100 мл 87,4 мкМ EMS (0,9% в воде, об./об.), и затем инкубировали в работающем шейкере при 150 об./мин и 25 °C в течение 10 ч. После обработки EMS семена промывали под проточной водой при комнатной температуре в течение 4 часов. Семена M<sub>1</sub> после мутагенеза помещали на влажную бумагу и поддерживали в пластиковой коробке (длина×ширина×высота = 40 см×30 см×20 см), покрытой полиэтиленовой пленкой, и затем инкубировали при 25 °C с 16 ч фотопериодом в течение 8 дней. Жизнеспособные саженцы с корнями пересаживали в почву и поддерживали в холодном помещении при 4 °C и 12 ч фотопериоде в течение 6 недель. Яровизированные растения M<sub>1</sub> затем поддерживали в теплице при 25 °C и 16 ч фотопериоде. В теплице поддерживали только растения, несущие доминантный ген WMS, и отбраковывали растения без доминантного гена WMS, которые давали мутированную популяцию, включая 1200 WMS-содержащих растений M<sub>1</sub>.

### **Пример 8**

#### **Скрининг методом TILLING мутации WMS в EMS-обработанной популяции «LM15<sub>Ms2</sub>»**

[00060] Вследствие присутствия доминантного гена WMS все 1200 WMS-содержащих растений M<sub>1</sub>, предположительно, характеризуются мужской стерильностью. Однако некоторые мутации в гене WMS, как полагают, подавляют его функцию, вызывая мужскую фертильность. Следовательно, характеристики мужской фертильности/стерильности исследовали во всех колосьях 1200 WMS-содержащих растений M<sub>1</sub>. Из 3138 осмотренных колосьев, двадцать колосьев имели фенотипы мужской фертильности, характеризующиеся обычным пыльником, пылением и завязыванием семян (Фиг. 5).

[00061] Геномную ДНК получали из верхних листьев основного ствola растений M<sub>1</sub> методом на основе сарказила (Yuan et al., 2012). Концентрации ДНК измеряли с использованием спектрофотометра NanoDrop (Thermo Scientific, Уилмингтон, Делавэр, США) и нормировали до концентрации 100 нг/мкл. Равные количества четырех образцов ДНК объединяли и подготавливали для исследования в 96-луночном планшете. Образцы ДНК также получали из верхних листьев основных стеблей или отростков, которые давали колосья с мужской фертильностью. Каждую из указанных ДНК объединяли с равным количеством геномной ДНК из дикого типа «LM15<sub>Ms2</sub>» с получением двукратного пула

[00062] Общую геномную ДНК экстрагировали методом на основе сарказила (Yuan et al., 2012). Для всех растений сегмент верхнего листа (длинной 3-5 см) первичного отростка использовали для получения независимых образцов ДНК. Концентрацию ДНК

измеряли с помощью спектрофотометра ND2000 (Thermo Scientific, Уилмингтон, Делавэр, США), и доводили до 100 нг/мкл с использованием бидистиллированной воды. Каждые четыре образца ДНК объединяли и хранили в 96-луночных планшетах. Верхние листья двадцати отростков/колосьев с фенотипом мужской фертильности собирали и получали из них независимые образцы ДНК. В тех случаях, когда отросток с мужской фертильностью являлся первичным отростком, использовали образец ДНК первичного отростка. ДНК из каждого отростка с мужской фертильностью затем объединяли с равным количеством ДНК дикого типа «LM15<sub>M52</sub>» и также хранили в 96-луночном планшете.

[00063] Модифицированный подход TILLING (Uauy et al., 2009) использовали для 10 детектирования индуцированных мутаций гена *WMS*. Метод детектирования с использованием полиакриламида включает двухэтапный скрининг. Первый этап скрининга методом ПЦР состоит из двух реакций ПЦР: 1) ПЦР для длинных фрагментов проводили для амплификации аллеля *WMS* во всех пулах ДНК с использованием набора KOD FX (Toyobo Co., Осака, Япония); для проведения ПЦР использовали селективные 15 праймеры для ПЦР, WMS-FP8 и WMS-RP10; ПЦР проводили в 50 мкл смесей, содержащих 1× буфер для ПЦР (KOD-Plus-Neo), 1,5 мМ MgSO<sub>4</sub>, 0,2 мМ каждого дНТФ, 0,2 мкМ каждого праймера, 200 нг геномной ДНК, 1 Ед полимеразы Taq (KOD-Plus-Neo) и бидистиллированную H<sub>2</sub>O; реакции ПЦР проводили в следующих условиях: начальная денатурация при 94 °C в течение 2 мин, затем 35 циклов при 98 °C в течение 10 с, 60 °C в 20 течение 30 с и 68 °C в течение 6 мин и окончательное удлинение при 68 °C в течение 10 мин; продукт ПЦР разводили в 500 раз с использованием бидистиллированной H<sub>2</sub>O и затем использовали в качестве матрицы для следующей реакции ПЦР; 2) второй этап ПЦР проводили в 25 мкл смесей, содержащих 1× буфер для ПЦР (1,5 мМ MgCl<sub>2</sub>, 0,2 мМ каждого дНТФ (Promega, Мэдисон, США), 0,2 мкМ каждого праймера, 2 мкг ДНК-матрицы из разбавленного продукта ПЦР, 1 Ед полимеразы Taq (Promega) и бидистиллированную H<sub>2</sub>O; матрицу размером 5922 п.н. разделяли на три фрагмента для 25 амплификации: первый фрагмент амплифицировали с использованием WMS-FP8 и WMS-RP8, второй фрагмент амплифицировали с использованием WMS-FP9 и WMS-RP9 и третий фрагмент амплифицировали с использованием WMS-FP10 и WMS-RP10; реакции 30 ПЦР проводили при следующих условиях: начальная денатурация при 94 °C в течение 5 мин, затем 35 циклов при 94 °C в течение 30 с, 61 °C в течение 30 с, 72 °C в течение 90 с, и окончательное удлинение при 72 °C в течение 10 мин. В конце реакции ПЦР проводили 35 этап денатурации и повторного отжига (99 °C в течение 10 мин, 90 циклов при 72 °C в течение 20 с со снижением на 0,3 °C в каждом цикле), чтобы обеспечить образование гетеродуплексов, если мутация присутствует в пуле.

[00064] После этапа повторного отжига продукт ПЦР расщепляли с помощью экстракта сока сельдерея (СJE), который получали с использованием протокола, описанного Till et al. (Till et al., 2006). Количество СJE для расщепления гетеродуплексов оптимизировали, как это было предложено Uauy et al. (Uauy et al., 2009). Реакция СJE включала: 14 мкл продукта ПЦР, 1 мкл СJE, 2 мкл 10× буфера для расщепления (Till et al., 2006) и 3 мкл бидистиллированной  $\text{H}_2\text{O}$  до конечного объема 20 мкл. Расщепление проводили при 45 °C в течение 30 мин и немедленно останавливали реакцию путем добавления 5 мкл ЭДТА (75 мМ) в расчете на один образец и тщательно перемешивали. К образцам добавляли по 5 мкл буфера для загрузки, содержащего краситель бромфеноловый синий (6×), и приблизительно 24 мкл реакционной смеси вносили в 3% полиакриламидный гель (акриламид:бис в соотношении 19:1). Положительные пулы идентифицировали путем детектирования расщепленных продуктов ПЦР, объединенный размер которых был сопоставим с размером интактного продукта ПЦР. В отношении двукратных пулов ДНК присутствие расщепленной полосы ПЦР указывало на точечную мутацию в матрице ПЦР выбранного образца ДНК. В отношении четырехкратных пулов ДНК присутствие расщепленной полосы ПЦР указывало на то, что один образец ДНК из идентифицированного пула ДНК должен нести точечную мутацию в матрице ПЦР, которая может быть идентифицирована на втором этапе скрининга.

[00065] Второй этап скрининга выполняли, чтобы определить, какие отдельные ДНК в четырехкратном пуле ДНК действительно несут мутацию. Каждый образец ДНК затем объединяли с равным количеством геномной ДНК из дикого типа «LM15<sub>Ms2</sub>» с получением двукратного пула; указанные двукратные пулы ДНК затем подвергали скринингу для определения продуктов расщепления, обнаруженных на первом этапе скрининга.

[00066] Чтобы выявить изменение нуклеотида проводили стандартную реакцию ПЦР на выбранной индивидуальной ДНК; продукт ПЦР секвенировали, чтобы выявить точечную мутацию (Фиг. 5). Для колосьев  $M_1$  с мужской фертильностью идентифицированные точечные мутации вновь подтверждали в растениях  $M_2$ .

[00067] Скрининг методом TILLING выявил 35 мутантов среди 1200 первичных отростков, в то время среди 20 отростков с мужской фертильностью было выявлено восемь мутированных вариантов (Фиг. 5). В соответствии с данными, полученными для первичных отростков, частота мутаций гена *WMS* составляет около 2,92%. Однако среди 20 отростков с мужской фертильностью было обнаружено восемь отростков, несущих детектируемые мутации, и 12 отростков, вероятно, не имели мутаций в гене *WMS*. Если предположить отсутствие корреляции между *WMS* и мужской фертильностью (нулевая

гипотеза), то частота мутаций в популяции (2,92%) может быть использована для вычисления ожидаемых значений для присутствия мутации и отсутствия мутации среди 20 отростков с мужской фертильностью, которые составляют 0,58 и 19,42, соответственно. Однако критерий согласия хи-квадрат отклонил нулевую гипотезу ( $\chi^2 = 97,13$ ,  $df = 1$ ,  $P = 6,49 \cdot 10^{-23}$ ). Следовательно, ген *WMS* вероятно определяет мужскую стерильность в пшенице *Taigu*.

### **Пример 9**

#### **Получение трансгенной пшеницы Bobwhite с использованием баллистической трансфекции**

- 10 [00068] Для выполнения генетической комплементации геномный фрагмент размером 10592 п.н. (SEQ ID NO: 7) гена *WMS* клонировали из «LM15<sub>Ms2</sub>» с использованием набора FX KOD и двух специфичных ПЦР-праймеров, WMS-FP11 и WMS-RP11. После клонирования продукта ПЦР во вставляемый вектор и принимающий вектор получали конструкцию для экспрессии у растений (PC976), которая несла селективный маркер BAR (Фиг. 4А). В настоящем изобретении получали BAC-клоны, несущие ген *WMS*. Это облегчит клонирование гена *WMS* (SEQ ID NO: 7) из BAC клонов согласно настоящему изобретению. Если необходимо прямое клонирование из пшеницы *Taigu*, ПЦР со сравнением с эталоном (Vasl et al., 2004) облегчит амплификацию полноразмерного гена *WMS* (SEQ ID NO: 7).
- 15 [00069] Протоколы для тканевой культуры и баллистической трансфекции пшеницы адаптировали из предыдущих исследований (Weeks et al., 1993; Lv et al., 2014). Незрелые зерновки из сорта *T. aestivum* «Bobwhite» собирали через две недели после цветения, стерилизовали с помощью 70% (об./об.) этианола, содержащего 0,05% (об./об.) твин-20 в течение 5 мин, затем с использованием 20% (об./об.) хлорной извести Clorox с добавлением 0,05% (об./об.) твин-20 в течение 15 мин, и промывали 3-5 раз с использованием стерильной дистиллированной воды. Незрелые зародыши (приблизительно 1 мм в длину) выделяли из стерилизованных зерновок, помещали в среду для диссекции так, чтобы щиток был направлен вверх (MS-основание 4,3 г/л, мальтоза 40 г/л, тиамин-HCl 0,5 мг/л, L-аспарагин 0,15 г/л, 2,4-D 2 мг/л, CuSO<sub>4</sub> 0,78 мг/л, Phytagel 2,5 г/л, pH=5,8), и поддерживали в течение 4-6 дней при температуре 22-23 °C в темноте. Незрелые зародыши затем обрабатывали в течение четырех часов в средах с высокой осмолярностью (MS-основание 4,3 г/л, мальтоза 40 г/л, сахароза 171,15 г/л, тиамин-HCl 0,5 мг/л, L-аспарагин 0,15 г/л, 2,4-D 2 мг/л, CuSO<sub>4</sub> 0,78 мг/л, Phytagel 2,5 г/л, pH=5,8), и подвергали баллистической трансфекции. Через двадцать часов после баллистической трансфекции незрелые зародыши переносили в среды для восстановления (состав которых

аналогичен составу сред для диссекции), поддерживали в течение 2-х недель при температуре 22-23 °C в темноте. Полученные из зародышей каллусы переносили в среды для восстановления (среда для диссекции, дополненная 0,1 мг/л 6-ВА и 3 мг/л биалафоса) и поддерживали в течение двух недель в вегетационной камере (22-23 °C, 16 ч свет/8 ч темнота, интенсивность света 25 мкмоль·м<sup>-2</sup>·с<sup>-1</sup>). Восстановленные проростки (2-3 см) переносили в среды для укоренения (среда для диссекции, ослабленная в два раза, с добавлением 3 мг/л биалафоса), и выдерживали при тех же условиях окружающей среды, как и для восстановления. Жизнеспособные проростки с хорошо развитыми корнями укореняли в почву в теплице.

10 [00070] Баллистическую трансфекцию проводили с использованием системы для доставки PDS-1000/He Particle (Bio-Rad Laboratories, США). Для проведения трех трансфекций 2 мг микроносителей (частицы золота диаметром 0,6 мкм; Bio-Rad, США) взвешивали в 1,5 мл микроцентрифужных пробирках, стерилизовали путем смешивания с 35 мкл чистого этанола, выделяли путем осаждения (12000 об./мин в течение 5 с), удаляли 15 супернатант, промывали в 200 мкл ледяной стерильной дистиллированной воды и собирали путем осаждения с последующим удалением супернатанта. Предварительно обработанные микроносители ресуспендировали в 245 мкл предварительно охлажденной стерильной воды, содержащей 20 мкг плазмидной ДНК, и объединяли с 250 мкл предварительно охлажденного раствора CaCl<sub>2</sub> (2,5 М). При необходимости растворы на 20 предыдущих этапах тщательно перемешивали с помощью пипетки. Затем к суспензии микроносителей добавляли 50 мкл предварительно охлажденного раствора спермидина (1,45%, об./об.) и сразу же смешивали при помощи вортекса в холодной комнате (4 °C) в течение 15-20 мин. Микроносители, покрытые плазмидной ДНК, выделяли путем центрифugирования (12000 об./мин в течение 10 с), с последующим удалением 25 супернатанта, и затем повторно суспендировали в 36 мкл чистого этанола. Для каждой баллистической трансфекции по 10 мкл суспензии золота вносили в центр диска для микроносителей (Bio-Rad), высушивали на воздухе в ламинарном проточном боксе, и помещали пусковой контейнер для микроносителей под разрывным диском, который разрывается при давлении 1100 фунтов на квадратный дюйм. Шестьдесят незрелых 30 зародышей, расположенных в виде круга диаметром 3,5 см, помещали на 6 см ниже пускового контейнера для микроносителей. Систему PDS-1000/He использовали в соответствии с инструкцией изготовителя. Условия бомбардировки включали давление гелия 1300 фунтов на квадратный дюйм и вакуум при 25 мм ртутного столба.

35 [00071] В общей сложности 2742 незрелых зародыша пшеницы бомбардировали конструкцией PC976, и 26 растений восстановили из каждого отдельного зародыша

(таблица 3). Предполагаемые трансгенные растения сначала подвергали скринингу в теплице путем проверки их устойчивости к 0,3% (об./об.) гербициду Finale®. На стадии удлинения стебля все отростки (один лист на один отросток, 3 см сегмента на лист) покрывали гербицидом. Чувствительность к гербициду оценивали через пять дней после нанесения гербицида. Покрытая область оставалась зеленой и здоровой на отростках, устойчивых к гербициду, однако исчезала на отростках, чувствительных к гербициду. Только пять растений проявили устойчивость к гербициду (Фиг. 6 и таблица 3). На стадии цветения три растения обладали мужской стерильностью, и два из них были также устойчивы к гербициду (Фиг. 6 и таблица 3). Затем предполагаемые трансгенные растения исследовали для того чтобы выявить присутствие маркера селекции BAR и гена WMS с использованием ПЦР-праймеров BAR-FP1, BAR-RP1, WMS-FP8 и WMS-RP12. Семь растений показали положительные результаты на наличие BAR и гена WMS (таблица 3). ОТ-ПЦР использовали для исследования транскрипции WMS в молодых колосьях с помощью ПЦР-праймеров WMS-FP6 и WMS-RP6 для гена WMS и Actin-FP1 и Actin-RP1 для внутреннего контроля. кДНК WMS поддавалась детектированию только в трех трансгенных растениях с мужской стерильностью (Фиг. 6). В заключение следует отметить, что введение геномного фрагмента WMS (SEQ ID NO: 7) и экспрессия кДНК WMS (SEQ ID NO: 1) привела к развитию фенотипа мужской стерильности в трансгенной пшенице. Следовательно, введение геномного фрагмента WMS (SEQ ID NO: 7) или кДНК WMS (SEQ ID NO: 1) под контролем соответствующего промотора в fertильные растения (такие как зерновые культуры, древесные породы, цветы и овощи) может обеспечить получение трансгенных растений с мужской стерильностью. Это позволит значительно улучшить повторяющуюся селекцию растений и получение гибридных семян.

**Таблица 3. Присутствие гена WMS в трансгенных растениях пшеницы Т<sub>0</sub>**

№ растения	№ каллуса	Нанесение гербицида	гДНК BAR	гДНК WMS	кДНК WMS	Мужская стерильность
JZ6-1	217	+	+	+	+	+
JZ6-2	227			-	-	-
JZ6-3	251	+	+	+	-	-
JZ6-4	253	-	-	-	-	-
JZ6-5	260	-	-	-	-	-
JZ6-6	269	-	-	-	-	-
JZ6-7	279	+	+	+	+	+
JZ6-8	290	-	-	-	-	-
JZ6-9	293	-	-	-	-	-

JZ7-1	400	-	-	-	-	-
JZ7-2	402	-	+	+	+	+
JZ7-3	415	+	+	+	-	-
JZ7-4	416	-	-	-	-	-
JZ7-5	417	-	-	-	-	-
JZ7-6	420	-	-	-	-	-
JZ9-1	439	-	-	-	-	-
JZ9-2	445	-	-	-	-	-
JZ9-3	446	-	-	-	-	-
JZ9-4	452	-	-	-	-	-
JZ9-5	454	-	-	-	-	-
JZ9-6	458	-	-	-	-	-
JZ9-7	459	-	-	-	-	-
JZ9-8	460	-	-	-	-	-
JZ9-9	463	+	+	+	-	-
JZ9-10	464	-	+	+	-	-
JZ9-11	467	-	-	-	-	-

Примечание: «+» указывает на устойчивость к гербициду, положительный результат на наличие гена BAR, положительный результат на наличие гена WMS, положительный результат на наличие кДНК *WMS* и мужскую стерильность; Клетки с символом «+» были затенены серым цветом. Количество растений положительных в отношении каждого исследуемого признака было подчеркнуто в строках промежуточных итогов.

#### Пример 10

#### Получение трансгенных растений *Brachypodium* с использованием *Agrobacterium*-опосредованной трансформации

[00072] Результаты, полученные в настоящем изобретении, подтвердили функционирование гена *WMS* в модельном растении *Brachypodium*. Конструкцию для экспрессии у растений PC976 (Фиг. 4А) вводили в штамм *Agrobacterium* «AGL1» путем электропорации. Трансгенные растения *Brachypodium* получали с использованием протокола *Agrobacterium*-опосредованной трансформации (Bragg et al., 2012).

[00073] Для получения инокулята *Agrobacterium* AGL1, несущие конструкцию PC976, наносили штрихом на твердую среду MG/L (триптон 5 г/л, дрожжевой экстракт 2,5 г/л, NaCl 5 г/л, D-маннит 5 г/л, MgSO<sub>4</sub> 0,1 г/л, K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 0,25 г/л, L-глутаминовая кислота 1,2 г/л, порошок агара 15 г/л, pH=7,2) с добавлением соответствующих антибиотиков (канамицин 50 мг/л, карбенициллин 100 мг/л и рифампицин 40 мг/л), инкубировали в

течение двух дней при 28 °C в темноте, собирали путем соскабливания колоний *Agrobacterium* со среды MG/L и ресуспендировали до достижения OD<sub>600</sub>=0,6 в жидкой СИМ.

[00074] Незрелые семена собирали из изолята *B. distachyon* «Bd21-3» на этапе 5 налива семян, стерилизовали в 10% (об./об.) хлорной извести Clorox®, дополненной 0,1% (об./об.) тритоном X-100, в течение 4 мин и промывали 3 раза стерильной водой. Незрелые зародыши (длинной 0,3-0,7 мм) выделяли из стерилизованных семян, расположенных щитком вверх на средах для инициации каллуса (СИМ: LS-основание 4,43 г/л, CuSO<sub>4</sub> 0,6 мг/л, сахароза 30 г/л, 2,4-D 2,5 мг/л, Phytigel 2 г/л, pH=5,8) и инкубировали 10 при 28 °C в темноте. Через четыре недели каллусы стали видны вследствие пролиферации клеток щитка; для субкультивирования и *Agrobacterium*-опосредованной трансформации отбирали только желтоватые эмбриогенные каллусы.

[00075] Эмбриогенные каллусы инфицировали в течение 5 минут путем погружения 15 в свежий инокулят *Agrobacterium*, который содержал 200 мкМ ацетосирингона и 0,1% (масс./об.) Synperonic PE/F68, высушивали на фильтровальной бумаге для удаления свободной суспензии инокулята и инкубировали на трех слоях фильтровальной бумаги в течение 3 дней при температуре 22 °C в темноте. После совместного культивирования каллусы сначала поддерживали на средах СИМ, дополненных 150 мг/л тиментина и 40 мг/л гигромицина в течение одной недели при 28 °C в темноте, и затем культивировали в 20 течение еще двух недель. Жизнеспособные каллусы переносили на среды для восстановления (Bragg et al., 2012) (LS-основание 4,43 г/л, CuSO<sub>4</sub> 0,6 мг/л, мальтоза 30 г/л, кинетин 0,2 мг/л, Phytigel 2 г/л, pH=5,8), содержащие 150 мг/л тиментина и 40 мг/л гигромицина, и поддерживали при 28 °C в условиях LD (16 часов свет/8 часов темнота, интенсивность света 20 мкмоль·м<sup>-2</sup>·с<sup>-1</sup>). После того как восстановленные побеги достигли 25 1-2 см в длину их переносили в среды для укоренения (Bragg et al., 2012) (MS-основание с витамином 4,42 г/л, сахароза 30 г/л, Phytigel 2 г/л, pH=5,8), которые содержали 150 мг/л тиментина, и поддерживали при тех же условиях, как и на этапе восстановления. После того как восстановленные побеги давали здоровые корни (2-3 см) их укореняли в почву в теплице.

[00076] В общей сложности 100 каллусов инфицировали штаммом *Agrobacterium* AGL1, несущим конструкцию PC976. Одиннадцать растений были восстановлены из 30 восьми независимых каллусов (таблица 4). Предполагаемые трансгенные растения первоначально подвергали скринингу в теплице путем проверки их устойчивости к 0,3% (об./об.) гербициду Finale®. На стадии трех листьев (приблизительно 10 см в высоту) все отростки (один лист на отросток, 1 см сегмент на лист) обрабатывали гербицидом.

Чувствительность к гербициду оценивали через пять дней после нанесения гербицида. Покрытая область оставалась зеленой и здоровой на устойчивых к гербициду отростках, однако исчезала на отростках, чувствительных к гербициду. Десять растений проявили устойчивость к гербициду (Фиг. 7 и таблица 4). На стадии цветения десять растений имели фенотип мужской стерильности и также были устойчивы к гербициду (Фиг. 7 и таблица 4). Затем предполагаемые трансгенные растения исследовали, чтобы выявить присутствие маркера селекции BAR и гена WMS с использованием ПЦР-праймеров BAR-FP1, BAR-RP1, WMS-FP8 и WMS-RP12. Все десять растений были положительными в отношении генов BAR и WMS (таблица 4). ОТ-ПЦР использовали для проверки транскрипции WMS в молодых колосьях с использованием ПЦР-праймеров WMS-FP6 и WMS-RP6 для гена WMS и Actin-FP1 и Actin-RP1 для внутреннего контроля. кДНК *WMS* поддавалась детектированию в десяти трансгенных растениях с мужской стерильностью (Фиг. 7, таблица 4). В совокупности, среди 11 предполагаемых трансгенных растений десять растений были устойчивы к гербициду, положительны в отношении трансгенов BAR и WMS, положительны в отношении кДНК *WMS* и имели фенотип мужской стерильности. В то время как только одно растение было чувствительно к гербициду, не содержало трансгены BAR и WMS, не содержало кДНК *WMS* и имело фенотип мужской fertильности. Следовательно, геномный фрагмент *WMS* (SEQ ID NO: 7) может эффективно индуцировать мужскую стерильность в *Brachypodium*.

[00077] В свою очередь, введение геномного фрагмента *WMS* (SEQ ID NO: 7) или кДНК *WMS* (SEQ ID NO: 1) под контролем соответствующего промотора в fertильные растения (такие как зерновые культуры, древесные породы, цветы и овощи) может вызвать развитие фенотипа мужской стерильности у трансгенных растений. Это позволит значительно улучшить повторяющуюся селекцию растений и получение гибридных семян.

**Таблица 4. Присутствие гена *WMS* в трансгенных растениях *Brachypodium T<sub>0</sub>***

№ растения	№ каллуса	Нанесение гербицида	гДНК BAR	гДНК WMS	кДНК WMS	Мужская стерильность
22-1	22-1	-	-	-	-	-
22-2	22-2	+	+	+	+	+
22-7	22-7	+	+	+	+	+
22-8	22-8	+	+	+	+	+
22-9	22-9	+	+	+	+	+

22-5A	22-5	+	+	+	+	+
22-5B	22-5	+	+	+	+	+
22-6A	22-6	+	+	+	+	+
22-6B	22-6	+	+	+	+	+
22-12A	22-12	+	+	+	+	+
22-12B	22-12	+	+	+	+	+

Примечание: «+» указывает на устойчивость к гербициду, положительный результат на наличие гена BAR, положительный результат на наличие гена WMS, положительный результат на наличие кДНК *WMS* и мужскую стерильность; «-» указывает на чувствительность к гербициду, отрицательный результат на наличие гена BAR,

- 5 отрицательный результат на наличие гена WMS, отрицательный результат на наличие кДНК *WMS* и мужскую фертильность. Клетки с символом «+» были затенены серым цветом. Количество растений положительных в отношении каждого исследуемого признака было подчеркнуто в строках промежуточных итогов.

## Литература:

- Altschul, S., Gish, W., Miller, W., Myers, E., Lipman, D. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology* **215**, 403-410.
- Bolger, A.M., Lohse, M., Usadel, B. (2014). Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics* **30**, 2114-2120.
- Bragg, J.N., Wu, J., Gordon, S.P., Guttman, M.E., Thilmony, R., Lazo, G.R., Gu, Y.Q., Vogel, J.P. (2012). Generation and characterization of the Western Regional Research Center Brachypodium T-DNA insertional mutant collection. *PLoS ONE* **7**, e41916.
- Cao, W., Somers, D.J., Fedak, G. (2009). A molecular marker closely linked to the region of *Rht-D1c* and *Ms2* genes in common wheat (*Triticum aestivum*). *Genome* **52**, 95–99.
- Cheng, J.K., Alper, H.S. (2014). The genome editing toolbox: a spectrum of approaches for targeted modification. *Current Opinion in Biotechnology* **30**, 87-94.
- Christensen, A., Sharrock, R., Quail, P. (1992). Maize polyubiquitin genes: structure, thermal perturbation of expression and transcript splicing, and promoter activity following transfer to protoplasts by electroporation. *Plant Molecular Biology* **18**, 675-689.
- Deng, J., Gao, Z. (1982). Discovery and determination of a dominant male sterile gene and its importance in genetics and wheat breeding. *Science China: Chemistry* **25**, 508-520.
- Djukanovic, V., Smith, J., Lowe, K., Yang, M., Gao, H., Jones, S., Nicholson, M.G., West, A., Lape, J., Bidney, D., Carl Falco, S., Jantz, D., Alexander Lyznik, L. (2013). Male-sterile maize plants produced by targeted mutagenesis of the cytochrome P450-like gene (*MS26*) using a re-designed I-CreI homing endonuclease. *The Plant Journal* **76**, 888-899.
- Ewing, B., Hillier, L., Wendl, M.C., Green, P. (1998). Base-calling of automated sequencer traces using Phred. I. Accuracy Assessment. *Genome Research* **8**, 175-185.
- Fu, D., Dunbar, M., Dubcovsky, J. (2007). Wheat VIN3-like PHD finger genes are up-regulated by vernalization. *Molecular Genetics and Genomics* **277**, 301-313.
- Gurushidze, M., Hensel, G., Hiekel, S., Schedel, S., Valkov, V., Kumlehn, J. (2014). True-breeding targeted gene knock-out in barley using designer TALE-nuclease in haploid cells. *PLoS ONE* **9**, e92046.
- Haas, B.J., Papanicolaou, A., Yassour, M., Grabherr, M., Blood, P.D., Bowden, J., Couger, M.B., Eccles, D., Li, B., Lieber, M., MacManes, M.D., Ott, M., Orvis, J., Pochet, N., Strozzi, F., Weeks, N., Westerman, R., William, T., Dewey, C.N., Henschel, R., LeDuc, R.D., Friedman, N., Regev, A. (2013). *De novo* transcript sequence reconstruction from RNA-seq using the Trinity platform for reference generation and analysis. *Nature Protocols* **8**, 1494-1512.

- Hammond, S.M., Caudy, A.A., Hannon, G.J.** (2001). Post-transcriptional gene silencing by double-stranded RNA. *Nature Reviews Genetics* **2**, 110-119.
- Hemsley, A., Arnheim, N., Toney, M.D., Cortopassi, G., Galas, D.J.** (1989). A simple method for site-directed mutagenesis using the polymerase chain reaction. *Nucleic Acids Research* **17**, 6545-6551.
- Karlin, S., Altschul, S.F.** (1993). Applications and statistics for multiple high-scoring segments in molecular sequences. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **90**, 5873-5877.
- Kempken, F., Pring, D.** (1999). Plant breeding: Male sterility in higher plants - fundamentals and applications. In *Progress in Botany*, K. Esser, J.W. Kadereit, U. Lüttge, and M. Runge, eds (Springer Berlin Heidelberg), pp. 139-166.
- Ketting, R.F., Plasterk, R.H.A.** (2000). A genetic link between co-suppression and RNA interference in *C. elegans*. *Nature* **404**, 296-298.
- Korf, I., Yandell, M., Bledell, J.** (2003). An essential guide to the basic local alignment search tool: BLAST. (Sebastopol, CA: O'Reilly Associates).
- Kosuri, S., Church, G.M.** (2014). Large-scale *de novo* DNA synthesis: technologies and applications. *Nature Methods* **11**, 499-507.
- Landt, O., Grunert, H.-P., Hahn, U.** (1990). A general method for rapid site-directed mutagenesis using the polymerase chain reaction. *Gene* **96**, 125-128.
- Lapidot, M., Pilpel, Y.** (2006). Genome-wide natural antisense transcription: coupling its regulation to its different regulatory mechanisms. *EMBO Reports* **7**, 1216-1222.
- Li, B., Dewey, C.** (2011). RSEM: accurate transcript quantification from RNA-Seq data with or without a reference genome. *BMC Bioinformatics* **12**, 323.
- Liu, B., Deng, J.** (1986). A dominant gene for male sterility in wheat. *Plant Breeding* **97**, 204-209.
- Liu, X., Shangguan, Y., Zhu, J., Lu, Y., Han, B.** (2013). The rice *OsLTP6* gene promoter directs anther-specific expression by a combination of positive and negative regulatory elements. *Planta* **238**, 845-857.
- Luo, H., Lee, J.-Y., Hu, Q., Nelson-Vasilchik, K., Eitas, T., Lickwar, C., Kausch, A., Chandlee, J., Hodges, T.** (2006). *RTS*, a rice anther-specific gene is required for male fertility and its promoter sequence directs tissue-specific gene expression in different plant species. *Plant Molecular Biology* **62**, 397-408.
- Luo, M., Wing, R.** (2003). An improved method for plant BAC library construction. In *Plant Functional Genomics*, E. Grotewold, ed (Totowa, NJ: Humana Press), pp. 3-19.

- Lv, B., Nitcher, R., Han, X., Wang, S., Ni, F., Li, K., Pearce, S., Wu, J., Dubcovsky, J., Fu, D.** (2014). Characterization of *FLOWERING LOCUS T1 (FT1)* gene in *Brachypodium* and wheat. PLoS ONE **9**, e94171.
- Mackenzie, S.** (2012). Male sterility and hybrid seed production. In Plant Biotechnology and Agriculture, A.A.M. Hasegawa, ed (San Diego: Academic Press), pp. 185-194.
- Nagalakshmi, U., Waern, K., Snyder, M.** (2001). RNA-seq: A method for comprehensive transcriptome analysis. In Current Protocols in Molecular Biology (John Wiley & Sons, Inc.
- Nakagawa, T., Kurose, T., Hino, T., Tanaka, K., Kawamukai, M., Niwa, Y., Toyooka, K., Matsuoka, K., Jinbo, T., Kimura, T.** (2007). Development of series of gateway binary vectors, pGWBs, for realizing efficient construction of fusion genes for plant transformation. Journal of Bioscience and Bioengineering **104**, 34-41.
- Paddison, P.J., Caudy, A.A., Bernstein, E., Hannon, G.J., Conklin, D.S.** (2002). Short hairpin RNAs (shRNAs) induce sequence-specific silencing in mammalian cells. Genes & Development **16**, 948-958.
- Rao, M.K., Devi, K.U., Arundhati, A.** (1990). Applications of genie male sterility in plant breeding. Plant Breeding **105**, 1-25.
- Robinson, M.D., McCarthy, D.J., Smyth, G.K.** (2010). edgeR: a Bioconductor package for differential expression analysis of digital gene expression data. Bioinformatics **26**, 139-140.
- Saiki, R., Scharf, S., Faloona, F., Mullis, K., Horn, G., Erlich, H., Arnheim, N.** (1985). Enzymatic amplification of *beta*-globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. Science **230**, 1350-1354.
- Shan, Q., Wang, Y., Li, J., Gao, C.** (2014). Genome editing in rice and wheat using the CRISPR/Cas system. Nature Protocols **9**, 2395-2410.
- Shi, X., Zeng, H., Xue, Y., Luo, M.** (2011). A pair of new BAC and BIBAC vectors that facilitate BAC/BIBAC library construction and intact large genomic DNA insert exchange. Plant Methods **7**, 33.
- Simpson, J.T., Wong, K., Jackman, S.D., Schein, J.E., Jones, S.J.M., Birol, I.** (2009). ABySS: A parallel assembler for short read sequence data. Genome Research **19**, 1117-1123.
- Slade, A.J., Fuerstenberg, S.I., Loeffler, D., Steine, M.N., Facciotti, D.** (2005). A reverse genetic, nontransgenic approach to wheat crop improvement by TILLING. Nature Biotechnology **23**, 75-81.
- Smyth, D.R.** (1997). Gene silencing: Cosuppression at a distance. Current Biology **7**, R793-R796.

- Southern, E.M.** (1975). Detection of specific sequences among DNA fragments separated by gel electrophoresis. *Journal of Molecular Biology* **98**, 503-517.
- Till, B.J., Zerr, T., Comai, L., Henikoff, S.** (2006). A protocol for TILLING and Ecotilling in plants and animals. *Nature Protocols* **1**, 2465-2477.
- 5      **Uauy, C., Paraiso, F., Colasuonno, P., Tran, R., Tsai, H., Berardi, S., Comai, L., Dubcovsky, J.** (2009). A modified TILLING approach to detect induced mutations in tetraploid and hexaploid wheat. *BMC Plant Biology* **9**, 115.
- Vasl, J., Panter, G., Bencina, M., Jerala, R.** (2004). Preparation of chimeric genes without subcloning. *BioTechniques* **37**, 726-730.
- 10     **Waltz, E.** (2012). Tiptoeing around transgenics. *Nature Biotechnology* **30**, 215-217.
- Wang, Y., Cheng, X., Shan, Q., Zhang, Y., Liu, J., Gao, C., Qiu, J.-L.** (2014). Simultaneous editing of three homoeoalleles in hexaploid bread wheat confers heritable resistance to powdery mildew. *Nature Biotechnology* **32**, 947-951.
- 15     **Weeks, J.T., Anderson, O.D., Blechl, A.E.** (1993). Rapid production of multiple independent lines of fertile transgenic wheat (*Triticum aestivum*). *Plant Physiol* **102**, 1077-1084.
- Wendt, T., Holm, P., Starker, C., Christian, M., Voytas, D., Brinch-Pedersen, H., Holme, I.** (2013). TAL effector nucleases induce mutations at a pre-selected location in the genome of primary barley transformants. *Plant Molecular Biology* **83**, 279-285.
- 20     **Wu, L., Liu, D., Wu, J., Zhang, R., Qin, Z., Liu, D., Li, A., Fu, D., Zhai, W., Mao, L.** (2013). Regulation of *FLOWERING LOCUS T* by a MicroRNA in *Brachypodium distachyon*. *Plant Cell* **25**, 4363-4377.
- Yang, L., Liu, B., Zhai, H., Wang, S., Liu, H., Zhou, Y., Meng, F., Yang, J., Zhu, G., Chui, S., Zhang, Q., Wei, Y.** (2009). Dwarf male-sterile wheat: A revolutionary breeding approach to wheat. In *Induced plant mutations in the genomics era*, Q.Y. Shu, ed (Rome, Italy: Food and Agriculture Organization of the United Nations), pp. 370-372.
- 25     **Yuan, C., Jiang, H., Wang, H., Li, K., Tang, H., Li, X., Fu, D.** (2012). Distribution, frequency and variation of stripe rust resistance loci *Yr10*, *Lr34/Yr18* and *Yr36* in Chinese wheat cultivars. *Journal of Genetics and Genomics* **39**, 587-592.

SEQUENCE LISTING

<110> SHANDONG AGRICULTURAL UNIVERISTY  
<120> WHEAT MALE-STERILITY GENE WMS AND ITS ANTER-SPECIFIC EXPRESSION PROMOTER AND USES THEREOF  
<130> DFU-025433WO ORD  
<160> 36  
<170> PatentIn version 3.5  
<210> 1  
<211> 1485  
<212> DNA  
<213> Triticum aestivum Line 'Lumai 15+MS2'  
  
<220>  
<221> Coding Region of the WMS Gene (CDS)  
<222> (97)..(978)  
<223> Full-Length CDNA of the WMS Gene  
  
<400> 1  
cagtacccgc agtggacaca cgcttagctt tagctacgta ggccgcagcag ccggaaacta 60  
gcttagcaggt cgagaaggcc ggccggaggt agggagatgg cagggcacca cagccctcg 120  
gcggcctcgg cactgcgtga aaaagacacg ctggtgaggt gtctcgtggg atcaggtccc 180  
ggcggcggcg ctcatgccgg gacccgcggc gctgtgcggg acttcctcat ccagttccgc 240  
gaccaaggaa tccccctgggt ccgcatactac gagtcaaccc cggcttggca gcagcaatcc 300  
ggcgggctgc tgatccagga ttgggacgga gacgcccggc cggagggagc caaggtgttc 360  
ttcacgctca tcaccacaag gagggcggc gccattaaca ggagggcact gggaggcggg 420  
acgtggacaa gcaaggccgc gcccaggta ggggacgagg tcgcccgtcag cacactgtac 480  
ttcaaacggg gcgggtccag cggcagatta ttcaccgcct tggagatcca tctcagaaac 540  
gagccccaa ttgctatctg cctgctgcat ccgactaact atctgtatag cattcggat 600  
ttgaggctct acatcgacca gggatggttc ccgggaggaa ctcaagcaaa cctggcgcg 660  
gagcaatatac aagatcctga tgccctgga ttcgtgagtg gttcacgtgc tgattacacc 720  
actattctgt tttctagcag tgagactatt tacgaccagc aatcgattca ttcctccggg 780  
gctgctctgc cacctcatga tgcatctctg gatgctattt ctcaccaccc gttttcagaa 840  
aacaactcaa cgccagagtt tggggacag tattctcatg ctgatgaaat atcaatcatt 900  
aatgaataact acaatacctt gatggggacc aactccaact caggattgca tgccttatcc 960  
gcagcattct caagttgatg atacgtcattc cccggactac gactacaatc ctttggaga 1020  
gttttgagat tgagagatga catatgagca gtgctgtctg tacatattat ttcttgtaca 1080  
gtttctaatt atgaactctt gaataatctt gtcccggtgg acaatgctgt attttatgag 1140  
tcttggtagg aatgtatatg tttggataa aatcggtgaa gggtgcattgt agtgtatgac 1200

atcgcttga	cgaggaggt	gctgattgt	cgggactgaa	ctgaaggcaa	gacagcagca	1260
agcaagcact	gacaacgtgt	ggattgaata	tagctcagac	ggctgagagc	cgagggtcat	1320
caggcacat	gctcaacgcc	ggaggtcaat	tgtaattttt	atgtaatata	atttgcccta	1380
gtgttgcaat	atgtacaaat	attttagtat	tttagcctgt	gattcatcgg	tccatattaa	1440
tgttattgtg	tgaataaatg	tttatcaat	cctgcctgtg	attna		1485

<210> 2  
<211> 293  
<212> PRT  
<213> Triticum aestivum 'Lumai 15+MS2'

<400> 2

Met	Ala	Gly	His	His	Ser	Pro	Ser	Ala	Ala	Ser	Ala	Leu	Arg	Glu	Lys
1															15

Asp	Thr	Leu	Val	Arg	Cys	Leu	Val	Gly	Ser	Gly	Pro	Gly	Gly	Gly	Ala
															30
20								25							

His	Ala	Gly	Thr	Phe	Gly	Ala	Val	Arg	Asp	Phe	Leu	Ile	Gln	Phe	Arg
35							40						45		

Asp	Gln	Gly	Ile	Pro	Trp	Val	Arg	Ile	Tyr	Glu	Ser	Thr	Pro	Ala	Trp
															60
50															

Gln	Gln	Gln	Ser	Gly	Gly	Leu	Leu	Ile	Gln	Asp	Trp	Asp	Gly	Asp	Ala
															80
65							70					75			

Ala	Ala	Glu	Gly	Ala	Lys	Val	Phe	Thr	Leu	Ile	Thr	Thr	Arg	Arg
85								90					95	

Gly	Gly	Ala	Ile	Asn	Arg	Arg	Ala	Leu	Gly	Gly	Thr	Trp	Thr	Ser
100								105					110	

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

Phe	Lys	Arg	Gly	Gly	Ser	Ser	Gly	Arg	Leu	Phe	Thr	Ala	Leu	Glu	Ile
															130
															135
															140

His	Leu	Arg	Asn	Glu	Pro	Gln	Val	Ala	Ile	Cys	Leu	Leu	His	Pro	Thr
															145
												155			160

Asn	Tyr	Leu	Tyr	Ser	Ile	Arg	Asp	Leu	Arg	Leu	Tyr	Ile	Asp	Gln	Gly
															165
												170			175

Trp Phe Pro Gly Gly Thr Gln Ala Asn Leu Gly Ala Glu Gln Tyr Gln

180	185	190
Asp Pro Asp Val Pro Gly Phe Val Ser Gly Ser Arg Ala Asp Tyr Thr		
195	200	205
Thr Ile Leu Phe Ser Ser Ser Glu Thr Ile Tyr Asp Gln Gln Ser Ile		
210	215	220
His Ser Ser Gly Ala Ala Leu Pro Pro His Asp Ala Ser Leu Asp Ala		
225	230	235
Ile Ser His His Leu Phe Ser Glu Asn Asn Ser Thr Pro Glu Phe Gly		
245	250	255
Gly Gln Tyr Ser His Ala Asp Glu Ile Ser Ile Leu Asn Glu Tyr Tyr		
260	265	270
Asn Thr Leu Met Gly Thr Asn Ser Asn Ser Gly Leu His Ala Leu Ser		
275	280	285
Ala Ala Phe Ser Ser		
290		

<210> 3  
<211> 8657  
<212> DNA  
<213> Triticum aestivum 'Lumai 15'

<220>  
<221> The Genomic Region of the WMS GENE  
<222> (3503)..(7721)  
<223> The Full-Length Genomic Region of the WMS Gene

<400> 3  
gcggccgcgg gtgaggctt gccaaggcat caatggatcc cgaggacatg ctgctcgct 60  
cggtcctccg ccgctccctg acgatgtcgg agacagatgc gcggcggtgg gtggggcatt  
ggcgaggcgc tggtgatct ggaggacatg ctcctcgat cggcctcccg ccgctccctg 120  
acgacggtag agacggatgc gcggatgg gtgaggcggtt ggggaggctc cggtgatcc  
cgagaacacc ctcctcgat cggcccccg ctgcttgatc acgacggcg agaggatgc 180  
gcggcgccgg gtgaggcggtt ggagaggcgc tggtgatcc agaggacacg ctccttgatc  
ggatcctccg ccgctccctg atggcagcga agaggatgc gcggcgccgg gtgaggcggtt 240  
ggggaggcgc cggtgatcc cgaggacacg ctcctcgat cggcctcccg cgctccctg  
cgacgacgga gacggatgc cggcgccgg tgaggcggtt gcggcgatc ggtggatccc 300  
gaagacacgc tcctcgat cggcctccgc tgctcgatca caatggcaga gagggatgc  
tggcgccgg tgaggcggtt gagaggcgatc gatggatcc gaggacacgc tcctcgatc 360  
ggatcctccg ccgctccctg atggcagcga agaggatgc gcggcgccgg gtgaggcggtt 420  
ggggaggcgc cggtgatcc cgaggacacg ctcctcgat cggcctcccg cgctccctg  
cgacgacgga gacggatgc cggcgccgg tgaggcggtt gcggcgatc ggtggatccc 480  
gaagacacgc tcctcgat cggcctccgc tgctcgatca caatggcaga gagggatgc  
tggcgccgg tgaggcggtt gagaggcgatc gatggatcc gaggacacgc tcctcgatc 540  
ggatcctccg ccgctccctg atggcagcga agaggatgc gcggcgccgg gtgaggcggtt 600  
ggggaggcgc cggtgatcc cgaggacacg ctcctcgat cggcctcccg cgctccctg  
cgacgacgga gacggatgc cggcgccgg tgaggcggtt gcggcgatc ggtggatccc  
gaagacacgc tcctcgat cggcctccgc tgctcgatca caatggcaga gagggatgc  
tggcgccgg tgaggcggtt gagaggcgatc gatggatcc gaggacacgc tcctcgatc 660

aatcctccgc cggtccctga tgacggcgga gaggggtgcg cggcggcggg tgaggcattg 720  
gggaggcgct ggtggatccc gaggacatgc tcctcgcgtc ggtcctccgc tgccccctga 780  
cgaaggcgaa gacggatgcg aggccgcggg tgaggcattg tcgaggcgtc ggtggatccc 840  
gaggacacgc tcgtcaagtc agtcctccgc cgctccctgt cgacggtgga gacggttca 900  
tggcgatggg tgaggcgctg gcaaacgcgt gcactggtgg atccttagga cacgctcggt 960  
acgtcggtcc tccgcccgtc cctgacgatg gtggagactg atgcacggcg gctctggcat 1020  
cgagctgtcc gagcacgagg caatggtgca agttgcggcg aaggcgaaca ccgaggagta 1080  
ggagcgcttg ctccaggggc tggccgcgca gatctcctcg gacggccatg accctccgac 1140  
ggccaaggcc agcgcacgac cccaaacgga cgtccggttt ggctgcttt cgtctgtttg 1200  
cggcggcaat gggttcgccc atgtctgctt gggtccgttg ggttgtcgat atgccaacg 1260  
cacggccgca ccccaaatca tgtccagggt ggacgtgatt aaaaaaacac aaaaactaaa 1320  
atgaaatgcc aaaaaaaatta aataaatgca agcataaaaa tataaaacat aaattaacca 1380  
tcacggccac aaaacggccc agttccatgg ttcacataga cataattaac ataaaaacaa 1440  
aataaaaccg ccgcccacgc gtcctgccc tgcccgtcgc cgtcttctca gtggccgccc 1500  
ttgtcgttgt tgtcgctgac gaggtcgacg tagtccggcg gcgtccagag gtgggacggc 1560  
ggtgcgttgtt acacgggggc gggctggaag gcgggaggtg cctacacctc ctcccttgt 1620  
ggcgacgcct cccgctccgg tgaccatggc gttgtgggc accagtccac tgctagccca 1680  
ccagggccgg gtggAACACA gccacgggct ctcctccat cacccctcc gtcctcacca 1740  
tctccagctc gggatggcg acgtcgccgg ccgcagagag ggcacatcatc tttcgaggc 1800  
cctccattg ggcgtcatcg tgcgcttca tggagtccctc catgacacgt tgcatgagcc 1860  
gggcctccctc ctccgctgtc atgcgaggag gtgggttgtt cagcggagat ggtgaaggcg 1920  
acggcgtggg cgtgaggccg cgaccccgcg tacgcctcg cacctgggg gcagccgctg 1980  
cgcgctctcg acgtggccgt cgccggcccg acaaggtgcc ggcgaagaaa aaggcgcgac 2040  
gcgtgtcggt ctcgtccga aaccacgtgt cccacaggtc ggagtccggg gcgtaccgag 2100  
ggtcgttagta caggtcggtcc ggcaggaggc ggcggccggca ctggatctcc tcgcggcg 2160  
cacggccgct cgtcgggacc ggcgggatcg gcacccgggtt ggcggagaga tgccagttat 2220  
tggggagggtg cacgtcgctc catggagcg gcgtcctcggt ctcccaataa cgccggcata 2280  
catccgcgtg gatgtactgc tggtcgcgtc tgccgcggc cgtagggccg atggtaatg 2340  
ggcaggcggt gggggctcga tgcgggttgtt atgcgggctc ctcttcatg gagccgcggc 2400  
ggcggcccgaa ggacgagcca gcctcgttgtt cgcgttcccc cttgcgaccgg gtgttccaga 2460  
accccatggc tgcgaggccgg ccggccgacg agatcgagga cggggagagg gagagctagg 2520  
gtttgggtt tgtcgggtttt cgaggaggca gcacgggctg gagtgagagtg tgcggacgac 2580

gaccggtcca cggtttccca tttaagaagg acggtgactg tttgctggac ggatgacagg 2640  
tggggccgac cgcgcggtcg catatatgtt ggctgggg aggttaggtgt ccgcctgcca 2700  
cgcggcctcg aagcggacga gcgacgcgtc cgtttgcgtt ccgcccgcac ccaaattccgg 2760  
cacatgtttg cgctcgaaat gggtcggcct ggacacaaaaa cggaccagat gggctcaggc 2820  
cgtcgcgac tggggcgtgg gatttgcgtt ttttgcgtt aatggacggg gccggacggg 2880  
atggggtcgc ggcgaaggc gagagcagaa ccatcgaccg caagcggtga ttttgcgtc 2940  
accttctgcc atagggttag ctgcgtcact gccaagtata tcactgtctc gcgatttgag 3000  
catagagtca atcgatttc ctggccaatg gcgtcaaggg gagagatttgcgtt 3060  
ggaagtcgca gacccatgta catgtgcacg ggtgggtgcc ttatgtgatt tgacctctc 3120  
acggcgcacc agtactggac ggctcggttc ttattctaaa cacagatact agtgcgtcacc 3180  
ctgttgatat ttgatatttgcgtt agatttgcgtt gtcggcacc cgactgcaca gtccacatgc 3240  
atgcagctgg ctcttcgtt tgacttgaca cgctctcgct tctcccgatt cctgcccgcg 3300  
ccggcgtctc cacccgactt gatcgacatc ggcacatcgca tcggcctcgaaatggcc 3360  
tcgacgacgc tcagttatata agcgatcggtt ctgggtggagc tgcttgacttgcgtt 3420  
gacacacgct tagcttagc tacgttaggcg cagcagccgg aaacttagcta gcaggtcgag 3480  
aaggccggcc ggaggttaggg agatggcagg gcaccacagc ccctcggcgg cctcggcact 3540  
gcgtaaaaaa gacacgctgg tggggatct cgtggatca ggtccggcgg gcggcgctca 3600  
tgccgggacc ttgcacgctg tgccggactt cctcatccag ttccgcgacc aaggaatccc 3660  
ctgggtccgc atctacgacttgcgtt caacccggc ttggcagcag caatgtgacttgcgtt 3720  
ccactgttgc ttgatctgca taatgtact cattctact atgcctggc cggcctcgat 3780  
atcaacatga atgcgcgcgt atgttatgca gccggcgggc tgctgatcca ggattgggac 3840  
ggagacgccc cgccggaggg agccaagggtt ttcttcacgc tcatcaccac aaggaggggc 3900  
ggccatca acaggagggc actgggagggc gggacgtgga caagcaaggc cgccggcagg 3960  
gtaggggacg aggtcgccgt cagcacactg tacttcaaacc gggccgggtc cagcggcaga 4020  
ttattcaccg ccttggagat ccacatcgat aacgaggtat gctgtgcttgcgtt 4080  
cgcatatccat ttgtttgtt ttaatattgc ttatgcgtact atatattatc atgggtgttgcgtt 4140  
cccacgttgc tcaaagatcc gccccctgc ttgaaactgc tggtatataat gaacccttt 4200  
cttaagcttc ggtgttaggac tacggctccg ttctttttt ctccttcgtt cgcggcggc 4260  
aattccatct caccgatctc ttctcccgat ggcgacgaac cctagctacg tacctagcca 4320  
gctcgatca gtccgcttcc cttcaaaaaaa agaaaaataaa aaatccatct cactgaagtt 4380  
gcattcaac attgctgttc cgtacatcta aacttatata tgaacccctt tgtcaagcta 4440  
aattcaacg gcaagtgtgg tcaactatct catgttgact tgatgagcat gtccggcc 4500

gatcgatgt a tagaaaggag aagagctagc gaacaagaca aaaaatcagg agaatcatga 4560  
cgacatgatc aacagtagat tagtccttt tattatata gatgatccc attcggttgc 4620  
tctctagcta gagcaatata atactatagg atcagtactt tttagggca caccaccata 4680  
aggtagtcc taagttgacc ttcttctgct gcccttaaac ctcgtcgtca tagccagct 4740  
agtaaaccct ctccctcggt ctgtttctta cgagcccaag cagcccgttc cgtttcctca 4800  
cgagcccaag cccagcttgt aaacccttcc gtccccgccc tcgtctcgctc cagtcagac 4860  
ccctcttctc ttcttagtcaa cggtcgccgg cggcggcggc gccaagtcata ccaagacaca 4920  
gagcgctcag ccgcagcccc gaaccctaga aatcaagcga acgcggcggc gaggttccgg 4980  
ttggggagat gcacttcctt tttagcaag tcagtaaaa ttatatgtt atcttcgtg 5040  
tttggggatc tttttctagc cccaaatgtc tatctgcctg ctgcattccgat ctaaatatct 5100  
gtatagcatt cgggatttga ggctctacat cggccaggtaa aatattttctt atttcagtt 5160  
ttggggatc cccgtggcgcttacttcaa tggtcggtt acaagccaaat tagctgattc 5220  
agttgctgaa cgataaaaca agaccgattt cactatgcat gtttgctac aaatgaatga 5280  
gcccaacaac attactatga ggttacttcc ctcttcagg gatgggtccc gggaggaact 5340  
caagcaaaacc tgggcgcgga gcaatataa ggtattcata agtcatgatt gatcccaat 5400  
gccttcgaca gtttaactga aacaggcacc atctgtactt ttgttggaaac atagtgtatct 5460  
ttgatctggg tacatagata gccctgattt catatatcta cgtccttaca ttagtcatgg 5520  
aaatatgaaa acgaggtaga ttgatctgtt attttatcctt attacttagc atttttgtac 5580  
ttgtacatct tatttcggca gataaattta aaaccccaaca gctgatataat atattatcct 5640  
caatttatac actatttgat gaattgataa ggtaagaact cataagtcga gaactctaga 5700  
tatataccag ggacgtctac tatttcggca catgattgaa cataaatcaa tcactgcaga 5760  
atgatatttgc aactaaggct ttatcgtca taagatagac atattgtt tttccaaat 5820  
atattgtggaa atttaatctg ggcttatgtt aatagctcca attctctgctc ctgtggcata 5880  
ttaaatcgca ttggcttac actggcagaa gtttacatg ctacccgttgc tgcagatcct 5940  
gatgtttctg gattcgtgag tgggtcacgt gctgattaca ccactattctt gtttctgc 6000  
agtgggtttaa ttaagcttc catgcacaaa ctagaacaag ttaccaccaaa atttagattt 6060  
cttgcataac ccctatgctt atctaaatgtt gacaactcaa gttctattat ctcttagtaag 6120  
aagacataga agatgttta ttaagtcaat ttctgttctt acgtactccc tctgtcccac 6180  
aatgtacac gtttaacgctc ttgcattgtg ggacggaggg agagaacttg tcatttgctt 6240  
actggatttgc gagtttagact ggtataacttta attggaaat cattttgaaa actaaggcat 6300  
cgagtccttc actgttctgg gtgtactgag gtaaacaaca tgcacttcgg atgagatggg 6360  
agaatttaggc tattagcact caggattagc ctacagatag gttttatgca cagcacaacc 6420

tatatatgag atatttaca taccgtatga tacctgtaaa cattgataag tggtatatct 6480  
caacaccatg cataattaat tgcaatacta cagaatgtac tagacaattc tggaccctcc 6540  
gatttggatc tggcggccga tatagtcctt ctcccatgtt gttttgtta tatagaacac 6600  
ttgtttggag tgaatttagc gtacattatc tggaaactca gttttgtct gttgataatt 6660  
ggcttacagc tgcatttcag aacataacaa tgtgagttt aacagactat ttacgaccag 6720  
caatcgattc attcctccgg ggctgctctg ccacccatg atgcattctct ggtatgtt 6780  
tctcaccacc tgggttcaga aaacaactca acgccagagg tactatacaa ttacattcat 6840  
cctcggtctt gttgcatcac cacatttat tttattttc agttgatcta cgattccgt 6900  
gttttagttg ccacatata tgcaggtaaa ctgatctt atttccttt gcttgagtt 6960  
tgggtggacag tattctcatg ctgatgaaat atcaatcctt actgaataact acaatacctt 7020  
gatggggacc aactccaact caggatagca tggtagcctt ctttgctgtt gaaataagt 7080  
gtaacgtagg accaacaaca ttgcttttc aaaattcaa gtagttgga cctgaataca 7140  
agtaagaaaa agatgatcct tcagtgttct gttctcttg gctaaaatga caagtaattt 7200  
gcacctttct cctgtttgg aatattatttgc ttacacactt gaatccatag ggtttatag 7260  
caactttgga ggattttatt ccgttggatt gctcatggat acccttgatc aaagtaatga 7320  
ccatcataat ttctatgaat tgtatcc tacaccctt ttcccgtagg attctacaca 7380  
ccaaagaatt ttgccgttgt tgtcaagtgg tggcacctg cacgtgctac cttcaatgtt 7440  
tgttccagaa gccaattaac tacattgatt cgtatgagca cacagtacta agcctactaa 7500  
tagtttttc cacagcacta ccattgttaa tatatatgtt catacgagat attgtgcata 7560  
ctgttataag gttactgtt aatcgatta gtgatgtc ctgcacaaac aagaagagaa 7620  
gtttgttaggg ccgtgttta gtcccacaca tatgttggaa tcgagctgac cttatgttcc 7680  
ctttttttt tgcagcccta tccgcagcat tctcaagttt atgatacgat atccccggac 7740  
tacgactaca atccttcgg agagtttga gattgagaga tgacatgttgc gcagtgttgt 7800  
ctgtacatat tatttctgtt acagtttcta attatgttact ctgttgcataat cttgtcccg 7860  
tggacaatgc tgtatccat gagtcttggt aggaatgtt gttttggta taaaatcggt 7920  
gaagggtgca tgttagtgat gacatcgctt tgacggagga ggtgctgatt gtacggact 7980  
gaactgaagg caagacagca gcaagcaagc actgacaaag tatggattga atatacgatca 8040  
gatggctgag agccggaggt catcaggcac gatgctcaac gccggaggtc aattgttatt 8100  
tttatgttataat ataatttgc ctagtgttgc aatatgttaca aatatttttag tattttgtt 8160  
tgtgattcat cggccatata taatgttattt gtgttgcataa atgtttatca aatcctgcct 8220  
gtgattttatc tgcccatgtt ttaggatattt atttgttataat cacttattga cttagcaaag 8280  
aagatgttataat tttattcggt ataagttaat aaaaagtggaa acagttaagg cgggtttca 8340

aggaatgata tacttagtaa aagaatggaa gggtggacaa agcattgcgc ctggcagaaa	8400
aaggaacgat ttgttttg aactagtata gagattcac ttgagcttag ggccattaca	8460
caccaactgt atatgttca gctctgcaac agcatcgctg ttaggtcgat cattgatct	8520
cctacctcga ccgagtagct catcaaccga gttatttcgc agtacatcaa acaaatatgg	8580
gtcgccatt cccatcatct gatagtctag atccatccat actaccgtat ttttagtagca	8640
catggacacg gagatcg	8657

<210> 4  
<211> 10592  
<212> DNA  
<213> *Triticum aestivum 'Lumai 15+MS2'*

<220>  
<221> The Genomic Coding Region of the WMS Gene  
<222> (5579)..(9656)  
<223> The Full-Length Genomic Coding Region of the WMS Gene

<400> 4	
gcggccgcgg gtgaggctt gccaaggcat caatggatcc cgaggacatg ctgctcgct	60
cggtcctccg ccgcctcccg acgatgtcgg agacagatgc gcggcggtgg gtggggcatt	120
ggcgaggcgc tggtggatct ggaggacatg ctccctcggt cggtcctccg ccgcctcccg	180
acgacggtag agacggatgc gcgggtatgg gtgaggcggtt ggggaggctc cggtggatcc	240
cgagaacacc ctccctcgcat cggcccccg ctgcttgcta acgacggcgg agagggatgc	300
gcggccgcgg gtgaggcggtt ggagaggcgc tggtggatcc agaggacacg ctccctgtgc	360
ggatcctccg ccgcctcccg atggcagcga agagggatgc gcggccgcgg gtgaggcggtt	420
ggggaggcgc cggtggatcc cgaggacacg ctccctcggt cggtctccgc cgccctga	480
cgacgacgga gacggatgca cggccggcgg tgaggcggtt gcggaggcgatc ggtggatccc	540
gaagacacgc tcctcggtt ggtccctccgc tgctcgctga caatggcaga gagggatgc	600
tggccggcgg tgaggcggtt gagaggcgatc gatggatccg gaggacacgc tcctcggtc	660
aatcctccgc cggtccctga tgacggcggga gaggggtgcg cggccggcgg tgaggcatttgc	720
gggaggcgatcc ggtggatccc gaggacatgc tcctcggtc ggtccctccgc tgccctga	780
cgaaggcgaa gacggatgcg aggccggcgg tgaggcatttgc tcggaggcgatcc ggtggatccc	840
gaggacacgc tcgtcaagtc agtccctccgc cgctccctgt cgacgggttgc gacggatccc	900
tggcgatgg tgaggcgatcc gcaaacgcgt gcactggatcc atccttagga cacgctcgat	960
acgtcggtcc tccggccgtc cctgacgtatgt gtggagactg atgcacggcg gctctggcat	1020
cgagctgtcc gagcacgagg caatggatgc agttgcggcg aaggcgaaca ccgaggagta	1080
ggagcgcttgc ctccaggggc tggcccgca gatctcctcg gacggccatg accctccgac	1140

ggccaaggcc	agcgcacgac	cccaaacgga	cgtccggtt	ggcctgctt	cgtctgttt	1200
cggccgcaat	gggttcgccc	atgtctgctt	gggtccgttg	ggttgtcgat	atgccaacg	1260
cacggccgca	ccccaaatca	tgtccagggt	ggacgtgatt	aaaaaaaacac	aaaaactaaa	1320
atgaaatgcc	aaaaaaatta	aataaatgca	agcataaaaa	tataaaacat	aaattaacca	1380
tcacggccac	aaaacggccc	agttccatgg	ttcacataga	cataattaac	ataaaaacaa	1440
aataaaaccg	ccgcccacgc	gctcctgccc	tgcccgtcgc	cgtcttctca	gtggccgccc	1500
ttgtcgtcgt	tgtcgctgac	gaggtcgacg	tagtccggcg	gcgtccagag	gtgggacggc	1560
ggtgtcggt	acacgggggc	gggctggaag	gcgggaggtg	cctacacctc	ctcctcctgt	1620
ggcgacgcct	cccgctccgg	tgaccatggc	gttgtgggc	accagtccac	tgctagccca	1680
ccagggccgg	gtggaacaca	gccacgggct	cctcctccat	cacccctcc	gtcctcacca	1740
tctccagctc	ggggatggcg	acgtcgccgg	ccgcagagag	ggccatcatc	tcttcgaggc	1800
cctccattg	gcgctcatcg	tgcgtcttca	tggagtcctc	catgacacgt	tgcatgagcc	1860
gggcctcctc	ctccgctgtc	atgcgaggag	gtgggtgtgg	cagcggagat	ggtgaaggcg	1920
acggcgtggg	cgtgaggccg	cgcaccccg	tacgcctgcg	cacctgggg	gcagccgctg	1980
cgcgctctcg	acgtggccgt	cgcggccccc	acaagggtgcc	ggcgaagaaa	aaggcgcgac	2040
gcgtgtcgt	ctcgccccga	aaccacgtgt	cccacaggtc	ggagtcgggg	gcgtaccgag	2100
ggtcgttagta	caggtcgicc	ggcaggaggc	ggcggccgca	ctggatctcc	tcgcggcg	2160
cacggccgct	cgtcgggacc	ggcgggatcg	gcacccgg	ggcggagaga	tgccagttat	2220
tggggaggtg	cacgtcgctc	catggagcg	gcgtccctgt	ctcccaataa	cgcggcata	2280
catcccgctg	gatgtactgc	tggtcgcgt	tgccgcggc	cgtagggccg	atggtaatg	2340
gggcaggcgt	gggggctcga	tgcggtggtg	atgcgggctc	ctctttcatg	gagccgcggc	2400
ggcggcccg	ggacaagcca	gcctcggt	cgcgcttccc	cttgcgaccg	gtgtccaga	2460
accccatggc	tgcgaggcgg	ccggccgacg	agatcgagga	cggggagagg	gagagctagg	2520
gtttgggtg	tgtcggttt	cgaggaggc	gcacgggctg	gagtggggag	tgtggacgac	2580
gaccggtcca	cggtttccca	ttaagaagg	acggcgactg	tttgctggac	ggatgacagg	2640
tggggccgac	cgcgcgtgt	cattaatgtt	ggctgggg	agtaggtgg	ccgcctgcta	2700
cgcggcctcg	aggcggacga	gacgacgcgtc	cgtttgcgt	ccgcccgcac	ccaaatccgg	2760
cacatgtttg	cgctcgaaat	ggatcgcccc	ggacacaaaa	cggaccagat	aggttcaggc	2820
cgtcgccgc	tggcggtgg	atttgttctt	ttgtccaaa	tggacggggc	cggacggat	2880
ggggtcgcgc	gcaaggcga	gagcagaacc	atcgaccgca	agcggtgatt	ttctgcgcac	2940
cttctgccc	aggtgtagct	cgtcgaccgc	caagtatatc	actgtctcgc	gatttgagca	3000
tagagtcaat	cgattttcct	ggccaatggc	gtcaagggg	gagatttggt	caaatggcg	3060

gaagtgcag acccatgtat atgtgcacgg gtgggtgggt gccttagggc atttacaacg 3120  
caaggcgcta aggccccgc cagggtcagg atcctagtcg tttggcttag ttcccgtcca 3180  
aatttgagaa ttgagctggc atcgatgccata aatttgcgt cgccgtcgg ggcctaactc 3240  
agtttctgt ctatttatg tgttagcgc tcatacgtgg ctctcagcgt tggaagaggg 3300  
actcttagcc cagggcgtag gaagaaaata ctatttatt tccagtcaag tgcctgatta 3360  
ggcgcctcc attggagatg cccttatgtg cctctctacg ccgcagcagc cgaaactac 3420  
ggcgcaccag tactggacgg ctgcgttattt attctaaaca cagatactag tggatgttgc 3480  
gccagtcct cggccggaa gctctcttc tctctctccc tcgcacaaac atagaagaaa 3540  
gaaggaagag gagcgatgca gtggacacaa caagcttac gcgggtgcacg tacgctgccc 3600  
gccgcacgaa cagccgatcg tttcattcc tgagctcgaa ctcagccacc ggacaacaac 3660  
gagtacacag agggccttct atacccaagc tacacacatc aggctagcta ccacacgcaa 3720  
gcacgcacatgc atccactgca gcgaaagcta actacatgca cgcacgcacg ccacgaccccg 3780  
gctgcacatgc gcccgcctt gcccgttcca cgatccgcac ggcgtgacca actaactgca 3840  
tgcaactaga cggagcgc acgcaacgccc cggccgcgc tcctcagctc ccgcgcgc 3900  
cgccgcacgca cggccacacggg atacgactgg ttccagcgcc tggcgccggc acacctcg 3960  
cgtccgtcta accaacacac acacacatga cccgcgcgc cccgcgcgc gcccgcac 4020  
ccggcgcaaa tcgcgggtggc ttatgccaa cactcacccc ccttagccac gaattacagc 4080  
aggtgagttc atcatcgatcg atgtcgccat ggccgtcgca tcgcaccgct gcggcctccg 4140  
ccatgcccgc gacgtcggt tagccgcgc cgtcctgacg tcgctgccc acctgcccacc 4200  
tgccgcgtt gcccctcgcc tgactcccc gcgtcccg cccgcgtcc cgcgcgcac 4260  
tacgctatct gcgcaactag gtccagtgtc tcgacgcgtt ccactcccac ggtccgcac 4320  
cgtctgggtgc gcacccataa cacgcacccgg tcgcgcgcgg ctcgcccaccg cgtcttattg 4380  
ccctgcactg ccgtgcgtc aaccgtagcg cagcgccctcc acggcgatcg cgccgagccg 4440  
ccgcggccctc tgcgacacca cgcaggctt ccgcgcaccc ctcgtctccg cgaccgcac 4500  
tgctcgccgc ggcacggca tcacgcccaca ccggccgtggc ctcgcccgcgc gttgcccac 4560  
ccacgcgtcc gcccgcacccgg cggcatcaccg ccacaccgcgtt gttgactcgc cgcgcgttgc 4620  
cgagatcttc atgtccgcgg cgcgcacccgg ccggcccccgg aacctgtggc tctgatacca 4680  
aatgttggc cggccagtcc ctcgcccgg gagctcttc tctctctcc cctcgacaa 4740  
acatagaaga aagaaggaag aggagcgatg cagtggacac aacaagctt acgcgggtgc 4800  
cgtacgctgc cggccgcacg aacagccgat cggtttcatt cctgagctcg aactcagcc 4860  
ccggacaaca acgagtacac agagggcctt ctataccaa gctacacaca tcaggctac 4920  
taccacacgc aagcacgcat gcatccactg cagcgaaagc taactacatg cacgcacatgc 4980

gcccacgacc cggtcgcatg acgccccgcg ctggccagtc cacgatccgc acggcgtgac 5040  
caactaactg catgcaacta gacggagcgc ccacgcaacg cccgccccgc gtcctcagc 5100  
tcccgcgccc gccgcgcacg cacgccaacg ggatacgaact ggttccagcg cctggcgccg 5160  
tcacacctcg cgctccgctc taaccaaacac acacacacat gaccccgccg cgacccgccc 5220  
gcccggaca cgccggcgc aatcgcggtg gcttatgccc aacaactagt gtgcacctcg 5280  
ttgagagtgc ggcacccgac tgcacagtgc acatgcattgc agctggctct ttctcttgac 5340  
ttgacacgct ctgcatttc ccgattcctg cccgcgccgg cgtctccacc cgacttgatc 5400  
gacatcgga tcggcatcg cctggcattc ggcccctcga cgacgctcag tatataagcg 5460  
atcgggctgg tggagctgct tgcagtaacc gcagtggaca cacgcttagc tttagctacg 5520  
taggcgcaggc agccggaaac tagctagcag gtcgagaagg ccggccggag gtagggagat 5580  
ggcagggcac cacagccct cggcgccctc ggcactgcgt gaaaaagaca cgctggtag 5640  
gtgtctcggt ggatcaggc ccggcgccgg cgctcatgcc gggaccttcg ggcgtgtcg 5700  
ggacttcctc atccagttcc gcgaccaagg aatcccctgg gtccgcattct acgagtcaac 5760  
cccgcttgg cagcagcaat gtgagtaatc taatctccac ttttgattga tctgcataat 5820  
gctactcatt ctcaactatcg cctggccggc ctgcgtatca acatgaatgc ggcgtatgt 5880  
tatgcagccg gcgggctgct gatccaggat tgggacggag acgcccggc ggagggagcc 5940  
aagggtttct tcacgctcat caccacaagg aggggccccg ccattaacag gagggcactg 6000  
ggaggcgaaa cgtggacaag caaggccgcg cccaggtag gggacgaggt cgccgtcagc 6060  
acactgtact tcaaacgggg cgggtccagc ggcagattat tcaccgcctt ggagatccat 6120  
ctcagaaacg aggtatgctg tgcttgctcc atccatcgca ttttttttgg tttgttttaa 6180  
atttgcttat gcgactatat attatcatgg ttgttgccca cgttgttcaa agatttgcgc 6240  
ccctgcttga aactgctggt atatatgaac cttttctta agcttcggtg taggactacg 6300  
gctccgttgc tttttctcc ttctctcgcc aaaacaaatt ccatctcacc gatctttct 6360  
ccgtcgccga cgaaccctag ctggatcag tccgctccc ttcaaaaaaaaaa agaaaaataa 6420  
aaatccatct cactgaagtt gcatttcaac attgctgttc cgtacatcta aacttacata 6480  
tgacgacatg atcaacagta gattagtcct ttttattata tataggatga tcccaattcg 6540  
tttggctct agctagagca atataataact ataggatcag tacttttag gggcacacca 6600  
ccataagggtt agtcctaagt tgaccttctt ctgctccct taaacctcggt cgtcatagcc 6660  
cagctagtaa accctcgccc tcggtctgtt tcttacgagc ccaaggcagcc cggtccgtt 6720  
cctcagcggc ccaaggccag cttgtaaacc cttccgtccc ccgcctcgtc tcgtccagtc 6780  
cagaccctc ttctcttcta gtcaacggtc gcccggcggc gcccggccaa gtcatccaag 6840  
acagagagcg ctcagccgca gccccgaacc ctagaaatca agcgaacgcg gcccggaggt 6900

tccgggtggg gagatgcact tctttttca gcaagtcagt gaaaattata tgttgatctt 6960  
tcgtgtttgt ttctgtttt ctagccccaa gttgctatct gcctgctgca tccgactaac 7020  
tatctgtata gcattcgga tttgaggctc tacatcgacc aggtaaatat tttctatttc 7080  
cagtttggt tttcacccgt gggcgctact ttcaatgttc ggtctacaag ccaattagct 7140  
actgttagatt gattcagttg ctgaacgata aaacaagacc gattccacta tgcacatgttt 7200  
gctacaaatg aatgagcca acaacattac tatgaggta ctctcctctt tcagggatgg 7260  
ttcccgagg gaactcaagc aaacctgggc gcggagcaat atcaaggat ttcataagtca 7320  
tgattgatcc ccaatgcctt cgacagttt actgaaacag gcaccatctg tactttgtt 7380  
gaaacatagt gatcttgat ctgggtacat agatagccct gatttcataat atctacgtcc 7440  
ttacattagt catggaaata tgaaaacgag gtagattgtat ctgttatttt atcctattac 7500  
ttagcatttt tgtacttgta catcttattt cggcagataa atttaaaacc ccacagctga 7560  
tatatatatt atcctaatt tataactat ttgatgaatt gataaggtaa gaactcataa 7620  
gtcgagaact ctagatatat accagggacg tctactatca gaacacatga ttgaacataa 7680  
atcaatcact gcagaatgat atttgaacta agcggttac agtcataaga tagacatatt 7740  
gttggggcc aatatatatt gtggaaattt atctgggcta tatgtaatag ctccaattct 7800  
ctgcgctgtg gcatattaaa tcgcatttgtt cttacactgg cagaagttt acatgctacc 7860  
ttgcttgcag atcctgatgt tcctggattc gtgagtggtt cacgtgctga ttacaccact 7920  
attctgtttt ctagcagtga ggtaattaag ctttccatgc acaaactaga acaagttacc 7980  
accaaattta gatttcttgt acaacccta tgcttatcta aatgtgacaa ctcaagttct 8040  
attatctcta gtaagaagac atagaagatg ttttattaag tcaatttctg ttcttacgta 8100  
ctccctctgt cccacaatgt aacacgttta acgtcttgca ttgtggacg gagggagaga 8160  
acttgcatt tgcttactgg tattggagtt agactggat acttaattgg gaaatcattt 8220  
tgaaaactaa ggcatcgagt cttcactgt tctgggtgt a ctgaggtaaa caacatgcac 8280  
ttcggatgag atgggagaat taggctttaa gcactcagga ttgcctaca gataggtttt 8340  
atgcacagca caacctataat atgagatatt ttacataccg tatgataacct gtaaacattt 8400  
ataagtggta tatctcaaca ccatgcataa ttaattgcaa tactacagaa tgtactagac 8460  
aattctggac cctccgattt ggatctggcg gccgatatacg tccttctccc atgttgggg 8520  
tgttatatacg aacacttggtt tggagtgaat ttgcgtaca ttatctggaa ctgcgtttt 8580  
tgtctgtgttga taattggctt acagctgcattt ttcagaacat aacaatgtga gtttgcac 8640  
actatttacg accagcaatc gattcattcc tccggggctg ctctgccacc tcatgatgca 8700  
tctctggatg ctatttctca ccacctgttt tcagaaaaca actcaacgccc agaggtacta 8760  
tacaattaca ttcatccctcg gtcttgcgc atcaccacat ttatattttt tttcagttt 8820

atctacgatt tccgtgttt agtgccaca tatattgcaa gtaaaactgat cttatattc	8880
ctttgcttg cagttggtg gacagtattc tcatacgat gaaatatcaa tccttaatga	8940
atactacaat accttgcattt ggaccaactc caactcagga ttgcatttgcgta cgcttcatttgc	9000
ctgttggaaat aagtggtaac gtaggaccaa caacattgct ttttcaaaaat ttcaagtagt	9060
ttggacactga atacaagtaa gaaaaagatg atccttcagt gttctgttct ctggctaa	9120
aatgacaagt aatttgcacc ttcttcgtt ttttggaaat tattgttaca cacttgcattc	9180
catagggttt tatagcaact ttggaggatt ttattccgtt ggattgctca tggataccct	9240
tgtatcaaagt aatgaccatc ataatttcta tgaattgtat ttccctacac ccctttccc	9300
gtaggattct acacacccaa gaattttgcc gttgttgtca agtgggttgc acctgcacgt	9360
gctacccatca atgtttgttc cagaagccaa ttaactacat tgattcgtat gagcacacag	9420
tactaaggct actaataggt ttcccacag cactaccatt gttaatataat atgtacat	9480
gagatattgt gcatactgtt ataagggttac tgtaaatatc gattgtat gatgtcattgc	9540
aaaacaagaa gagaagttt tagggccgtg ttttagtccc acacatatgt tgaaatcgag	9600
ctgacccat gttcccgaaa tttttgcag ctttatccgc agcattctca agttgtat	9660
acgtcatccc cggactacga ctacaatcct ttccggagagt ttggagattt agagatgaca	9720
tatgagcagt gctgtctgtt catattttt cttgtacagt ttcttaattt gaactcttga	9780
ataatcttgc cccgggtggac aatgctgtat ttatgagtc ttggtaggaa tgtatatgtt	9840
tggataaaaa tcgggtgaagg gtgcattgtt tgtatgacat cgctttgacg gaggaggtgc	9900
tgattgtacg ggactgaact gaaggcaaga cagcagcaag caagcactga caacgtgtgg	9960
attgaatata gctcagacgg ctgagagccg gaggtcatca ggcacgatgc tcaacgcccgg	10020
aggtaattttaat tttttttttt gtaatataat ttgccttagt gttgcaatat gtacaaatat	10080
tttagtattt tagcctgttca ttcatcggtt catattaatg ttattgtgtt aataaatgtt	10140
tatcaaatcc tgcctgttca ttatctgccc atgttttagg atttttattt gtaatcatt	10200
attgacttag caaagaagat gtaagtttat tcgggtataag ttaataaaaaa gtgaaacagt	10260
taaggcgggt tttcaaggaa tgatataactt agtaaaagaa tggaaagggtt gacaaagcat	10320
tgcgcctggc agaaaaagga acgattttttt ttttgaacta gtatagagat ttcaatttgag	10380
ctgagggcca ttacacacca actgtatatg ttccagctct gcaacagcat cgtcgtgttgc	10440
gtcgatcattt gatctccat ctcgaccgag tagctcatca accgagttt tttgcacttgc	10500
atcaaacaaa tatgggtcgat ccattccat catctgatag tctagatcca tccataactac	10560
cgtatTTTTCG tagcatacgatgg acacggagat cg	10592

<210> 5  
<211> 5578  
<212> DNA

<213> Triticum aestivum 'Lumai 15+MS2'

<220>

<221> misc\_feature

<223> The Promoter of the WMS Gene

<400> 5

gcggccgcgg	gtgaggcttt	gccaaaggcat	caatggatcc	cgaggacatg	ctgctcgctg	60
cggtcctccg	ccgctccctg	acgatgtcgg	agacagatgc	gcggcggtgg	gtggggcatt	120
ggcgaggcgc	tggtgatct	ggaggacatg	ctcctcgtgt	cggtcctccg	ccgctccctg	180
acgacggtag	agacggatgc	gcgggtatgg	gtgaggcggtt	ggggaggctc	cggtgatcc	240
cgagaacacc	ctcctcgcat	cggtcccccg	ctgcttgcta	acgacggcgg	agagggatgc	300
gcggcggcgg	gtgaggcggtt	ggagaggcgc	tggtgatcc	agaggacacg	ctccttgtgc	360
ggatcctccg	ccgctccctg	atggcagcga	agagggatgc	gcggcggcgg	gtgaggcggtt	420
ggggaggcgc	cggtgatcc	cgaggacacg	ctcctcgtgt	cggtcctccgc	cgctccctga	480
cgacgacgga	gacggatgca	cggcggcggg	tgaggcggtt	gcgaggcgtc	gtggatccc	540
gaagacacgc	tcctcgctt	ggtcctccgc	tgctcgctga	aatggcaga	gagggatgcf	600
tggcggcggg	tgaggcggtt	gagaggcgtc	gtggatccg	gaggacacgc	tcctcgctgc	660
aatcctccgc	cggtccctga	tgacggcggga	gaggggtgcg	cggcggcggg	tgaggcattt	720
gggaggcgct	gtggatccc	gaggacatgc	tcctcgctc	ggtcctccgc	tgccccctga	780
cgaaggcgaa	gacggatgcg	aggcgccggg	tgaggcattt	tcgaggcgtc	gtggatccc	840
gaggacacgc	tcgtcaagtc	agtccctccgc	cgctccctgt	cgacggtgga	gacggtttca	900
tggcgatggg	tgaggcgctg	gcaaacgcgt	gcactgggtt	atccttagga	cacgctcggt	960
acgtcggtcc	tccggcgctc	cctgacgatg	gtggagactg	atgcacggcg	gctctggcat	1020
c gagactgtcc	gagcacgagg	aatggtgca	agttgcggcg	aaggcgaaca	ccgaggagta	1080
ggagcgctt	ctccaggggc	tggccgcga	gatctcctcg	gacggccatg	accctccgac	1140
ggccaaggcc	agcgcacgac	cccaaacggga	cgtccgttt	ggcctgcttt	cgtctgttt	1200
cggcggcaat	gggttcgccc	atgtctgctt	gggtccgttg	ggttgcgtat	atgccaacg	1260
cacggccgca	ccccaaatca	tgtccagggt	ggacgtgtt	aaaaaaaacac	aaaaactaaa	1320
atgaaatgcc	aaaaaaattha	aataaatgca	agcataaaaa	tataaaacat	aaattaacca	1380
tcacggccac	aaaacggccc	agttccatgg	ttcacataga	cataattaac	ataaaaacaa	1440
aataaaaccc	ccgcccacgc	gctccctgccc	tgcccgtgc	cgtcttctca	gtggccgccc	1500
ttgtcgctgt	tgtcgctgac	gaggtcgacg	tagtccggcg	gcgtccagag	gtgggacggc	1560
ggtgcgctgt	acacgggggc	gggctggaag	gcgggaggtg	cctacacctc	ctcctcctgt	1620
ggcgacgcct	cccgctccgg	tgaccatggc	gttgtgggc	accagtccac	tgctagccca	1680

ccaggccccgg	gtggaacaca	gccacgggct	cctcctccat	cacctcctcc	gtcctcacca	1740
tctccagctc	ggggatggcg	acgtcgccgg	ccgcagagag	ggccatcatc	tcttcaggc	1800
cctcccattg	gchgctcatcg	tgcgtttca	tggagtccctc	catgacacgt	tgcatgagcc	1860
gggcctcctc	ctccgctgtc	atgcgaggag	gtgggtgg	cagcggagat	ggtaaggcg	1920
acggcgtggg	cgtgaggccg	cgcaccccg	tacgcctgcg	cacctgggg	gcagccgctg	1980
cgcgctctcg	acgtggccgt	cgcggccccc	acaaggtgcc	ggcgaagaaa	aaggcgcgac	2040
cgctgtcgtg	ctcgccccga	aaccacgtgt	cccacaggtc	ggagtcgggg	gcgtaccgag	2100
ggtcgttagta	caggtcgcc	ggcaggaggc	ggcggccggca	ctggatctcc	tcgcggcg	2160
cacggccgct	cgtcgggacc	ggcgggatcg	gcacccgg	ggcggagaga	tgccagttat	2220
tggggaggtg	cacgtcgctc	catggagcg	gcgtcctcg	ctcccaataa	cgcggcata	2280
catccgcgtg	gatgtactgc	tggtcgcgt	tgccgcggc	cgtagggccg	atggtaatg	2340
gggcaggcgt	gggggctcga	tgcgggtgg	atgcgggctc	ctcttcatg	gagccgcggc	2400
ggcggcccg	ggacaagcca	gcctcgtgg	cgcgttccc	cttgcgaccg	gttccaga	2460
acccatggc	tgcgaggcgg	ccggccgacg	agatcgagga	cggggagagg	gagagctagg	2520
gtttgggtg	tgtcggttt	cgaggaggca	gcacgggctg	gagtggggag	tgtggacgac	2580
gaccggtcca	cggttccca	tttaagaagg	acggcgactg	tttgctggac	ggatgacagg	2640
tggggccgac	cgcgcgtgt	cattaatgtt	ggctgggg	aggtaggtgg	ccgcctgcta	2700
cgcggcctcg	aggcggacga	gcgacgcgtc	cgttgtgt	ccgcccgcac	ccaaatccgg	2760
cacatgttt	cgctcgaaat	ggatcgcccc	ggacacaaaa	cggaccagat	aggtcaggc	2820
cgtcgccgc	tggcggtgg	atttgttctt	ttgtccaaa	tggacggggc	cggacggat	2880
ggggtcgcgc	gcaagggcga	gagcagaacc	atcgaccgca	agcggtgatt	ttctgcgcac	2940
cttctgccat	aggtgttagct	cgtcgaccgc	caagtatatc	actgtctcgc	gattttagca	3000
tagagtcaat	cgattttcct	ggccaatggc	gtcaagggg	gagatttgg	caaatggcg	3060
gaagtgcag	acccatgtat	atgtgcacgg	gtgggtgg	gccttagggc	atttacaac	3120
caaggcgcta	aggcggccgc	cagggtcagg	atcctagtcg	tttggcttag	ttcccggtcca	3180
aatttgagaa	ttgagctggc	atcgatgcca	tataagtctgt	cggcgctcg	gchgctactc	3240
agttttctgt	ctattttatg	tgttagcgc	tcatacgtgg	ctctcagcgt	tggaaagaggg	3300
actcttagcc	caggcgctag	gaagaaaata	ctatttatt	tccagtcaag	tgcctgatta	3360
ggcgcctcc	attggagatg	cccttatgt	cctctctacg	ccgcagcagc	cggaaactac	3420
ggcgcaccag	tactggacgg	ctcgtttctt	attctaaaca	cagatactag	tgttggcc	3480
gccagtcct	cggccggga	gctctctc	tctctctccc	tcgcacaaac	atagaagaaa	3540
gaaggaagag	gagcgatgca	gtggacacaa	caagcttac	gcgggtgcacg	tacgctgccc	3600

gccgcacgaa cagccgatcg tttcattcc tgagctcgaa ctcagccacc ggacaacaac 3660  
gagtacacag agggccttct atacccaagg tacacacatc aggctagcta ccacacgcaa 3720  
gcacgcatgc atccactgca gcgaaagcta actacatgca cgcatgcagc ccacgaccgg 3780  
gctgcacgac gcccgcgcct gccgagtcca cgatccgcac ggcgtgacca actaactgca 3840  
tgcaactaga cggagcgccc acgcaacgccc cgccccgcgc tcctcagctc ccgcgccccgc 3900  
cgccgcacgca cgccaaacggg atacgactgg ttccagcgcc tggcgcggc acacctcgcg 3960  
cgtccgtcta accaacacac acacacatga ccccgccgcg caccggccgc gcccgacacg 4020  
cccgccgcaa tcgcgggtggc ttatgcccaa cactcacccc ccttagccac gaattacagc 4080  
aggtgagttc atcatcgctcg atgtcgccat ggccgtcgca tcgcaccgct gcggcctccg 4140  
ccatgcccgtc gacgtcggttgc tagccgcccgc cgccctgcgac tcgcgtgccac acctgccacc 4200  
gtgccgcgt gcccattcgcg tgcaactcccc ggcgtccgg cccgcgtcc cgccgcacacg 4260  
tacgctatct ggcgaactag gtccagtgtc tcgacgcggg ccactccac ggtcccgacg 4320  
cgtctgggtgc gcacccataa cacgcacccgg tcgcgcggc ctcgcccaccc cgcttattgc 4380  
ccctgcactg ccgtgcccgc aaccgtagcg cagcgcctcc acggtcgtcg cgccgagccg 4440  
ccgccccctc tgacgacacca cgccaggctt ccgcgcaccc tcgtctccg cgaccggccac 4500  
tgctcgccgc ggcacggca tcacgcccaca ccgcgtgga ctgcgcgcg gttgccgacg 4560  
ccacgcgtcc gccgcacgccc cggcatcacg ccacaccggc gtggactcgc cgccgcgttgc 4620  
cgagatcttc atgtccgcgc cgccacccgg ccgcggccgg aacctgtggc tctgataccaa 4680  
aatgttggc ccgcaggatcc ctgcgcgcgc gagctcttc tctctcttc cctcgacaaa 4740  
acatagaaga aagaaggaag aggagcgatg cagtggacac aacaagctt acgcggtgca 4800  
cgtacgctgc cggccgcacg aacagccat cggtttcatt cctgagctcg aactcagcca 4860  
ccggacaaca acgagttacac agagggcctt ctataccaa gctacacaca tcaggcttagc 4920  
taccacacgc aagcacgcat gcatccactg cagcgaaagc taactacatg cacgcacgca 4980  
gcccacgacc cggctgcacg acgccccgcgc ctgcgcgcgac cacgatccgc acggcgtgac 5040  
caactaactg catgcaacta gacggagcgc ccacgcaacg cccgcggccgc gtcctcagc 5100  
tccccgcgc gccgcgcacg cacgccaacg ggatacgact ggttccagcg cctggcgcgg 5160  
tcacacctcg cgcgtccgtc taaccaacac acacacacat gacccgcgcg cgccacccgc 5220  
gcccggaca cggccggcgc aatcgccgtg gcttatgccc aacaactagt gtgcacctcg 5280  
ttgagagtgc ggcacccgac tgcacagtgc acatgcacatc agctggctct ttctcttgac 5340  
ttgacacgct ctcgttctc ccgattcctg cccgcgcggc cgtctccacc cgacttgatc 5400  
gacatcgac tcggcatcg cctcgccatc ggcccctcga cgacgctcag tatataagcg 5460  
atcgggctgg tggagctgct tgcagttaccc gcagtggaca cacgcttagc tttagctacg 5520

taggcgcagc	agccggaaac	tagctagcag	gtcgagaagg	ccggccggag	gtagggag	5578
<210>	6					
<211>	4681					
<212>	DNA					
<213>	Triticum aestivum 'Lumai 15+MS2'					
<220>						
<221>	The Genomic Coding Region of the WMS Gene					
<222>	(97)..(4174)					
<223>	Trancriptable Genomic Region of the WMS Gene					
<400>	6					
cagtaccgc	agtggacaca	cgcttagctt	tagctacgta	ggcgcagcag	ccggaaacta	60
gctagcaggt	cgagaaggcc	ggccggaggt	agggagatgg	cagggcacca	cagccctcg	120
gcggcctcg	cactgcgtga	aaaagacacg	ctggtgaggt	gtctcgtggg	atcaggtccc	180
ggcggcggcg	ctcatgccgg	gaccttcggc	gctgtcgccc	acttcctcat	ccagttccgc	240
gaccaaggaa	tcccctgggt	ccgcatctac	gagtcaaccc	cggcttggca	gcagcaatgt	300
gagtaatcta	atctccactg	ttgattgatc	tgcataatgc	tactcattct	cactatcgcc	360
tggccggcct	cgtgatcaac	atgaatgcgc	gcgtatgtta	tgcagccggc	gggctgctga	420
tccaggattg	ggacggagac	gccgcggcgg	agggagccaa	ggtgttcttc	acgctcatca	480
ccacaaggag	gggcggcgcc	attaacagga	gggcactggg	aggcgggacg	tggacaagca	540
aggccgcgcc	cagggtaggg	gacgaggtcg	ccgtcagcac	actgtacttc	aaacggggcg	600
ggtcgcgg	cagattattc	accgccttgg	agatccatct	cagaaacagag	gtatgctgt	660
cttgctccat	ccatcgatt	ttttttgttt	tgttttaaat	ttgcttatgc	gactatatat	720
tatcatggtt	gttgcccacg	tttttcaaag	atttgcgcc	ctgcttgaaa	ctgctggat	780
atatgaaccc	ttttcttaag	cttcggtgta	ggactacggc	tccgttcgtt	ttttctcctt	840
ctctcgccaa	aacaaattcc	atctcaccga	tctttctcc	gtcggcgacg	aaccctagct	900
cggatcagtc	cgttccctt	caaaaaaaag	aaaaataaaa	atccatctca	ctgaagttgc	960
atttcaacat	tgctgttccg	tacatctaaa	cttacatatg	acgacatgat	caacagtaga	1020
tttagtcctt	ttattatata	taggatgatc	ccaattcggt	tgttctctag	ctagagcaat	1080
ataatactat	aggatcagta	ctttttaggg	gcacaccacc	ataaggtag	tcctaagttg	1140
accttctct	gctgccctta	aacctcgctg	tcatagccca	gctagtaaac	cctcgccctc	1200
ggtctgttcc	ttacgagccc	aagcagcccg	ttccgttcc	tcacgagccc	aagcccgact	1260
tgtaaaccct	tccgtcccc	gcctcgctc	gtccagttca	gaccctctt	ctcttctagt	1320
caacggtcgc	cgccggcgcc	ggcgccaagt	catccaagac	agagagcgct	cagccgcagc	1380
cccgaaaccct	agaaatcaag	cgaacgcggc	ggcgaggttc	cggttgggga	gatgcacttc	1440
ttttttcagc	aagtcagtga	aaattatatg	ttgatcttc	gtgtttgttt	ctgttttct	1500

agccccaaagt tgcttatctgc ctgctgcata cgactaacta tctgtatagc attcgggatt 1560  
tgaggctcta catcgaccag gtaaatattt tctatttcca gttttgggtt tcaccctgtgg 1620  
gcgctacttt caatgttcgg tctacaagcc aattagctac tgttagattga ttcaagttgct 1680  
gaacgataaaa acaagaccga ttccactatg catgtttgc tacaaatgaa tgagccaaac 1740  
aacattacta tgaggttact ctccttttc agggatgggtt cccgggaggg actcaagcaa 1800  
acctgggcgc ggagcaatat caaggttattc ataagtcattg attgatcccc aatgccttcg 1860  
acagtttaac tgaaacagggc accatctgta cttttgttga aacatagtgta tctttgatct 1920  
gggtacatag atagccctga tttcatatat ctacgtcctt acattagtca tggaaatatg 1980  
aaaacgaggt agattgatct gtttattttat cctattactt agcatttttg tacttgtaca 2040  
tcttatttcg gcagataaat taaaaacccc acagctgata tatatattat cctcaattta 2100  
tacactattt gatgaattga taaggttaga actcataagt cgagaactct agatatacac 2160  
cagggacgtc tactatcaga acacatgattt gaacataaat caatcactgc agaatgatata 2220  
ttgaactaag cgtttacatcg tcataagata gacatattgt tttttccaa tatatattgt 2280  
ggaatttaat ctgggctata tgtaatagct ccaattctct gcgcgtggc atattaaatc 2340  
gcattggtct tacactggca gaagttttac atgctacattt gcttgcagat cctgatgttc 2400  
ctggattcgt gagtggttca cgtgttgcattt acaccactat tctgtttctt agcagtgggg 2460  
taattaagct ttccatgcac aaactagaac aagttaccac caaattttaga tttcttgtac 2520  
aaccctatg cttatctaaa tgtgacaact caagttctat tatctcttagt aagaagacat 2580  
agaagatgtt ttattaagtc aatttctgtt cttacgttact ccctctgtcc cacaatgtaa 2640  
cacgtttaac gtcttgattt gtgggacgga gggagagaac ttgtcattttt cttactggta 2700  
ttggagtttag actggtataac ttaattggga aatcatggggaaaactaagg catcgagtcc 2760  
ttcactgttc tgggtgtact gaggttacaca acatgcattt cggatgagat gggagaattt 2820  
ggctatttagc actcaggattt agcctacaga taggtttat gcacagcaca acctatata 2880  
gagatattttt acataccgtt tgataccgtt aaacattgtt aagtggata tctcaacacc 2940  
atgcataattt aatttgcataa ctacagaatg tactagacaa ttctggaccc tccgattttgg 3000  
atctggcggc cgatatagttc cttctccat gttgttttg ttatataaaaaacttgcatttgc 3060  
gagtgaattt agcgtacattt atctggaaactt tcagtttttg tctgttgcatttgcatttgc 3120  
agctgcattt cagaacataa caatgtgagt ttgaacagac tatttacgac cagcaatcga 3180  
ttcatttcctc cggggctgct ctgccacccat atgatgcattc tctggatgctt atttctcacc 3240  
acctgttttc agaaaacaac tcaacgccag aggtactata caattacattt catcctcggt 3300  
cttggatgttgcattt caccacattt tattttat ttcagttgcatttgcatttgcatttgc 3360  
ttgccacata tatttgcattt tattttat ttcagttgcatttgcatttgcatttgcatttgc 3420

cagtattctc atgctgatga aatatcaatc cttaatgaat actacaatac cttgatgggg	3480
accaactcca actcaggatt gcatggtacg cttcttgct gttgaaataa gtggtaacgt	3540
aggaccaaca acattgcctt ttcaaaaattt caagtagttt ggacctgaat acaagtaaga	3600
aaaagatgat ctttcagttt tctgttctt ttggctaaaa tgacaagtaa tttgcacctt	3660
tctcctgttt tggaatatta ttgttacaca cttgaatcca tagggttta tagcaacttt	3720
ggaggatttt attccgttgg attgctcatg gataccctt gatcaaagtaa tgaccatcat	3780
aatttctatg aattgtatTT tcctacaccc ctTTTCCGT aggattctac acaccaaaga	3840
atTTTGCCTGt tgTTgtcaag tggTgttcac ctgcacgtgc taccttcaat gtttggcca	3900
gaagccaatt aactacattt attcgatga gcacacagta ctaaggctac taataggTTT	3960
ttccacagca ctaccatgt taatatatat gtacatatga gatattgtgc atactgttat	4020
aaggTTactg taaatatcga ttagtgatAT gtccttgcaa aacaagaaga gaagTTgtA	4080
gggcCGTgtt ttAGTcccAC acatATgttG aaATcgagCT gacCTtAtgt tcccgtttt	4140
ttttgcagcc ttatccgcAG cattctcaag ttgatgatac gtcATccccG gactacgact	4200
acaatccttT cggaGAGTTT tgAGATTGAG agatgacata tgAGCAGTGC tgtCTgtACA	4260
tattatttct tgtacAGTTT ctaattatga actcttGAAT aatcttGTCC cggTggacAA	4320
tgCTgtATTT tatgAGTCTT ggtAGGAATG tatATgtttG gtATAAAATC ggtGAAGGGT	4380
gcatgtAGTG tatgACATCG ctTtgacGGA ggAGGTGCTG attgtacGGG actgAACTGA	4440
aggcaAGACA gcAGCAAGCA agCACTGACA acGTGTGGAT tGAATATAGC tcAGACGGCT	4500
gagAGCCGGA ggtCATCAGG cacGATGCTC AACGCCGGAG gtCAATTGTA attTTTATGT	4560
aatataATTtT gCcCTAGTGT tgCAATATGT aCAAATATTtT tagTATTtTA gCCTGTGATT	4620
catCGGTCCA tATTAATGTT attgtgtGAA tAAATGTTA tCAAATCCTG CCTGTGATT	4680
a	4681

<210> 7  
 <211> 10600  
 <212> DNA  
 <213> Triticum aestivum 'Lumai 15+MS2'

<220>  
 <221> The Genomic Coding Region of the WMS Gene  
 <222> (5579)..(9656)  
 <223> The Full-Length Genomic DNA Vector of the WMS Gene

<400> 7	60
gcggccgcgg gtgaggcttT gccaaggcat caatggatcc cgaggacatg ctgctcgct	60
cggtcctccg ccgctccctg acgatgtcgG agacagatgc gcggcggtgg gtggggcatt	120
ggcgaggcgc tggTggatct ggaggacatg ctcctcgtgt cggtcctccg ccgctccctg	180

acgacggtag agacggatgc gcgggtatgg gtgaggcggtt ggggaggcgc cggtggatcc 240  
cgagaacacc ctcctcgcat cggcccccg ctgcttgcta acgacggcgg agagggatgc 300  
gcggccggcggtt gtagggcggtt ggagaggcgc tggtggatcc agaggacacg ctccttgtc 360  
ggatcctcccg ccgctccctg atggcagcga agagggatgc gcggccggcggtt 420  
ggggaggcgcgc cggtggatcc cgaggacacg ctcctcgctg cggctcccgac cgctccctga 480  
cgacgacgga gacggatgca cggccggcggtt tgaggcggtt gcgaggcggtc ggtggatccc 540  
gaagacacgc tcctcgctt ggtcctccgc tgctcgctga caatggcaga gagggatgct 600  
tggccggcggtt tgaggcggtt gagaggcggtc gatggatccg gaggacacgc tcctcggtc 660  
aatcctccgc cggtccctga tgacggcgga gaggggtgctg cggccggcggtt tgaggcattg 720  
gggaggcgct ggtggatccc gaggacatgc tcctcggtc ggtcctccgc tgccccctga 780  
cgaaggcgaa gacggatgctg aggccggcggtt tgaggcattg tcgaggcggtc ggtggatccc 840  
gaggacacgc tcgtcaagtc agtcctccgc cgctccctgt cgacgggttga gacggtttca 900  
tggcgatggg tgaggcgctg gcaaacgcgt gcactgggtt atccttagga cacgctcggtt 960  
acgtcggtcc tccggccgtc cctgacgtatg gtggagactg atgcacggcg gctctggcat 1020  
cgagctgtcc gagcacgagg caatggtgca agttgcggcg aaggcgaaca ccgaggagta 1080  
ggagcgcttgc tccaggggc tggccgcga gatctcctcg gacggccatg accctccgac 1140  
ggccaaggcc agcgcacgac cccaaacggta cgccgggtt ggcctgctt cgtctgttt 1200  
cgccggcaat gggttcgccc atgtctgctt gggtccgttgg gttgtcgat atgccaacgc 1260  
cacggccgca ccccaaatacg tggccagggtt ggacgtgatt aaaaaaacac aaaaactaaa 1320  
atgaaatgcc aaaaaaaatcg aataaatgca agcataaaaa tataaaacat aaattaacca 1380  
tcacggccac aaaacggccc agttccatgg ttcacataga cataattaac ataaaaacaa 1440  
aataaaacccg ccgcccacgc gtcctgcgc tgcccggtc cgtcttctca gtggccgcgc 1500  
ttgtcgctgt tgtcgctgac gaggtcgacg tagtccggcg gcgtccagag gtgggacggc 1560  
ggtgcgtggt acacgggggc gggctggaag gcgggaggtt cctacacccctc ctcctcctgt 1620  
ggcgacgcct cccgctccgg tgaccatggc gttgtggggc accagtccac tgctagccca 1680  
ccagggccgg gtggaaacaca gccacgggtt ctcctccat cacctcctcc gtcctcacca 1740  
tctccagctc gggatggcg acgtcgccgg ccgcagagag ggcacatcatc tttcgaggc 1800  
cctccattgc ggcgtcatcg tgctgtttca tggagtcctc catgacacgt tgcatgagcc 1860  
gggcctcctc ctccgctgtc atgcgaggag gtgggtggcagat ggtgaaggcg 1920  
acggcgtggg cgtgaggccg cgccacccgcg tacgcctgcg cacctggggc gcagccgtt 1980  
cgcgctctcg acgtggccgt cgccggcccg acaaggtgcc ggcgaagaaa aaggcgcgac 2040  
cgctgtcggtc ctcgtcccgaaaccacgtgt cccacaggtc ggagtcgggg gcgtaccgag 2100

ggtcgttagta caggtcgcc ggcaggaggc ggcggcggca ctggatctcc tcgcggcgcg	2160
cacggccgct cgtcgggacc ggcgggatcg gcaccccggtt ggcggagaga tgccagttat	2220
tggggaggtg cacgtcgctc catgggagcg gcgtcctcg tctccaataa cgccggcata	2280
catccgcgtg gatgtactgc tggtcgcgtc tgccgcggc cgtagggccg atggtaatg	2340
gggcaggcgt gggggctcga tgcggtggtg atgcgggctc ctcttcatg gagccgcggc	2400
ggcggcccga ggacaagcca gcctcggtt cgcgctccc ctgcgaccg gtgtccaga	2460
accccatggc tgcgaggcgg ccggccgacg agatcgagga cggggagagg gagagctagg	2520
gtttgggtg tgtcggttt cgaggaggca gcacggctg gagtgggag tgtggacgac	2580
gaccggtcca cggttccca tttaagaagg acggcgactg tttgctggac ggatgacagg	2640
tggggccgac cgccgtgtg catatatgtt ggctgggtt aggttaggtgg ccgcctgcta	2700
cgcggcctcg aggccgacga gcgacgcgtc cgttgtgtt ccgcgcgac ccaaattccgg	2760
cacatgtttcg cgctcgaaat ggatcgcccc ggacacaaaa cggaccagat agttcaggc	2820
cgtcgccgc tggcggtggg atttgttctt ttgtccaaa tggacggggc cggacggat	2880
ggggtcgcgc gcaagggcga gagcagaacc atcgaccgca agcggtgatt ttctgcgcac	2940
cttctgccat aggtgttagct cgtcgaccgc caagtatatc actgtctcgac gattttagca	3000
tagagtcaat cgatttcct ggccaatggc gtcaaggggagatggg caaatggcg	3060
gaagtcgcag acccatgtat atgtcacgg gtgggtgggt gccttagggc atttacaacg	3120
caaggcgcta aggccggcgc cagggtcagg atcctagtcg tttggcttag ttccgtcca	3180
aatttgagaa ttgagctggc atcgatgcca tataagtctgt cggcgctcg ggcctaactc	3240
agttttctgt ctatttatg tgttagcgc tcatacgtgg ctctcagcgt tggaagaggg	3300
actcttagcc caggcgctag gaagaaaata ctatttatt tccagtcaag tgcctgatta	3360
ggcgcctcc attggagatg cccttatgtg cctctctacg ccgcagcagc cgaaactac	3420
ggcgcaccag tactggacgg ctgtttctt attctaaaca cagatactag tgggttgcc	3480
gccagtcctt cggcgccgga gctctcttc tctctctccc tcgcacaaac atagaagaaa	3540
gaaggaagag gagcgatgca gtggacacaa caagcttac gcgggtgcacg tacgctgccc	3600
gccgcacgaa cagccgatcg tttcattcc tgagctcgaa ctcagccacc ggacaacaac	3660
gagtagacacag agggccttct atacccaagc tacacacatc aggctagcta ccacacgcaa	3720
gcacgcacgc atccactgca gcgaaagcta actacatgca cgcacgcac ccacgaccgc	3780
gctgcacgc acggcgccct gccgagtcca cgatccgcac ggcgtgacca actaactgca	3840
tgcactaga cggagcgccc acgcaacgccc cgccccgcgc tcctcagctc cggcgccgc	3900
cgcgcacgca cgccaaacggg atacgactgg ttccagcgcc tggcgccggc acacctcgcg	3960
cgtccgtcta accaacacac acacacatga ccccgccgcg caccggccgc gcccgcacgc	4020

ccggcgcaaa tcgcgggtggc ttatgcccaa cactcacccc ccttagccac gaattacagc	4080
aggtagttc atcatcgctcg atgtcgccat ggccgtcgca tcgcaccgct gcggcctccg	4140
ccatgccgtc gacgtcggtt tagccgcccgc cgtcctgacg tcgctgccac acctgccacc	4200
gtgccgcgt gcccttcgctg tgcaactcccc gcgcgtccgg cccgcgtcc cgcgccacg	4260
tacgctatct gcgcaactag gtccagtgtc tcgacgcggc ccactcccac ggtcccgacg	4320
cgtctggtgc gcacccataa cacgcaccgg tcgcgcggc ctcgcccaccg cgtcttattg	4380
ccctgcactg ccgtgccgtc aaccgtagcg cagcgccctcc acggtcgtcg cgccgagccg	4440
ccgcggccctc tgcgacacca cgcaggctc cgcgcacccctc ctcgtctccg cgaccgcccac	4500
tgctcgccgc gcgcacggca tcacgcccaca ccgcccgtgga ctcgcccgcgc gttgccgacg	4560
ccacgcgctc gccgcacgccc cggcatcacg ccacaccgccc gtggactcgc cgcgcttgc	4620
c gagatcttc atgtccgcgg cgcgcacccgg ccgccccccg aacctgtggc tctgatacca	4680
aatgttgttgc cgcgcaggcc ctcgcccggc gagctctctc tctctctctc cctcgacaaa	4740
acatagaaga aagaaggaag aggagcgatg cagtggacac aacaagctt acgcggtgca	4800
cgtacgctgc cggccgcacg aacagccgt cgttttcatt cctgagctcg aactcagcca	4860
ccggacaaca acgagtacac agagggcctt ctataccaa gctacacaca tcaggcttagc	4920
taccacacgc aagcacgcat gcatccactg cagcgaaagc taactacatg cacgcacatgc	4980
gcccacgacc cggctgcatg acgcccgcgc ctgcccggc cacgatccgc acggcgtgac	5040
caactaactg catgcaacta gacggagcgc ccacgcaacg cccgccccgc gtcctcagc	5100
tcccgccccc gccgcgcacg cacgccaacg ggatacgact ggttccagcg cctggcgcgg	5160
tcacacctcg cgcgtccgtc taaccaacac acacacacat gacccgcgg cgcacccgccc	5220
gcccggaca cgcggggcgc aatcgcggtg gcttatgccc aacaactagt gtgcacctcg	5280
ttgagagtgc ggcacccgac tgcacagtgc acatgcacatgc agctggctct ttctttgac	5340
ttgacacgct ctcgttctc ccgattcctg cccgcgcgg cgtctccacc cgacttgatc	5400
gacatcgca tcggcatcg cctcgccatc ggcccctcga cgacgctcag tatataagcg	5460
atcgggctgg tggagctgct tgcagtaccc gcagtggaca cacgcttagc tttagctacg	5520
taggcgcagc agccggaaac tagctagcag gtcgagaagg cccggccggag gtagggagat	5580
ggcagggcac cacagccct cggccgcctc ggcactgcgt gaaaaagaca cgctggtgag	5640
gtgtctcggt ggtatcagggtc cggccggcgg cgctcatgcc gggaccttcg ggcgtgtgcg	5700
ggacttcctc atccagttcc gcgaccaagg aatcccctgg gtccgcacatct acgagtcaac	5760
cccggttgg cagcagcaat gtgagtaatc taatctccac tggatgttgc tctgcataat	5820
gctactcatt ctcactatcg ctcggccggc ctcgtatca acatgaatgc ggcgtatgt	5880
tatgcagccg gcgggctgct gatccaggat tgggacggag acgcccggc ggagggagcc	5940

aagggtttct tcacgctcat caccacaagg aggggcggcg ccattaacag gagggcactg 6000  
ggaggcggga cgtggacaag caaggccgcg cccagggtag gggacgaggt cgccgtcagc 6060  
acactgtact tcaaacgggg cgggtccagc ggcagattat tcaccgcctt ggagatccat 6120  
ctcagaaacg aggtatgctg tgcttgctcc atccatcgca tttttttgt tttgtttaa 6180  
atttgcttat gcgactatat attatcatgg ttgttgccca cgttgttcaa agatttgcgc 6240  
ccctgcttga aactgctggt atatatgaac ccttttctta agtttcggtg taggactacg 6300  
gctccgttcg tttttctcc ttctctcgcc aaaacaaatt ccatctcacc gatctttct 6360  
ccgtcggcga cgaaccctag ctggatcag tccgctccc ttcaaaaaaaa agaaaaataa 6420  
aaatccatct cactgaagtt gcatttcaac attgctgttc cgtacatcta aacttacata 6480  
tgacgacatg atcaacagta gattagtcct ttttattata tataggatga tcccaattcg 6540  
tttggctct agctagagca atataatact ataggatcag tacttttag gggcacacca 6600  
ccataagggtt agtcctaagt tgaccttctt ctgctgccct taaacctcgt cgtcatagcc 6660  
cagctagtaa accctcgccc tcggctgtt tcttacgagc ccaagcagcc cggtccgtt 6720  
cctcacgagc ccaagcccag cttgtaaacc cttccgtccc ccgcctcgtc tcgtccagtc 6780  
cagaccctc ttctttctta gtcaacggtc gccggcggcg gccggcgccaa gtcatccaag 6840  
acagagagcg ctcagccgca gccccgaacc ctagaaatca agcgaacgcg gccggcgaggt 6900  
tccgggtggg gagatgcact tctttttca gcaagtcagt gaaaattata tggatctt 6960  
tcgtgtttgt ttctgtttt ctagccccaa gttgctatct gcctgctgca tccgactaac 7020  
tatctgtata gcattcggga tttgaggctc tacatcgacc aggtaaatat tttctatttc 7080  
cagtttttgtt ttccacccgt gggcgctact ttcaatgttc ggtctacaag ccaattagct 7140  
actgttagatt gattcagttg ctgaacgata aaacaagacc gattccacta tgcatgttt 7200  
gctacaatg aatgagccca acaacattac tatgaggtta ctctcctctt tcagggatgg 7260  
ttccgggag gaactcaagc aaacctgggc gcggagcaat atcaaggtat tcataagtca 7320  
tgattgatcc ccaatgcctt cgacagtttta actgaaacag gcaccatctg tactttgtt 7380  
gaaacatagt gatcttgat ctgggtacat agatagccct gatttcataat atctacgtcc 7440  
ttacattagt catggaaata tgaaaacgag gtagattgat ctgttatttt atcctattac 7500  
ttagcatttt tgtacttgta catcttattt cggcagataa atttaaaacc ccacagctga 7560  
tatatatatt atcctcaatt tatacactat ttgatgaatt gataaggtaa gaactcataa 7620  
gtcgagaact ctagatatat accagggacg tctactatca gaacacatga ttgaacataa 7680  
atcaatcact gcagaatgat attgaacta agcgtttac agtcataaga tagacatatt 7740  
gttggtttcc aatatatatt gtgaaattta atctggctta tatgtaatag ctccaattct 7800  
ctgcgctgtg gcatattaaa tcgcattggc cttacactgg cagaagttt acatgctacc 7860

ttgcttcag atcctgtatgt tcctggattc gtgagtggtt cacgtgctga ttacaccact	7920
attctgtttt ctagcagtga ggtaattaag ctccatgc acaaactaga acaagttacc	7980
accaaattta gatttcttgt acaacccta tgcttatcta aatgtgacaa ctcaagttct	8040
attatctcta gtaagaagac atagaagatg ttttattaag tcaatttctg ttcttacgta	8100
ctccctctgt cccacaatgt aacacgttta acgtcttgca ttgtggacg gagggagaga	8160
acttgcatt tgcttactgg tattggagtt agactggtat acttaattgg gaaatcattt	8220
tgaaaactaa ggcatcgagt ctttactgt tctgggtgt a ctgaggtaaa caacatgcac	8280
ttcggatgag atgggagaat taggctatta gcactcagga ttagcctaca gataggttt	8340
atgcacagca caacctata atgagatatt ttacataccg tatgataacct gtaaacattt	8400
ataagtggta tatctcaaca ccatgcataa ttaattgcaa tactacagaa tgtactagac	8460
aattctggac cctccgattt ggatctggcg gccgatatacg tccttctccc atgttggttt	8520
tgttatatacg aacacttggtt tggagtgaat ttagcgtaca ttatctggaa cttagtttt	8580
tgtctgtga taattggctt acagctgcatt ttcagaacat aacaatgtga gtttgaacag	8640
actatattacg accagcaatc gattcattcc tccgggctg ctctgccacc tcatgatgca	8700
tctctggatg ctatctca ccacctgttt tcagaaaaca actcaacgccc agaggacta	8760
tacaattaca ttcatcctcg gtcttggcgtc atcaccacat ttatattttt tttcagttt	8820
atctacgatt tccgtgtttt agttgccaca tatattgcaa gtaaaactgat ctatatttc	8880
cttttgcttg cagtttgggtt gacagtattt tcatgctgat gaaatatcaa tccttaatga	8940
atactacaat accttgatgg ggaccaactc caactcagga ttgcatggta cgcttcttt	9000
ctgttggaaat aagtggtaac gtaggaccaa caacattgct tttcaaaaat ttcaagtagt	9060
ttggacctga atacaagtaa gaaaaagatg atccttcagt gttctgttct ctggctaa	9120
aatgacaagt aatttgcacc ttcttcgtt tttggaatat tattgttaca cacttgaatc	9180
catagggttt tatagcaact ttggaggatt ttattccgtt ggattgctca tggataccct	9240
tgatcaaagt aatgaccatc ataatttcta tgaattgtat ttccctacac ccctttccc	9300
gtaggattct acacacaaa gaatttgcc gttgttgtca agtgggtttc acctgcacgt	9360
gctaccttca atgtttgtt cagaagccaa ttaactacat tgattcgtat gagcacacag	9420
tactaagcct actaataggt tttccacag cactaccatt gttaatataat atgtacatata	9480
gagatattgt gcatactgtt ataaggttac tgtaaatatc gattagtgtat atgtccttgc	9540
aaaacaagaa gagaagttt tagggccgtg ttttagtccc acacatatgt tgaaatcgag	9600
ctgaccttat gttcccggtt tttttgtcag ctttatccgc agcattctca agttgtatgt	9660
acgtcatccc cggactacga ctacaatcct ttccggagagt tttgagattt agagatgaca	9720
tatgagcgt gctgtctgtt catattttt cttgtacagt ttcttaattt gaactcttga	9780

ataatcttgt cccgggtggac aatgctgtat tttatgagtc ttggtaggaa tgtatatgtt	9840
tggtaaaaa tcggtgaagg gtgcgtatgtacat cgcttgacg gaggaggtgc	9900
tgattgtacg ggactgaact gaaggcaaga cagcagcaag caagcactga caacgtgtgg	9960
attgaatata gctcagacgg ctgagagccg gaggtcatca ggcacgatgc tcaacgccgg	10020
aggtaatttgc taatttttat gtaatataat ttgccttagt gttgcaatat gtacaaatat	10080
ttagtattt tagcctgtga ttcatcggtc catattaatg ttattgtgtg aataaatgtt	10140
tatcaaatcc tgcctgtat ttatctgccc atgttttagg attttatttt gtaatcactt	10200
attgacttag caaagaagat gtaagtttat tcggtaataag ttaataaaaaa gtgaaacagt	10260
taaggcgggt tttcaaggaa tgatatactt agtaaaagaa tggaaaggttg gacaaagcat	10320
tgcgcctggc agaaaaagga acgatttgtt ttttgaacta gtatagagat ttcacttgag	10380
ctgagggcca ttacacacca actgtatatg tttcagctct gcaacagcat cgtcgtgtat	10440
gtcgtcattt gatctcctac ctcgaccgag tagctcatca accgagttat tttgcagttac	10500
atcaaacaaa tatgggtcgt ccattccat catctgatag tctagatcca tccataactac	10560
cgtatttttag tagcacatgg acacggagat cgggcgcgccc	10600

<210> 8  
<211> 22  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-RP1

<400> 8  
aggtttgctt gagttcctcc cg 22

<210> 9  
<211> 22  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-RP2

<400> 9  
ccttgggtg atgagcgtga ag 22

<210> 10

<211> 22  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-FP1

<400> 10  
cgggaggaac tcaagcaaac ct 22

<210> 11  
<211> 22  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-FP2

<400> 11  
gagtggttca cgtgctgatt ac 22

<210> 12  
<211> 19  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-FP3

<400> 12  
cagtacccgc agtggacac 19

<210> 13  
<211> 26  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-RP3

<400> 13

taaatcacag gcaggattg ataaac

26

<210> 14  
<211> 21  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-FP4

<400> 14  
ccgtcagcac actgtacttc a

21

<210> 15  
<211> 20  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-FP4

<400> 15  
cgatgttagag cctcaaatcc

20

<210> 16  
<211> 21  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-RP5

<400> 16  
cacatgtttg cgctcgaaat g

21

<210> 17  
<211> 20  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>

<221> misc\_feature  
<223> WMS-FP5

<400> 17  
aagaaaacgag ccgtccagta 20

<210> 18  
<211> 23  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-FP6

<400> 18  
cgcagtgac acacgcttag ctt 23

<210> 19  
<211> 22  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-RP6

<400> 19  
tgagttggag ttgggtccccca tc 22

<210> 20  
<211> 21  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-FP7

<400> 20  
tctcagaaac gagcccccaag t 21

<210> 21  
<211> 20  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-RP7

<400> 21  
gaaccatccc tggtcgatgt 20

<210> 22  
<211> 23  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-FP8

<400> 22  
ggctctgata ccaaatttg ttg 23

<210> 23  
<211> 22  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-FP8

<400> 23  
atggtggtgt gcccctaaaa ag 22

<210> 24  
<211> 23  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-FP9

<400> 24  
gcttgaaact gctggtatat atg 23

<210> 25  
<211> 22

<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-RP9

<400> 25  
gtaatcagca cgtgaaccac tc 22

<210> 26  
<211> 21  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-FP10

<400> 26  
tgttcctgga ttcgtgagtg g 21

<210> 27  
<211> 23  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-RP10

<400> 27  
cgatctccgt gtccatgtgc tac 23

<210> 28  
<211> 27  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-FP11

<400> 28  
gcggccgcgg gtgaggctt gccaaagg 27

<210> 29  
<211> 31  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-RP11

<400> 29  
ggcgccgcccg atctccgtgt ccatgtgcta c 31

<210> 30  
<211> 22  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> WMS-RP12

<400> 30  
cgttagatgcg gacccagggg at 22

<210> 31  
<211> 20  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> BAR-FP1

<400> 31  
aagcacggtc aacttccgta 20

<210> 32  
<211> 20  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>  
<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature

<223> BAR-RP1

<400> 32  
gaagtccagc tgccagaaac 20

<210> 33  
<211> 20  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic PCR Primer

<220>

<221> misc\_feature  
<223> Actin-FP1

<400> 33  
tcagccatac tgtgccaatc 20

<210> 34  
<211> 18  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic PCR Primer

<220>

<221> misc\_feature  
<223> Actin-FP1

<400> 34  
cttcatgctg cttgggtgc 18

<210> 35  
<211> 20  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic PCR Primer

<220>

<221> misc\_feature  
<223> Actin-FP2

<400> 35  
gccatgtacg tcgcaattca 20

<210> 36  
<211> 26  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic PCR Primer

<220>  
<221> misc\_feature  
<223> Actin-RP2

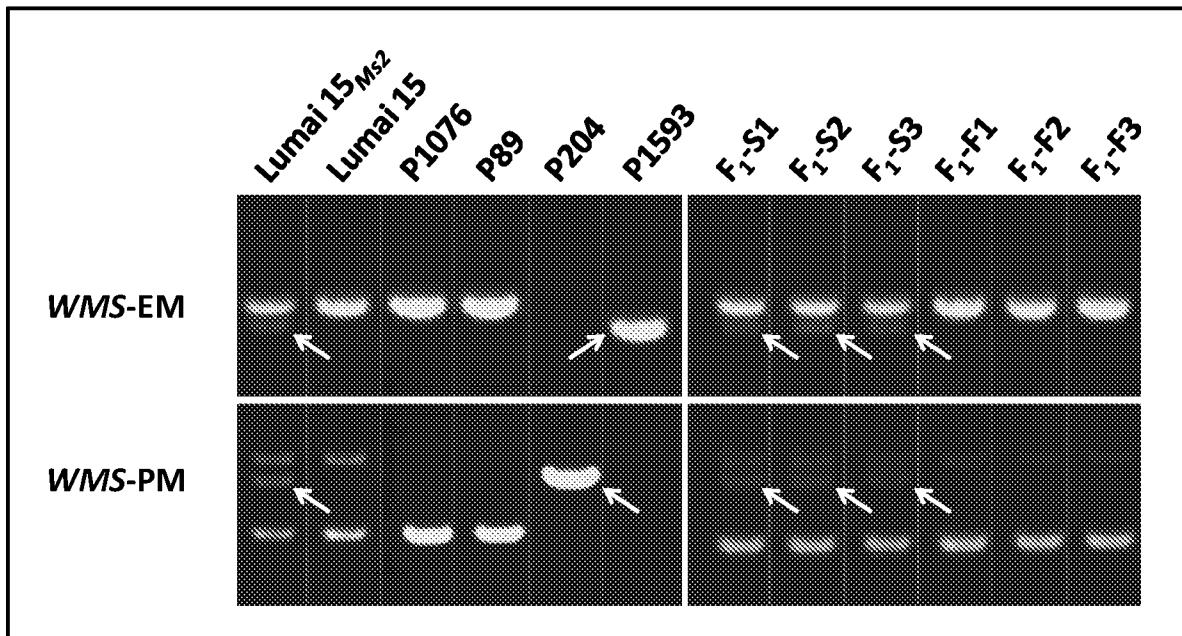
<400> 36  
agtgcagaac gataccagta gtacga

26

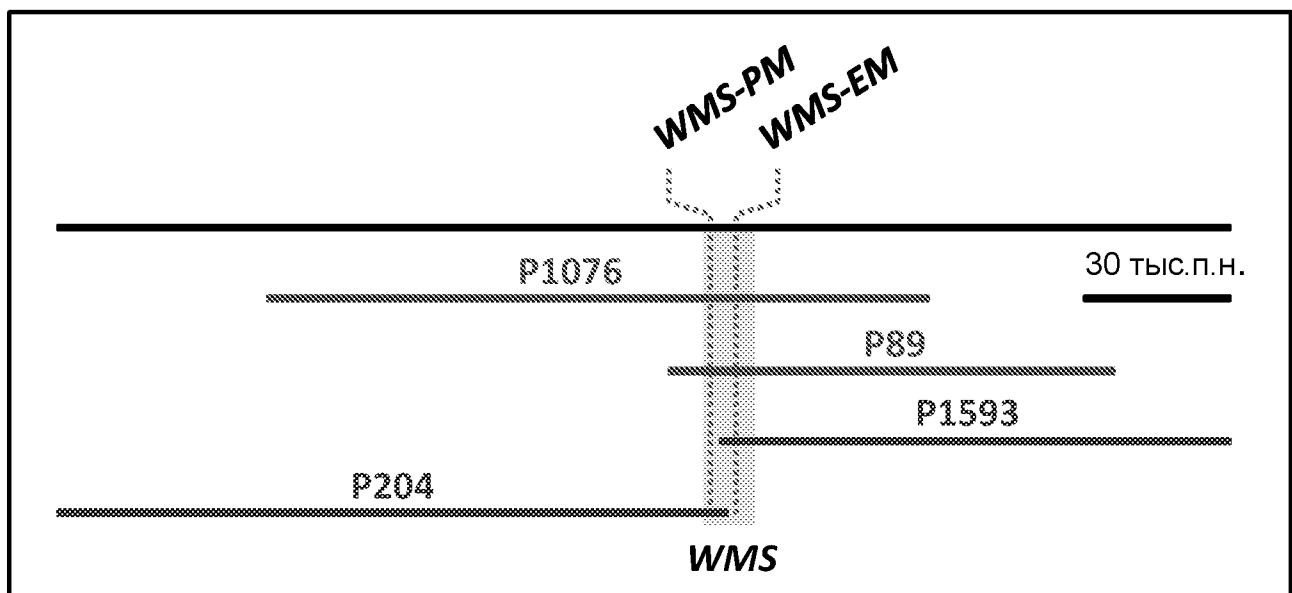
## ФОРМУЛА ИЗОБРЕТЕНИЯ

1. Выделенная ДНК согласно любому из (а)-(е):
  - а). кДНК, содержащая нуклеотидную последовательность, приведенную в SEQ ID NO: 1;
  - б). ДНК, кодирующая аминокислотную последовательность, приведенную в SEQ ID NO: 2;
  - в). ДНК, содержащая нуклеотидную последовательность, приведенную в SEQ ID NO: 6;
  - г). ДНК, кодирующая белок, который (i) функционально эквивалентен белку, содержащему аминокислотную последовательность, приведенную в SEQ ID NO: 2, и (ii) содержит аминокислотную последовательность, приведенную в SEQ ID NO: 2, в которой заменены, удалены, добавлены и/или вставлены одна или более аминокислот; и
  - д). ДНК, которая (i) кодирует белок, который функционально эквивалентен белку, содержащему аминокислотную последовательность, приведенную в SEQ ID NO: 2, и (ii) гибридизуется в жестких условиях с ДНК, содержащей нуклеотидные последовательности, приведенные в SEQ ID NO: 1 и 6.
2. ДНК, кодирующая антисмысловую РНК, комплементарную продукту транскрипции ДНК, последовательность которой приведена в SEQ ID NO: 1 и 6.
3. ДНК, кодирующая РНК с рибозимной активностью, которая специфично расщепляет продукт транскрипции ДНК, последовательность которой приведена в SEQ ID NO: 1 и 6.
4. ДНК, кодирующая РНК, которая снижает экспрессию ДНК, последовательность которой приведена в SEQ ID NO: 1 и 6, за счет совместного подавления при экспрессии в растительных клетках.
5. ДНК, кодирующая РНК, которая обладает признаком, являющимся доминантно-отрицательным для эндогенных транскриптов в клетках растений, кодируемых ДНК по п. 1; или ДНК, кодирующая белок, который обладает признаком, являющимся доминантно-отрицательным для эндогенного белка в клетках растений, кодируемого ДНК по п. 1.
6. Вектор, содержащий ДНК по любому из п. 1-5.
7. Трансформированная растительная клетка, в которую введена ДНК по любому из пп. 1-5 или вектор по п. 6.
8. Трансформированное растение, содержащее указанные трансформированные растительные клетки по п. 7.

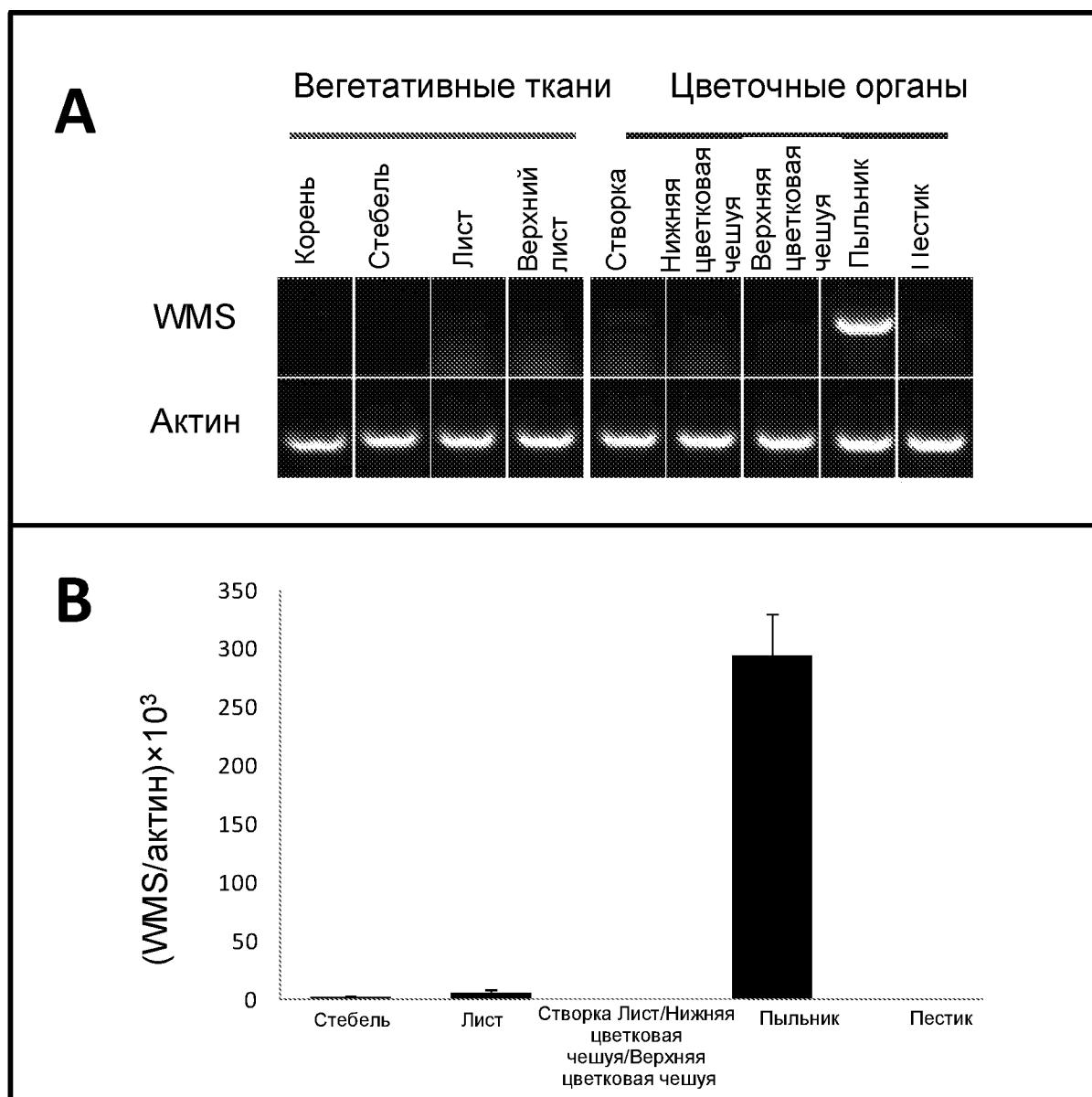
9. Трансформированный клон растения или потомство трансформированных растений по п. 8, при условии, что указанный клон или потомство содержит указанные трансформированные растительные клетки по п. 7.
10. Семя, ткань и орган из трансформированных растений по п. 8 или 9, при условии, что они содержат указанные трансформированные растительные клетки по п. 7.
11. ДНК согласно любому из (а)-(с), которая обладает специфичной для пыльника активностью промотора:
  - а). ДНК, содержащая нуклеотидную последовательность, приведенную в SEQ ID NO: 5;
  - б). ДНК, содержащая нуклеотидную последовательность, приведенную в SEQ ID NO: 5, в которой один или более нуклеотидов заменены, удалены, добавлены и/или вставлены; и
  - с). ДНК, которая гибридизуется в жестких условиях с ДНК, содержащей нуклеотидную последовательность, приведенную в SEQ ID NO: 5.
12. Вектор, содержащий ДНК по п. 11.
13. Трансформированная растительная клетка, содержащая ДНК по п. 11 или 12.
14. Трансформированное растение, содержащее указанные трансформированные растительные клетки по п. 13.
15. Клон трансформированных растений или потомство трансформированных растений по п. 14, при условии, что указанный клон или потомство содержит указанные трансформированные растительные клетки по п. 13.
16. Семя, ткань и орган из трансформированных растений по п. 14 или 15, при условии, что они содержат указанные трансформированные растительные клетки по п. 13.
17. Генетически модифицированная растительная клетка, полученная путем редактирования генома и/или индуцированного мутагенеза в отношении ДНК, содержащих нуклеотидные последовательности, приведенные в SEQ ID NO: 1 и 4, при условии, что указанные модификации регулируют мужскую фертильность растения.
18. Генетически модифицированное растение, содержащее указанные генетически модифицированные растительные клетки по п. 17.
19. Клон растений или потомство генетически модифицированных растений по п. 18, при условии, что указанный клон или потомство содержит указанные модифицированные растительные клетки по п. 17.
20. Семя, ткань и орган из указанных генетически модифицированных растений по п. 18 или 19, при условии, что они содержат указанные модифицированные растительные клетки по п. 17.



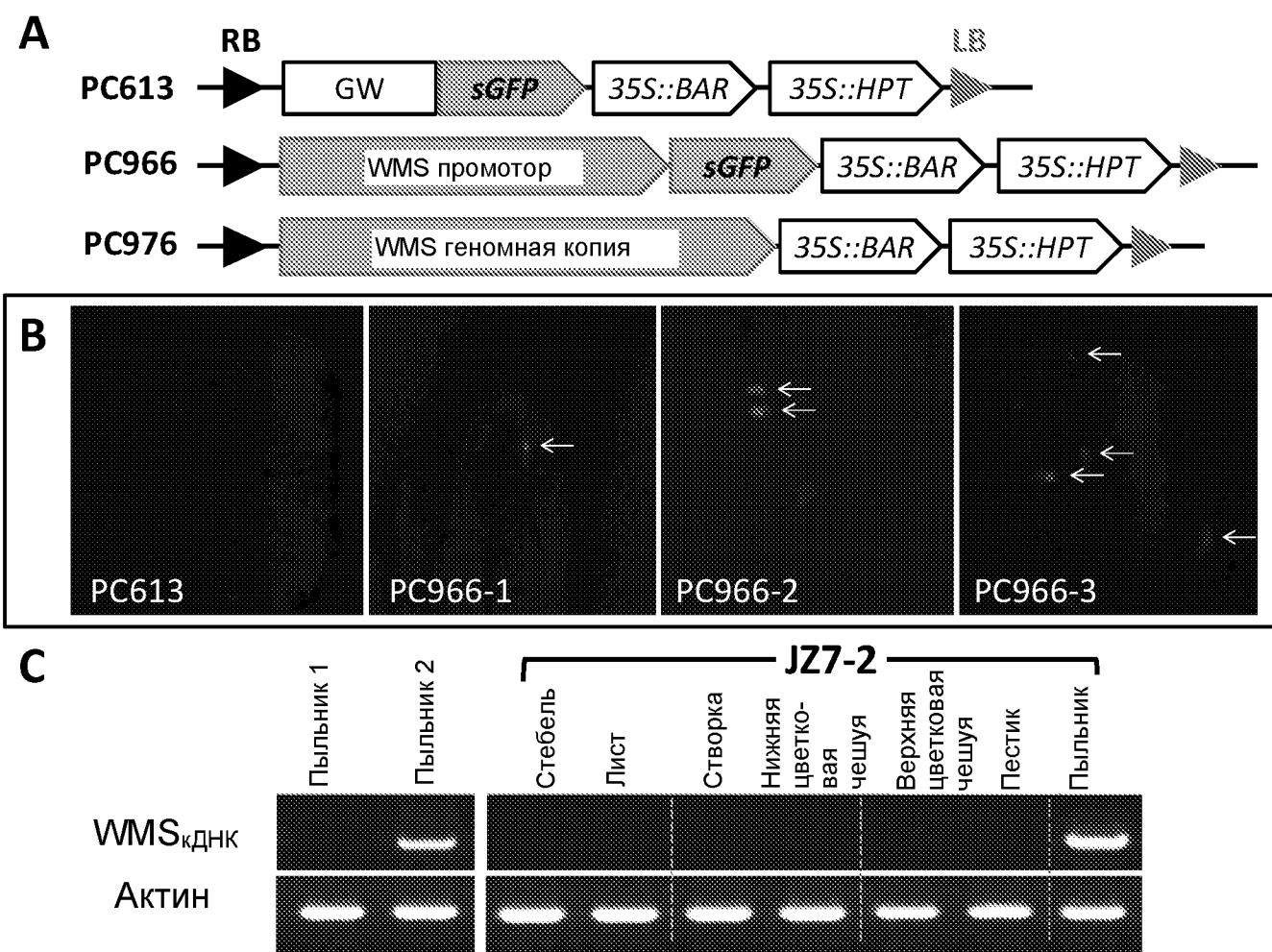
Фиг. 1



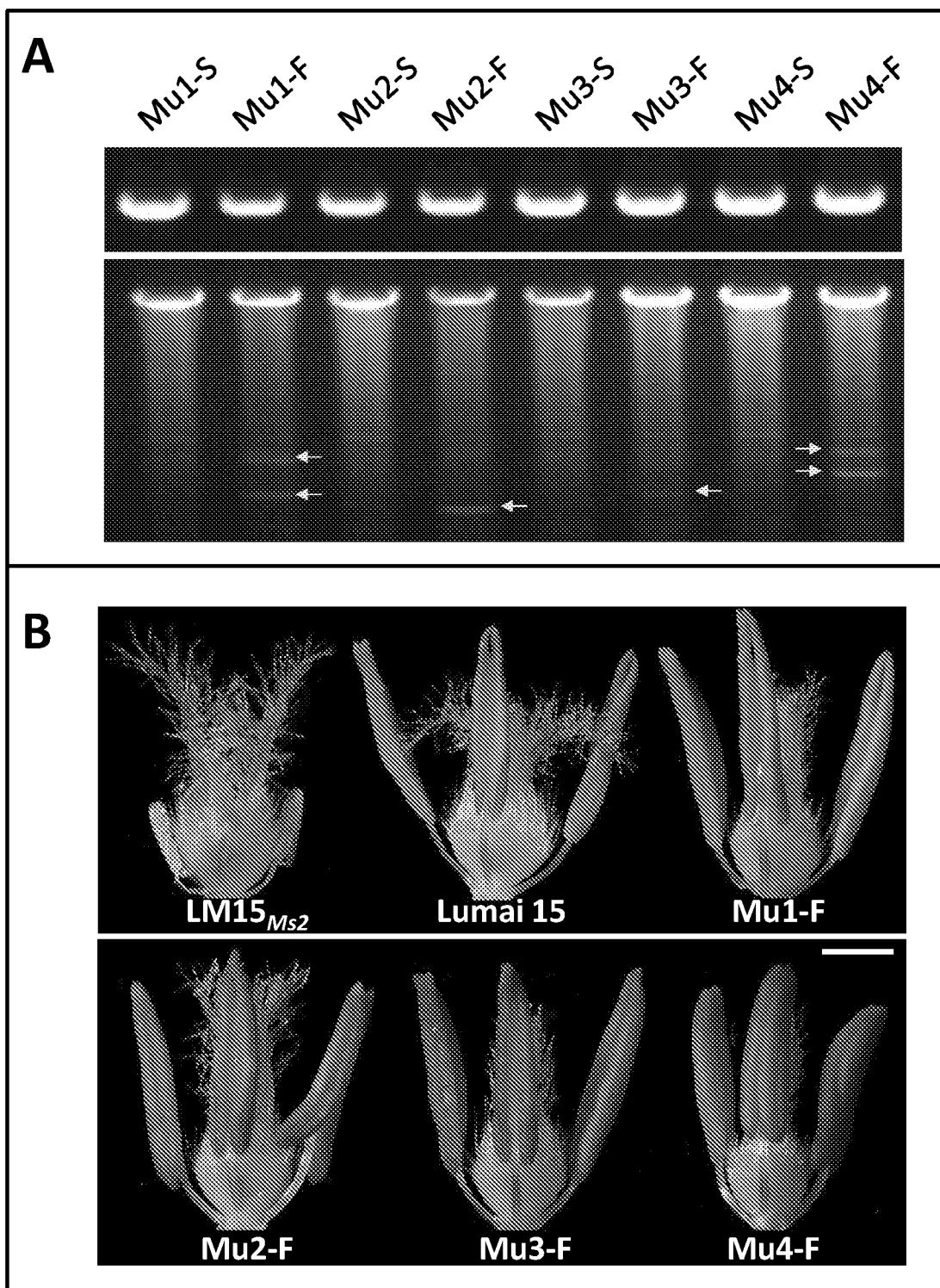
Фиг. 2



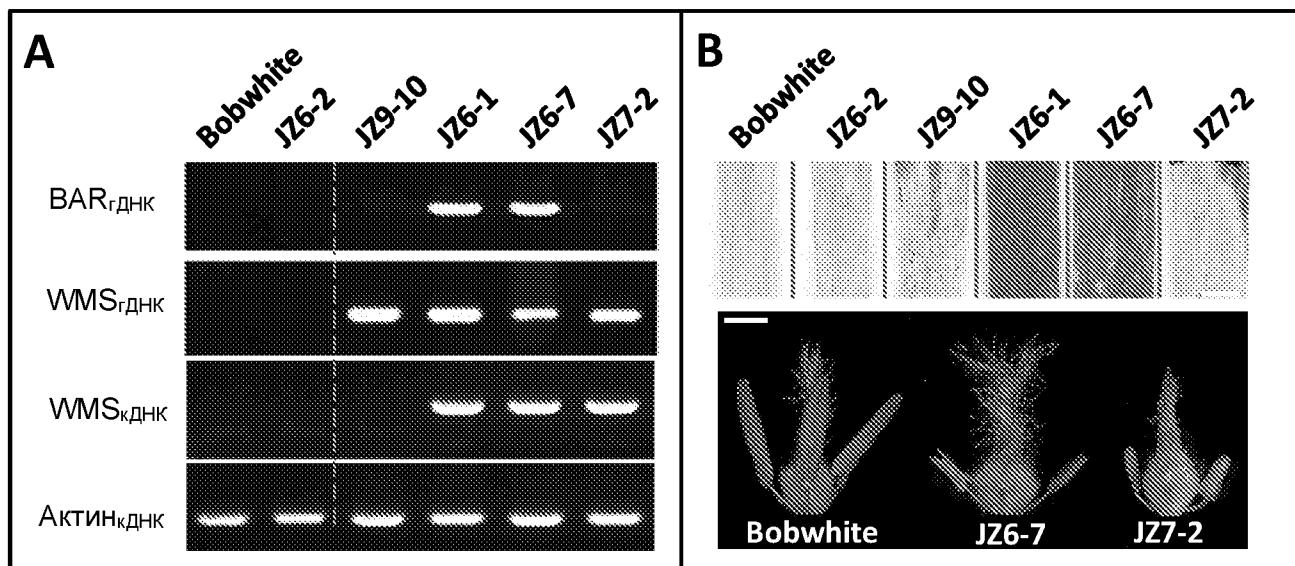
Фиг. 3А-В



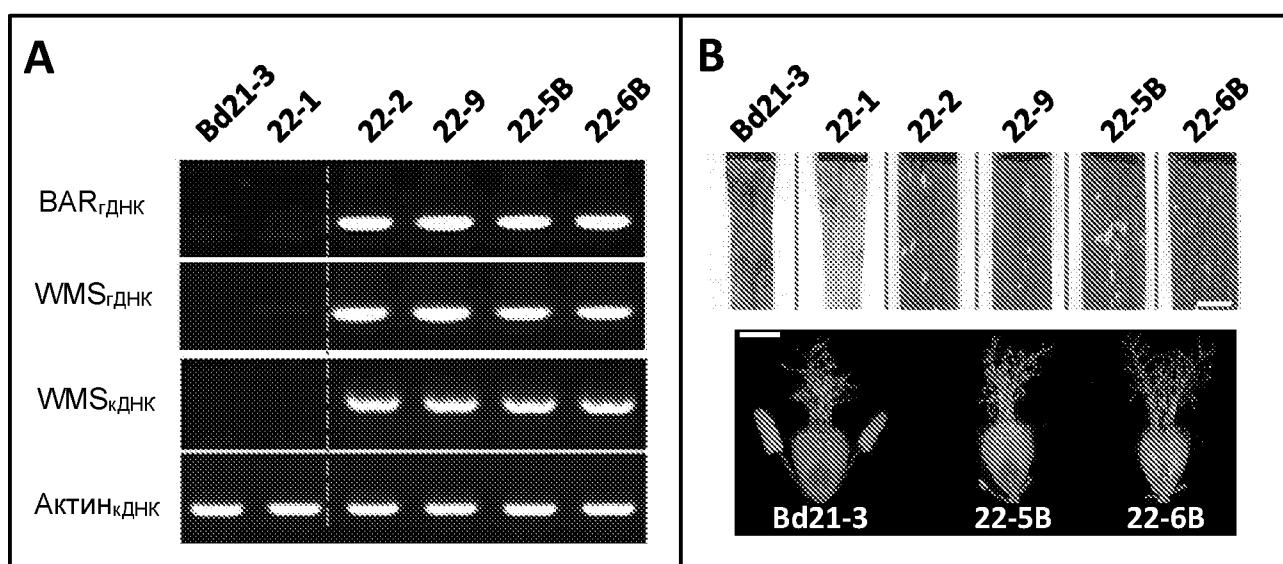
Фиг. 4А-С



Фиг. 5А-В



Фиг. 6А-В



Фиг. 7А-В