(19) Евразийское патентное ведомство

(21) 202393041 (13) A1

(12) ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ЕВРАЗИЙСКОЙ ЗАЯВКЕ

(43) Дата публикации заявки
2024.01.18

(22) Дата подачи заявки
2022.06.22

(51) Int. Cl. ***A01H 1/00*** (2006.01)
A01H 5/10 (2018.01)
A01H 5/12 (2018.01)
A01H 6/46 (2018.01)
C12N 15/82 (2006.01)

(54) ПОВЫШЕННАЯ УСТОЙЧИВОСТЬ К БОЛЕЗНИ КУКУРУЗЫ - ГЕЛЬМИНТОСПОРИОЗНОЙ ПЯТНИСТОСТИ ЛИСТЬЕВ КУКУРУЗЫ (СЕВЕРНОМУ ГЕЛЬМИНТОСПОРИОЗУ) ЗА СЧЕТ QTL НА ХРОМОСОМЕ 4

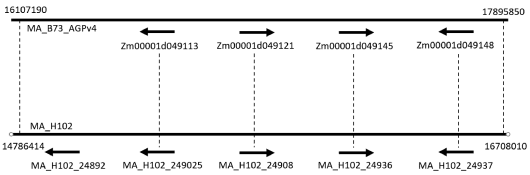
(31) **21180996.7**
(32) **2021.06.22**
(33) **EP**
(86) **PCT/EP2022/066971**
(87) **WO 2022/268862 2022.12.29**
(88) **2023.02.02**

(71) Заявитель:
КВС ЗААТ СЕ & КО. КГАА (DE)

(72) Изобретатель:
Шойерманн Даниэла, Престерл Томас, Кессель Беттина, Шталь Дитмар Юрген, Штирнвейс Даниэль Фабиан, Беттгенхойзер Ян (DE)

(74) Представитель:
Зуйков С.А. (RU)

(57) Изобретение касается растений кукурузы, имеющих повышенную устойчивость или толерантность к патогенам, в частности повышенную устойчивость или толерантность к патогенам, вызывающим северный гельминтоспориоз, т.е. к Exserohilum turcicum. Такие растения кукурузы могут быть охарактеризованы как растения, имеющие определенный аллель QTL, содержащий один или несколько генов устойчивости, или определенные молекулярные маркеры. Изобретение также касается способов получения таких растений кукурузы, а также способов создания таких растений кукурузы.



202393041 A1

202393041 A1

ПОВЫШЕННАЯ УСТОЙЧИВОСТЬ К БОЛЕЗНИ КУКУРУЗЫ - ГЕЛЬМИНТОСПОРИОЗНОЙ ПЯТНИСТОСТИ ЛИСТЬЕВ КУКУРУЗЫ (СЕВЕРНОМУ ГЕЛЬМИНТОСПОРИОЗУ) ЗА СЧЕТ QTL НА ХРОМОСОМЕ 4

ОБЛАСТЬ ТЕХНИКИ, К КОТОРОЙ ОТНОСИТСЯ ИЗОБРЕТЕНИЕ

Настоящее изобретение касается растений кукурузы, имеющих повышенную устойчивость или толерантность к патогенам, в частности повышенную устойчивость или толерантность к Exserohilum turcicum.

ПРЕДПОСЫЛКИ СОЗДАНИЯ ИЗОБРЕТЕНИЯ

В кукурузе (Zea mays L.) содержится большое количество грибовых патогенов, которые вызывают болезни листьев. Грибом, который может нанести наибольший ущерб в тропических и умеренных климатических условиях, характерных для значительной части Европы и Северной Америки, а также Африки и Индии, является гриб известный как Helminthosporium turcicum или синонимично как Exserohilum turcicum (Pass.) Leonard and Suggs (teleomorph: Setosphaeria turcica (Luttrell) Leonard & Suggs). H. turcicum является возбудителем болезни гельминтоспориозной пятнистости листьев кукурузы, известной как "северный гельминтоспориоз" (NCLB), которая может приобретать эпидемические масштабы в годы с повышенной влажностью воздуха, поражая уязвимые сорта кукурузы и вызывая значительные убытки и потери урожая на 30 и более процентов на значительных площадях (Perkins & Pedersen, 1987, Disease development and yield losses associated with northern leaf blight on corn. Plant Disease, 71(10), 940-943; Raymundo et al., 1981, Effect of gene HtN on the development of northern leaf blight epidemics of corn leaf blight. Plant disease.). Начиная с 1970-х годов, ведутся поиски источников естественной устойчивости в генетическом материале. Сегодня известны как количественная, так и качественная устойчивость. В то время как олиго- или полигенно унаследованная количественная устойчивость оказывается неполной и неспецифической по отношению к расе и зависит от дополнительных и частично доминантных генов, качественная устойчивость, как правило, является расоспецифической и может наследоваться через отдельные, предпочтительно доминантные гены, такие как Ht1, Ht2, Ht3, Htm1 или Htn1 (Lipps et al., 1997; Welz & Geiger, 2000). Обратные скрещивания во многих, часто используемых инбредных линиях кукурузы, таких как W22, A619, B37 или B73, успешно привели к интрогрессии генов HT, где они демонстрируют частичное доминирование и экспрессию в зависимости от соответствующего генетического фона (Welz, 1998, Genetics and epidemiology

of the pathosystem Zea mays/Setosphaeria turcica." Habilitationsschrift Institut for Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung and Populationsgenetik, Universität Hohenheim).

Несмотря на такую сложную генетическую архитектуру устойчивости к гельминтоспориозу листьев кукурузы (NCLB) в растении, до сих пор, для контроля гельминтоспориоза было достаточно использования гена Ht1 в кукурузе вместе с частичной количественной устойчивостью (Welz, 1998).

Основанием для этого является то, что во всем мире раса 0 H. turcicum доминирует по распространенности (примерно 55%) (Lipps et al., 1997, Interaction of Ht and partial resistance to Exserohilum turcicum in maize. Plant Disease 81: 277-282; Ferguson & Carson, 2007, Temporal Variation in Setosphaeria turcica Between 1974 and 1994 and Origin of Races 1, 23, and 23N in the United States." Phytopathology 97: 1501-1511.), тогда как другие расы, такие как 2N и 23N, встречаются лишь изредка и, к тому же, в географически ограниченной зоне (Moghaddam & Pataky, 1994, Reactions for isolates from mating of races 1 and 23N of Exserohilum turcicum. Plant Disease 78: 767-771; Jordan et al., 1983, Occurrence of race 2 of Exserohilum turcicum on corn in the central and eastern United States. Plant Disease 67: 1163-1165; Lipps & Hite, 1982, Exserohilum turcicum, virulent on corn with the Ht resistance gene in Ohio.. Plant Disease 66: 397-398; Thakur et al., 1989, Effects of temperature and light on virulence of Exserohilum turcicum on corn." Phytopathology 1989, 79: 631-635; Welz, 1998). Эта раса 0 является авирулентной относительно растения кукурузы с геном Ht1, так что при обеспечении соответствующей количественной устойчивости, растение кукурузы проявляет достаточную общую устойчивость к гельминтоспориозу листьев кукурузы (NCLB).

Однако, многие исследования сообщают о все большем распространении менее популярных рас (Jordan et al., 1983; Welz, 1998; Pratt & Gordon, 2006, Breeding for resistance to maize foliar pathogens." Plant Breed Rev. 27: 119-173.). Причиной этого является популяционная динамика патогена, которая позволяет изменять вирулентность патогена за счет новых мутаций генов авирулентности и новых комбинаций имеющихся генов вирулентности. В конечном итоге, это может привести к появлению новых, пригодных, иногда более агрессивных рас патогенов. В Бразилии, например, популяция H. turcicum уже выглядит значительно более разнообразной по расовому составу, чем, например, в Северной Америке. Gianasi et al. (1996, Raçes fisiológocas de Exserohilum turcicum identificadas em regiões produtoras de milho no Brasil,

Safra 93/94". Summa Phytopathol. 22: 214-217.) Сообщается о расах H. turcicum, которые уже преодолели устойчивость, обусловленную геном Ht1. Кроме того, в некоторых климатических зонах существует нестабильность генов устойчивости к определенным факторам окружающей среды, таким как температура и интенсивность света (Thakur et al., 1989). Как следствие, использование новых генов устойчивости HT, которым до сих пор уделялось мало внимания, приобретает все большее значение во всем мире для производства коммерческих растений кукурузы, чтобы обеспечить более сильную и длительную устойчивость кукурузы к H. turcicum. Начальные подходы в этом направлении были сделаны еще в 1998 году (Pataky et al. Disease severity and yield of sweet corn hybrids with resistance to Northern Leaf Blight. Plant Disease 82(1): 57-63.). Устойчивость к северному гельминтоспориозу (NCLB) в элитной кукурузе sh2 была улучшена благодаря использованию комбинации Ht1 и Htn1.

Между тем, было обнаружено много новых источников устойчивости к северному гельминтоспориозу (NCLB) (Galiano-Carneiro, A. L., & Miedaner, T. (2017). Genetics of Resistance and Pathogenicity in the Maize/Setosphaeria turcica Pathosystem and Implications for Breeding. Frontiers in plant science, 8, 1490.), однако их молекулярная характеристика часто отсутствует. Разработка маркеров представляет собой очень сложный процесс, а оптимизированное использование новых источников устойчивости в селекции ограничено. Тем не менее, существует постоянная потребность в хорошо охарактеризованных генах устойчивости, которые затем могут быть использованы для выведения новых сортов растений кукурузы, устойчивых к северному гельминтоспориозу (NCLB).

РАСКРЫТИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ

Данное изобретение касается растений кукурузы, имеющих повышенную устойчивость или толерантность к патогенам, в частности повышенную устойчивость или толерантность к патогенам, вызывающим северный гельминтоспориоз, то есть к Exserohilum turcicum (также известному как Helminthosporium turcicum). Такие растения кукурузы могут быть охарактеризованы как растения, имеющие определенные в этом документе аллель QTL, или молекулярные маркеры, или последовательности полинуклеиновой кислоты, и, необязательно, содержащие ген или аллель RLK1, или QTL на хромосоме 8, обеспечивающие устойчивость к патогенам, в частности повышенную устойчивость или толерантность к патогенам, вызывающим северный гельминтоспориоз, то есть к Exserohilum turcicum (также известному как Helminthosporium turcicum), в частности, устойчивость, которую предоставляет наличие гена или аллеля RLK1. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или

аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2. Такие растения кукурузы можно охарактеризовать как растения, которые имеют особый, определенный ниже, ген устойчивости, и, необязательно, дополнительно содержат придающий устойчивость ген или аллель RLK1, (который предпочтительно выбирается из генов или аллелей RLK1, входящих в состав HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2). Изобретение также касается способов создания упомянутых растений кукурузы, а также методов их идентификации. Кроме того, изобретение также касается использования таких растений кукурузы для контроля заражения патогенами. Изобретение также касается (выделенных) полинуклеиновых кислот, таких как полинуклеиновые кислоты, содержащие или кодирующие QTL; молекулярных маркеров или генов устойчивости, или полинуклеиновых кислот, специфически гибридизирующихся с ними, а также использование этих полинуклеиновых кислот для идентификации или создания растений кукурузы, в соответствии с изобретением. Изобретение также касается такой кукурузы или таких частей этого растения, которые получены или могут быть получены способами, описанными в этом документе, а также такой кукурузы или таких частей этого растения, которые содержат описанные в этом документе полинуклеиновые кислоты.

Изобретатели неожиданно обнаружили, что комбинация в кукурузе (или частях этого растения) аллеля QTL изобретения на хромосоме 4, (или любой последовательности, маркеров, аллелей или генов) и устойчивости и/или толерантности к патогенам, которую обеспечивает ген или аллель RLK1, или аллель QTL, расположенный на хромосоме 8 (причем указанный аллель QTL предпочтительно включает ген или аллель RLK1, содержащийся в генах Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2), синергично уменьшает или подавляет заражение патогеном или распространение патогена, или синергично уменьшает тяжесть северного гельминтоспориоза (NCLB) или потерю урожая (потерю урожайности).

Это изобретение, в частности, охватывается любым одним из ниже пронумерованных пунктов формулы изобретения - пп. 1-92, или любой комбинацией одного или нескольких указанных пунктов с любыми другими пунктами и/или вариантами осуществления изобретения.

[01] Способ идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью

и/или толерантностью к патогенам, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, который включает скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями A и B, причем где маркерные аллели A и B представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся соответственно цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 18470371 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73,

необязательно, дополнительно включает скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, когда ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

Маркерный аллель A можно определить или выявить с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:24-26, а маркерный аллель B - с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:27-29, предпочтительно в маркерной системе KASP (Таблица 1A). Скрининг на наличие аллеля QTL можно проводить путем выявления одного или нескольких маркерных аллелей, которые могут быть генетически связаны с наличием QTL. QTL ассоциируется с указанной повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену.

[02] Способ, согласно п. [01], где указанный аллель QTL фланкируют маркерные аллели A и/или B.

[03] Способ идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, который включает скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем маркерные аллели A и C, причем где маркерные аллели A и C представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся соответственно цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и тимином (T) в положении 22847078 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73.

Маркерный аллель A можно определить или выявить с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:24-26, а маркерный аллель C - с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:30-32, предпочтительно в системе KASP-маркеров (Таблица 1A). Скрининг на наличие аллеля QTL можно проводить путем выявления одного или нескольких маркерных аллелей, которые могут быть генетически связаны с наличием QTL. QTL ассоциируется с указанной повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену.

[04] Способ, согласно п. [03], где указанный аллель QTL фланкируют маркерные аллели A и/или C.

[05] Способ, согласно п. [01], где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем маркерные аллели A и D, где маркерные аллели A и D представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся соответственно,цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и гуанином (G) в положении 16726729 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73.

Маркерный аллель A можно определить или выявить с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:24-26, а маркерный аллель D - с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:34-36, предпочтительно в маркерной системе KASP (Таблица 1A). Скрининг на наличие аллеля QTL можно проводить путем выявления одного или нескольких маркерных аллелей, которые могут быть генетически связаны с наличием QTL. QTL ассоциируется с указанной повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену.

[06] Способ, согласно п. [05], в котором указанный аллель QTL фланкирован маркерными аллелями A и/или D.

[07] Способ согласно пп. [01] - [06], в котором указанный аллель QTL включает в себя один или несколько маркерных аллелей от M60 до M68 или от M1 до M68, где

– M1 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 1071 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M2 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 1302 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M3 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1497 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M4 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 1631 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M5 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1691 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M6 представляет собой инсерционно-делеционный полиформизм, представляющий делецию нуклеотида в положении 1807 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M7 представляет собой инсерционно-делеционный полиформизм, представляющий инсерцию одного или нескольких нуклеотидов между нуклеотидами в положении 1815 и 1816 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M8 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 2045 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M9 представляет собой инсерционно-делеционный полиформизм, представляющий делецию нулеотида в положениях 2424-2429 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M10 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 2458 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M11 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 2530 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M12 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 2683 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M13 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 12 кодирующей последовательности Zm00001d049113, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M14 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 291 кодирующей последовательности Zm00001d049113, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M15 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 309 кодирующей последовательности Zm00001d049113, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M16 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 324 кодирующей последовательности Zm00001d049113, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M17 представляет собой инсерционно-делеционный полиформизм, представляющий делецию нуклеотида в положении 415-417 кодирующей последовательности Zm00001d049113, относящегося к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M18 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 195 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M19 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 247 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M20 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 248 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M21 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 1097 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M22 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1105 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M23 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 1159 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M24 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 1185 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M25 представляет собой инсерционно-делеционный полиформизм, представляющий инсерцию одного или нескольких нуклеотидов между нуклеотидами в положениях 1216 и 1217 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M26 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1242 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M27 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 1282 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M28 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 1344 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M29 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1380 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M30 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1422 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M31 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 338 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M32 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 412 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M33 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 432 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M34 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 447 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M35 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 507 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M36 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 509 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M37 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 585 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M38 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 588 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M39 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 593 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M40 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 672 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M41 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 741 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M42 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 753 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M43 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 846 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M44 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 996 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M45 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1092 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M46 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 1102 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M47 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1260 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M48 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 1300 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M49 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 22 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M50 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 47 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M51 представляет собой инсерционно-делеционный полиформизм, представляющий инсерцию одного или нескольких нуклеотидов между нуклеотидами в положениях 52 и 53 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M52 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 189 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M53 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 190 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M54 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 1980 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M55 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 2014 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M56 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 2160 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73;

– M57 представляет собой полиморфизм, предпочтительно однонуклеотидный полиморфизм (SNP), инсерцию или делецию в любом положении геномной последовательности ZmNLR24892, представленной в SEQ ID NO:37, и/или кодирующей последовательности ZmNLR24892, представленной в SEQ ID NO:38, подходящие для выявления наличия ZmNLR24892;

– M60 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 14809915 или соответствующим положению 14809915 в геноме H102 v3;

– M61 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 14796545 или соответствующим положению 14796545 в геноме H102 v3, или являющийся цитозином (C) в положении 16139405 или соответствующим положению 16139405 в эталонном геноме AGPv4 кукурузы B73;

– M62 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 14946261 или соответствующим положению 14946261 в геноме H102 v3, или являющийся цитозином (C) в положении 16170861 или соответствующим положению 16170861 в эталонном геноме AGPv4 кукурузы B73;

– M63 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 14813366 или соответствующим положению 14813366 в геноме H102 v3, или являющийся цитозином (C) в положении 2860 или соответствующим положению 2860 последовательности кДНК ZmNLR24892, относящейся к геному H102 v3, или являющийся цитозином (C) в положении 2860 или соответствующим положению 2860 SEQ ID №: 37 (из-за того, что кодирующая последовательность гена ZmNLR24892 находится на обратной цепи);

– M64 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 3394 или соответствующим положению 3394 SEQ ID NO:38; или являющийся тимином (T) в положении 378 или соответствующим положению 378 SEQ ID NO:37; или являющийся тимином (T) в положении 101 или соответствующим положению 101 SEQ ID NO:72;

– M65 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 3410 или соответствующим положению 3410 SEQ ID NO:38; или являющийся тимином (T) в положении 362 или соответствующим положению 362 SEQ ID NO:37; или являющийся тимином (T) в положении 101 или соответствующим положению 101 SEQ ID NO:73;

– M66 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 101 или соответствующим положению 101 SEQ ID NO:74;

– M67 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 193 или соответствующим положению 193 SEQ ID NO:74;

– M68 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 251 или соответствующим положению 251 SEQ ID NO:74.

[08] Способ, согласно п. [07], где M7 представляет собой инсерцию 31 нуклеотида.

[09] Способ, согласно п. [08], где M7 представляет собой инсерцию последовательности полинуклеиновой кислоты, представленной в SEQ ID NO:33.

[10] Способ, согласно п. [07], где M25 представляет собой инсерцию 3 нуклеотидов.

[11] Способ, согласно п. [08], где M25 представляет собой инсерцию последовательности полинуклеиновых кислот GTC.

[12] Способ, согласно п. [07], где M51 представляет собой инсерцию 6 нуклеотидов.

[13] Способ, согласно п. [08], где M51 представляет собой инсерцию последовательности полинуклеиновых кислот CCGGCC.

[14] Способ, согласно п. [07], где кодирующая последовательность

– Zm00001d049121, относящаяся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73 содержит последовательность, представленную в SEQ ID NO:11;

– Zm00001d049113, относящаяся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73 содержит последовательность, представленную в SEQ ID NO:13;

– Zm00001d049145, относящаяся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73 содержит последовательность, представленную в SEQ ID NO:15;

– Zm00001d049148, относящаяся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73 содержит последовательность, представленную в SEQ ID NO:17;

– Zm00001d049159, относящаяся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73 содержит последовательность, представленную в SEQ ID NO:19; и/или

– ZmNLR24892, относящаяся к геному H102 v3 содержит последовательность, представленную в SEQ ID NO:38.

[15] Способ согласно п [07], где

– Zm00001d049121, относящаяся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73 кодирует последовательность, представленную в SEQ ID NO:12;

– Zm00001d049113, относящаяся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73 кодирует последовательность, представленную в SEQ ID NO:14;

– Zm00001d049145, относящаяся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73 кодирует последовательность, представленную в SEQ ID NO:16;

– Zm00001d049148, относящаяся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73 кодирует последовательность, представленную в SEQ ID NO:18;

– Zm00001d049159, относящаяся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73 кодирует последовательность, представленную в SEQ ID NO:20; и/или

– ZmNLR24892, относящаяся к геному H102 v3 кодирует последовательность, представленную в SEQ ID NO:39.

[16] Способ идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, который включает скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем

маркерные аллели M61 и M62 и/или фланкированным ими, причем где маркерные аллели M61 и M62 представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся соответственно цитозином (C) в положении 16139405 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 16170861 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73,

необязательно дополнительно включает скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, когда ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

Маркерный аллель M61 можно определить или выявить с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:59-61, а маркерный аллель M62 - с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:62-64, предпочтительно в маркерной системе KASP (Таблица 1C). Скрининг на наличие аллеля QTL может проводиться путем выявления одного или нескольких маркерных аллелей, которые могут быть генетически связаны с наличием QTL. QTL ассоциируется с указанной повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам.

[17] Способ, согласно п. [01], в котором указанный аллель QTL фланкируют (необязательно, включает) маркерные аллели M61 и/или M62

[18] Способ, согласно п. [01] или [02], где указанный аллель QTL включает маркерный аллель M60 и/или M63, предпочтительно оба.

Маркерный аллель M60 можно определить или выявить с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:56-58, предпочтительно в маркерной системе KASP (Таблица 1C). Скрининг на наличие аллеля QTL можно проводить путем выявления одного или нескольких маркерных аллелей, которые могут быть генетически связаны с наличием QTL. QTL ассоциируется с указанной повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам.

[19] Способ согласно пп. [01] - [03], где скрининг на наличие указанного аллеля QTL включает скрининг на наличие любого одного или нескольких маркерных аллелей от M60 до M68.

[20] Способ согласно пп. [01] - [04], где указанный аллель QTL включает последовательность, представленную в SEQ ID NO:44, или последовательность, последовательности, представленной в SEQ ID №: 44 хотя бы на 90%, желательно - на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности.

[21] Способ согласно пп. [01] - [05], где указанный аллель QTL включает последовательность, представленную в SEQ ID NO:37, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 37 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности.

[22] Способ согласно пп. [01] - [06], где указанный аллель QTL содержит ZmNLR24892.

[23] Способ, согласно п. [07], где геномная последовательность ZmNLR24892 содержит гуанин (G) в положении 2860 (то есть M63).

[24] Способ согласно пп. [06] - [08], где последовательность, идентичная последовательности, представленной в SEQ ID №: 37 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, включает гуанин (G) в положении 2860 (то есть M63).

[25] Способ согласно пп. [01] - [09], где указанный аллель QTL включает ZmNLR24892 имеющий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID NO:39, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности.

[26] Способ идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, предпочтительно, когда патогеном является

Exserohilum turcicum, который включает скрининг на наличие ZmNLR24892 содержащего последовательность, представленную в SEQ ID №: 37, или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID NO:37 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

необязательно включает скрининг на наличие гена или аллеля RLK1 устойчивости и/или толерантности к патогену или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 кукурузы или ее части, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1 устойчивости и/или толерантности к патогену, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в состав Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[27] Способ, согласно п. [11], в котором последовательность, идентичная последовательности, представленной в SEQ ID №: 37 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, содержит гуанин (G) в положении 2860 (то есть, M63).

[28] Способ согласно пп. [01] - [27], при котором скрининг на наличие указанного аллеля QTL включает идентификацию любого одного или нескольких маркерных аллелей A, B, C или D и/или идентификацию любого одного или нескольких маркерных аллелей, выбранных из M60-M68 или из M1-M68.

[29] Способ согласно пп. [01] - [28], при котором скрининг на наличие указанного аллеля QTL включает идентификацию любого одного или нескольких маркерных аллелей, выбранных из M60-M68.

[30] Способ идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, желательно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, который включает скрининг на наличие одного или нескольких маркерных аллелей, выбранных из M60 до M68 или с M1 до M68,

необязательно дополнительно включает скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или

толерантность к патогенам, предпочтительно, когда ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[31] Способ, согласно п. [30], включающий скрининг на наличие

- одного или нескольких маркерных аллелей, выбранных из M1-M12;
- одного или нескольких маркерных аллелей, выбранных из M13-M17;
- одного или нескольких маркерных аллелей, выбранных из M18-M30;
- одного или нескольких маркерных аллелей, выбранных из M31-M48;
- одного или нескольких маркерных аллелей, выбранных из M49-M56;
- одного или нескольких маркерных аллелей с M57; и/или
- одного или нескольких маркерных аллелей, выбранных из M60-M68,

необязательно дополнительно включающий скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, когда ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[32] Способ, согласно п. [30] или [31], включающий скрининг на наличие одного или нескольких маркерных аллелей, выбранных из M60-M68

[33] Способ идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, который включает скрининг на наличие

- Zm00001d049121, содержащего кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID NO:1, или кодирующую последовательность, которая идентична последовательности, представленной в SEQ ID №: 1 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;
- Zm00001d049113, содержащего кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID NO:3 или кодирующую последовательность, которая идентична последовательности, представленной в SEQ ID №: 3 хотя бы на 90%,

желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– Zm00001d049145, содержащего кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID NO:5 или кодирующую последовательность, которая идентична последовательности, представленной в SEQ ID №: 5 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– Zm00001d049148, содержащего кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID NO:7 или кодирующую последовательность, которая идентична последовательности, представленной в SEQ ID №: 7 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– Zm00001d049159, содержащего кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID NO:9 или кодирующую последовательность, которая идентична последовательности, представленной в SEQ ID №: 9 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности; и/или

– ZmNLR24892, содержащего кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID NO:38 или кодирующую последовательность, которая идентична последовательности, представленной в SEQ ID №: 38 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

необязательно дополнительно включает скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или

толерантность к патогенам, предпочтительно, когда ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[34] Способ идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, который включает скрининг на наличие ZmNLR24892, содержащего кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 38, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID NO:38 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

необязательно дополнительно включает скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, когда ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[35] Способ идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, который включает скрининг на наличие

– Zm00001d049121, кодирующего последовательность, представленную в SEQ ID NO:2, или последовательность, которая идентична последовательности, представленной в SEQ ID №: 2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– Zm00001d049113, кодирующего последовательность, представленную в SEQ ID NO:4, или последовательность, которая идентична последовательности, представленной в SEQ ID №: 4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%,

99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– Zm00001d049145, кодирующего последовательность, представленную в SEQ ID SEQ ID NO:6, или последовательность, которая идентична последовательности, представленной в SEQ ID №: 6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– Zm00001d049148, кодирующего последовательность, представленную в SEQ ID NO:8, или последовательность, которая идентична последовательности, представленной в SEQ ID №: 8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– Zm00001d049159, кодирующего последовательность, представленную в SEQ ID NO:10, или последовательность, которая идентична последовательности, представленной в SEQ ID №: 10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности; и/или

– ZmNLR24892, кодирующего последовательность, представленную в SEQ ID NO:39, или последовательность, которая идентична последовательности, представленной в SEQ ID №: 39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

необязательно дополнительно включает скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, когда ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[36] Способ идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, который включает скрининг на наличие ZmNLR24892, кодирующего последовательность,

представленную в SEQ ID №: 39, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID NO:39 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

необязательно дополнительно включает скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, когда ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[37] Способ согласно пп. [01] - [36], который дополнительно включает отбор растения или части растения, содержащих указанный QTL аллель, один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M60-M68 или из M1-M68, одну или несколько полинуклеиновых кислот, имеющих кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 или 38, предпочтительно в SEQ ID NO:38, или кодирующую последовательность идентичную любой последовательности, представленной в SEQ ID №: 1, 3, 5, 7, 9 или 38, предпочтительно в SEQ ID NO:38 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности, или одну или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих любую последовательность представленную в SEQ ID NO:2, 4, 6, 8, 10 или 39, предпочтительно в SEQ ID NO:39, или кодирующих последовательность, идентичную любой последовательности, представленной в SEQ ID №№: 2, 4, 6, 8, 10 или 39, предпочтительно SEQ ID NO:39 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности.

[38] Способ согласно пп. [01] - [37], в котором растение кукурузы или часть растения идентифицируют как имеющие повышенную устойчивость и/или толерантность к патогену при наличии указанного QTL, одного или нескольких из указанных маркерных аллелей и/или одной или нескольких из указанных полинуклеиновых кислот, определенных в п. [21].

[39] Способ создания растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к толерантностью к патогенам, где указанным патогеном предпочтительно является Exserohilum Exserohilum turcicum, включающий введение в геном растения или его части аллеля QTL, определенного в любом из пп. [01] - [29], необязательно дополнительно включающий введение в геном гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 кукурузы или ее части, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в состав Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[40] Способ создания растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, где указанным патогеном предпочтительно является Exserohilum turcicum, включающий введение (и экспрессию) в геном растения кукурузы или его части

– полинуклеиновой кислоты экзогенного Zm00001d049121, кодирующей кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:1, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 1 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– полинуклеиновой кислоты экзогенного Zm00001d049113, кодирующей кодирует кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:3, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 3 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– полинуклеиновой кислоты экзогенного Zm00001d049145, кодирующей кодирует кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:5, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 5 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– полинуклеиновой кислоты экзогенного Zm00001d049148, кодирующей кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:7, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 7 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– полинуклеиновой кислоты экзогенного Zm00001d049159, кодирующей кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:9, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 9 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности; и/или

– полинуклеиновой кислоты экзогенного ZmNLR24892, кодирующей кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:38, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 38 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

необязательно, дополнительно включающий введение в геном гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 кукурузы или ее части, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в состав Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[41] Способ создания растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, где указанным патогеном предпочтительно является Exserohilum turcicum, включающий введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты экзогенного ZmNLR24892, кодирующей кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 38, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:38 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%,

99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты экзогенного ZmNLR24892, включающей (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 37, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 37 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты экзогенного ZmNLR24892, содержащей (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 44, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:44 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, необязательно дополнительно включающий введение в геном гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 кукурузы или ее части, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в состав Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[42] Способ создания растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, где указанным патогеном предпочтительно является Exserohilum turcicum, включающий введение (и экспрессию) в геном растения или его части

– полинуклеиновой кислоты экзогенного Zm00001d049121, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №:2, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– полинуклеиновой кислоты экзогенного Zm00001d049113, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №:4, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на

95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– полинуклеиновой кислоты экзогенного Zm00001d049145, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №:6, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– полинуклеиновой кислоты экзогенного Zm00001d049148, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №:8, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– полинуклеиновой кислоты экзогенного Zm00001d049159, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №:10, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности; и/или

– полинуклеиновой кислоты экзогенного ZmNLR24892, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №:39, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

необязательно дополнительно включающий введение в геном гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 кукурузы или ее части, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или

толерантность к патогенам, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в состав Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[43] Способ создания растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, где указанным патогеном предпочтительно является Exserohilum turcicum, включающий введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты экзогенного ZmNLR24892, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №: 39, или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:39 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

необязательно включает введение в геном гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 кукурузы или ее части, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в состав Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[44] Способ создания растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, где указанным патогеном предпочтительно является Exserohilum turcicum, включающий

– мутирование эндогенного Zm00001d049121 в последовательность, кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:1 или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 1 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– мутирование эндогенного Zm00001d049113 в последовательность, кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:3 или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 3 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%,

99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– мутирование эндогенного Zm00001d049145 в последовательность, последовательность, представленную в SEQ ID №:5 или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 5 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– мутирование эндогенного Zm00001d049148 в последовательность, кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:7 или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 7 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– мутирование эндогенного Zm00001d049159 в последовательность, кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:9 или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 9 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и/или

– мутирование эндогенного ZmNLR24892 в последовательность представленную в SEQ ID №:37 или последовательность, кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 38 или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID № 37 или 38 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

необязательно дополнительно включающий введение в геном гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 кукурузы или ее части, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или

толерантность к патогенам, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в состав Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[45] Способ создания растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, где указанным патогеном предпочтительно является Exserohilum turcicum, включающий

– мутирование эндогенного Zm00001d049121 в последовательность, кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:2 или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

– мутирование эндогенного Zm00001d049113 в последовательность, кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:4 или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– мутирование эндогенного Zm00001d049145 в последовательность, кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:6 или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– мутирование эндогенного Zm00001d049148 в последовательность, кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:8 или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– мутирование эндогенного Zm00001d049159 в последовательность, кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:10 или последовательность, идентичную

последовательности, представленной в SEQ ID №: 10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и/или

– мутирование эндогенного ZmNLR24892 в последовательность, кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:39 или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

необязательно дополнительно включающий введение в геном гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 кукурузы или ее части, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в состав Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[46] Способ создания растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, где указанным патогеном предпочтительно является Exserohilum turcicum, включающий мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части

– полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049121, содержащий один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M1-M12;

– полинуклеиновой кислоты кодирующей Zm00001d049121, содержащий один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M13-M17;

– полинуклеиновой кислоты кодирующей Zm00001d049121, содержащий один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M18-M30;

– полинуклеиновой кислоты кодирующей Zm00001d049121, содержащий один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M31-M48;

– полинуклеиновой кислоты кодирующей Zm00001d049121, содержащий один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M49-M56; и/или

– полинуклеиновой кислоты кодирующей ZmNLR24892, содержащий маркерный аллель M57,

– полинуклеиновой кислоты кодирующей ZmNLR24892, содержащий маркерный аллель, содержащий один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M60 -M68,

необязательно дополнительно включающий введение в геном гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 кукурузы или ее части, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в состав Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[47] Способ согласно пп. [39] - [46], при котором введение в геном включает в себя трансгенез или мутагенез. Желательно, чтобы мутагенез основывался на TILLING, CRISPR-опосредованном редактировании генов и/или редактировании основы.

[48] Способ согласно пп. [39] - [46], при котором введение в геном включает в себя интрогрессию.

[49] Способ согласно пп. [39] - [48], при котором указанная часть растения является клеткой, тканью, органом или семенем.

[50] Способ, согласно п. [49], где указанная часть растения является протопластом, каллусом, незрелым или зрелым зародышем или соцветием.

[51] Способ согласно пп. [39] - [50], включающий трансформацию растения или части растения, предпочтительно растительной клетки или растительной ткани, более предпочтительно протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия полинуклеиновой кислотой, содержащей аллель QTL, указанный в любом из пп. [01] - [29], необязательно включающий регенерацию растения или части растения из указанных клетки или ткани, предпочтительно из указанных протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия,

необязательно включающий дополнительное введение полинуклеиновой кислоты, кодирующей ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллель QTL, расположенный на хромосоме 8 в растении или его части, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в состав Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

[52] Способ согласно пп. [39] - [51], включающий трансформацию растения или части растения, желательно растительной клетки или ткани, лучше - протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия с помощью одной или нескольких полинуклеиновых кислот, включающих одну или несколько кодирующих последовательностей, представленных в SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 и 38, предпочтительно в SEQ ID №:38, или последовательность гена, представленную в SEQ ID №:37, или с помощью одной или нескольких полинуклеиновых кислот, содержащих кодирующую последовательность идентичную одной или нескольким последовательностям, представленным в SEQ ID №№:1, 3, 5, 7, 9, 38 и 39, предпочтительно в SEQ ID №:38 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности, необязательно включающий регенерирование растения из указанных растительной клетки или ткани, предпочтительно из указанных протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия,

необязательно дополнительно включающий трансформацию указанного растения или части растения, желательно растительной клетки или ткани, лучше - протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия полинуклеиновой кислотой, кодирующей ген или аллель RLK1 обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, или аллель QTL, расположенный на хромосоме 8 растения или части растения, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в состав Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

[53] Способ согласно пп. [39] - [51], включающий трансформацию растения или части растения, желательно, растительной клетки или ткани, лучше - протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия, с помощью одной или нескольких полинуклеиновых кислот, кодирующих одну или несколько последовательностей, представленных в SEQ ID №№: 2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно в SEQ ID №:39, или с помощью полинуклеиновой кислоты, кодирующей последовательность, которая идентична одной или нескольким последовательностям, представленным в SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно в SEQ ID №:39 на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%,

98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности, и, необязательно включающий регенерирование растения из указанных растительной клетки или ткани, лучше - из указанных протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия.

[54] Способ согласно пп. [39] - [53], где указанный аллель QTL, который вводят, имеет последовательность, отличную от соответствующего эндогенного аллеля QTL растения.

[55] Способ согласно пп. [40] - [54], в котором указанная полинуклеиновая кислота, которую вводят, имеет последовательность, отличную от соответствующей эндогенной полинуклеиновой кислоты растения.

[56] Способ создания растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, где указанным патогеном предпочтительно является Exserohilum turcicum, включающий (a) получение первого растения, идентифицированного согласно любому из пп. [01]-[38] или созданного согласно любому из пп. [39]-[55], (b) скрещивание указанного первого растения со вторым растением, (c) отбор растений-потомков, содержащих указанный аллель QTL, любой один или несколько маркерных аллелей A, B, C или D, любой один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M60-M68 или из M1-M68, последовательность полинуклеиновой кислоты (кодирующую последовательность), представленную в любой одной или нескольких последовательностях, выбранных из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9, 37, 38 и 44, предпочтительно SEQ ID №№:38 или 44 или такую, которая включает последовательность (кодирующую последовательность), идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% одной или нескольким последовательностям, выбранным из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9, 37, 38 и 44, предпочтительно SEQ ID №№: 38 или 44, желательно по всей длине последовательности, и/или полинуклеотидную последовательность кодирующую белок, с последовательностью выбранной из любой одной или нескольких последовательностей SEQ ID №№: 2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №: 39, или кодирующую белок, который включает последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% одной или нескольким последовательностям, выбранным из SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №: 39, желательно по всей длине последовательности; и,

необязательно, (d) сбор или получение указанного растения или его части из указанных растений-потомков,

где, необязательно, указанное первое и/или второе растение содержит ген или RLK1, содержащийся в Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 и где растение-потомство содержит ген или аллель RLK1, содержащийся в Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2.

[57] Способ согласно пп. [01] - [56], где указанное растение или часть растения имеют повышенную устойчивость и/или толерантность к патогену.

[58] Способ согласно пп. [38] или [57], где указанным патогеном является гриб, предпочтительно вызывающий северный гельминтоспориоз.

[59] Способ согласно пп. [38], [57] или [58], где указанным патогеном является Exserohilum sp.

[60] Способ согласно пп. [38] или [57]-[59], где указанным патогеном является Exserohilum turcicum.

[61] Способ согласно пп. [01] - [60], в котором

– эндогенный Zm00001d049121, предпочтительно относящийся к B73, включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:11, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 11 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049113, предпочтительно относящийся к B73, включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:13, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 13 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049145, предпочтительно относящийся к B73, включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:15, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 15 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049148, предпочтительно относящийся к B73, включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:17, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 17 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности; и/или

– эндогенный Zm00001d049159, предпочтительно относящийся к B73, включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:19, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 19 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности.

[62] Способ согласно пп. [01] - [60], в котором

– эндогенный Zm00001d049121, предпочтительно относящийся к B73, кодирует последовательность белка, представленную в SEQ ID №:12, или последовательность белка, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 12 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049113, предпочтительно относящийся к B73, кодирует последовательность белка, представленную в SEQ ID №:14, или последовательность белка, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 14 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049145, предпочтительно относящийся к B73, кодирует последовательность белка, представленную в SEQ ID №:16, или последовательность белка, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 16 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049148, предпочтительно относящийся к B73, кодирует последовательность белка, представленную в SEQ ID №:18, или последовательность белка, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 18 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности; и/или

– эндогенный Zm00001d049159, предпочтительно относящийся к B73, кодирует последовательность белка, представленную в SEQ ID №:20, или последовательность белка, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 20 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности.

[63] Способ согласно пп. [01] - [60] в котором

– эндогенный Zm00001d049121, предпочтительно относящийся к B73, включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:11;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:12;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №: 11 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 12 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v), путем субституции, делеции и/или и/или добавления одной или нескольких аминокислот;

– эндогенный Zm00001d049113, предпочтительно относящийся к B73, включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:13;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:14;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №: 13 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 14 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v), путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот;

– эндогенный Zm00001d049145, предпочтительно относящийся к B73, включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:15;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:16;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №: 15 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше

всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 16 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v), путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот;

– эндогенный Zm00001d049148, предпочтительно относящийся к B73, включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:17;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:18;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №: 17 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 18 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v), путем субституции, делеции и/или и/или добавления одной или нескольких аминокислот; и/или

– эндогенный Zm00001d049159, предпочтительно относящийся к B73, включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:19;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:20;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №: 19 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 20 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v), путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот.

[64] Способ, согласно п. [63], при котором

– эндогенный Zm00001d049121, предпочтительно относящийся к B73, не содержит одного или нескольких маркерных аллелей от M1 до M12;

– эндогенный Zm00001d049113, предпочтительно относящийся к B73, не содержит одного или нескольких маркерных аллелей от M13 до M17;

– эндогенный Zm00001d049145, предпочтительно относящийся к B73, не содержит одного или нескольких маркерных аллелей от M18 до M30;

– эндогенный Zm00001d049148, предпочтительно относящийся к B73, не содержит одного или нескольких маркерных аллелей от M31 до M48; и/или

– эндогенный Zm00001d049159, предпочтительно относящийся к B73, не содержит одного или нескольких маркерных аллелей от M49 до M56, и/или

– эндогенный ZmNLR24892 не содержит одного или нескольких маркерных аллелей от M60 до M68.

[65] Способ согласно пп. [63] или [64], при котором

– эндогенный Zm00001d049121 не кодирует последовательность, представленную в SEQ ID №:1;

– эндогенный Zm00001d049113 не кодирует последовательность, представленную в SEQ ID №:3;

– эндогенный Zm00001d049145 не кодирует последовательность, представленную в SEQ ID №:5;

– эндогенный Zm00001d049148 не кодирует последовательность, представленную в SEQ ID №:7; и/или

– эндогенный Zm00001d049159 не кодирует последовательность, представленную в SEQ ID №:9; и/или

– эндогенный ZmNLR24892 не кодирует последовательность, представленную в SEQ ID №№:37 или 44, или не кодирует последовательность, представленную в SEQ ID №:38.

[66] Растение кукурузы или его часть или потомок, предпочтительно с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, где указанным патогеном является Exserohilum turcicum, полученные способом согласно любому из пп. [39] - [66],

необязательно, дополнительно содержащие ген или аллель устойчивости RLK1 и/или толерантности к патогену или аллель QTL, расположенный на хромосоме 8 растения или части растения, причем где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1 устойчивости и/или толерантности к патогену, предпочтительно, когда ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, содержащихся в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

[67] Растение кукурузы, предпочтительно с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, где указанным патогеном является Exserohilum turcicum,

содержащее аллель QTL, определенный в любом из пунктов [01] - [29], один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M60 - M68 или из M1 - M68, одну или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих последовательность, выбранную из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 и 38, предпочтительно SEQ ID №:38, или имеющих последовательность, представленную в SEQ ID №:37 или 44, одну или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих последовательность идентичную последовательности, выбранной из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 и 38, предпочтительно SEQ ID №:38 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, или имеющих последовательность идентичную последовательности, выбранной из SEQ ID №№:37 или 44 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности, одну или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих последовательность, выбранную из SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39, и/или одну или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих последовательность идентичную последовательности, выбранной из SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно из SEQ ID №:39 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности.

[68] Растение кукурузы согласно п. [67], где являются гетерозиготными: QTL аллель, указанный в любом из пп. [01] - [29]; один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M60 - M68 или из M1 - M68; одна или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих последовательность, выбранную из SEQ ID №№:1, 3, 5, 7, 9 и 38, предпочтительно SEQ ID №: 38; или полинуклеиновая кислота, имеющая последовательность, представленную в SEQ ID №№:37 или 44; одна или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих последовательность идентичную последовательности, выбранной из SEQ ID №№:1, 3, 5, 7, 9 и 38, предпочтительно SEQ ID №:38 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%; или одна или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих последовательность идентичную последовательности, выбранной из SEQ ID №№: 37 и 44 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности; одна или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих последовательность, выбранную из SEQ ID

№№: 2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39, и/или одна или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих последовательность идентичную выбранной из SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39 по меньшей на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности.

[69] Растение кукурузы согласно п. [67], где являются гомозиготными: QTL аллель, указанный в любом из пп. [01] - [29]; один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M60 - M68 или из M1 - M68; одна или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих последовательность, выбранную из SEQ ID №№:1, 3, 5, 7, 9 и 38, предпочтительно SEQ ID №: 38, или имеющих последовательность, выбранную из SEQ ID №№:37 или 44; одна или несколько полинуклеиновых кислот, имеющих последовательность (кодирующих последовательность) идентичную последовательности, выбранной из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9, 37, 38 и 44, предпочтительно SEQ ID №:38 или 44 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности; одна или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих последовательность, выбранную из SEQ ID №№: 2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39, и/или одна или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих последовательность идентичную последовательности, выбранной из SEQ ID №№: 2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98 5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности.

[70] Растение кукурузы или его часть согласно любому из пп. [66] - [69], которое не является кукурузой линии H102.

[71] Растение кукурузы или его часть согласно любому из пп. [66] - [70], которое является трансгенным, генно-редактированным, базово отредактированным или мутагенным.

[72] (Выделенная) полинуклеиновая кислота, содержащая (кодирующую) последовательность, выбранную из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9, 37, 38 или 44, предпочтительно из SEQ ID №№: 38 или 44, или идентичная по меньшей мере на 80%,

85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% предпочтительно по всей длине, любой последовательности SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9, 37, 38 или 44, предпочтительно SEQ ID №№: 38 или 44; или кодирующая полипептид, выбранный из SEQ ID №№: 2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39, или полипептид, который по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% идентичен, предпочтительно по всей длине, любой последовательности из SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39, ее комплементу, или ее обратному комплементу, или ее (уникальному) фрагменту, или

(выделенная) полинуклеиновая кислота, содержащая последовательность или состоящая из последовательности, представленной в SEQ ID №№: 56 - 68 или 71 - 74, ее комплемента или обратного комплемента, или ее (уникального) фрагмента.

[73] (Выделенная) полинуклеиновая кислота, специфически гибридизирующаяся с полинуклеиновой кислотой, представляющей собой ее комплемент или обратный комплемент, а также, ее использование способами, описанными в этом документе.

[74] (Выделенная) полинуклеиновая кислота и ее использование согласно пп. [72] или [73], где указанная полинуклеиновая кислота является праймером или зондом, предпочтительно для использования в роли молекулярного маркера способами, описанными в этом документе.

[75] Растение кукурузы или его часть, предпочтительно с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, предпочтительно где указанным патогеном является Exserohilum turcicum, содержащие полинуклеиновую кислоту, согласно любому из пп. [72] - [75].

[76] Растение кукурузы, согласно п. [75], рекомбинантно экспрессирующее один или несколько белков, кодирующихся одной или несколькими полинуклеиновыми кислотами с кодирующей последовательностью, выбранной из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 и 38, предпочтительно SEQ ID №:38, одной или несколькими полинуклеиновыми кислотами с кодирующей последовательностью идентичной последовательности, выбранной из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 и 38, предпочтительно SEQ ID №:38 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности, одной или несколькими полинуклеиновыми кислотами, кодирующими последовательность, выбранную из SEQ ID

№№: 2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39, и/или одной или несколькими полинуклеиновыми кислотами, кодирующими последовательность идентичную последовательности, выбранной из SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ №:39 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности; или рекомбинантно экспрессирующее один или несколько белков, имеющих последовательность, выбранную из SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39, или последовательность идентичную последовательности, выбранной из SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности.

[77] Способ контроля заражения патогеном растения (популяции) кукурузы, включающий

а) Предоставление (а) растения (растений) кукурузы согласно любому из пп. [66] - [71] или [75] - [76] или выращивание из семян (а) растения (растений) кукурузы согласно любому из пп. [66] - [71] или [75] - [76],

б) культивирование растений а) в условиях заражения патогеном.

[78] Способ, согласно п. [77], благодаря которому заражение патогеном снижается.

[79] Способ согласно пп. [77] или [78], благодаря которому уменьшаются симптомы, вызванные патогенами и/или увеличивается урожайность, в частности урожайность биомассы, урожайность сухого вещества, урожайность зерна или урожайность семян.

[80] Способ согласно пп. [77] - [79], где указанные условия заражения патогеном включают наличие патогена.

[81] Способ согласно пп. [77] - [80], где указанный патоген является грибом.

[82] Способ согласно пп. [77] - [81], где указанный патоген является exserohilum sp.

[83] Способ согласно пп. [77] - [82], где указанный патоген является exserohilum turcicum.

[84] Использование полинуклеиновой кислоты, указанной в любом из пп. [72] - [74] для получения растения кукурузы или его части.

[85] Использование полинуклеиновой кислоты, указанной в п. [84] для создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам или для повышения устойчивости и/или толерантности к патогенам растения кукурузы, согласно любому из вышеупомянутых способов создания растения кукурузы или его части.

[86] Использование полинуклеиновой кислоты, указанной в любом из пп. [72] - [74] для идентификации кукурузы или ее части.

[87] Использование согласно пп. [68] - [86] для идентификации растения или части растения кукурузы, имеющих повышенную устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, в соответствии с любым из вышеперечисленных способов идентификации растения кукурузы или его части.

[88] Использование растения или части растения кукурузы, указанных в любом из пп. [66] - [71] или пп. [75] - [76] для контроля заражения растения (популяции) кукурузы патогенами.

[89] Использование растения или части растения кукурузы, указанных в любом из пп. [66] - [71] или пп. [75] - [76] для повышения урожайности (потенциала) растения, предпочтительно в условиях заражения патогенами.

[90] Использование согласно п. [89], где выход является биомассой, урожайностью сухого вещества, урожайностью зерна или урожайностью семян.

[91] Использование согласно п. [90], где указанная биомасса является биомассой всего растения или биомассой части растения.

[92] Использование согласно п. [91], где указанная часть растения является тканью, органом, плодом или семенем.

КРАТКОЕ ОПИСАНИЕ ЧЕРТЕЖЕЙ

Фигура 1: Выравнивание последовательности кДНК Zm00001d049121, полученной из генотипа B73 (SEQ ID №:11) и от донора H102 (SEQ ID №:1).

Фигура 2: Выравнивание последовательностей аминокислот Zm00001d049121, полученных из генотипа B73 (SEQ ID №:12) и от донора H102 (SEQ ID №:2).

Фигура 3: Выравнивание последовательности кДНК Zm00001d049113, полученной из генотипа B73 (SEQ ID №:13) и от донора H102 (SEQ ID №:3).

Фигура 4: Выравнивание последовательностей аминокислот Zm00001d049113, полученных из генотипа B73 (SEQ ID №:14) и от донора H102 (SEQ ID №:4).

Фигура 5: Выравнивание последовательности кДНК Zm00001d049145, полученной из генотипа B73 (SEQ ID №:15) и от донора H102 (SEQ ID №:5).

Фигура 6: Выравнивание последовательностей аминокислот Zm00001d049145, полученных из генотипа B73 (SEQ ID №:16) и от донора H102 (SEQ ID №:6).

Фигура 7: Выравнивание последовательности кДНК Zm00001d049148, полученной из генотипа B73 (SEQ ID №:17) и от донора H102 (SEQ ID №:7).

Фигура 8: Выравнивание последовательностей аминокислот Zm00001d049148, полученных из генотипа B73 ((SEQ ID №:18) и от донора H102 (SEQ ID №:8).

Фигура 9: Выравнивание последовательности кДНК Zm00001d049159, полученной из генотипа B73 (SEQ ID №:19) и от донора H102 (SEQ ID №:9).

Фигура 10: Выравнивание последовательностей аминокислот Zm00001d049159, полученных из генотипа B73 (SEQ ID №:20) и от донора H102 (SEQ ID №:10).

Фигура 11: Участок гена-кандидата на хромосоме 4 между 16107190 п.о. и 16726729 п.о. в B73, соответствующий участку между 14786414 п.о. и 16708010 п.о. у донора H102. Стрелки указывают на положение генов-кандидатов и их соответствующее направление в B73 (MA_B73_AGPv4) и в H102 (MA_H102).

Фигура 12: Карта бинарного вектора FDC232 для трансфера Zm00001d049121 в кукурузу.

Фигура 13: Степень поражения патогеном Exserohilum turcicum, инфицированных Zm00001d049121 растений кукурузы.

Фигура 14: Экспрессия Zm00001d049121 в трансформированных растениях кукурузы.

Фигура 15: Уменьшение симптомов северного гельминтоспориоза (NCLB) у растений кукурузы, экспрессирующих Zm00001d049121.

Фигура 16: Вектор FDC357, содержащий участок кодирования ZmNLR24892.

ДЕТАЛЬНОЕ ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ

Прежде чем описать настоящую систему и способ изобретения, следует понимать, что это изобретение не ограничивается конкретными описанными системами, способами или комбинациями, поскольку такие системы, способы и

комбинации могут, разумеется, варьироваться. Также, следует понимать, что терминология, используемая в этом документе, не является исчерпывающей, поскольку объем настоящего изобретения будет ограничен только прилагаемой формулой изобретения.

Использованные в этом документе формы единственного числа включают как единственное, так и множественное число, если из контекста явно не следует иное.

Термины "включающий", "включающий в себя" и "состоящий из", используемые в настоящем документе, являются синонимами слов "содержащий", "содержащий в себе" или "имеющий", "имеющий в своем составе", и являются либо исчерпывающими, либо открытыми и не исключают дополнительные, не указанные члены, элементы или фазы. Следует понимать, что термины "включающий", "включает" и "состоит из", используемые в настоящем документе, включают в себя термины "содержащий", "содержащий в себе" или "имеющий", "имеющий в своем составе", а также термины "содержащий по существу", "включающий по существу" и "имеющий по существу".

Указание числовых диапазонов с конечными точками включает все числа и дроби, входящие в соответствующие диапазоны, а также указанные конечные точки.

Термин "примерно" или "приблизительно", используемый в этом документе при применении к измеряемой величине, например, параметру, количеству, временной продолжительности и тому подобному, подразумевает вариации +/-20%, или меньше - +/-10%, или еще меньше - +/-5%, вплоть до +/-1% или еще меньше от указанной величины, поскольку такие вариации являются уместными для описанного изобретения. Следует понимать, что значение к которому относится модификатор "примерно" или "приблизительно" само по себе, также, конкретно и предпочтительно раскрыто.

В то время, как термины "один или несколько" или "хотя бы один" являются понятными сами по себе в буквальном значении как один или несколько или хотя бы один член (члены) группы, посредством дальнейшего примера, отметим что этот термин охватывает, среди прочего, и ссылку на любой один из указанных членов или на любые два или несколько указанных членов, например, на ≥3, ≥4, ≥5, ≥6 или ≥7 и т. д. указанных членов, и так, вплоть до всех указанных членов.

Все ссылки, приведенные в настоящей спецификации, включены в нее в полном объеме. В частности, идеи всех источников, включены в настоящую спецификацию путем отсылки на них.

Если не определено иное, все термины, используемые при раскрытии изобретения, включая технические и научные термины, имеют общепринятое значение для специалистов в области, к которой относится данное изобретение. Для того, чтобы лучше понять суть этого изобретения, в текст дополнительно включены определения терминов.

К стандартным справочным изданиям, в которых изложены общие принципы технологии рекомбинантных ДНК, относятся: Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2nd ed. 1-3, ed. Sambrook et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y., 1989; Current Protocols in Molecular Biology, ed. Ausubel et al., Greene Publishing and Wiley-Interscience, New York, 1992 (с периодическими обновлениями) ("Ausubel et al. 1992"); серия Methods in Enzymology (Academic Press, Inc.); Innis et al., PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications, Academic Press: San Diego, 1990; PCR 2: A Practical Approach (M.J. MacPherson, B.D. Hames and G.R. Taylor eds. (1995); Harlow and Lane, eds. (1988) Antibodies, a Laboratory Manual; and Animal Cell Culture (R.I. Freshney, ed. (1987). Общие принципы микробиологии изложены, например, в работах Davis, B. D. et al., Microbiology, 3rd edition, Harper & Row, publishers, Philadelphia, Pa. (1980).

В следующих абзацах, различные аспекты изобретения определены более подробно. Каждый, определенный таким образом аспект, может сочетаться с любым другим аспектом или аспектами, если четко не указано обратное. В частности, любой признак, указанный как предпочтительный или полезный, может сочетаться с любым другим признаком или признаками, указанными как предпочтительные или полезные.

В этом документе, ссылка на "один вариант осуществления" или "вариант осуществления" настоящего изобретения означает, что конкретный признак, структура или характеристика, описанные в связи с вариантом осуществления изобретения, включены хотя бы в один вариант осуществления этого изобретения. Таким образом, появление фраз "в одном варианте осуществления" или "в одном из вариантов осуществления" в разных местах этой спецификации не обязательно, но может относится к одному и тому же варианту осуществления изобретения. Кроме того, отдельные признаки, структуры или характеристики могут быть объединены в одном или нескольких вариантах осуществления любым соответствующим образом, понятным специалисту в данной области из этого описания и раскрытия изобретения. Кроме того, в то время как некоторые варианты осуществления настоящего

изобретения, описанные в настоящем документе, включают некоторые, но не другие признаки, включенные в другие варианты осуществления настоящего изобретения, подразумевается, что комбинации признаков различных вариантов осуществления настоящего изобретения входят в объем настоящего изобретения и образуют различные варианты его осуществления, как это было бы понятно специалистам в данной области техники. Например, в прилагаемой формуле изобретения любой из заявленных вариантов осуществления настоящего изобретения может быть использован в любой комбинации.

В дальнейшем подробном описании изобретения делается ссылка на сопроводительные чертежи (фигуры), которые являются частью описания и показаны лишь с целью иллюстрации конкретных вариантов осуществления изобретения. Следует понимать, что могут быть использованы другие варианты осуществления изобретения, а также могут быть внесены структурные или логические изменения без отклонения от объема этого изобретения. Таким образом, дальнейшее подробное описание не следует рассматривать в ограничительном смысле, а объем этого изобретения определяется прилагаемой формулой изобретения.

Ниже изложены предпочтительные пункты (признаки) и варианты осуществления этого изобретения. Каждое из определенных таким образом пунктов и вариантов осуществления изобретения могут сочетаться с любыми другими пунктами и/или вариантами осуществления изобретения, если четко не указано обратное. В частности, любой признак, указанный как желательный или предпочтительный, может сочетаться с любым другим признаком или признаками или утверждениями, указанными как желательные или предпочтительные.

Термин "кукуруза", используемый в этом документе относится к растению вида Zea mays, предпочтительно Zea mays ssp mays.

Термин "растение" относится к целому растению, его потомкам или потомству. Если четко не указано иное, под термином "растение", который используется в настоящем документе подразумевается растение на любой стадии развития. Под термином "часть растения" или "его часть" подразумевается любая часть или производная растения, включая отдельные растительные ткани или структуры; растительные клетки или протопласты; растительные клетки или культуры тканей, из которых растения могут быть регенерированы; растительные каллусы; растительные пучки и клетки, которые в растениях или их частях являются неповрежденными, такие как семена, зерна, початки, цветы, семядоли, листья, стебли, почки, корни, кончики корней, зерно и тому подобное. Под частями растений могут подразумеваться и обработанные части растений или их производные, включая цветы, масла,

экстракты и т.п. "Частями растения" являются, например, вегетативные органы или структуры побегов, например листья, стебли и клубни; корни, цветы и цветочные органы или структуры, например прицветники, чашелистики, лепестки, тычинки, плодолистики, пыльца и яйцеклетки; семена, включая зародыш, эндосперм и семенную оболочку; плод и зрелая завязь; растительная ткань, например, сосудистая ткань, почвенная ткань и т.д.; клетки, например, охранные клетки, яйцеклетки, пыльца, трихомы и т.д.; а также их потомки. Части растения могут быть прикреплены к целому неповрежденному растению или отделены от него. Такие части растения включают, но не ограничиваются органами, тканями и клетками растения, а также, предпочтительно, семенами. "Растительная клетка" - это структурная и физиологическая единица растения, состоящая из протопласта и клеточной стенки. Растительная клетка может быть в виде изолированной отдельной клетки или культивируемой клетки, или в виде части более высокоорганизованной единицы, такой как, например, растительная ткань, орган растения или целое растение. "Культура растительных клеток" означает культуры растительных единиц, таких как, например, протопласты, клетки растительных тканей, пыльца, пыльцевые трубки, яйцеклетки, зародышевые мешки, зиготы и зародыши на различных стадиях развития. "Растительный материал" означает листья, стебли, корни, цветы или части цветов, плоды, пыльцу, яйцеклетки, зиготы, семена, черенки, культуры клеток или тканей или любую другую часть или продукт растения. Этот термин также включает каллус или каллусную ткань, а также экстракты (например, экстракты из стержневых корней) или их образцы. "Орган растения" - это четко очерченная и видимая часть растения, например корень, стебель, лист, цветочная почка или зародыш. "Растительная ткань" в этом документе означает группу растительных клеток, объединенных в структурную и функциональную единицу и включает любую ткань растения или растительной культуры. Этот термин включает, но не ограничивается целыми растениями, их органами, семенами, культурой тканей и любыми группами растительных клеток, объединенных в структурные и/или функциональные единицы. Использование этого термина в сочетании или при отсутствии какого-либо конкретного типа растительной ткани, указанного выше или иным образом охваченного этим определением, не имеет целью исключить любой другой тип растительной ткани.

В некоторых вариантах осуществления изобретения, часть растения или его производное не являются (функциональным) материалом для размножения, например

зародышевая плазма, семена, зародыш растения или другой материал, из которого может быть регенерировано растение. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, часть растения или его производная не содержит (функциональных) мужских и женских репродуктивных органов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, часть растения или его производная являются материалом для размножения или содержит его, но этот материал не используется для размножения или (больше) не может быть использован для создания или получения новых растений, например, материал для размножения, который был химически, механически или иным образом приведен в нефункциональное состояние, например, путем термической обработки, кислотной обработки, уплотнения, дробления, измельчения и др.

В настоящем документе термин "популяция растений" можно использовать как взаимозаменяемый с термином "группа растений". Популяция растений предпочтительно состоит из множества отдельных растений, например хотя бы из 10, то есть из 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80 или 90, но желательно – минимум из 100, например, из 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800 или 900, лучше всего – минимум из 1000, например, минимум из 10000 или минимум из 100000.

Термин "локус" (локусы во множественном числе) означает конкретное место или места или участок на хромосоме, где, например, обнаруживают QTL, ген или генетический маркер. В этом документе термин "локус количественного признака" или "QTL" имеет свое обычное значение, известное в данной области техники. С помощью дальнейших указаний, но без ограничений, QTL может касаться участка ДНК, который связан с дифференцированным выражением количественного фенотипического признака по крайней мере в одном генетическом фоне, например, по крайней мере в одной селекционной популяции. Участок QTL охватывает или тесно сцеплен с геном или генами, которые влияют на рассматриваемый признак. "Аллель QTL" может содержать несколько генов или других генетических факторов в смежном участке генома или группе сцепления, такой как гаплотип. Аллель QTL может обозначать гаплотип в пределах определенного окна, где указанное окно является смежным участком генома, который можно определить и отследить с помощью набора одного или нескольких полиморфных маркеров. Гаплотип может быть определен по уникальному отпечатку аллелей на каждом маркере в пределах определенного окна. QTL может кодировать один или несколько аллелей, которые влияют на выраженность непрерывно распределенного (количественного) фенотипа. В некоторых вариантах осуществления изобретения, QTL,

описанный в этом документе, может быть гомозиготным. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, QTL, описанный в этом документе, может гетерозиготным.

В этом документе термин "аллель" или "аллели" относится к одной или нескольким альтернативным формам локуса, то есть к различным нуклеотидам или нуклеотидным последовательностям.

В этом документе термин "мутантные аллели" или "мутация" аллелей указывает на аллели, имеющие одну или несколько мутаций, таких как инсерции, делеции, стоп-кодоны, замены основания (например, транзиции или трансверсии) или изменения в соединениях при сплайсинге, которые могут приводить или не приводить к появлению измененных генных продуктов. Модификации аллелей могут возникать в кодирующих или некодирующих участках (например, в промоторных участках, экзонах, интронах или соединениях при сплайсинге).

Термины "интрогрессия", "интрогрессированный" и "интрогрессирующий" в этом документе касаются как естественного, так и искусственного процесса, в результате которого хромосомные фрагменты или гены одного вида, культивара или сорта перемещаются в геном другого вида, культивара или сорта путем скрещивания этих видов. Процесс, необязательно, может быть завершен обратным скрещиванием с реккурентным родителем. Например, интрогрессия желаемого аллеля в определенном локусе может быть передана по крайней мере одному потомку через половое скрещивание между двумя родительскими формами одного вида, где по крайней мере одна из родительских форм имеет желаемый аллель в своем геноме. Альтернативно, например, трансмиссия аллеля может происходить путем рекомбинации между двумя донорскими геномами, например, в слитном протопласте, где по крайней мере один из донорских протопластов имеет желаемый аллель в своем геноме. Желаемый аллель может быть, например, обнаружен с помощью маркера, связанного с фенотипом, в QTL, трансгене и т.д. В любом случае, потомство, содержащее желаемый аллель, можно многократно скрещивать с линией с желаемым генетическим фоном и отбирать для получения желаемого аллеля, в результате чего аллель закрепляется в выбранном генетическом фоне. Процесс "интрогрессии" часто называют "обратным скрещиванием", когда он повторяется два или несколько раз. "Фрагмент интрогрессии", "сегмент интрогрессии" или "участок интрогрессии" означает фрагмент хромосомы

(или сегмент, часть или область/участок хромосомы), который был введен в другое растение того же или родственного вида искусственно или естественным путем, например, путем скрещивания или традиционными методами селекции, такими как обратное скрещивание, то есть интрогрессивный фрагмент является результатом методов селекции, к которым относится глагол "интрогрессировать" (например, обратно скрещивать). Понятно, что термин "интрогрессивный фрагмент" никогда не включает целую хромосому, а только часть хромосомы. Фрагмент интрогрессии может быть большим, например, даже в три четверти или в половину хромосомы, но желательно чтобы он был меньшим – приблизительно 15 Мб или еще меньшим - например, приблизительно 10 Мб, или еще меньшим - приблизительно 9 Мб, или еще меньшим - приблизительно 8 МЬ, или еще меньшим - приблизительно 7 МЬ, или еще меньшим - приблизительно 6 МЬ, или еще меньшим - приблизительно 5 МЬ, или еще меньшим - приблизительно 4 МЬ, или еще меньшим - приблизительно 3 МЬ, или еще меньшим - приблизительно 2.5 Мб или 2 Мб, или еще меньшим - приблизительно 1 Мб (что равняется 1 000 000 bp), или еще меньшим - приблизительно 0,5 Мб (что равняется 500 000 bp), или еще меньшим - например, приблизительно 200 000 bp (что равняется 200 kb), или еще меньшим - приблизительно 100 000 bp (100 kb), или еще меньшим - около 50 000 bp (50 kb), или еще меньшим - приблизительно 25 000 bp (25 kb) или еще меньшим.

Генетический элемент, фрагмент интрогрессии, QTL или ген или аллель, предоставляющий признак (например, повышенную устойчивость или толерантность к патогенам), считается "полученным", или "полученным из", или "производным от" или "выведенным из", или "присутствующим в", или "найденным в" растении или части растения, описанных в этом документе, если он может быть перенесен из растения, в котором он присутствует, в другое растение, в котором он не присутствует (например, линию или сорт) с помощью традиционных методов селекции, не приводя к фенотипическим изменениям растения-реципиента, отдельно от добавления признака, предоставляемого генетическим элементом, локусом, интрогрессивным фрагментом, геном или аллелем. Эти термины используются как взаимозаменяемые, и генетический элемент, локус, интрогрессивный фрагмент, ген или аллель могут быть перенесены в любой другой генетический фон, лишенный этого признака. Можно использовать не только растения, содержащие генетический элемент, локус, фрагмент интрогрессии, ген или аллель, но могут быть использованы и охватываются этим документом и потомство/потомки таких растений, которые были отобраны для сохранения генетического элемента, локуса, фрагмента интрогрессии, гена или аллеля.

Содержит ли растение (или геномная ДНК, клетка или ткань растения) тот же генетический элемент, локус, фрагмент интрогрессии, ген или аллель, который получен из такого растения, может быть определено специалистом с помощью одного или нескольких методов, известных в данной области, таких как фенотипические анализы, секвенирование всего генома, анализ молекулярных маркеров, картирование признаков, окраска хромосом, тесты на аллелизм и тому подобное, или с помощью комбинаций методов. Понятно, что сюда также могут быть включены трансгенные растения.

Термины "генная инженерия", "трансформация" и "генетическая модификация" используются в этом документе как синонимы для обозначения переноса изолированных и клонированных генов в ДНК, обычно в хромосомную ДНК или геном другого организма.

"Трансгенные" или "генетически модифицированные организмы" (ГМО) - это организмы, генетический материал которых был изменен с помощью методов, широко известных как "технология рекомбинантной ДНК". Технология рекомбинантной ДНК предполагает возможность объединения молекул ДНК из разных источников в одну молекулу ex vivo (например, в пробирке). Термин "трансгенный" здесь означает генетически модифицированный путем введения неэндогенной последовательности нуклеиновой кислоты. Обычно видоспецифическая последовательность нуклеиновой кислоты вводится в клетку в такой форме, расположении или количестве, в которой она не встречается в клетке в природе. Эта терминология, как правило, не охватывает организмы, генетический состав которых был изменен путем обычного скрещивания или "мутагенного" разведения, поскольку эти методы предшествовали открытию методов рекомбинантной ДНК. Термин "нетрансгенные" в этом документе означает растения и пищевые продукты, полученные из растений, которые не являются "трансгенными" или "генетически модифицированными организмами" согласно определению, изложенному выше.

"Трансген" или "химерный ген" означает генетический локус, состоящий из последовательности ДНК, например, рекомбинантный ген, который был введен в геном растения путем трансформации, например, трансформации, опосредованной Agrobacterium. Растение, содержащее трансген, стабильно интегрированный в его геном, называется "трансгенным растением".

"Редактирование генов" или "редактирование генома" относится к генной инженерии, при которой ДНК или РНК вставляются, удаляются, модифицируются или заменяются в геноме живого организма. Редактирование генов может включать целенаправленный или нецеленаправленный (случайный) мутагенез. Целенаправленный мутагенез может быть осуществлен, например, с помощью дизайнерских нуклеаз, таких как мегануклеазы, нуклеазы цинковых пальцев (ZFN), эффекторные нуклеазы на основе активаторов транскрипции (TALEN) и системы кластерных регулярно расположенных коротких палиндромных повторов (CRISPR/Cas). Эти нуклеазы создают сайт-специфические двухцепочечные разрывы (DSBs) в нужных участках генома. Индуцированные двухцепочечные разрывы восстанавливаются путем негомологичного соединения концов (NHEJ) или путем гомологичной рекомбинации (HR), что приводит к целевым мутациям или модификациям нуклеиновых кислот. Использование дизайнерских нуклеаз особенно подходит для создания нокаутов или нокдаунов генов. В некоторых вариантах осуществления изобретения разработаны дизайнерские нуклеазы, которые специфически вводят один или несколько молекулярных маркеров (маркерных аллелей), в соответствии с изобретением, описанным в этом документе. Системы доставки и экспрессии дизайнерских нуклеазных систем хорошо известны в данной области.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, нуклеаза или целевая/сайт-специфическая/хоуминг-нуклеаза представляет собой, то есть включает, то есть состоит по сути или состоит из (модифицированной) системы или комплекса CRISPR/Cas, (модифицированного) белка Cas, (модифицированного) цинкового пальца, (модифицированной) нуклеазы цинкового пальца (ZFN), (модифицированного) транскрипционного фактора-эффектора (TALE), (модифицированного) транскрипционного фактора-эффектора нуклеазы (TALEN) или (модифицированной) мегануклеазы. В некоторых вариантах осуществления изобретения, упомянутая (модифицированная) нуклеаза или целевая/сайт-специфическая/хоуминг нуклеаза является, то есть включает, то есть состоит по сути из, или состоит из (модифицированной) РНК-управляемой нуклеазы. Следует понимать, что в некоторых вариантах, нуклеазы могут представлять собой кодоны, оптимизированные для экспрессии в растениях. Термин "целенаправленность", используемый в этом документе по отношению к выбранной последовательности нуклеиновой кислоты означает, что нуклеаза или комплекс нуклеаз действует специфическим образом на определенную нуклеотидную последовательность. Например, в контексте системы CRISPR/Cas, направляющая РНК

способна гибридизироваться с выбранной последовательностью нуклеиновой кислоты. В этом документе термин "гибридизация" означает реакцию, в которой один или несколько полинуклеотидов реагируют с образованием комплекса, стабилизирующегося посредством водородных связей между основаниями нуклеотидных остатков, то есть процесс, в котором одноцепочечная молекула нуклеиновой кислоты присоединяется к комплементарной цепи нуклеиновой кислоты, то есть согласуется с этим парным соединением оснований. Стандартные процедуры гибридизации описаны, например, в работе Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 3rd edition 2001). Водородная связь может возникать путем спаривания базы по Уотсон-Крику, связывания по Хугстину или любым другим способом, специфичным для последовательности. Комплекс может состоять из двух цепей, образующих дуплексную структуру, трех или более цепей, образующих многоцепочечный комплекс, одной самогибридизирующейся цепи или любой их комбинации. Реакция гибридизации может быть этапом более сложного процесса, такого как инициация PGR или расщепление полинуклеотида ферментом. Последовательность, которая способна гибридизироваться с данной последовательностью, называется "комплементом" данной последовательности. Предпочтительно, под этим подразумевается, что хотя бы 50%, в лучшем варианте - хотя бы 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80% или 85%, в лучшем варианте – минимум 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% или 99% оснований цепи нуклеиновой кислоты образуют пары оснований с комплементарной цепью нуклеиновой кислоты. Возможность такого связывания зависит от жесткости условий гибридизации.

Редактирование генов может включать транзиентную, индуцибельную или конститутивную экспрессию компонентов или систем генного редактирования. Редактирование генов может включать геномную интеграцию или эписомальное присутствие компонентов или систем генного редактирования. Компоненты или системы генного редактирования могут быть представлены на векторах, таких как плазмиды, которые могут быть доставлены соответствующими средствами доставки, известными в отрасли. Предпочтительными векторами являются экспрессионные векторы.

Редактирование генов может включать предоставление матриц рекомбинации для осуществления направляемой гомологией репарации (HDR). Например,

генетический элемент может быть заменен с помощью редактирования генов, в котором предоставляется матрица рекомбинации. ДНК может быть разрезана перед последовательностью которую нужно заменить и после нее. Таким образом, последовательность, которую нужно заменить, вырезается из ДНК. С помощью HDR, вырезанная последовательность заменяется матрицей. В некоторых вариантах осуществления изобретения, аллель QTL изобретения, описанный в этом документе, может быть предоставлен на матрице, то есть как матрица. С помощью разработки такой системы, где двойные разрывы цепей вводят перед соответствующим участком в геноме растения, не содержащего аллель QTL и после него, этот участок вырезают и могут заменить матрицей, содержащей аллель QTL изобретения. Таким образом, в соответствии с изобретением, введение аллеля QTL в растение не требует многократного обратного скрещивания, в частности, с растением, имеющим определенный генетический фон. Аналогично, полинуклеиновая кислота, в соответствии с изобретением, может быть предоставлена на матрице, то есть как матрица. Более того, полинуклеиновая кислота изобретения может генерироваться без использования рекомбинационной матрицы, а исключительно под действием эндонуклеазы, приводящей к двухцепочечному разрыву ДНК, который репарируется NHEJ, что приводит к образованию инсерционно-делеционных полиморфизмов. Кроме того, редактирование генов может включать в себя обмен одиночными нуклеотидами с помощью редакторов оснований. Под редактором оснований в данном случае понимается белок или его фрагмент, обладающий способностью опосредовать направленную модификацию оснований, т.е. преобразование интересующего основания, приводящее к интересующей точечной мутации. Предпочтительно, чтобы по меньшей мере один редактор оснований в контексте настоящего изобретения был временно или постоянно соединен по меньшей мере с одним ферментом DSBI или, как вариант, с одним из компонентов по меньшей мере одного DSBI. Слияние может быть ковалентным и/или нековалентным. В многочисленных публикациях показано целенаправленное преобразование оснований, предпочтительно цитидина (C) в тимин (T), с помощью CRISPR/Cas9 никазы или нефункциональной нуклеазы, соединенной с доменом цитидиндезаминазы, каталитического полипептида, редактирующего мРНК аполипопротеина в (APOBEC1), например, APOBEC, полученного от крысы. Дезаминирование цитозина (C) катализируется цитидиндезаминазами и приводит к образованию урацила (U), который имеет свойства сопряжения с основаниями тимина (T). Большинство известных цитидиндезаминаз работают с РНК, и те несколько примеров, которые могут работать с ДНК, требуют

одноцепочечной ДНК. Исследования комплекса dCas9-target ДНК показали, что по крайней мере девять нуклеотидов (nt) смещенной цепи ДНК остаются неспаренными при образовании комплекса Cas9-guide РНК-ДНК "R-петля" (Jore et al., Nat. Struct. Mol. Biol., 18, 529-536 (2011)). Действительно, в структуре комплекса Cas9 R-петля, первые 11 nt протоспейсера на смещенной цепи ДНК являются неупорядоченными, что свидетельствует о том, что их движение не является сильно ограниченным. Также предполагают, что индуцированные никазой Cas9 мутации в цитозинах нематричной цепи могут возникать вследствие их доступности для клеточных ферментов цитозиндезаминаз. Было высказано предположение, что подмножество этого участка одноцепочечной ДНК в R-петле может служить эффективным субстратом для dCas9-связанной цитидиндезаминазы, которая осуществляет прямое программированное преобразование C в U в ДНК (Komor et al., supra). Недавно, Goudelli et al ((2017). Programmable base editing of A-T to G-C in genomic DNA without DNA cleavage. Nature, 551(7681), 464.) описали редакторы адениновых оснований (ABE), которые опосредуют преобразование A-T в G-C в геномной ДНК.

В некоторых вариантах осуществления изобретения, модификация нуклеиновой кислоты осуществляется путем случайного мутагенеза. Клетки или организмы могут подвергаться воздействию мутагенов, таких как ультрафиолетовое излучение или мутагенные химические вещества (например, этилметансульфонат (ЭМС)), а затем отбираются мутанты с желаемыми характеристиками. Мутанты могут быть идентифицированы, например, с помощью TILLING (Таргетирования индуцированных локальных повреждений в геномах). Метод сочетает мутагенез, например, мутагенез с помощью химического мутагена, такого как этилметансульфонат (EMS) с чувствительной техникой скрининга ДНК, который идентифицирует одноосновные мутации/точечные мутации в гене-мишени. Способ таргетирования индуцированных локальных повреждений в геномах (TILLING) основывается на образовании гетеродуплексов ДНК, которые образуются при амплификации нескольких аллелей с помощью ПЦР, а затем нагреваются и медленно охлаждаются. В месте несовпадения двух цепей ДНК образуется "пузырь", который затем расщепляется одноцепочечными нуклеазами. Затем продукты разделяют по размеру, например, с помощью высокоэффективной жидкостной хроматографии (HPLC). См. также McCallum et al. "Targeted screening for induced mutations"; Nat Biotechnol. 2000 Apr;18(4):455-7 и

McCallum et al. "Targeting induced local lesions IN genomes (TILLING) for plant functional genomics"; Plant Physiol. 2000 Jun;123(2):439-42.

В этом документе термин "гомозигота" означает отдельную клетку или растение, имеющее одинаковые аллели в одном, нескольких или всех локусах. Когда этот термин используется в отношении конкретного локуса или гена, это означает, что по крайней мере этот локус или ген имеет одинаковые аллели. В этом документе термин "гомозиготный" означает генетическое состояние, когда идентичные аллели находятся в соответствующих локусах на гомологичных хромосомах. В настоящем документе термин "гетерозигота" означает отдельную клетку или растение, имеющее разные аллели в одном, нескольких или всех локусах. Когда этот термин используется в отношении конкретного локуса или гена, это означает, что по крайней мере этот локус или ген имеет разные аллели. В этом документе термин "гетерозиготный" означает генетическое состояние, когда разные аллели находятся в соответствующих локусах на гомологичных хромосомах. В некоторых вариантах осуществления изобретения, QTL и/или один или несколько маркеров, описанных в этом документе, являются гомозиготными. В некоторых вариантах осуществления, QTL и/или один или несколько маркеров, описанных в этом документе, являются гетерозиготными. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL и/или аллель(и) одного или нескольких маркеров, описанных в этом документе, являются гомозиготными. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL и/или аллель(и) одного или нескольких маркеров, описанных в этом документе, являются гетерозиготными.

"Маркер" - это средство нахождения положения на генетической или физической карте или сцепления между маркерами и локусами признаков (локусами, влияющими на признаки). Позиция, которую определяет маркер, может быть известна благодаря обнаружению полиморфных аллелей и их генетическому картированию, а также благодаря гибридизации, совпадению последовательностей или амплификации последовательности, которая была физически картирована. Маркер может быть ДНК-маркером (обнаруживает полиморфизм ДНК), белком (обнаруживает вариации кодированного полипептида) или просто унаследованным фенотипом (например, "waxy" фенотипом). ДНК-маркер может быть создан из геномной нуклеотидной последовательности или из экспрессируемых нуклеотидных последовательностей (например, из сплайсифицированной РНК или кДНК). В зависимости от технологии получения ДНК-маркеров, маркер может состоять из комплементарных праймеров, фланкирующих локус, и/или комплементарных зондов, которые гибридизируются

с полиморфными аллелями в этом локусе. Термин "маркерный локус" - это локус (ген, последовательность или нуклеотид), который обнаруживает маркер. "Маркер", маркер", "маркерный локус" или "маркерный аллель" могут также использоваться для обозначения нуклеиновой кислоты или аминокислотной последовательности, которая является достаточно уникальной чтобы охарактеризовать конкретный локус в геноме. В качестве маркера может быть использован любой обнаруживаемый полиморфный признак, если он наследуется дифференцированно и проявляет неравновесное сцепление с интересующим фенотипическим признаком.

Маркеры, которые выявляют генетические полиморфизмы между членами популяции, хорошо известны в этой области техники. Маркеры можно определить по типу полиморфизма, который они обнаруживают, а также по маркерной технологии, используемой для обнаружения полиморфизма. Типы маркеров включают, например, обнаружение полиморфизма длины рестрикционных фрагментов (RFLP), обнаружение маркеров изоферментов, случайно амплифицированной полиморфной ДНК (RAPD), полиморфизма длины амплифицированных фрагментов (AFLP), обнаружение простых повторов последовательностей (SSR), выявление амплифицированных вариабельных последовательностей генома растений, выявление самоподдерживающейся репликации последовательностей или выявление однонуклеотидных полиморфизмов (SNPs), но не ограничиваются ими. Однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs) могут быть обнаружены, например, с помощью секвенирования ДНК, методов амплификации на основе ПЦР, обнаружения полинуклеотидных полиморфизмов с помощью аллель-специфической гибридизации (ASH), динамической аллель-специфической гибридизации (DASH), молекулярных маяков, гибридизации на микрочипах, анализов олигонуклеотидной лигазы, Flap-эндонуклеазы, 5'-эндонуклеазы, удлинения праймеров, одноцепочечного конформационного полиморфизма (SSCP) или гель-электрофореза в температурном градиенте (TGGE). Секвенирование ДНК, например, технология пиросеквенирования, имеет преимущество в том, что позволяет выявить серию сцепленных аллелей однонуклеотидного полиморфизма (SNP), которые составляют гаплотип. Гаплотипы, как правило, более информативны (выявляют более высокий уровень полиморфизма), чем однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs).

"Маркерный аллель", или "аллель маркерного локуса", может означать одну из множества полиморфных нуклеотидных последовательностей, найденных в маркерном

локусе в популяции. Что касается SNP-маркера, аллель относится к специфическому нуклеотидному основанию, присутствующему в этом SNP-локусе в данном отдельном растении. В этом документе отсылка на маркеры или маркерные аллели относится к маркерам маркерам или маркерным аллелям, связанным с устойчивостью и/или толерантностью к северному гельминтоспориозу, если четко не указано иное. Такие маркеры или маркерные аллели обычно обозначаются как "донорские" маркеры или маркерные аллели.

Под "тонким картированием" понимаются методы, с помощью которых можно более точно определить положение QTL (сузить его) и уменьшить размер фрагмента интрогрессии, включающего QTL. Например, могут быть созданы почти изогенные линии для QTL (QTL-NILs), которые содержат различные, перекрывающиеся участки фрагмента интрогрессии в пределах однородного генетического фона рекуррентного родителя. Такие линии могут быть использованы для картирования того, на каком фрагменте расположен QTL, и для идентификации линии с более коротким фрагментом интрогрессии, включающим QTL.

"Маркерная селекция" (MAS) - это процесс, с помощью которого отдельные растения отбираются на основе маркерных генотипов. "Маркерная контрселекция" - это процесс, с помощью которого маркерные генотипы используются для идентификации растений, которые не будут отобраны, что позволяет исключить их из селекционной программы или посадки. Маркерная селекция использует наличие молекулярных маркеров, которые генетически связаны с определенным локусом или определенным участком хромосомы (например, фрагмент интрогрессии, трансген, полиморфизм, мутация и т.д.), для отбора растений у которых присутствует определенный локус или участок (фрагмент интрогрессии, трансген, полиморфизм, мутация и т.д.). Например, маркерный аллель, генетически сцепленный с QTL, как определено в этом документе, может быть использован для выявления и/или отбора растений, содержащих QTL на хромосоме 4. Чем ближе генетическое сцепление маркерного аллеля с локусом (например, в пределах приблизительно 10 cM, 7 cM, 6 cM., 5 cM, 4 cM, 3 cM., 2 cM, 1 cM, 0,5 cM или меньше), тем меньше вероятность того, что маркер будет отделен от локуса путем мейотической рекомбинации. Аналогично, чем ближе два маркера сцеплены друг с другом (например, в пределах 10 cM, 7 cM, 5 cM, 4 cM, 3 cM, 2 cM, 1 cM или меньше), тем меньше вероятность того, что эти маркеры будут отделены друг от друга (и тем больше вероятность того, что они будут косегрегировать как единое целое). Маркер "в пределах 10 cM, или в пределах 7 cM, или в пределах 5 cM, 3 cM, 2 cM, или 1 cM" другого маркера относится к маркеру, который генетически картируется в пределах 10 cM, или 7 cM, или 5 cM, 3 cM, 2 cM,

или 1 сМ участка, фланкирующего маркер (то есть находится по обе стороны от него). Аналогично, маркер в пределах 10 Мб, 5 Мб, 3 Мб, 2,5 Мб, 2 Мб, 2 Мб, 1 Мб, 0,5 Мб, 0,3 Мб, 0,2 Мб, 0,1 Мб, 50 kb, 20 kb, 10 kb, 5 kb, 2 kb, 1 kb или меньше от другого маркера относится к маркеру, который физически расположен в пределах 10 Мб, 5 Мб, 3 Мб, 2. 5 Мб, 2 Мб, 1 Мб, 0,5 Мб, 0,4 Мб, 0,3 Мб, 0,2 Мб, 0,1 Мб, 50 кб, 20 кб, 10 кб, 5 кб, 2 кб, 1 кб или меньше участка геномной ДНК, фланкирующей маркер (то есть находящейся по обе стороны от него). "LOD-балл" (количественный показатель сцепления генов) (логарифм (основание 10) - это статистический тест, который часто используется для анализа сцепления локусов в популяциях животных и растений. Показатель LOD сравнивает вероятность получения данных теста, если два локуса (локусы молекулярных маркеров и/или локусы фенотипических признаков) действительно сцеплены с вероятностью получения тех же данных чисто случайно. Положительные показатели LOD свидетельствуют в пользу наличия сцепления, а показатель LOD больше 3,0 считается доказательством наличия сцепления. Показатель LOD +3 указывает на вероятность 1000 к 1, что наблюдаемое сцепление не является случайным.

"Маркерный гаплотип" - это комбинация аллелей в маркерном локусе.

Маркерный локус" - это определенное место хромосомы в геноме вида, где может быть обнаружен специфический маркер. Маркерный локус может использоваться для отслеживания наличия второго сцепленного локуса, например, влияющего на проявление фенотипического признака. Например, маркерный локус может использоваться для мониторинга сегрегации аллелей в генетически или физически сцепленном локусе.

"Маркерный зонд" - это последовательность или молекула нуклеиновой кислоты, которая может быть использована для определения наличия маркерного локуса, например, это зонд нуклеиновой кислоты, который комплементарен последовательности маркерного локуса благодаря гибридизации нуклеиновой кислоты. Для гибридизации нуклеиновой кислоты можно использовать маркерные зонды, состоящие из 30 или более смежных нуклеотидов маркерного локуса ("всей или части" последовательности маркерного локуса). Альтернативно, в некоторых аспектах, маркерный зонд относится к зонду любого типа, который способен различать (т.е. генотипировать) определенный аллель, присутствующий в маркерном локусе.

Термин "молекулярный маркер" может использоваться для обозначения генетического маркера или его кодированного продукта (например, белка), который используется как точка отсчета при идентификации сцепленного локуса. Маркер может быть получен из геномных нуклеотидных последовательностей или из экспрессированных нуклеотидных последовательностей (например, из сплайсированной РНК, кДНК и т.д.), или из кодированного полипептида. Этот термин также касается последовательностей нуклеиновых кислот, комплементарных маркерным последовательностям или фланкирующих маркерные последовательности, таких как нуклеиновые кислоты, используемые в качестве зондов или пар праймеров, которые способны амплифицировать маркерную последовательность. "Молекулярный маркер-зонд" - это последовательность или молекула нуклеиновой кислоты, которые могут быть использованы для идентификации присутствия маркерного локуса, например, зонд нуклеиновой кислоты, комплементарный последовательности маркерного локуса. Альтернативно, в некоторых аспектах под маркерным зондом понимается зонд любого типа, способный различать (т.е. генотипировать) конкретный аллель, присутствующий в маркерном локусе. Нуклеиновые кислоты являются "комплементарными", если они специфически гибридизуются в растворе, например, в соответствии с правилами сопряжения оснований Уотсона-Крика. согласно правилам парности оснований Уотсона-Крика. Некоторые из описанных здесь маркеров также называют маркерами гибридизации, если они расположены в инсерционном/делеционном участке, например, в описанном неколлинеарном участке. Это связано с тем, что инсерционный участок, по определению, является полиморфизмом по сравнению с растением без инсерции. Таким образом, маркер должен лишь указывать, присутствует ли инсерционный/делеционный участок или нет. Для выявления такого маркера гибридизации можно использовать любую соответствующую технологию обнаружения маркеров, например, в приведенных здесь примерах используется SNP-технология.

"Генетические маркеры" - это нуклеиновые кислоты, которые являются полиморфными в популяции и аллели которых можно обнаружить и отличить с помощью одного или нескольких аналитических методов, например, таких как выявление полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (RFLP), полиморфизма длин амплифицированных фрагментов (AFLP), изозима, выявление однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), выявление простых повторов последовательностей (SSR) и тому подобное. Термины "молекулярный маркер" и "генетический маркер" в этом документе используются как взаимозаменяемые. Этот термин

также относится к последовательностям нуклеиновых кислот, комплементарным геномным последовательностям, таким как нуклеиновые кислоты, используемые в качестве зондов. Маркеры, соответствующие генетическим полиморфизмам между членами популяции, могут быть обнаружены методами, хорошо известными в данной области. К ним относятся, например методы специфической амплификации последовательности на основе ПЦР, обнаружение полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (RFLP), обнаружение маркеров изоферментов, обнаружение полинуклеотидных полиморфизмов с помощью аллель-специфической гибридизации (ASH), обнаружение амплифицированных вариабельных последовательностей генома растений, обнаружение самоподдерживающейся репликации последовательностей, обнаружение коротких тандемных (простых) повторов (SSR), обнаружение однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) или обнаружение полиморфизма длин амплифицированных фрагментов (AFLP). Хорошо известны также методы обнаружения меток экспрессированных последовательностей (EST) и SSR-маркеров, полученных из последовательностей EST и случайно амплифицированной полиморфной ДНК (RAPD).

Полиморфизм" - это вариации в ДНК двух или более особей в популяции. Предпочтительно, чтобы частота полиморфизма в популяции составляла не менее 1%. Полезный полиморфизм может включать однонуклеотидный полиморфизм (SNP), короткие тандемные (простые) повторы (SSR) или инсерционно-делеционный полиморфизм, который также называется "InDel". Термин "инсерционно-делеционный полиморфизм" относится к инсерции или делеции, при этом одна линия может иметь вставленный нуклеотид или участок ДНК по отношению ко второй линии, или вторая линия может иметь удаленный нуклеотид или участок ДНК по отношению к первой линии.

"Физическое расстояние" между локусами (например, между молекулярными маркерами и/или между фенотипическими маркерами) на одной хромосоме - это фактическое физическое расстояние, выраженное в основаниях или спаренных основаниях (bp), килобазах или тысячах пар оснований (kb) или мегабазах или миллионах пар оснований (Mb).

"Генетическое расстояние" между локусами (например, между молекулярными маркерами и/или между фенотипическими маркерами) на одной хромосоме измеряется

частотой кроссинговера или частотой рекомбинации (RF) и обозначается в сантиморганидах (сМ). Один сМ соответствует 1% частоты рекомбинации. Если рекомбинанты не могут быть найдены, RF равна нулю, а локусы либо очень близки друг к другу физически, либо они идентичны. Чем дальше друг от друга находятся два локуса, тем выше частота рекомбинации.

"Физическая карта" генома - это карта, показывающая линейный порядок идентифицированных ориентиров (включая гены, маркеры и т.д.) на хромосомной ДНК. Однако, в отличие от генетических карт, расстояния между ориентирами являются абсолютными (например, измеряются в парах оснований или изолированных и взаимоперекрывающихся смежных генетических фрагментах) и не основаны на генетической рекомбинации (которая может отличаться в разных популяциях).

Аллель "отрицательно" коррелирует с признаком, когда он сцеплен с ним и когда наличие аллеля является индикатором того, что желаемый признак или форма признака не будет проявляться в растении, содержащем этот аллель. Аллель "положительно" коррелирует с признаком, когда он сцеплен с ним и когда наличие аллеля является индикатором того, что желаемый признак или форма признака будет проявляться в растении, содержащем этот аллель.

Сантиморганида ("сМ") - это единица измерения частоты рекомбинации. Одна сМ равна 1% вероятности того, что маркер в одном генетическом локусе будет отделен от маркера во втором локусе в результате скрещивания в одном поколении.

В этом документе термин "хромосомный интервал" означает непрерывный линейный участок геномной ДНК, который находится in planta на одной хромосоме. Генетические элементы или гены, расположенные на одном хромосомном интервале, физически сцеплены между собой. Размер хромосомного интервала не является особо ограниченным. В некоторых аспектах генетические элементы, расположенные в пределах одного хромосомного интервала, генетически сцеплены, как правило, с генетическим расстоянием рекомбинации, которое, например, меньше или равно 20 сМ, или, в альтернативном варианте, меньше или равно 10 сМ. То есть, два генетических элемента в пределах одного хромосомного интервала подвергаются рекомбинации с частотой меньшей или равной 20% или 10%.

Термин "тесно сцепленные", в настоящей заявке означает, что рекомбинация между двумя сцепленными локусами происходит с частотой, равной или меньшей примерно 10% (то есть они разделены на генетической карте не более чем на 10 сМ). Другими словами, тесно сцепленные локусы косегрегируют по меньшей мере в 90% случаев. Маркерные локусы

являются особенно полезными относительно предмета текущего раскрытия изобретения, когда они демонстрируют значительную вероятность косегрегации (сцепления) с желаемым признаком (например, устойчивостью к гельминтоспориозной пятнистости листьев кукурузы). Тесно сцепленные локусы, такие как маркерный локус и второй локус, могут демонстрировать частоту межлокусной рекомбинации максимум 10%, желательно меньше - примерно 9%, или еще меньше - примерно 8%, или еще меньше - примерно 7%, или еще меньше - примерно 6%, или еще меньше - примерно 5%, или еще меньше - примерно 4%, или еще меньше - примерно 3%, или еще меньше - примерно 2% или еще меньше. В наиболее предпочтительных вариантах осуществления этого изобретения, соответствующие локусы демонстрируют частоту рекомбинации приблизительно 1% или меньше, например, приблизительно 0,75% или меньше - приблизительно 0,5% или еще меньше - приблизительно 0,25% или еще меньше. Два локуса, которые локализованы в одной хромосоме и находятся на таком расстоянии, что рекомбинация между ними происходит с частотой менее 10% (например, примерно 9%, 8%, 7%, 6%, 5%, 4%, 3%, 2%, 1%, 0,75%, 0,5%, 0,25% или меньше), также считаются "проксимально близкими" друг к другу. В некоторых случаях два разных маркера могут иметь одинаковые координаты на генетической карте. В таком случае два маркера находятся настолько близко друг к другу, что рекомбинация между ними происходит с такой низкой частотой, что ее невозможно обнаружить.

"Сцепление" означает тенденцию к сцеплению аллелей друг с другом чаще, чем можно было бы случайно ожидать, если бы их трансмиссия была независимой. Обычно, сцепление касается аллелей на одной хромосоме. Генетическая рекомбинация происходит с предполагаемой случайной частотой по всему геному. Генетические карты строятся путем измерения частоты рекомбинации между парами признаков или маркеров. Чем ближе друг к другу расположены на хромосоме признаки или маркеры, тем ниже частота рекомбинации и тем выше степень сцепления. Признаки или маркеры считаются сцепленными, если они, как правило, косегрегируют. Вероятность рекомбинации 1/100 на поколение определяется как расстояние на генетической карте в 1,0 сантиморганиду (1,0 сМ). Термин "неравновесное сцепление" означает неслучайную сегрегацию генетических локусов или признаков (или и того, и другого). В любом случае, неравновесное сцепление означает, что соответствующие локусы находятся в пределах достаточной физической близости по длине хромосомы, так что

они косегрегируют вместе с большей, чем случайная (т.е. неслучайная) частотой. Маркеры, которые демонстрируют неравновесное сцепление, считаются сцепленными. Сцепленные локусы косегрегируют более чем в 50%, например, от примерно 51% до примерно 100% случаев. Другими словами, два косегрегирующих маркера имеют частоту рекомбинации менее 50% (и, по определению, разделены менее чем на 50 сМ в одной группе сцепления). В контексте настоящего документа, сцепление может быть между двумя маркерами или, альтернативно, между маркером и локусом, влияющим на фенотип. Маркерный локус может быть "ассоциированным" (сцепленным) с признаком. Степень сцепления маркерного локуса с локусом, влияющим на фенотипический признак, измеряется, например, как статистическая вероятность косегрегации этого молекулярного маркера с фенотипом (например, F-статистика или показатель LOD).

Генетические элементы или гены, расположенные на одном сегменте хромосомы, физически сцеплены. В некоторых вариантах осуществления изобретения, два локуса расположены в непосредственной близости таким образом, что рекомбинация между парами гомологичных хромосом не происходит между двумя локусами во время мейоза с высокой частотой, например, так сцепленные локусы косегрегируют по крайней мере примерно в 90% случаев, например, в 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 99.5%, 99,75% или более случаев. Генетические элементы, расположенные в пределах хромосомного сегмента, также являются "генетически сцепленными", обычно на расстоянии генетической рекомбинации, которое меньше или равно 50 сМ, например приблизительно 49, 48, 47, 46, 45, 44, 43, 42, 41, 40, 39, 38, 37, 36, 35, 34, 33, 32, 31, 30, 29, 28, 27, 26, 25, 24, 23, 22, 21, 20, 19, 18, 17, 16, 15, 14, 13, 12, 11, 10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2, 1, 0,75, 0,5, 0,25 сМ или меньше. То есть, два генетических элемента в пределах одного хромосомного сегмента подвергаются рекомбинации во время мейоза друг с другом с частотой, меньшей или равной приблизительно 50%, например приблизительно 49%, 48%, 47%, 46%, 45%, 44%, 43%, 42%, 41%, 40%, 39%, 38%, 37%, 36%, 35%, 34%, 33%, 32%, 31%, 30%, 29%, 28%, 27%,26%, 25%, 24%, 23%, 22%, 21%, 20%, 19%, 18%, 17%, 16%, 15%, 14%, 13%, 12%, 11%, 10%, 9%, 8%, 7%, 6%, 5%, 4%, 3%, 2%, 1%, 0. 75%, 0,5%, 0,25% или меньше. "Тесно сцепленные" маркеры показывают частоту кроссинговера с данным маркером, составляющую примерно 10% или меньше, например, 9%, 8%, 7%, 6%, 5%, 4%, 3%, 2%, 1%, 0,75%, 0,5%, 0, 25% или еще меньше (данный маркерный локус находится в пределах примерно 10 сМ от тесно сцепленного маркерного локуса, например, в пределах около 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2, 1, 0,75, 0,5, 0,25 сМ или меньше). Другими словами, тесно сцепленные

маркерные локусы косегрегируют по крайней мере в 90% случаев, например, в 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 99.5%, 99,75% случаев или более.

В этом документе термин "идентичный последовательности“ означает степень идентичности между любой данной последовательностью нуклеиновой кислоты и последовательностью нуклеиновой кислоты-мишени. Процент идентичности последовательности рассчитывается путем определения количества совпадающих положений в выровненных последовательностях нуклеиновой кислоты, деления количества совпадающих положений на общее количество выровненных нуклеотидов и умножения на 100. Совпадающее положение - это положение, в котором идентичные нуклеотиды встречаются в одном и том же положении в выровненных последовательностях нуклеиновой кислоты. Идентичность с последовательностью в процентах также можно определить для любой аминокислотной последовательности. Для определения идентичности с последовательностью в процентах, последовательность нуклеиновой кислоты - мишени или аминокислоты сравнивают с идентифицированной последовательностью нуклеиновой кислоты или аминокислоты с помощью программы BLAST 2 Sequences (Bl2seq) из автономной версии BLASTZ, содержащей BLASTN и BLASTP. Эту автономную версию BLASTZ можно найти на веб-сайте компании Fish & Richardson (World Wide Web по адресу fr.com/blast) или на веб-сайте Национального центра биотехнологической информации правительства США (World Wide Web по адресу ncbi.nlm.nih.gov). Инструкции, объясняющие, как пользоваться программой Bl2seq, можно найти в файле readme, который прилагается к BLASTZ. BI2seq выполняет сравнение двух последовательностей, используя алгоритм BLASTN или BLASTP.

BLASTN используется для сравнения последовательностей нуклеиновых кислот, а BLASTP - для сравнения последовательностей аминокислот. Для сравнения двух последовательностей нуклеиновых кислот параметры устанавливаются следующим образом: Для сравнения двух последовательностей нуклеиновых кислот опции задаются следующим образом: -i - файл, содержащий первую сравниваемую последовательность нуклеиновых кислот (например, C:\seq1 .txt); -j - файл, содержащий вторую сравниваемую последовательность нуклеиновых кислот (например. , C:\seq2.txt); -p - значение blastn; -o - любое желаемое имя файла (например, C :\output.txt); -q - значение - 1; -r - значение 2; все остальные опции оставлены по

умолчанию. Следующая команда создаст выходной файл, содержащий сравнение двух последовательностей:C:\B12seq -i c:\seql .txt -j c:\seq2.txt -p blastn -o c:\output.txt -q - 1 -r 2. Если 2. Если последовательность-мишень имеет гомологию с любым участком идентифицированной последовательности, то в указанном выходном файле эти участки гомологии будут представлены как выровненные последовательности. Если последовательность-мишень не имеет гомологии с любой частью идентифицированной последовательности, то в указанном выходном файле не будет представлено выровненных последовательностей. После выравнивания длина определяется путем подсчета количества последовательных нуклеотидов из последовательности-мишени, представленных в выравнивании с последовательностью из идентифицированной последовательности, начиная с любого совпадающего положения и заканчивая любым другим совпадающим положением. Совпадающим положением считается любое положение, в котором идентичный нуклеотид представлен как в последовательности-мишени, так и в идентифицированной последовательности. Пробелы, представленные в последовательности-мишени, не учитываются, поскольку пробелы не являются нуклеотидами. Аналогично, пробелы в идентифицированной последовательности не учитываются, поскольку учитываются нуклеотиды последовательности-мишени, а не нуклеотиды из идентифицированной последовательности. Процент идентичности на определенной длине определяется путем подсчета количества совпавших положений на этой длине и деления этого числа на длину с последующим умножением полученного значения на 100. Например, если (i) последовательность- мишень нуклеиновой кислоты из 500 оснований сравнивается с последовательностью нуклеиновой кислоты (последовательностью-объектом), (ii) программа Bl2seq представляет 200 оснований последовательности-мишени, выровненных с участком последовательности-объекта, где первое и последнее основания этого участка, состоящего из 200 оснований совпадают, и (iii) количество совпадений в этих 200 выровненных основаниях составляет 180, то последовательность-мишень нуклеиновой кислоты из 500 оснований имеет длину 200 и идентичность последовательности на этой длине составляет 90% (т.е. 180 / 200 x 100 = 90). Следует понимать, что различные участки в пределах одной последовательности-мишени нуклеиновой кислоты, которая выравнивается с идентифицированной последовательностью, могут иметь свой собственный процент идентичности. Следует отметить, что значение процента идентичности округляется до десятой. Например, 78.11,

78.12, 78.13 и 78.14 округляются до 78.1, тогда как 78.15, 78.16, 78.17, 78.18 и 78.19 округляются до 78.2. Также следует отметить, что значение длины всегда будет целым

Термин "последовательность" при использовании в этом документе касается нуклеотидной последовательности (последовательностей), полинуклеотида (полинуклеотидов), последовательности (последовательностей) нуклеиновых кислот, нуклеиновой кислоты (нуклеиновых кислот), молекулы нуклеиновой кислоты, пептидов, полипептидов и белков, в зависимости от контекста, в котором употребляется термин "последовательность". Термины "последовательность (последовательности) нуклеотидов", "полинуклеотид(ы)", "последовательность (последовательности) нуклеиновых кислот", "нуклеиновая кислота (нуклеиновые кислоты)", "молекула нуклеиновой кислоты" используются в этом документе как взаимозаменяемые и относятся к нуклеотидам, рибонуклеотидам, дезоксирибонуклеотидам или их комбинации в полимерной неразветвленной форме любой длины. Последовательности нуклеиновых кислот включают ДНК, кДНК, геномную ДНК, РНК, синтетические формы и смешанные полимеры, как смысловые, так и антисмысловые цепи, или могут содержать ненатуральные или дериватизированные нуклеотидные основания, что понятно специалистам в данной области.

"Выделенная последовательность нуклеиновой кислоты", "выделенная полинуклеиновая кислота" или "выделенная ДНК" означает последовательность нуклеиновой кислоты, которая больше не находится в естественной среде, из которой она была выделена, например, последовательность нуклеиновой кислоты в бактериальной клетке-хозяине или в ядерном или пластидном геноме растения. При упоминании "последовательности" в этом документе имеется в виду молекула, которая имеет такую последовательность, например, молекула нуклеиновой кислоты. "Клетка-хозяин", "рекомбинантная клетка-хозяин" или "трансформированная клетка" - это термины, относящиеся к новой отдельной клетке (или организму), возникающей в результате введения в такую клетку по крайней мере одной молекулы нуклеиновой кислоты. Клеткой-хозяином предпочтительно является растительная или бактериальная клетка. Клетка-хозяин может содержать нуклеиновую кислоту в виде внехромосомной (эписомной) реплицируемой молекулы, или включать нуклеиновую кислоту, интегрированную в ядерный или пластидный геном клетки-хозяина, или в виде введенной хромосомы, например, минихромосомы.

При ссылке на последовательность нуклеиновой кислоты (например, ДНК или геномную ДНК), которая является "существенно идентичной" эталонной последовательности, последовательности, или когда последовательность нуклеиновой кислоты идентична по меньшей мере на 80%>, например, на 85%, 90%, 95%, 98%> или 99%> эталонной последовательности, в некоторых вариантах осуществления этого изобретения, указанная последовательность нуклеотидов считается существенно идентичной данной нуклеотидной последовательности и может быть идентифицирована с применением жестких условий гибридизации. В другом варианте, последовательность нуклеиновой кислоты содержит по меньшей мере одну мутацию по сравнению с данной нуклеотидной последовательностью, но все равно может быть идентифицирована с применением жестких условий гибридизации. "Жесткие условия гибридизации" можно использовать для идентификации нуклеотидных последовательностей, которые по существу являются идентичными данной нуклеотидной последовательности. Жесткие условия зависят от последовательности и могут отличаться в разных обстоятельствах. Как правило, жесткие условия - это условия примерно на 5°С ниже температуры плавления (Tm) для конкретных последовательностей при определенной ионной силе и pH. Tm - это температура (при определенной ионной силе и pH), при которой 50% последовательности-мишени гибридизируется с идеально совпадающим зондом. Обычно, выбирают жесткие условия, при которых концентрация соли составляет около 0,02 моля при pH 7 и температуре не менее 60°С. Снижение концентрации соли и/или повышение температуры увеличивает жесткость условий. Жесткими условиями для гибридизации РНК-ДНК (нозерн-блоты с использованием зонда, например, из 100 nt) являются, например, те, которые включают по крайней мере одну промывку в 0,2X SSC (додецилсульфат натрия) при 63°С в течение 20 минут, или эквивалентные условия. Жесткие условия для гибридизации ДНК-ДНК (Саузерн-блот с использованием зонда, например, из 100 nt) - это, например, те, которые включают по крайней мере одну промывку (обычно 2) в 0,2 X SSC при температуре не менее 50°С, обычно примерно при 55°С, в течение 20 минут, или эквивалентные условия. См. также Sambrook et al. (1989) и Sambrook and Russell (2001).

В настоящем документе термин "полипептид" или "белок" (оба термина используются как взаимозаменяемые) означает пептид, белок или полипептид, который включает аминокислотные цепи определенной длины, при этом аминокислотные остатки сцеплены ковалентными пептидными связями. Однако пептидомиметики таких белков или полипептидов, в которых аминокислота(ы) и/или пептидная(ые) связь(и) заменены

функциональными аналогами, также охватываются настоящим изобретением, а также другие аминокислоты, кодируемые 20-ю генами, например, селеноцистеин. Пептиды, олигопептиды и белки могут называться полипептидами. Термин "полипептид" также относится к полипептиду и не исключает модификаций, таких как гликозилирование, ацетилирование, фосфорилирование и т.д. Такие модификации хорошо описаны в базовых текстах и в более детальных монографиях, а также в исследовательской литературе.

Аминокислотные субституции охватывают изменения аминокислотного состава, при которых аминокислота заменяется другим природным аминокислотным остатком. Такие субституции можно классифицировать как "консервативные<1> - в них аминокислотный остаток, содержащийся в белке дикого типа, заменяется на другую природную аминокислоту подобного характера, например, Gly<→Ala, Val<→lle<→Leu, Asp<→Glu, Lys<→Arg, Asn<→Gln или Phe<→Trp<→Tyr. Субституции, охватываемые этим изобретением, могут также быть "неконсервативными" - в них аминокислотный остаток, присутствующий в белке дикого типа, заменяется аминокислотой с другими свойствами, например, природной аминокислотой из другой группы (например, субституция заряженной или гидрофобной аминокислоты аланином). "Сходные аминокислоты", упоминаемые в этом документе, относятся к аминокислотам, которые имеют сходные аминокислотные боковые цепи, то есть аминокислоты, которые имеют полярные, неполярные или практически нейтральные боковые цепи. "Несходные аминокислоты", упоминаемые в этом документе, относятся к аминокислотам, которые имеют разные аминокислотные боковые цепи, например, аминокислота с полярной боковой цепью не похожа на аминокислоту с неполярной боковой цепью. Полярные боковые цепи обычно имеют тенденцию присутствовать на поверхности белка, где они могут взаимодействовать с водной средой клеток ("гидрофильные" аминокислоты). С другой стороны, "неполярные" аминокислоты, как правило, находятся в центре белка, где они могут взаимодействовать с такими же неполярными соседями ("гидрофобные" аминокислоты"). Примерами аминокислот с полярными боковыми цепями являются аргинин, аспарагин, аспартат, цистеин, глутамин, глутамат, гистидин, лизин, серин и треонин (все гидрофильные, за исключением цистеина, который является гидрофобным). Примерами аминокислот с неполярными боковыми цепями являются

аланин, глицин, изолейцин, лейцин, метионин, фенилаланин, пролин и триптофан (все гидрофобные, за исключением глицина, который является нейтральным).

Термин "ген" при использовании в настоящем документе относится к полимерной форме нуклеотидов любой длины, как рибонуклеотидов, так и десоксирибонуклеотидов. Этот термин включает двух- и одноцепочечные ДНК и РНК. Он также включает известные типы модификаций, например, метилирование, теломеры, субституции одного или нескольких природных нуклеотидов аналогом. Предпочтительно, ген содержит кодирующую последовательность, кодирующую определенный в этом документе полипептид. "Кодирующая последовательность" - это нуклеотидная последовательность, которая транскрибируется в мРНК и/или транслируется в полипептид при размещении или под контролем соответствующих регуляторных последовательностей. Границы кодирующей последовательности определяются кодоном начала трансляции на 5'-конце и кодоном остановки трансляции на 3'-конце. Кодирующая последовательность может включать мРНК, кДНК, рекомбинантные последовательности нуклеиновых кислот или геномную ДНК, но не ограничивается ими, тогда как при определенных обстоятельствах могут присутствовать также интроны.

В этом документе термин "эндогенный" означает ген или аллель, который присутствует в своем естественном местоположении в геноме. Термин "эндогенный" может использоваться как взаимозаменяемый с терминами "нативный" или "дикий". Это, однако, не исключает наличия одного или нескольких отличий нуклеиновой кислоты от аллеля дикого типа. В конкретных вариантах осуществления этого изобретения, отличие от аллеля дикого типа может быть ограничено менее чем 9 нуклеотидами, желательно менее чем 6, а лучше всего менее чем 3, например 0 нуклеотидов. Конкретнее, отличие с последовательностью дикого типа может составлять лишь один нуклеотид. Эндогенный аллель кодирует модифицированный белок, который предпочтительно имеет менее 9 аминокислотных отличий с белком дикого типа, желательно - менее 6, еще лучше - менее 3, а лучше всего только одно или ни одного аминокислотного отличия с белком дикого типа.

Термин "экзогенный полинуклеотид" означает полинуклеотид, например ген (или кДНК) или аллель, который рекомбинантно введен или был рекомбинантно введен в клетку (или растение). Экзогенный полинуклеотид может быть эписомальным или геномно интегрированным. Интеграция может быть случайной или сайт-направленной. Интеграция может включать замену соответствующего эндогенного полинуклеотида. Следует понимать,

что экзогенный полинуклеотид не является естественно присутствующим в клетке или растении.

В этом документе эталонный геном B73 AGPv2 относится к сборке B73 RefGen_v2 (также известной как AGPv2, B73 RefGen_v2), указанной в Базе данных генетики и геномики кукурузы (https://www.maizegdb.org/genome/genome_assembly/B73%20RefGen_v2).

В этом документе эталонный геном B73 AGPv4 относится к сборке B73 RefGen_v4 (также известной как AGPv4, B73 RefGen_v4), указанной в Базе данных генетики и геномики кукурузы (https://www.maizegdb.org/genome/genome_assembly/Zm-B73-REFERENCE-GRAMENE-4.0).

В этом документе геном H102 v3 относится к секвенированию всего генома с помощью 40-кратной Оксфордской нанопористой технологии и сборки de novo.

В этом документе "TropicalD2" означает разновидность кукурузы TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями A и B, где маркерные аллели A и B представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 18470371 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, желательно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1 предпочтительно выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями A и B, где маркерные аллели A и B представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 18470371 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями A и B, где маркерные аллели A и B представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 18470371 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями A и B, где маркерные аллели A и B представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 18470371 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля HtN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной

устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями A и B, где маркерные аллели A и B представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 18470371 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями A и B, где маркерные аллели A и B являются однонуклеотидными полиморфизмами (SNPs), которые являются, соответственно, цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 18470371 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями M61 и M62, где маркерные аллели M61 и M62 представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16139405 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 16170861 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно,

когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum, или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или и/или толерантность к патогену, желательно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями M61 и M62, где маркерные аллели M61 и M62 представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16139405 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 16170861 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями M61 и M62, где маркерные аллели M61 и M62 представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16139405 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 16170861 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля HT3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном

интервале, фланкированном маркерными аллелями M61 и M62, где маркерные аллели M61 и M62 представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16139405 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 16170861 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями M61 и M62, где маркерные аллели M61 и M62 представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16139405 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 16170861 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями M61 и M62, где маркерные аллели M61 и M62 представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16139405 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 16170861 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

Маркерный аллель A можно определить или выявить с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:24-26, а маркерный аллель B - с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:27-29, предпочтительно в системе KASP-маркеров (Таблица 1A). Маркерные

аллели могут быть генетически связаны с наличием QTL. QTL ассоциируется с указанной повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам. Скрининг на наличие QTL аллеля может проводиться путем выявления одного или нескольких маркерных аллелей, которые могут быть генетически связаны с наличием QTL.

Методы скрининга на наличие аллеля QTL или (молекулярного) маркерного аллеля, как описано в настоящем документе, известны в данной области. Без ограничения, скрининг может включать в себя секвенирование, гибридизационные методы (такие как (динамическая) аллель-специфическая гибридизация, молекулярные маяки, SNP-микрочипы), ферментные методы (такие как ПЦР, конкурентная аллель-специфическая ПЦР (KASP), полиморфизм длин рестрикционного фрагмента (RFLP), полиморфизм длин амплифицированного фрагмента (ALFP), случайная амплифицированная полиморфная ДНК (RAPD), эндонуклеаза лоскута, экстензия праймера, 5'-нуклеаза, анализ лигирования олигонуклеотидов), пост-амплификационные методы, основанные на физических свойствах ДНК (например, одноцепочечный конформационный полиморфизм, гель-электрофорез в температурном градиенте, денатурирующая высокоэффективная жидкостная хроматография, плавление ампликона с высоким разрешением, использование белков связывающих несовпадения ДНК, SNPlex, методы нуклеазных зондов) и др.

Термины "повышенная толерантность к патогену" и "повышенная устойчивость к патогену", используемые в этом документе, касаются любого улучшения состояния, облегчения, уменьшения проявления симптомов инфекции вызванной патогеном (например, повреждение или потеря биомассы, урожайности/содержания сухого вещества или урожайности семян/зерна), или любой их комбинации. Повышенная устойчивость или толерантность к патогену, указанная в этом документе, может также касаться способности растения поддерживать, например, производство биомассы (например, урожай биомассы, который можно собрать; урожай семян) после или во время инфицирования патогеном. Устойчивые к патогену или толерантные к нему растение, растительная клетка или часть растения могут означать соответственно растение, растительную клетку или часть растения, которые имеют повышенную устойчивость/толерантность к патогену по сравнению с родительским растением, от которого они получены (например, такого, которое не содержит аллель QTL или один или несколько молекулярных маркеров (аллелей) или полинуклеиновых кислот согласно изобретению, описанному в этом документе). Устойчивость может относиться к способности растения ограничивать размножение патогенов. Толерантность может касаться

способности растения уменьшать влияние инфекции на его пригодность, независимо от степени размножения патогена. Способами определения устойчивости/толерантности к патогенам, известными специалистам в данной области является визуальная оценка инфицирования патогеном или индуцированного патогеном повреждения, определение биомассы (урожайности) и тому подобное. В этом документе термины "повышенная толерантность к патогенам" и "повышенная устойчивость к патогенам" могут использоваться как взаимозаменяемые с терминами "пониженная чувствительность" или "пониженная восприимчивость" к патогенам. Соответственно, согласно изобретению, растение, часть растения или популяция растений, которая является более устойчивой или более толерантной к патогену, считается менее чувствительной к патогену. Растения, описанные в этом документе как менее чувствительные или менее восприимчивые, могут рассматриваться как "более толерантные" или "более устойчивые". Аналогично, "более толерантные" или "более устойчивые" могут, наоборот, рассматриваться как "менее чувствительные" или "менее восприимчивые".

Растения, описанные в этом документе как более чувствительные или более восприимчивые, могут, наоборот, рассматриваться как "менее толерантные" или "менее устойчивые". Аналогично, "менее толерантные" или "менее устойчивые" могут, наоборот, рассматриваться как "более чувствительные" или "более восприимчивые".

Например, повышение устойчивости или толерантности к патогенам можно оценить по нескольким критериям, таким как (патогенные) симптомы, которые, например, можно классифицировать согласно следующей таблице.

Таблица классификационных баллов для экспериментов по фенотипированию в полевых опытах, на разных участках с естественной и искусственной инокуляцией H. turcicum (Deutsche Maiskomitee (DMK, German maize committee); сорт AG 27.02.02; (DMK J. Rath; RP Freiburg H.J. Imgraben).

Класификационный балл	Фенотип
1	Растение не проявляет никаких симптомов болезни, 0%.
2	Начало заражения, видны первые небольшие пятна (менее 2 см). Поражено менее 5% листовой поверхности.
3	Некоторые пятна развились на стадии развития листа. Поражено 5-10% листовой поверхности.
4	Поражено 10-20% листовой поверхности. Четко заметны пятна на нескольких стадиях развития листа.

5	Поражено 20-40% листовой поверхности. Пятна начинают сливаться.
6	Поражено 40-60% листовой поверхности. На листьях видно системное заражение.
7	Поражено 60-80% листовой поверхности. Из-за поражения грибом уничтожена или засохла примерно половина листьев.
8	Поражено 80-90% листовой поверхности. Из-за поражения грибом уничтожено или засохло более половины листьев.
9	Поражено 90-100% листовой поверхности. Растения почти полностью засохли.

В некоторых вариантах осуществления изобретения повышенная устойчивость или толерантность к патогенам влечет за собой снижение классификационного балла по сравнению с растением, не обладающим повышенной устойчивостью или толерантностью, например, по крайней мере на один, на два, на три, на четыре, на пять или более классификационных баллов, классов или оценок.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL на хромосоме 4 фланкируется маркерными аллелями A и/или B, предпочтительно и одним, и другим.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем маркерные аллели A и C, где маркерные аллели A и C представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и тимином (T) в положении 22847078 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum. Аллель RLK1, предпочтительно выбирается из аллелей RLK1, содержащихся в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной

устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в или части растения кукурузы, где аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем маркерные аллели A и C, где маркерные аллели A и C представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и тимином (T) в положении 22847078 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем маркерные аллели A и C, где маркерные аллели A и C представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и тимином (T) в положении 22847078 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем маркерные аллели A и C, где маркерные аллели A и C представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозинон (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и тимином (T) в положении 22847078 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с

повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем маркерные аллели A и C, где маркерные аллели A и C представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и тимином (T) в положении 22847078 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к указанному патогену Exserohilum turcicum, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем маркерные аллели A и C, где маркерные аллели A и C представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и тимином (T) в положении 22847078 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

Маркерный аллель A можно определить или выявить с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:24-26, а маркерный аллель C - с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:30-32, предпочтительно в маркерной системе KASP (Таблица 1A). Маркерные аллели могут быть генетически связаны с наличием QTL. Скрининг на наличие аллеля QTL проводится путем выявления одного или нескольких маркерных аллелей, которые могут быть генетически связаны с наличием QTL.

В некоторых вариантах осуществления изобретения, аллель QTL на хромосоме 4 фланкируется молекулярными маркерами A и/или C, предпочтительно и одним, и другим.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL на хромосоме 4 фланкируется молекулярными маркерами A и/или D, предпочтительно и одним, и другим.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего скрининг на наличие аллеля

QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем маркерные аллели A и C, где маркерные аллели A и C представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся, соответственно цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и тимином (T) в положении 22847078 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum. Аллель RLK1, предпочтительно выбирается из аллелей RLK1, содержащихся в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем маркерные аллели A и C, причем где маркерные аллели A и C представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся соответственно цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и тимином (T) в положении 22847078 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем маркерные аллели A и C, причем где маркерные аллели A и C представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся

соответственно цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и тимином (T) в положении 22847078 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht3 RLK1. RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем маркерные аллели A и C, причем где маркерные аллели A и C представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся соответственно цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и тимином (T) в положении 22847078 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем маркерные аллели A и C, причем где маркерные аллели A и C представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся соответственно цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и тимином (T) в положении 22847078 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, включающем маркерные аллели A и C, причем где маркерные аллели A и C представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся соответственно цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и тимином (T) в положении 22847078 п.о. в эталонном геноме

AGPv04 кукурузы B73, и дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

Маркерный аллель A можно определить или выявить с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:24-26, а маркерный аллель C - с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:30-32, предпочтительно в маркерной системе KASP (Таблица 1A). Маркерные аллели могут быть генетически связаны с наличием QTL. Скрининг на наличие аллеля QTL проводится путем выявления одного или нескольких маркерных аллелей, которые могут быть генетически связаны с наличием QTL. QTL ассоциируется с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенным микроорганизмам.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL на хромосоме 4 фланкируется молекулярными маркерами A и/или C, предпочтительно и одним, и другим.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL на хромосоме 4 расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями A и B, где маркерные аллели A и B представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPc), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 18470371 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL на хромосоме 4 расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями A и D, где маркерные аллели A и D представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPc), являющиеся, соответственно, цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и гуанином (G) в положении 16726729 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73.

Маркерный аллель A можно определить или выявить с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:24-26, а маркерный аллель B - с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:27-29, предпочтительно в системе KASP-маркеров (Таблица 1A). Скрининг на наличие аллеля QTL может проводиться путем выявления одного или нескольких маркерных аллелей, которые могут быть генетически связаны с наличием аллеля QTL. Маркерные аллели могут быть генетически связаны с наличием QTL. QTL

ассоциируется с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенным микроорганизмам.

Маркерный аллель A можно определить или выявить с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:24-26, а маркерный аллель D - с помощью последовательностей праймеров, представленных в SEQ ID №№:34-36, предпочтительно в системе KASP-маркеров (Таблица 1A). Скрининг на наличие аллеля QTL может проводиться путем выявления одного или нескольких маркерных аллелей, которые могут быть генетически связаны с наличием аллеля QTL. QTL ассоциируется с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенным микроорганизмам.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL на хромосоме 4 фланкирован молекулярными маркерами A и/или B, предпочтительно и одним, и другим.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL на хромосоме 4 фланкирован молекулярными маркерами A и/или D, предпочтительно и одним, и другим.

Как указано в настоящем документе, полинуклеиновая кислота, такая как, например, QTL (аллель), описанный здесь, считается фланкированной определенными молекулярными маркерами или аллелями молекулярных маркеров, если полинуклеиновая кислота входит в состав полинуклеиновой кислоты, где соответственно первый маркер (аллель) расположен перед (т.е. 5') данной полинуклеиновой кислотой, а второй маркер (аллель) расположен после (т.е. 3') данной полинуклеиновой кислоты. Такой первый и второй маркер (аллель) могут граничить с полинуклеиновой кислотой. Нуклеиновая кислота может в равной степени включать такой первый и второй маркер (аллель), например, соответственно на 5' и 3' конце или вблизи него, например, соответственно, в пределах 50 кб от 5' и 3' конца, предпочтительно в пределах 10 кб от 5' и 3' конца, или например, в пределах 5 кб от 5' и 3' конца, или в пределах 1 кб от 5' и 3' конца или еще ближе.

В некоторых вариантах осуществления изобретения, аллель QTL на хромосоме 4 включает один или несколько молекулярных маркеров (маркерных аллелей) от M60 до M68 или от M1 до M68, выбранных из молекулярных маркеров (маркерных аллелей), перечисленных в Таблицах 1B, 1C и 1D, предпочтительно, относящихся к эталонному геному B73 AGPv4. Следует понимать, что указанные нуклеотидные положения являются нуклеотидными положениями указанных кДНК B73, и что маркерные положения в растениях

кукурузы согласно изобретению соответствуют указанным маркерным положениям, но не обязательно являются идентичными этим положениям или не обязательно состоят из них. Специалист поймет, что соответствующие нуклеотидные положения могут быть определены путем соответствующего выравнивания, как это известно в данной области техники.

Таблица 1А

Маркер	Полиморфизм	Положение по отношению к QTL	Положение в начале эталонного генома AGPv04 B73	в cM	Прайменый Аллель X SEQ ID №:	Прайменый Аллель Y SEQ ID №:	Общий праймер SEQ ID №:	Аллель X	Аллель Y	Аллель донор (H102)	Направление
A	SNP	Слева	16107190	49.95	24	25	26	A	C	A	вперед
B	SNP	Справа	18470371	54.16	27	28	29	C	T	C	*назад*
C	SNP	Справа	22847078	70.56	30	31	32	G	T	T	*назад*
D	SNP	Справа	16726729		34	35	36	T	G	T	

В предпочтительном варианте осуществления изобретения, если обнаруживают маркерные аллели A, B, C и/или D донорского аллеля (то есть аллеля H102, который является аллелем устойчивости), то растение или часть растения идентифицируют как имеющее (повышенную) устойчивость/толерантность к гельминтоспориозной пятнистости листьев кукурузы, в противном случае растение или часть растения не имеет (повышенной) устойчивости/толерантности к гельминтоспориозной пятнистости листьев кукурузы. Соответственно, в некоторых вариантах осуществления изобретения, способы идентификации растения или части растения, предусмотренные изобретением являются способами идентификации растения или части растения, имеющего повышенную устойчивость/толерантность к гельминтоспориозной пятнистости листьев кукурузы, путем скрининга на наличие аллеля устойчивости соответствующего маркера, а В одном из вариантов способы идентификации растения или части растения, предусмотренные изобретением являются способами идентификации растения или части растения, не имеющего повышенной устойчивости/толерантности к гельминтоспориозной пятнистости листьев кукурузы (NCLB), путем скрининга на наличие нерезистентного аллеля соответствующего маркера.

Таблица 1Б

Маркер #	**Полиморфизм**	**Аллель молекулярного маркера**	**Нуклеотидное положение, с отсылкой на аллель B73 указанного гена кДНК**	
M1	SNP	T	Zm001d049121	1071
M2	SNP	G	Zm001d049121	1302
M3	SNP	C	Zm001d049121	1497
M4	SNP	G	Zm001d049121	1631
M5	SNP	C	Zm001d049121	1691
M6	Инсерционно-делеционный полиморфизм	-	Zm001d049121	1807
M7	Инсерционно-делеционный полиморфизм	Инсерция, предпочтительно GTACGTCCGAGTGACCTCTCCTTGAG	Zm001d049121	между 1815 и 1816
M8	SNP	G	Zm001d049121	2045
M9	Инсерционно-делеционный полиморфизм	-	Zm001d049121	2424 - 2429
M10	SNP	C	Zm001d049121	2458
M11	SNP	A	Zm001d049121	2530
M12	SNP	A	Zm001d049121	2683
M13	SNP	C	Zm001d049113	12
M14	SNP	C	Zm001d049113	291
M15	SNP	T	Zm001d049113	309
M16	SNP	T	Zm001d049113	324
M17	Инсерционно-делеционный полиморфизм	-	Zm001d049113	415 - 417
M18	SNP	G	Zm00001d049145	195
M19	SNP	G	Zm00001d049145	247
M20	SNP	C	Zm00001d049145	248
M21	SNP	T	Zm00001d049145	1097
M22	SNP	C	Zm00001d049145	1105
M23	SNP	T	Zm00001d049145	1159

M24	SNP	T	Zm00001d049145	1185
M25	Инсерционно-делеционный полиморфизм	Инсерция предпочтительно GTC	Zm00001d049145	между 1216 и 1217
M26	SNP	C	Zm00001d049145	1242
M27	SNP	G	Zm00001d049145	1282
M28	SNP	G	Zm00001d049145	1344
M29	SNP	C	Zm00001d049145	1380
M30	SNP	C	Zm00001d049145	1422
M31	SNP	C	Zm00001d049148	338
M32	SNP	A	Zm00001d049148	412
M33	SNP	T	Zm00001d049148	432
M34	SNP	G	Zm00001d049148	447
M35	SNP	T	Zm00001d049148	507
M36	SNP	T	Zm00001d049148	509
M37	SNP	T	Zm00001d049148	585
M38	SNP	T	Zm00001d049148	588
M39	SNP	A	Zm00001d049148	593
M40	SNP	C	Zm00001d049148	672
M41	SNP	T	Zm00001d049148	741
M42	SNP	G	Zm00001d049148	753
M43	SNP	C	Zm00001d049148	846
M44	SNP	T	Zm00001d049148	996
M45	SNP	C	Zm00001d049148	1092
M46	SNP	T	Zm00001d049148	1102
M47	SNP	C	Zm00001d049148	1260
M48	SNP	T	Zm00001d049148	1300
M49	SNP	C	Zm001d049159	22
M50	SNP	T	Zm001d049159	47
M51	Инсерционно-делеционный полиморфизм	Инсерция предпочтительно CCGCC	Zm001d049159	между 52 и 53
M52	SNP	A	Zm001d049159	189
M53	SNP	A	Zm001d049159	190

M54	SNP	G	Zm001d049159	1980
M55	SNP	G	Zm001d049159	2014
M56	SNP	G	Zm001d049159	2160

Таблица 1В

Маркер #	Полиморфизм	Положение по отношению к QTL	Положение в начале эталонного генома GPV04 B73	Положение H102 v3	Праймерный Аллель XSEQ ID №:	Праймерный Аллель YSEQ ID №:	Общий Аллель SEQ ID №:	Аллель X	Аллель Y	Аллель донор (H102) аллель	Направление
M60	SNP	посередине	-	14809915	56	57	58	C	G	C	вперед
M61	SNP	посередине	16139405	14796545	59	60	61	G	A	A	назад
M62	SNP	посередине	16170861	14946261	62	63	64	C	G	G	назад
M63	SNP	посередине	-	14813366	-	-	-	G	A	G	вперед

Таблица 1Г

Маркер #	Положение на указанном маркере SEQ ID №	Аллель-донор (то есть аллель устойчивости H102)	Альтернативный аллель (то есть нерезистентный аллель)
M64	101 SEQ ID №:72 или 378 SEQ ID №:37	T	G
M65	101 SEQ ID №:73 или 362 SEQ ID №:37	T	G
M66	101 SEQ ID №:74 или 3271 п.о. перед ZmNLR24892	A	G
M67	193 SEQ ID №:74 або 3363 п.о. перед ZmNLR24892	T	C

M68	251 SEQ ID №:74 або 3421 п.о. перед ZmNLR24892	G	A

В предпочтительном варианте осуществления этого изобретения, если обнаруживают маркерные аллели M60, M61, M62, M63, M64, M65, M66, M67 и/или M68 донорского аллеля (то есть аллеля H102, который является аллелем устойчивости), то растение или часть растения идентифицируют как растение или часть растения, имеющие (повышенную) устойчивость/толерантность к северному гельминтоспориозу (NCLB), в противном случае растение или часть растения не имеет (повышенной) устойчивости/толерантности к северному гельминтоспориозу. Соответственно, в некоторых вариантах осуществления этого изобретения, способы идентификации растения или части растения, предусмотренные изобретением являются способами идентификации растения или части растения, имеющих повышенную устойчивость/толерантность к северному гельминтоспориозу путем скрининга на аллель устойчивости соответствующего маркера, а в некоторых вариантах осуществления этого изобретения, способы идентификации растения или части растения, предусмотренные изобретением являются способами идентификации растения или части растения, не имеющего повышенной устойчивости/толерантности к северному гельминтоспориозу, путем скрининга на наличие нерезистентного аллеля соответствующего маркера.

Следует понимать, что отсылка для маркеров M66, M67 и M68 на указанные положения перед ZmNLR24892 касаются положений в гене или локусе (H102) ZmNLR24892 или соответствуют нативным положениям (перед) гена или локуса (H102) ZmNLR24892 (то есть нативным положением 5' относительно 5' конца ZmNLR24892), которые, например, могут быть идентифицированы в SEQ ID №:44. Для маркеров M66, положение 3271 п.о. перед ZmNLR24892 - соответствует положению 22950 SEQ ID №:44. Для M67, положение 3363 п.о. перед ZmNLR24892 - соответствует положению 23042 SEQ ID №:44. Отсылка маркера M68 на положение 3421 п.о. перед ZmNLR24892 - соответствует положению 23100 SEQ ID №:44, что также может быть, например, выведено из соответствующих позиций SNP в маркерной последовательности SEQ ID NO. 74.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL на хромосоме 4 включает все молекулярные маркеры (маркерные аллели) от M60 до M68 или от M1 до M68.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие одного или нескольких молекулярных маркеров (аллелей), перечисленных в Таблицах 1А, 1Б, 1В или 1Г, предпочтительно относящихся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73 или геному H102 v3 и, необязательно, включающего дополнительный скрининг на наличие аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum. Аллель RLK1, предпочтительно выбирают из аллелей RLK1, содержащихся в локусе HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2 RLK1.

В этом документе "HT2" или "Ht2" означает "устойчивость к Helminthosporium turcicum 2", и представляет собой локус на хромосоме 8 Zea mays, отвечающий за устойчивость к Helminthosporium turcicum. Причинным геном, ответственным за придание устойчивости к Helminthosporium turcicum, который находится в локусе HT2, является RLK1 (рецептор подобная киназа 1), или WAK-RLK1 (wall-associated kinase RLK1). В данном документе "HT3" или "Ht3" означает "устойчивость к Helminthosporium turcicum 3" и представляет собой локус на 8 хромосоме Zea mays, отвечающий за придание устойчивости к Helminthosporium turcicum. Причинным геном, ответственным за придание устойчивости к Helminthosporium turcicum, который находится в локусе HT3, является RLK1 (рецептор подобная тирозинкиназа 1), или WAK-RLK1 (wall-associated kinase RLK1).

В этом документе "HTN", "HtN", "HTN1" или "HtN1" означает "устойчивость к Helminthosporium turcicum N" и представляет собой локус на 8 хромосоме Zea mays, отвечающий за придание устойчивости к Helminthosporium turcicum, и происходит от мексиканского сорта кукурузы "Pepitilla". Причинным геном, ответственным за придание устойчивости к Helminthosporium turcicum, находящемся в локусе HTN, является RLK1 (рецептор-подобная киназа 1), или WAK-RLK1(wall-associated kinase RLK1).

Аллель HT2 RLK1, придающий устойчивость к Helminthosporium turcicum, может включать последовательность гена, представленную в SEQ ID №: 45, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:45 хотя бы на 90%, желательно

- минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или может включать кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 46, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:46 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или может кодировать белок, содержащий последовательность, представленную в SEQ ID №: 47, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:47, хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности. Последовательность кодирования RLK1 идентична в аллелях HT2 и HT3. Однако аллели HT2 и HT3 происходят от разных генотипов/донорских линий и отличаются в нескольких местах за пределами кодирующей последовательности RLK1. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, ген RLK1, белок или кодирующая последовательность имеют последовательность, соответствующую последовательности гена RLK1, белка или кодирующей последовательности аллеля HT2 или HT3. Аллель HT2 также может быть обнаружен, как известно в этой области техники, с помощью соответствующих маркеров, которые содержатся в аллеле HT2 или в гене RLK1, или которые тесно сцеплены с аллелем HT2 или с геном RLK1. В этом контексте, например, маркеры, перечисленные в Таблице 2 WO 2019/038326, являются особенно подходящими для выявления аллеля HTN.

В частности, этот документ ссылается на Таблицу 2 WO 2019/038326. Кроме того, например, маркеры, перечисленные в таблицах на страницах 26-27 и 56 европейской патентной заявки 20185759.6, а также в таблицах 1 и 2 европейской патентной заявки 20185759.6, в частности маркеры MA0045, MA0062, MA0063 и MA0064, являются особенно подходящими для выявления аллеля HTN. Этот документ ссылается на все вышеупомянутые таблицы европейской патентной заявки 20185759.6.

Аллель HTN RLK1, придающий устойчивость к Helminthosporium turcicum, может включать последовательность гена, представленную в SEQ ID №: 70 или

последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:70 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или может включать кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 48, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:48 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или может кодировать белок, содержащий последовательность, представленную в SEQ ID №: 49, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:49, хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности. Аллель HTN описывается, например, в WO 2015/032494. Аллель HTN можно обнаружить с помощью секвенирования (части) гена RLK1. Аллель HTN также может быть обнаружен, как известно в этой области техники, с помощью соответствующих маркеров, которые содержатся в аллеле HTN или в гене RLK1, или которые тесно связаны с аллелем HTN или геном RLK1. В этом контексте, например, маркеры, перечисленные в таблицах 2 и 4 WO 2015/032494, особенно подходят для выявления аллеля HTN. В частности, этот документ ссылается на Таблицы 2 и 4 WO 2015/032494.

Аллель H102 RLK1, придающий устойчивость к Helminthosporium turcicum, может включать последовательность гена, представленную в SEQ ID №: 50 или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:50 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или может включать кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 51, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:51 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или может кодировать белок, который содержит последовательность, представленную в SEQ ID №: 52, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:52, хотя

бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности. Аллель H102 также можно обнаружить, как известно в этой области техники, с помощью соответствующих маркеров, которые содержатся в аллеле H102 или в гене RLK1, или которые тесно сцеплены с аллелем H102 или с геном RLK1.

Аллель TropicalD2 RLK1 придающий устойчивость к Helminthosporium turcicum, может включать последовательность гена, представленную в SEQ ID №: 53 или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:53 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или может включать кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 54, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:54 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или может кодировать белок, содержащий последовательность, представленную в SEQ ID №: 55, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:55, хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности. Аллель TropicalD2 также может быть обнаружен, как известно в этой области техники, с помощью соответствующих маркеров, которые содержатся в аллеле TropicalD2 или в гене RLK1, или которые тесно сцеплены с аллелем TropicalD2 или с геном RLK1.

В некоторых вариантах осуществления этого изобретения, M7 представляет собой инсерцию из 31 ± 3, 6, 9, 12, 15, 18, 21, 24, 27 или 30 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, M7 представляет собой инсерцию последовательности полинуклеиновой кислоты, представленной в SEQ ID №:33.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, проводится скрининг на наличие M6 и M7.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, M25 представляет собой инсерцию из 3 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, M25 представляет собой инсерцию последовательности полинуклеиновой кислоты GTC.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, M51 представляет собой инсерцию из 6 ± 3 нуклеотидов. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, M51 представляет собой инсерцию последовательности полинуклеиновой кислоты CCGGCC.

В одном из вариантов применения способов, растений или частей растений, полинуклеиновых кислот или использований растений или их частей, описанных в этом документе, Zm00001d049121 включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:11, относящуюся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73.

В одном из вариантов применения способов, растений или частей растений, полинуклеиновых кислот или использований растений или их частей, описанных в этом документе, Zm00001d049113 включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:13, относящуюся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73.

В одном из вариантов применения способов, растений или частей растений, полинуклеиновых кислот или использований растений или их частей, описанных в этом документе, Zm00001d049145 включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:15, относящуюся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73.

В одном из вариантов применения способов, растений или частей растений, полинуклеиновых кислот или использований растений или их частей, описанных в этом документе, Zm00001d049148 включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:17, относящуюся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73.

В одном из вариантов применения способов, растений или частей растений, полинуклеиновых кислот или использований растений или их частей, описанных в этом документе, Zm00001d049159 включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:19, относящуюся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73.

В одном из вариантов применения способов, растений или частей растений, полинуклеиновых кислот или использований растений или их частей, описанных в этом документе, Zm00001d049121 кодирует последовательность белка, представленную в SEQ ID №:12, относящуюся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73.

В одном из вариантов применения способов, растений или частей растений, полинуклеиновых кислот или использований растений или их частей, описанных в этом документе, Zm00001d049113 кодирует последовательность белка, представленную в №:14, относящуюся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73.

В одном из вариантов применения способов, растений или частей растений, полинуклеиновых кислот или использований растений или их частей, описанных в этом документе, Zm00001d049145 кодирует последовательность белка, представленную в SEQ ID №:16, относящуюся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73.

В одном из вариантов применения способов, растений или частей растений, полинуклеиновых кислот или использований растений или их частей, описанных в этом документе, Zm00001d049148 кодирует последовательность белка, представленную в SEQ ID №:18, относящуюся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73.

В одном из вариантов применения способов, растений или частей растений, полинуклеиновых кислот или использований растений или их частей, описанных в этом документе, Zm00001d049159 кодирует последовательность белка, представленную в SEQ ID №:20, относящуюся к эталонному геному AGPv4 кукурузы B73.

Zm00001d049121 является аннотированным как белок, содержащий нуклеотид-связывающие сайты и лейцин-богатые повторы (Nucleotide-binding site-leucine-rich repeat protein (NBS-LRR белок)). Zm00001d049113 является аннотированным как папаин-подобная цистеиновая протеаза (Papain like cysteine protease (C1 type)). Zm00001d049145 является аннотированным как CRINKLY4-подобная протеинкиназа (CRINKLY4-like protein kinase). Zm00001d049148 является аннотированным как ингибитор сериновой (или цистеиновой) протеазы. Zm00001d049159 является аннотированным как ингибитор сериновой (или цистеиновой) протеазы (Serine (or cysteine) protease inhibitor). ZmNLR24892 (также известный как MA_H102_24892 или как ZmNLR24892_H102) является аннотированным как белок, содержащий нуклеотид-связывающие сайты и лейцин-богатые повторы (Nucleotide-binding site-leucine-rich repeat protein (NBS-LRR белок)). Этот ген отсутствует у B73. Этот ген присутствует в H102 во вставке длиной 149,715 bp (SEQ ID №:44) между маркерами M61 и M62 и в одном из вариантов имеет геномную последовательность, представленную в SEQ ID №:37. Поскольку кодирующая последовательность для ZmNLR24892 расположена на обратной цепи SEQ ID №:44, любая отсылка к последовательности (например, SNP),

содержащейся в SEQ ID №:44, соответствует обратному комплементу в SEQ ID №:38 (кДНК ZmNLR24892), и наоборот.

В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M1. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M2. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M3. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M4. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M5. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M6. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M7. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M8. В некоторых вариантах осуществления, изобретение

касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M9. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M10. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M11. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M12. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M13. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M14. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M15. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M16. В некоторых вариантах осуществления, изобретение

касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M17. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M18. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M19. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M20. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M21. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M22. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M23. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M24. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного

маркера (маркерного аллеля) M25. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M25. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M27. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M28. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M29. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M30. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M31. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M32. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M33.

В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M34. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M35. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M36. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M37. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M38. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M39. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M40. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M41. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или

толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M42. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M43. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M44. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M45. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M46. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M47. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M48. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M49. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или

толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M50. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M51. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M52. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M53. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M54. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M55. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M56. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M57. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M60. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы,

например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного (маркерного аллеля) M61. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M62. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M63. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M64. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M65. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M66. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M67. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M68. В некоторых вариантах осуществления изобретения, описанных выше, способ идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части

растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, дополнительно включает скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1. В некоторых вариантах, описанных выше, способ идентификации растения растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, дополнительно включает скрининг на наличие гена или аллеля Ht2 RLK1. В некоторых вариантах, описанных выше, способ идентификации растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, дополнительно включает скрининг на наличие гена или аллеля Ht3 RLK1. В некоторых вариантах, описанных выше, способ идентификации растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, дополнительно включает скрининг на наличие гена или аллеля HTN RLK1. В некоторых вариантах, описанных выше, способ идентификации растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, дополнительно включает скрининг на наличие гена или аллеля H102 RLK1. В некоторых вариантах, описанных выше, способ идентификации растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, дополнительно включает скрининг на наличие гена или аллеля TropicalD2 RLK1. Специалист понимает, что растение или часть растения определяется как имеющее повышенную устойчивость и/или толерантность к патогенам, если в нем присутствует соответствующий маркерный аллель, например, молекулярный маркерный аллель, указанный в Таблице 1B или донорский аллель указанный в Таблицах 1A и 1B. Специалист понимает, что растение или часть растения определяется как не имеющее повышенной устойчивости и/или толерантности к патогенам или ей ее не хватает, если маркерный аллель, связанный с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам отсутствует.

В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие одного или нескольких молекулярных маркеров (маркерных аллелей), выбранных из M1-M12 и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на

наличие одного или нескольких молекулярных маркеров (маркерных аллелей), выбранных из M13-M17 и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие одного или нескольких молекулярных маркеров (маркерных аллелей), выбранных из M18-M30 и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие одного или нескольких молекулярных маркеров (маркерных аллелей), выбранных из M31-M48 и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие одного или нескольких молекулярных маркеров (маркерных аллелей), выбранных из M49-M56 и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие одного или нескольких молекулярных маркеров (маркерных аллелей), выбранных из M57 и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие одного или нескольких молекулярных маркеров (маркерных аллелей), выбранных из M60-M68 и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049121, содержащего кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 1, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 1 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049113, содержащего кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 3, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 3 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049145, содержащего кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 5, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 5 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на

98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049148, содержащего кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 7, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 7 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049159, содержащего кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 9, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 9 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие ZmNLR24892, содержащего кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 38, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 38 хотя бы на 90%, желательно -

минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, представленных в настоящем документе, при отсылке на полинуклеиновую кислоту, имеющую кодирующую последовательность, содержащую SEQ ID №:38, такая полинуклеиновая кислота может включать последовательность, представленную в SEQ ID №:37 или состоять из нее.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, представленных в настоящем документе, при отсылке на полинуклеиновую кислоту, имеющую кодирующую последовательность, содержащую SEQ ID №:38, такая полинуклеиновая кислота может включать последовательность, представленную в SEQ ID №:44 или состоять из нее.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, представленных в настоящем документе, при отсылке на полинуклеиновую кислоту, имеющую кодирующую последовательность, содержащую SEQ ID №:38, такая полинуклеиновая кислота может включать последовательность, представленную в SEQ ID №:37 или состоять из нее.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, представленных в настоящем документе, при отсылке на полинуклеиновую кислоту, имеющую кодирующую последовательность, содержащую SEQ ID №:39, такая полинуклеиновая кислота может включать последовательность, представленную в SEQ ID №:44 или состоять из нее.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие ZmNLR24892, содержащего (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 37, или (геномную) последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:37 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие

ZmNLR24892, содержащего (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 37, или (геномную) последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:37 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие ZmNLR24892, содержащего (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 37, или (геномную) последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:37 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие ZmNLR24892, содержащего (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 37, или (геномную) последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:37 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие ZmNLR24892, содержащего (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 37, или (геномную) последовательность, идентичную

последовательности, представленной в SEQ ID №:37 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие ZmNLR24892, содержащего (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 37, или (геномную) последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:37 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие (геномной) последовательности, представленной в SEQ ID №: 44, или (геномной) последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:44 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие (геномной) последовательности, представленной в SEQ ID №: 44, или (геномной) последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:44 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие (геномной) последовательности, представленной в SEQ ID №: 44, или (геномной) последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:44 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие (геномной) последовательности, представленной в SEQ ID №: 44, или (геномной) последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:44 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие (геномной) последовательности, представленной в SEQ ID №: 44, или (геномной) последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:44 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с

повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие (геномной) последовательности, представленной в SEQ ID №: 44, или (геномной) последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:44 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049121, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 2, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum, или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, желательно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049121, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 2, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049121, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 2, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049121, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 2, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049121, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 2, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с

повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049121, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 2, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049113, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 4, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum, или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, желательно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049113, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 4, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049113, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 4, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049113, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 4, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049113, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 4, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с

повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049113, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 4, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049145, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 6, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, желательно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049145, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 6, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049145, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 6, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049145, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 6, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049145, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 6, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с

повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049145, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 6, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049148, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 8, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, желательно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049148, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 8, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049148, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 8, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049148, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 8, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049148, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 8, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с

повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049148, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 8, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049159, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 10, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, желательно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049159, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 10, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049159, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 10, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049159, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 10, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049159, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 10, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с

повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие Zm00001d049159, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 10, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие ZmNLR24892, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 39, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, желательно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие ZmNLR24892, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 39, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие ZmNLR24892, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 39, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие ZmNLR24892, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 39, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие ZmNLR24892, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 39, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы, например, растения или части растения кукурузы с

повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие ZmNLR24892, кодирующего белок, который имеет последовательность, представленную в SEQ ID №: 39, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие одного или нескольких молекулярных маркеров (маркерных аллелей), выбранных из M1-M12, предпочтительно всех, в Zm00001d049121, где Zm00001d049121 включает в себя

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:1;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:2;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №: 1 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью,

определенной в пунктах (i)-(v), путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот

и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, желательно, когда патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие одного или нескольких молекулярных маркеров (маркерных аллелей), выбранных из M13-M17, предпочтительно всех, в Zm00001d049113, где Zm00001d049113 включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID № 3;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:4;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:3 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, желательно, когда патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие одного или нескольких молекулярных маркеров (маркерных аллелей), выбранных из M18-M30, предпочтительно всех, в Zm00001d049145, где Zm00001d049145 включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:5;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:6;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:5 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, имеющий идентичность с последовательностью, SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, желательно, когда патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие одного или нескольких молекулярных маркеров (маркерных аллелей), выбранных из M31-M48, а предпочтительно всех, в Zm00001d049148, где Zm00001d049148 включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:7;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:8;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:7 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на

99,1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, желательно, когда патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающего скрининг на наличие одного или нескольких молекулярных маркеров (маркерных аллелей), выбранных из M49-M56, предпочтительно всех, в Zm00001d049159, где Zm00001d049159 включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:9;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:10;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:9 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше -

минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, желательно, когда патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающий скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M63 в ZmNLR24892, где ZmNLR24892 включает

(i) (геномную) нуклеотидную последовательность SEQ ID №:37;

(ii) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:38;

(iii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:39;

(iv) (геномную) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:37 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(v) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:38 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(vii) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i), (ii) или (iii), при жестких условиях гибридизации; или

(viii) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(vii) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, желательно, когда таким патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа идентификации растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включающий скрининг на наличие молекулярного маркера (маркерного аллеля) M57, предпочтительно всего, в ZmNLR24892, где ZmNLR24892 включает

(i) (геномную) нуклеотидную последовательность SEQ ID №:37;

(ii) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:38;

(iii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:39;

(iv) (геномную) нуклеотидную последовательность, идентичную SEQ ID №:37 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(v) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:38 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

(vii) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i), (ii) или (iii), при жестких условиях гибридизации; или

(viii) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(vii) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

и, необязательно, дополнительно включающего скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогену, предпочтительно, когда патогеном является Exserohilum turcicum, или на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогену, желательно, когда таким патогеном является Exserohilum turcicum. Ген или аллель RLK1, предпочтительно, выбирается из генов или аллелей RLK1, содержащихся в HT2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение кукурузы или его часть являются идентифицированным как имеющше повышенную устойчивость и/или толерантность к патогенам, если идентифицированы или присутствуют аллель QTL на хромосоме 4, один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M60-M68 или из M1-M68, одна или несколько полинуклеиновых кислот, имеющих кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 или 38, предпочтительно SEQ ID №:38 или кодирующую последовательность, идентичную любой последовательности, представленной в SEQ ID №№:1, 3, 5, 7, 9 или 38, предпочтительно SEQ ID №:38 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности, или одна или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих любую последовательность из SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 или 39, предпочтительно SEQ ID №:39, или кодирующих последовательность, идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% любой последовательности из SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 или 39, предпочтительно SEQ ID №:39, желательно по всей длине последовательности.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, способ идентификации растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, дополнительно включает этап отбора растения или части растения кукурузы, имеющего аллель QTL на хромосоме 4, один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M60-M68 или из M1-M68, одну или несколько полинуклеиновых кислот, имеющих кодирующую последовательность, выбранную из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 или 38, предпочтительно SEQ ID №:38 или кодирующую последовательность, идентичную любой последовательности из SEQ ID №№:1, 3, 5, 7, 9 или 38, предпочтительно SEQ ID №:38 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, желательно по всей длине последовательности, или одну или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих любую последовательность из SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 или 39, предпочтительно SEQ ID №:39, или кодирующих последовательность, идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% любой последовательности из SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 или 39, предпочтительно SEQ ID №:39, желательно по всей длине последовательности.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL на хромосоме 4 и/или один или несколько молекулярных маркеров (маркерных аллелей) гетерозиготными.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL на хромосоме 4 и/или один или несколько молекулярных маркеров (маркерных аллелей) являются гомозиготными.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения,

– эндогенный Zm00001d049121 включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:11, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 11 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049113 включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:13 или кодирующую последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 13 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049145 включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:15 или кодирующую последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 15 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049148 включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:17 или кодирующую последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 17 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности; и/или

– эндогенный Zm00001d049159 включает кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:19 или кодирующую последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 19 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения,

– эндогенный Zm00001d049121 кодирует последовательность белка, представленную в SEQ ID №:12 или последовательность белка, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 12 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049113 кодирует последовательность белка, представленную в SEQ ID №:14 или последовательность белка, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 14 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049145 кодирует последовательность белка, представленную в SEQ ID №:16 или последовательность белка, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 16 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049148 кодирует последовательность белка, представленную в SEQ ID №:18 или последовательность белка, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 18 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности; и/или

– эндогенный Zm00001d049159 кодирует последовательность белка, представленную в SEQ ID №:20 или последовательность белка, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 20 хотя бы на 90%, желательно - на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности.

В одном из аспектов, изобретение касается растения или части растения кукурузы, идентифицируемых, в соответствии со способами идентификации растения или части растения, предусмотренными настоящим изобретением, описанным в этом документе.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего введение в геном растения или его части аллеля QTL на хромосоме 4, согласно изобретению, описанному в этом документе, и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

Специалист понимает, что описанные в настоящем документе введение или мутация двух или нескольких последовательностей, генов, маркеров или аллелей могут быть одновременными или последовательными, и что описанные в настоящем документе введение или мутация двух или нескольких последовательностей, генов, маркеров или аллелей могут быть выполненны с использованием, как рекомбинантной техники (например, путем трансформации), так и приемами размножения (например, интрогрессией), или что введение одной из двух или нескольких последовательностей, генов, маркеров или аллелей может быть выполнено с использованием рекомбинантной техники, а введение другой - с помощью приемов размножения (например, интрогрессии). В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего введение в геном растения или его части одного или нескольких молекулярных маркеров (маркерных аллелей) согласно изобретению, описанному в этом документе, и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы, имеющего повышенную устойчивость и/или толерантность к патогенам, патогенам, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или части или части растения кукурузы одной или нескольких полинуклеиновых кислот, имеющих любую одну или несколько кодирующих последовательностей, выбранных из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 и 38, предпочтительно SEQ ID №:38, или такую которая включает кодирующую последовательность, идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% одной или нескольким последовательностям, выбранным из SEQ ID №№:1, 3, 5, 7, 9 и 38, предпочтительно SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или части растения кукурузы гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию в растении или его части и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049121, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 1, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:1, желательно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049121, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 1, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:1,

желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049121, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 1, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:1, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049121, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 1, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:1, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049121, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 1, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:1, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049121, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 1, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:1, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1. В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049113, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 3, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:3, желательно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049113, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 3, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:3, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену,

включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049113, который кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 3, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:3, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049113, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 3, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:3, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049113, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 3, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:3, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049113, содержащий

кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 3, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:3, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049145, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 5, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:5, желательно по всей длине последовательности, и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049145, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 5, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:5, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049145, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 5, или кодирующую

последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:5, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049145, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 5, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:5, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049145, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 5, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:5, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049145, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 5, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%,

99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:5, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049148, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 7, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:7, желательно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049148, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 7, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:7, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049148, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 7, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:7,

желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049148, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 7, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:7, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049148, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 7, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:7, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049148, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 7, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:7, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049159, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 9, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №: 9, желательно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049159, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 9, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:9, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049159, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 9, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №: 9, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049159, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 9, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:9, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049159, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 9, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:9, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049159, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 9, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:9, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену,

включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий кодирующую кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 38, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 38, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 38, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части

полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 38, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 38, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №: 38, или кодирующую последовательность идентичную хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 37, или (геномную)

последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №: 37, желательно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 37, или (геномную) последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 37, или (геномную) последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 37, или (геномную) последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 37, или (геномную) последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 37, или (геномную) последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 44, или (геномную) последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:44, желательно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий (геномную) (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 44, или (геномную) последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 44, или (геномную) последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 44, или (геномную) последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий (геномную)

последовательность, представленную в SEQ ID №: 44, или (геномную) последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, содержащий (геномную) последовательность, представленную в SEQ ID №: 44, или (геномную) последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части одной или нескольких полинуклеиновых кислот, кодирующих любую последовательность, представленную в SEQ ID №№: 2, 4, 6, 8, 10 или 39, предпочтительно SEQ ID №:39, или кодирующих последовательность, идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% любой последовательности из SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 или 39, предпочтительно SEQ ID №:39, желательно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или части растения кукурузы гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049121, кодирующий

последовательность, представленную в SEQ ID №: 2 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049121, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 2 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049121, кодирующий последовательность, представленную в SEQ ID №: 2 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049121, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 2 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на

95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049121, кодирующий последовательность, представленную в SEQ ID №: 2 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049121, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 2 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049113, кодирующий последовательность, представленную в SEQ ID №: 4 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%,

предпочтительно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049113, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 4 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049113, кодирующий последовательность, представленную в SEQ ID №: 4 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049113, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 4 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине

последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049113, кодирующий последовательность, представленную в SEQ ID №: 4 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049113, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 4 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049145, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №: 6 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего

дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049145, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 6 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049145, кодирующий последовательность, представленную в SEQ ID №: 6 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049145, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 6 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049145, кодирующий последовательность, представленную в SEQ ID №: 6 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049145, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 6 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049148, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 8 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049148, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 8 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049148, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 8 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049148, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 8 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену,

включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049148, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 8 или последовательность последовательности, представленной в SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049148, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 8 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049159, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 10 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части

полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049159, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 10 или последовательность идентичную идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049159, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 10 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049159, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 10 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049159, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 10 или последовательность идентичную

последовательности, представленной в SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049159, кодирующий последовательность представленную в SEQ ID №: 10 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, предпочтительно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, кодирующий последовательность, представленную в SEQ ID №: 39 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:39 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, желательно по всей длине последовательности и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, кодирующий последовательность, представленную в SEQ ID №: 39 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:39 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%,

99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, кодирующий последовательность, представленную в SEQ ID №: 39 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:39 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, кодирующий последовательность, представленную в SEQ ID №: 39 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:39 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, кодирующий последовательность, представленную в SEQ ID №: 39 или последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:39 по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части

полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, кодирующий последовательность, представленную в SEQ ID №: 39 или последовательность последовательности, представленной в SEQ ID №:39 по меньшей мере на 80%, 85%, 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%, желательно по всей длине последовательности, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части

(i) полинуклеотидной последовательности, имеющей последовательность кДНК, включающей SEQ ID №:1 или состоящей из SEQ ID №:1;

(ii) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, включающий аминокислотную последовательность SEQ ID №:2 или состоящий из нее;

(iii) полинуклеотидной последовательности, идентичной последовательности SEQ ID №:1 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, идентичный последовательності SEQ ID №: 2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(v) полинуклеотидной последовательности, которая гибридизируется с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) полинуклеотидной последовательности, кодирующей белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v), путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров (маркерных аллелей) от M1 до M12, предпочтительно M6 и M7, более предпочтительно все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или части растения кукурузы гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102, или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части

(i) полинуклеотидной последовательности, имеющей последовательность кДНК, включающей SEQ ID №:3 или состоящей из SEQ ID №:3;

(ii) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, включающий аминокислотную последовательность SEQ ID №:4 или состоящий из нее;

(iii) полинуклеотидной последовательности, идентичной последовательности SEQ ID №:3 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(v) полинуклеотидной последовательности, которая гибридизируется с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) полинуклеотидной последовательности, кодирующей белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v), путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M13 до M17, предпочтительно все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или части растения кукурузы гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102, или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части

(i) полинуклеотидной последовательности, имеющей последовательность кДНК, включающей SEQ ID №:5 или состоящей из SEQ ID №:5;

(ii) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, аминокислотную последовательность SEQ ID №:6 или состоящий из нее;

(iii) полинуклеотидной последовательности, идентичной последовательности SEQ ID №:5 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(v) полинуклеотидной последовательности, которая гибридизируется с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) полинуклеотидной последовательности, кодирующей белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v), путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M18 до M30, предпочтительно все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или части растения кукурузы гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102, или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части

(i) полинуклеотидной последовательности, имеющей последовательность кДНК, включающей SEQ ID №:7 или состоящей из SEQ ID №:7;

(ii) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, включающий аминокислотную последовательность SEQ ID №:8 или состоящий из нее;

(iii) полинуклеотидной последовательности, идентичной последовательности SEQ ID №:7 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(v) полинуклеотидной последовательности, которая гибридизируется с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) полинуклеотидной последовательности, кодирующей белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v), путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M31 до M48, предпочтительно все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или части растения кукурузы гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102, или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части

(i) полинуклеотидной последовательности, имеющей последовательность кДНК, включающей SEQ ID №:9 или состоящей из SEQ ID №:9;

(ii) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, включающий аминокислотную последовательность SEQ ID №:10 или состоящий из нее;

(iii) полинуклеотидной последовательности, идентичной последовательности SEQ ID №:9 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше -

минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(v) полинуклеотидной последовательности, которая гибридизируется с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) полинуклеотидной последовательности, кодирующей белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v), путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M49 до M56, предпочтительно все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или части растения кукурузы гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102, или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части

(i) полинуклеотида, имеющего последовательность, включающую SEQ ID №:37 или состоящую из SEQ ID №:37;

(ii) полинуклеотида, имеющего последовательность, включающую SEQ ID №:44 или состоящую из SEQ ID №:44;

(iii) полинуклеотидной последовательности, имеющей последовательность кДНК, включающей SEQ ID №:38 или состоящей из SEQ ID №:38;

(iv) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, включающий аминокислотную последовательность SEQ ID №:39 или состоящий из нее;

(v) полинуклеотидной последовательности, идентичной последовательности SEQ ID №№:37, 38 или 44 хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, желательно - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(vi) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:39 хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%,

98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, желательно - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(vii) полинуклеотидной последовательности, которая гибридизируется с обратным обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i), (ii), или при жестких условиях гибридизации; или

(viiii) полинуклеотидной последовательности, кодирующей белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v), путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров M57,

и необязательно включающего дальнейшее введение в геном растения или части растения кукурузы гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102, или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы, имеющего повышенную устойчивость и/или толерантность к патогену, который включает (чрезмерную) экспрессию и/или введение в геном растения или его части

(i) полинуклеотида, имеющего последовательность, включающую SEQ ID №:37 или состоящую из SEQ ID №:37;

(ii) полинуклеотида, имеющего последовательность, включающую SEQ ID №:44 или состоящую из SEQ ID №:44;

(iii) полинуклеотидной последовательности, имеющей последовательность кДНК, включающую SEQ ID №:38 или состоящую из SEQ ID №:38;

(iv) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, включающий аминокислотную последовательность SEQ ID №:39 или состоящий из нее;

(v) полинуклеотидной последовательности, идентичной последовательности SEQ ID №№:37, 38 или 44 хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, желательно - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(vi) полинуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:39 хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, желательно - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(vii) полинуклеотидной последовательности, которая гибридизируется с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (iii), при жестких условиях гибридизации; или

(viii) полинуклеотидной последовательности, кодирующей белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v), путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M60 до M68, предпочтительно M63, или фланкирована маркерами M61 и/или M62, предпочтительно и одним, и другим,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или части растения кукурузы гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102, или TropicalD2 RLK1.

В некоторых вариантах осуществления изобретения, введение в геном осуществляется путем гомологической рекомбинации. Таким образом, эндогенная последовательность заменяется на введенную (экзогенную) последовательность. Квалифицированный специалист поймет, что, например, для последовательностей, отсутствующих эндогенно (как, например, ZmNLR24892, которая отсутствует в B73), гомологическая рекомбинация может быть невозможной, если не включить общие фланкирующие последовательности.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, введение в геном происходит путем случайной интеграции. Таким образом, эндогенная последовательность может сохраняться в дополнение к введенной (экзогенной) последовательности. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, эндогенную последовательность нокаутируют или нокдаунируют. Специалист понимает, что, например, для последовательностей, отсутствующих эндогенно (например, ZmNLR24892 отсутствует в B73), нокаут может быть невозможным.

Кроме введения и экспрессии (экзогенных) нуклеотидных последовательностей, описанных выше, предполагается также мутагенез эндогенных последовательностей.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049121 к кодирующей последовательности, представленной в SEQ ID №: 1, или кодирующей

последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:1 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049113 к кодирующей последовательности, представленной в SEQ ID №: 3, или кодирующей последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:3 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

и необязательно включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049145 к кодирующей последовательности, представленной в SEQ ID №: 5, или кодирующей последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:5 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049148 к кодирующей последовательности, представленной в SEQ ID №: 7, или кодирующей последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:7 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%,

99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049159 к кодирующей последовательности, представленной в SEQ ID №: 9, или кодирующей последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:9 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%,предпочтительно по всей длине последовательности,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049121 к последовательности, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №: 2, или кодирующей последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049113 к последовательности, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №: 4, или кодирующей последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049145 к последовательности, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №: 6, или кодирующей последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049148 к последовательности, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №: 8, или кодирующей последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049159 к последовательности, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №: 10, или кодирующей последовательности, идентичной последовательности, представленной в SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049121 к

(i) нуклеотидной последовательности, имеющей кДНК SEQ ID №:1;

(ii) нуклеотидной последовательности, кодирующей аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:2;

(iii) нуклеотидной последовательности, идентичной последовательности SEQ ID №:1 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(v) нуклеотидной последовательности, которая гибридизируется с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидной последовательности, кодирующей белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M1 до M12, предпочтительно M6 и M7, более предпочтительно - все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049113 к

(i) нуклеотидной последовательности, имеющей кДНК SEQ ID № 3;

(ii) нуклеотидной последовательности, кодирующей аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:4;

(iii) нуклеотидной последовательности, идентичной последовательности SEQ ID №:3 №:3 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(v) нуклеотидной последовательности, гибридизирующейся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидной последовательности, кодирующей белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M13 до M17, предпочтительно все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049145 к

(i) нуклеотидной последовательности, имеющей кДНК SEQ ID №:5;

(ii) нуклеотидной последовательности, кодирующей аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:6;

(iii) нуклеотидной последовательности, идентичной последовательности SEQ ID №:5 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или или 99,9%;

(v) нуклеотидной последовательности, которая гибридизируется с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидной последовательности, кодирующей белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M18 до M30, предпочтительно все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049148 к

(i) нуклеотидной последовательности, имеющей кДНК SEQ ID №:7;

(ii) нуклеотидной последовательности, кодирующей аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:8;

(iii) нуклеотидной последовательности, идентичной последовательности SEQ ID №:7 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% или 99,9%;

(v) нуклеотидной последовательности, которая гибридизируется с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидной последовательности, кодирующей белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M31 до M48, предпочтительно все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию эндогенного Zm00001d049159 к

(i) нуклеотидной последовательности, имеющей кДНК SEQ ID №:9;

(ii) нуклеотидной последовательности, кодирующей аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:10;

(iii) нуклеотидной последовательности, идентичной последовательности SEQ ID №:9 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%% или 99,9%;

(iv) нуклеотидной последовательности, кодирующей полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% или 99,9%;

(v) нуклеотидной последовательности, которая гибридизируется с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидной последовательности, кодирующей белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью,

определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает несколько молекулярных маркеров от M49 до M56, предпочтительно все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или части растения полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049121, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M1-M12, предпочтительно M6 и M7, более предпочтительно все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или части растения полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049121, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M1-M12, предпочтительно M6 и M7, более предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или части растения полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049121, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M1-M12, предпочтительно M6 и M7, более предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или части растения полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049121, включающий один

или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M1-M12, предпочтительно M6 и M7, более предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или части растения полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049121, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M1-M12, предпочтительно M6 и M7, более предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или части растения полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049121, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M1-M12, предпочтительно M6 и M7, более предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049113, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M13-M17, предпочтительно все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049113, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M13-M17, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену,

включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049113, включающий один или молекулярных маркеров, выбранных из M13-M17, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049113, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M13-M17, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049113, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M13-M17, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049113, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M13-M17, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049145, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M18-M30, предпочтительно все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части

полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049145, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M18-M30, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049145, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M18-M30, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049145, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M18-M30, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049145, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M18-M30, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049145, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M18-M30, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049148, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M31-M48, предпочтительно все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049148, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M31-M48, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049148, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M31-M48, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049148, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M31-M48, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049148, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M31-M48, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049148, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M31-M48, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049159, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M49-M56, предпочтительно все,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049159, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M49-M56, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049159, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M49-M56, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049159, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M49-M56, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049159, включающий один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M49-M56, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей Zm00001d049159, включающий один или молекулярных маркеров, выбранных из M49-M56, предпочтительно все, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей ZmNLR24892, включающий один или несколько молекулярных маркеров M57,

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей ZmNLR24892, включающий один или несколько молекулярных маркеров M57,и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей ZmNLR24892, включающий один или несколько молекулярных маркеров M57,и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей ZmNLR24892, включающий один или несколько молекулярных маркеров M57,и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей ZmNLR24892, включающий один или несколько несколько молекулярных маркеров M57,и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей ZmNLR24892, включающий один или несколько молекулярных маркеров M57,и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей ZmNLR24892, включающий один или несколько молекулярных маркеров из M60-M68, предпочтительно M63 или все, или фланкированный маркерами M61 и/или M62, предпочтительно и одним, и другим

и, необязательно, включающего дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей ZmNLR24892, включающий один или несколько молекулярных маркеров из M60-M68, предпочтительно M63 или все, или фланкированный маркерами M61 и/или M62, предпочтительно и одним, и другим, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей ZmNLR24892, включающий один или несколько молекулярных маркеров из M60-M68, предпочтительно M63 или все, или фланкированный

маркерами M61 и/или M62, предпочтительно и одним, и другим, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля Ht3 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей ZmNLR24892, включающий один или несколько молекулярных маркеров из M60-M68, предпочтительно M63 или все, или фланкированный маркерами M61 и/или M62, предпочтительно и одним, и другим, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля HTN RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей ZmNLR24892, включающий один или несколько молекулярных маркеров из M60-M68, предпочтительно M63 или все, или фланкированный маркерами M61 и/или M62, предпочтительно и одним, и другим, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля H102 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается способа создания растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, включающего мутацию или введение (и экспрессию) в геном растения или его части полинуклеиновой кислоты, кодирующей ZmNLR24892, включающий один или несколько молекулярных маркеров из M60-M68, предпочтительно M63 или все, или фланкированный маркерами M61 и/или M62, предпочтительно и одним, и другим, и дальнейшее введение в геном растения или его части гена или аллеля TropicalD2 RLK1.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, введение в геном, о котором говорится в этом документе, включает трансгенез.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, введение в геном, о котором говорится в этом документе, включает трансформацию.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, введение в геном, о котором говорится в этом документе, включает рекомбинацию, например, гомологическую рекомбинацию.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, введение в геном, о котором говорится в этом документе, включает мутагенез. Мутагенез,

предпочтительно, базируется на TILLING, CRISPR-опосредованном редактировании генов и/или редактировании оснований.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, введение в геном, о котором говорится в этом документе, включает интрогрессию. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, введение в геном, о котором говорится в этом документе не включает интрогрессию.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, введение в геном, о котором говорится в этом документе включает введение в геном в части растения. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, часть растения является органом растения. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, часть растения является растительной тканью. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, часть растения является растительной клеткой. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, часть растения является протопластом. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, часть растения является семенами.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, введение в геном, о котором говорится в настоящем документе включает введение в геном in vitro. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, введение в геном, о котором говорится в настоящем документе включает введение в геном in vivo.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, способ создания растения или части растения кукурузы, например, кукурузы или ее части с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включает трансформацию растения или части растения, предпочтительно растительной клетки или растительной ткани, более предпочтительно протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия, с помощью нуклеиновой кислоты, содержащей аллель QTL, (на хромосоме 4 и, необязательно, на хромосоме 8 или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость/толерантность), описанный в этом документе и, необязательно, включает регенерацию растения или его части из указанной растительной клетки или указанной растительной ткани, предпочтительно из указанных протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, способ создания растения или части растения кукурузы, например, кукурузы или ее части с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включает трансформацию растения или части растения, предпочтительно растительной клетки или растительной ткани, более

предпочтительно протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия, с помощью одной или нескольких полинуклеиновых кислот, содержащих одну или несколько кодирующих последовательностей, выбранных из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 и 38, предпочтительно SEQ ID №:38, или с помощью одной или нескольких полинуклеиновых кислот, содержащих последовательности или состоящих из последовательностей, выбранных из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9, 37, 38 или 44, предпочтительно из SEQ ID №№: 38 или 44, или с помощью одной или нескольких полинуклеиновых кислот, содержащих кодирующую последовательность, идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% одной или нескольким последовательностям, выбранным из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 и 38, предпочтительно SEQ ID №:38, желательно по всей длине последовательности, или с помощью одной или нескольких полинуклеиновых кислот, включающих последовательность, идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% одной или нескольким последовательностям, выбранным из SEQ ID №№:1, 3, 5, 7, 9, 37, 38 или 44, предпочтительно из SEQ ID №№:38 или 44, желательно по всей длине последовательности; и, необязательно, включает регенерацию растения или его части из указанных растительной клетки или ткани, предпочтительно из указанных протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия,

и, необязательно, включает дальнейшее введение полинуклеиновой кислоты, содержащей ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, способ создания растения или части растения кукурузы, например, кукурузы или ее части с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включает трансформацию растения или части растения, предпочтительно растительной клетки или растительной ткани, более предпочтительно протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия, с помощью одной или нескольких полинуклеиновых кислот, кодирующих одну или несколько последовательностей, выбранных из SEQ ID №№: 2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39, или с помощью полинуклеиновой кислоты, кодирующей последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98.6%, 98.7%, 98.8%, 98.9%, 99%, 99.1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, 99.5%,

99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9% одной или нескольким последовательностям, выбранным из SEQ ID №№: 2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39, желательно по всей длине последовательности и, необязательно, включает регенерацию растения или его части из указанных растительной клетки или ткани, предпочтительно из указанных протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия,

и, необязательно, включает дальнейшее введение полинуклеиновой кислоты, содержащей ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, способ создания растения или части растения кукурузы, например, кукурузы или ее части с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам, включает трансформацию растения или части растения, предпочтительно растительной клетки или растительной ткани, более предпочтительно протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия, с помощью полинуклеиновой кислоты, кодирующей один или несколько из Zm00001d049121, Zm00001d049113, Zm00001d049145, Zm00001d049148, Zm00001d049159, и ZmNLR24892 и, необязательно, включает дальнейшую регенерацию растения или его части из указанных растительной клетки или ткани, предпочтительно из указанных протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия, где

– Zm00001d049121 содержит один или несколько, предпочтительно все, молекулярные маркеры (маркерные аллели) от M1 до M12, предпочтительно M6 и M7;

– Zm00001d049113 содержит один или несколько, предпочтительно все, молекулярные маркеры (маркерные аллели) от M13 до M17;

– Zm00001d049145 содержит один или несколько, предпочтительно все, молекулярные маркеры (маркерные аллели) от M18 до M30;

– Zm00001d049148 содержит один или несколько, предпочтительно все, молекулярные маркеры (маркерные аллели) от M31 до M48; и/или

– Zm00001d049159 содержит один или несколько, предпочтительно все, молекулярные маркеры (маркерные аллели) от M49 до M56;

– ZmNLR24892 содержит один или несколько, предпочтительно все, молекулярные маркеры (маркерные аллели) M57, и/или

– ZmNLR24892 содержит полинуклеиновую кислоту, содержащую один или несколько молекулярных маркеров (маркерных аллелей) от M60 до M68, предпочтительно все, (по крайней мере M63), или состоит из нее;

и, необязательно, включает дальнейшее введение полинуклеиновой кислоты, содержащей ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается растения или части растения кукурузы, которые могут быть получены или которые получают согласно способам получения растения или части растения, предусмотренным настоящим изобретением, описанным в этом документе.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, трансформированное растение или часть растения эндогенно не содержит аллель QTL, согласно изобретению, описанному в этом документе.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, трансформированное растение или часть растения эндогенно не содержит один или несколько молекулярных маркеров (маркерных аллелей), согласно изобретению, описанному в этом документе.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, трансформированное растение или часть растения эндогенно не содержит полинуклеиновую кислоту, согласно изобретению, описанному в этом документе.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, описанные в этом документе способы получения или создания растений или их частей согласно изобретению предусматривают или включают трансгенез и/или редактирование генов, например, CRISPR/Cas (Короткие палиндромные повторы, регулярно расположенные группами совместно с ассоциированными генами), TALEN, ZFN (нуклеаза цинкового пальца), базовое редактирование, прайм-редактирование, мегануклеазы; (индуцированный) мутагенез, который может или не может быть случайным мутагенезом, как например, TILLING.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, описанные в настоящем документе способы получения растений или их частей согласно изобретению, не предусматривают и не включают трансгенез, редактирование генов и/или мутагенез.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, описанные в этом документе способы получения растений или их частей согласно изобретению предусматривают, включают разведение и, по желанию, селекцию или состоят из разведения и, по желанию, селекции.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, описанные в этом документе способы получения растений или их частей согласно изобретению не предусматривают, не включают разведение (и селекцию) и не состоят из разведения (и селекции).

В некоторых вариантах осуществления способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, эндогенный Zm00001d049121 включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:11;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:12;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:11 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 12 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, при этом отсутствуют любой один или несколько, а предпочтительно все молекулярные маркеры от M1 до M12, и/или кодирующая последовательность Zm00001d049121 не включает SEQ ID №:1 или Zm00001d049121 не кодирует белок, имеющий последовательность, представленную в SEQ ID №:2.

В некоторых вариантах осуществления способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, эндогенный Zm00001d049113 включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID № 13;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:14;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:13 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 14 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, при этом отсутствуют любой один или несколько, а предпочтительно все молекулярные маркеры от M13 до M17, и/или кодирующая последовательность Zm00001d049113 не включает SEQ ID №:3 или Zm00001d049113 не кодирует белок, имеющий последовательность, представленную в SEQ ID №:4.

В некоторых вариантах осуществления способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, эндогенный Zm00001d049145 включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:15;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:16;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:15 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 16 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, при этом отсутствуют любой один или несколько, а предпочтительно все молекулярные маркеры от M18 до M30, и/или кодирующая последовательность Zm00001d049145 не включает SEQ ID №:5 или Zm00001d049145 не кодирует белок, имеющий последовательность, представленную в SEQ ID №:6.

В некоторых вариантах осуществления способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, эндогенный Zm00001d049148 включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:17;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:18;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:17 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 18 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше -

минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, при этом отсутствуют любой один или несколько, а предпочтительно все молекулярные маркеры от M31 до M48, и/или кодирующая последовательность Zm00001d049148 не включает SEQ ID №:7 или Zm00001d049148 не кодирует белок, имеющий последовательность, представленную в SEQ ID №:8.

В некоторых вариантах осуществления способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, эндогенный Zm00001d049159 включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:19;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:20;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:19 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 20 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, при этом отсутствуют любой один или несколько, а предпочтительно все молекулярные маркеры от M49 до M56, и/или кодирующая последовательность Zm00001d049159 не включает SEQ ID №:9 или Zm00001d049159 не кодирует белок, имеющий последовательность, представленную в SEQ ID №:10.

В некоторых вариантах осуществления способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, эндогенный ZmNLR24892 (если существует) включает

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую кДНК SEQ ID №:38;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:39;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:38 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, при этом отсутствуют любой один или несколько, а предпочтительно все молекулярные маркеры от M60 до M68, и/или геномная последовательность ZmNLR24892

не включает SEQ ID №:37, и кодирующая последовательность ZmNLR24892 не включает SEQ ID №:38, или ZmNLR24892 не кодирует белок, имеющий последовательность, представленную в SEQ ID №:39.

В одном из аспектов, изобретение относится к способу создания растения или части растения, включающему (a) предоставление первого растения, идентифицированного или созданного согласно изобретению, как описано в настоящем документе, (b) скрещивание указанного первого растения со вторым растением, (c) отбор потомства, содержащего аллель QTL согласно изобретению, любой один или несколько молекулярных маркеров A, B, C или D, любой один или несколько молекулярных маркеров (маркерных аллелей), выбранных из M60 - M68 или M1 - M68, полинуклеотидную последовательность (кодирующую последовательность), изложенную в любой одной или нескольких последовательностях, выбранных из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9, 37, 38 или 44, предпочтительно SEQ ID №: 38 или 44 (или имеющую последовательность кДНК, выбранную из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 или 38, предпочтительно SEQ ID №: 38) или включающего последовательность, идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% одной или нескольким последовательностям, выбранным из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9, 37, 38 или 44, предпочтительно SEQ ID №: 38 или 44 (или имеющую последовательность кДНК, выбранную из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 или 38, предпочтительно SEQ ID №: 38), предпочтительно по всей длине последовательности, и/или полинуклеотидную последовательность, кодирующую белок, как указано в любой одной или нескольких последовательностях, выбранных из SEQ ID №№: 2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №: 39, или кодирующую белок, включающий последовательность, идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% одной или нескольким последовательностям, выбранным из SEQ ID №№: 2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39, желательно по всей длине последовательности; и, необязательно (d) сбор урожая или получение указанного растения или его части от указанных потомков,

где, необязательно, указанное первое и/или второе растение содержит ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1 и где отобранные растения-потомки содержат ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

Термин "патоген" в этом документе обычно означает любой тип инфекционного агента, агента, способного вызвать (инфекционное) заболевание, и включает, без ограничений, вирус, бактерию, простейших, прионы, вироид или гриб (включая дрожжи). Кроме того, термином "патоген", используемым в настоящем документе, как правило, охватываются паразиты такие как, насекомые или черви, а также паразитические растения или водоросли.

В некоторых случаях термин "патоген" в этом документе относится к грибным патогенам. В некоторых случаях термин "патоген" в этом документе означает грибной патоген рода Exserohilum (синоним Helminthosporium). В некоторых случаях термин "патоген" в этом документе означает грибной патоген вида Exserohilum turcicum (синоним Helminthosporium turcicum). В некоторых случаях термин "патоген" в этом документе означает патоген, вызывающий северный гельминтоспориоз.

В этом документе Exserohilum turcicum может использоваться как взаимозаменяемый термин с Helminthosporium turcicum. Exserohilum turcicum является анаморфой Setosphaeria turcica. Exserohilum turcicum/Setosphaeria turcica относятся к типу Ascomycota, отряду Pleosporales и семейству Pleosporaceae. Exserohilum turcicum вызывает такую болезнь растений, как северный гельминтоспориоз. Самым распространенным диагностическим симптомом северного гельминтоспориоза кукурузы является сигарообразные (эллиптические) некротические серо-зеленые поражения на листьях длиной несколько сантиметров.

В одном из аспектов, изобретение касается растения или части растения кукурузы, полученного или такого, которое может быть получено способами согласно изобретению, описанному в настоящем документе, например, способами идентификации растения или его части или способами создания растения или его части. Изобретение также касается потомков таких растений.

В одном из аспектов, изобретение касается растения или части растения кукурузы, содержащих аллель QTL на хромосоме 4 согласно изобретению, описанному в этом документе, необязательно содержащих аллель QTL устойчивости/толерантности на хромосоме 8 или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость/толерантность. Предпочтительно, ген или аллель RLK1 выбирают из генов или аллелей RLK1, содержащихся в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2. В некоторых вариантах осуществления изобретения, аллель (аллели)

QTL или ген/аллель RLK1 является (являются) гомозиготным (гомозиготными). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель (аллели) QTL или ген/аллель RLK1 является (являются) гетерозиготным (гетерозиготными). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL хромосомы 4 является гомозиготным, а аллель QTL хромосомы 8 или ген/аллель RLK1 является гетерозиготным. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, аллель QTL хромосомы 4 является гетерозиготным, а аллель QTL хромосомы 8 или ген/аллель RLK1 является гомозиготным.

В одном из аспектов, изобретение относится к растению или части растения кукурузы, содержащим любой один или несколько молекулярных маркеров (маркерных аллелей), в соответствии с изобретением, описанным в этом документе. В одном из вариантов осуществления изобретения, молекулярный маркер (маркерный аллель) является гомозиготным. В некоторых вариантах осуществления, молекулярный маркер (аллель) является гетерозиготным.

В одном из аспектов, изобретение относится к растению или части растения кукурузы, содержащим любую одну или несколько полинуклеиновых кислот, в соответствии с описанным изобретением. В некоторых вариантах осуществления, полинуклеиновая кислота является гомозиготной. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота является гетерозиготной.

В некоторых вариантах осуществления, растение или часть растения кукурузы не являются кукурузой линии H102 или ее частью.

В некоторых вариантах осуществления, растение кукурузы не является разновидностью кукурузы.

В некоторых вариантах осуществления, растение или часть растения кукурузы являются трансгенными, генно-редактированными или мутагенными. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, растение часть растения кукурузы являются трансгенными, отредактированными или мутагенными для того, чтобы содержать аллель QTL, один или несколько молекулярных маркеров (аллелей) или одну или несколько полинуклеиновых кислот, согласно описанному изобретению.

В одном из аспектов, изобретение касается растения или части растения кукурузы, которые могут быть трансгенными или мутагенными, (экзогенно)

содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими Zm00001d049121, где Zm00001d049121 кодирует

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую ДНК SEQ ID №:1;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:2;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:1 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M1 до M12, предпочтительно M6 и M7, более предпочтительно - все,

необязательно, дополнительно содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается кукурузы или ее части, которые могут быть трансгенными или мутагенными, (экзогенно) содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими Zm00001d049113, где Zm00001d049113 кодирует

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую ДНК SEQ ID №:3;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:4;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:3 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M13 до M17, предпочтительно все,

необязательно, дополнительно содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается кукурузы или ее части, которые могут быть трансгенными или мутагенными, (экзогенно) содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими Zm00001d049145, где Zm00001d049145 кодирует

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую ДНК SEQ ID №:5;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:6;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:5 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше

- минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M18 до M30, предпочтительно все,

необязательно, дополнительно содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается кукурузы или ее части, которые могут быть трансгенными или мутагенными, (экзогенно) содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими Zm00001d049148, где Zm00001d049148 кодирует

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую ДНК SEQ ID №:7;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:8;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:7 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M31 до M48, предпочтительно все,

необязательно, дополнительно содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается кукурузы или ее части, которые могут быть трансгенными или мутагенными, (экзогенно) содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими Zm00001d049159, где Zm00001d049159 кодирует

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую ДНК SEQ ID №:9;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:10;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:9 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M49 до M56, предпочтительно все,

необязательно, дополнительно содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается кукурузы или ее части, которые могут быть трансгенными или мутагенными, (экзогенно) содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими ZmNLR24892, где ZmNLR24892 кодирует

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую ДНК SEQ ID №:38;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:39;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:38 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №: 39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров M57,

необязательно, дополнительно содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается кукурузы или ее части, которые могут быть трансгенными или мутагенными, (экзогенно) содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими ZmNLR24892, где ZmNLR24892 кодирует

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую ДНК SEQ ID №:38;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:39;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:38 хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, желательно - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:39 хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, желательно - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M60 до M68, предпочтительно M63,

необязательно, дополнительно содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается кукурузы или ее части, которые могут быть трансгенными или мутагенными, (экзогенно) содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими ZmNLR24892, где ZmNLR24892 кодирует

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую (геномную) последовательность SEQ ID №:37;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:39;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:37 хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, желательно - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:39 хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,8%, 98,9% или 99%, желательно - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M60 до M68, предпочтительно M63, или фланкирована M61 и/или M62, предпочтительно и одним, и другим,

необязательно, дополнительно содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

В одном из аспектов, изобретение касается кукурузы или ее части, которые могут быть трансгенными или мутагенными, (экзогенно) содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими ZmNLR24892, где ZmNLR24892 кодирует

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую (геномную) последовательность SEQ ID №:44;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:39;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:44 хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, желательно - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:39 хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, желательно - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров от M60 до M68, предпочтительно M63, или фланкирована M61 и/или M62, предпочтительно и одним, и другим,

необязательно, дополнительно содержащими и/или (рекомбинантно) экспрессирующими ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1.

Как описано в других частях этого документа, в некоторых вариантах осуществления изобретения, такое растение или растительная часть эндогенно не содержат указанные полинуклеиновые кислоты.

В одном из аспектов, изобретение касается (выделенной) полинуклеиновой кислоты, содержащей аллель QTL на хромосоме 4, согласно описанному изобретению.

В одном из аспектов, изобретение касается (выделенной) полинуклеиновой кислоты, содержащей один или несколько молекулярных маркеров (маркерных аллелей), согласно описанному изобретению.

В одном из аспектов, изобретение касается (выделенной) полинуклеиновой кислоты, содержащей

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую ДНК SEQ ID №:1;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:2;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:1 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на

99,1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%,

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i) до (v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров из M1-M12, предпочтительно M6 и M7, более предпочтительно все.

В одном из аспектов, изобретение касается (выделенной) полинуклеиновой кислоты, содержащей

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую ДНК SEQ ID №:3;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:4;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:3 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%,

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров из M13-M17, предпочтительно все.

В одном из аспектов, изобретение касается (выделенной) полинуклеиновой кислоты, содержащей

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую ДНК SEQ ID №:5;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:6;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:5 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%,

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот, предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров из M18 - M30, предпочтительно все.

В одном из аспектов, изобретение касается (выделенной) полинуклеиновой кислоты, содержащей

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую ДНК SEQ ID №:7;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:8;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:7 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%,

98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%,

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров из M31-M48, предпочтительно все.

В одном из аспектов, изобретение касается (выделенной) полинуклеиновой кислоты, содержащей

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую ДНК SEQ ID №:9;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:10;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:9 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, еще лучше - минимум на 99,1%, 99.2%, 99.3%, 99.4%, или 99.5%, лучше всего - минимум на 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9%,

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров из M49-M56, предпочтительно все.

В одном из аспектов, изобретение касается (выделенной) полинуклеиновой кислоты, содержащей

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую ДНК SEQ ID №:38;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:39;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:38 хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, желательно - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:39 хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, желательно - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров M57.

В одном из аспектов, изобретение касается (выделенной) полинуклеиновой кислоты, содержащей

(i) нуклеотидную последовательность, имеющую ДНК SEQ ID №:38;

(ii) нуклеотидную последовательность, кодирующую аминокислотную последовательность, имеющую аминокислотную последовательность SEQ ID №:39;

(iii) нуклеотидную последовательность, идентичную последовательности SEQ ID №:38 ID №:38 хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, желательно - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(iv) нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид, идентичный последовательности SEQ ID №:39 хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9% или 99%, желательно - минимум на 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4% или 99,5%, лучше всего - минимум на 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%;

(v) нуклеотидную последовательность, гибридизирующуюся с обратным комплементом нуклеотидной последовательности, определенной в пунктах (i) или (ii), при жестких условиях гибридизации; или

(vi) нуклеотидную последовательность, кодирующую белок, полученный из аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью, определенной в пунктах (i)-(v) путем субституции, делеции и/или добавления одной или нескольких аминокислот,

предпочтительно, где указанная нуклеотидная последовательность включает один или несколько молекулярных маркеров из M60 - M68, предпочтительно M63.

В некоторых аспектах изобретение относится к (уникальным) фрагментам вышеупомянутых полинуклеиновых кислот изобретения, предпочтительно не менее чем из 15 нуклеотидов.

В одном из аспектов, изобретение касается полинуклеиновой кислоты, содержащей кодирующую последовательность, или последовательность, кодирующую последовательность, выбранную из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 и 38, предпочтительно SEQ ID №:38, которая хотя бы на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% идентична любой последовательности, выбранной из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9 и 38, предпочтительно SEQ ID №:38, желательно по всей длине, или кодирующую полипептид, выбранный из SEQ ID №№: 2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39, или полипептид, который по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% идентичен любой последовательности из SEQ ID №№:

2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39, желательно по всей длине, или ее (уникальному) фрагменту, предпочтительно длиной не менее чем из 15 нуклеотидов.

В одном из аспектов, изобретение касается полинуклеиновой кислоты, содержащей последовательность, выбранную из SEQ ID №№: 37 и 44, или последовательность, которая по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99.4%, 99.5%, 99.6%, 99.7%, 99.8% или 99.9% идентична любой последовательности из SEQ ID №№: 37 и 44, желательно по всей длине, или ее (уникальному) фрагменту, предпочтительно длиной не менее чем из 15 нуклеотидов.

В одном из аспектов, изобретение касается полинуклеиновой кислоты, специфически гибридизирующейся с любой нуклеотидной последовательностью из SEQ ID №№:1, 3, 5, 7, 9, 37, 38 или 44, предпочтительно из SEQ ID №№: 38 или 44, или с нуклеотидной последовательностью, кодирующей любую белковую последовательность из SEQ ID №№:2, 4, 6, 8, 10 и 39, предпочтительно SEQ ID №:39, или с ее комплементом или обратным комплементом. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота является праймером (ПЦР) или зондом (гибридизации). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота является аллель-специфическим праймером или зондом. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота является праймером KASP.

В некоторых вариантах, полинуклеиновая кислота содержит не менее 15 нуклеотидов, например, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24 или 25 нуклеотидов, или, например, не менее 30, 35, 40, 45 или 50 нуклеотидов, или например, не менее 100, 200, 300 или 500 нуклеотидов.

В некоторых вариантах осуществления изобретения полинуклеиновая кислота содержит не более 1500 нуклеотидов, например, 1200, 1000, 800, 600, 400, 200 нуклеотидов, или, например, не более 100, 80, 60, 50, 40, 30 нуклеотидов.

В некоторых вариантах осуществления полинуклеиновая кислота содержит не менее 15 нуклеотидов, например, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, или 25 нуклеотидов, или, например не менее 30, 35, 40, 45 или 50 нуклеотидов, или например, не менее 100, 200, 300 или 500 нуклеотидов, и полинуклеиновая кислота содержит не более 1500

нуклеотидов, например 1200, 1000, 800, 600, 400, 200 нуклеотидов, или не более 100, 80, 60, 50, 40, 30 нуклеотидов.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеотид включает в себя или состоит из любой SEQ ID №№: 65 - 68 или ее (уникального) фрагмента длиной не менее 15 нуклеотидов и содержит указанный однонуклеотидный полиморфизм (SNP) (как приведено в Таблице А), его комплемент или обратный комплемент, предпочтительно, где указанный однонуклеотидный полиморфизм (SNP) является самым большим 3' нуклеотидом, вторым по величине 3' нуклеотидом или третьим по величине 3' нуклеотидом, желательно самым большим 3' нуклеотидом.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеотид включает или состоит из любой SEQ ID №№: 72-74 или ее (уникального) фрагмента не менее чем из 15 нуклеотидов и содержит указанный однонуклеотидный полиморфизм (SNP) (как приведено в Таблице 4 или Таблице 1Г), его комплемент или обратный комплемент, предпочтительно, где указанный однонуклеотидный полиморфизм (SNP) является самым большим 3' нуклеотидом, вторым по величине 3' нуклеотидом или третьим по величине 3' нуклеотидом, предпочтительно самым большим по величине 3' нуклеотидом. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеотид включает в себя или состоит из любой из SEQ ID №№: 71-74 или ее (уникального) фрагмента не менее чем из 15 нуклеотидов и содержит указанный однонуклеотидный полиморфизм (SNP) (как приведено в Таблице 4), его комплемент или обратный комплемент, предпочтительно, где указанный однонуклеотидный полиморфизм (SNP) является самым большим 3' нуклеотидом, вторым по величине 3' нуклеотидом или третьим по величине 3' нуклеотидом, предпочтительно самым большим по величине 3' нуклеотидом.

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеотид включает в себя или состоит из любой SEQ ID №№:56-64, ее комплемента или обратного комплемента, или не менее чем из 15 последних нуклеотидов любой SEQ ID №№: 56-64, ее комплемента или обратного комплемента.

В одном из аспектов, изобретение касается (выделенной) полинуклеиновой кислоты, содержащей (молекулярный) маркер (аллель) изобретения, или комплемент или обратный комплемент (молекулярного) маркера (аллеля) изобретения. В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается полинуклеиновой кислоты, содержащей хотя бы 10 сцепленных нуклеотидов, желательно - не менее 15 сцепленных нуклеотидов, лучше всего - не

менее 20 сцепленных нуклеотидов (молекулярного) маркера (аллеля) изобретения, или комплемента, или обратного комплемента (молекулярного) маркера (аллеля) некоторых вариантах осуществления, изобретение касается полинуклеиновой кислоты, содержащей хотя бы 10 сцепленных нуклеотидов, желательно - не менее 15 сцепленных нуклеотидов, лучше всего - не менее 20 сцепленных нуклеотидов любой из SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9, 37, 38 или 44 или SEQ ID №№:71-74 или 72-74, или комплемента или обратного комплемента любой из SEQ ID №№:1, 3, 5, 7, 9, 37, 38 или 44 или SEQ ID №№:71-74 или 72-74. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота способна различать (молекулярный) маркер (аллель) изобретения и немолекулярный маркерный аллель, например, специфически гибридизироваться с (молекулярным) маркерным аллелем изобретения. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота способна гибридизироваться с уникальным нуклеотидным фрагментом или с участком любой SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9, 37, 38 или 44 или SEQ ID №№: 71-74 или 72-74, или с комплементом или обратным комплементом любой SEQ ID №№: 1, 3, 5, 7, 9, 37, 38 или 44 или SEQ ID №№: 71-74 или 72-74. Следует понимать, что уникальный участок или фрагмент предпочтительно относится к участку или фрагменту, содержащему однонуклеотидный полиморфизм (SNP) или соответствующие маркерные аллели (например инсерционно-делеционный полиморфизм) изобретения (например маркерные аллели A, B, C, D или M60-M68 или M1-M68), или относится к участку или фрагменту, содержащему 5' или 3' соединение вставки маркерного аллеля изобретения, или относится к участку или фрагменту, содержащему вставку маркерного аллеля изобретения (например, маркерный аллель M7), или относится к участку или фрагменту, содержащему соединение делеции маркерного аллеля изобретения (например, маркерного аллеля M6). В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, полинуклеиновая кислота, ее комплемент или обратный комплемент не гибридизируются (существенно) с (геномной) ДНК, происходящей из инбредной линии кукурузы B73, или не связываются с ней. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, последовательность полинуклеиновой кислоты или ее комплемента, или обратного комплемента не встречаются или не присутствуют в инбредной линии кукурузы B73.

Следует понимать, что "специфически гибридизируется" означает, что полинуклеиновая кислота гибридизируется с (молекулярным) маркерным аллелем (например, (например, при жестких условиях гибридизации, определенных в этом документе), но не не гибридизируется (по сути) с полинуклеиновой кислотой, которая не содержит маркерного маркерного аллеля, или которая (по сути) не может быть использована как праймер ПЦР. Например, в соответствующем считывании, сигнал гибридизации с маркерным аллелем или ПЦР-амплификация маркерного аллеля по крайней мере в 5 раз, а то и в 10 раз сильнее или больше, чем сигнал гибридизации с немаркерным аллелем или любой другой последовательностью. В одном из аспектов, изобретение касается набора, содержащего такие полинуклеиновые кислоты, как праймеры (прямые и/или обратные праймеры) и/или зонды. Набор может дополнительно содержать инструкцию по использованию.

Следует понимать, что в вариантах осуществления изобретения, которые касаются набора прямых и обратных праймеров, только один из двух праймеров (прямой или обратный) может быть способным различать (молекулярный) маркерный аллель изобретения от немаркерного аллеля, и поэтому может быть уникальным. Другой праймер может или не может быть способным различать (молекулярный) маркерный аллель изобретения от немаркерного аллеля и, следовательно, может быть уникальным.

В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается набора праймеров, включающего праймер, содержащий SEQ ID №:56 или состоящий из SEQ ID №:56, праймер, содержащий SEQ ID №:57 или состоящий из SEQ ID №:57 и, необязательно, праймер, содержащий SEQ ID №:58 или состоящий из SEQ ID №:58.

В некоторых вариантах осуществления, изобретение касается набора праймеров, включающего праймер, содержащий SEQ ID №:59 или состоящий из SEQ ID №:59, праймер, содержащий SEQ ID №:60 или состоящий из SEQ ID №:60 и, необязательно, праймер, содержащий SEQ ID №:61 или состоящий из SEQ ID №:61.

В одном из вариантов реализации, изобретение касается набора праймеров, включающего праймер, содержащий SEQ ID №:62 или состоящий из SEQ ID №:62, праймер, содержащий SEQ ID №:63 или состоящий из SEQ ID №:63 и, необязательно, праймер, содержащий SEQ ID №:64 или состоящий из SEQ ID №:64.

Последовательности праймеров для выявления маркерных аллелей M60 - M63 изложенны ниже, в таблице A. Однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs) в маркерных

последовательностях указаны между квадратными скобками [ ]. Донорский аллель H102 соответствует SNP, обусловливающему устойчивость к Ht.

Таблица A

Маркер	праймер_X-аллель	праймер_Y-алель	Праймер обычный	X-аллель	Y-аллель	H102 аллель донор	Последовательность маркеров	Направление	Положение AGPv04 B73	Положение v3 H102
M60	gaaggtgaccaagttcattatacttgaggctatatatctttcc SEQ ID №:56	gaaggtcggagtcaaccagtattachttgaggctatattctttttttcg SEQ ID №:57	gacttgcagcatatctgttcgta SEQ ID №:58	C	G	C	ttttttaggagctttttatataagttaggctatatattttttttttataaggtt SEQ ID №:65	F	-	14809915
M61	gaaggtgaccattgcttattatagtaagccaagtgg SEQ ID №:59	raaggtcggagtcaaccagtattattaagtacccaagtgaactga SEQ ID №:60	ggcatacgcgggcagtaccttt SEQ ID №:61	G	A	A	tacggggcggttatagattcgaccataccggggcgcagtattacttatttttgggtttataataattagttttttttttttttttttttttttttttttttttataataat SEQ ID №:66 (1)	P	16139405	14796545
M62	gaaggtgaccattgctcagtgcagtgcaggcagagaatgtgacc SEQ ID №:62	raaggtcgggagtcaacgattcagtgcagtgcagaatgtgacg SEQ ID №:63	cagtgaccaatgattatacttgcaa SEQ ID №:64	C	G	G	cccgggaggcagtgaccatgattgatatatacttttctgactttgactc[g/c]gtcacattctgcactgcactgcactagtagtagctttgtttgttgtaga	P	16170861	14946261

							SEQ ID №:67 (2)			
M63				G	A	G	ggttcaggacttgagcgaaccaaacacca[g/a]aagtcctcgtatatacttcaagtttggaaa SEQ ID №:68	F	-	14813366

(1) Поскольку маркер находится в обратном направлении, соответствующим нуклеотидом в (прямой) последовательности генома является T

(2) Поскольку маркер находится в обратном направлении, соответствующим нуклеотидом в (прямой) последовательности генома является G

В одном из аспектов, изобретение касается вектора, содержащего (выделенную) полинуклеиновую кислоту согласно описанному изобретению. В некоторых вариантах осуществления изобретения, вектор представляет собой (растительный) экспрессионный вектор. В некоторых вариантах осуществления изобретения, вектор является индуцибельным (растительным) вектором экспрессии. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, экспрессия является тканеспецифической или органоспецифической. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, экспрессия является специфической для развития. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, экспрессия является тканеспецифической или органоспецифической и специфической для развития.

В настоящем документе термин "вектор" имеет значение обычное в данной области техники и, может, например, быть плазмидой, космидой, фаговым или экспрессионным вектором, вектором трансформации, челночным вектором или вектором клонирования; он может быть двухцепочечным или одноцепочечным, линейным или кольцевым; или он может трансформировать прокариотического или эукариотического хозяина путем интеграции в его геном, или экстрахромосомно. Нуклеиновую кислоту, согласно изобретению, предпочтительно оперативно соединяют в векторе с одной или несколькими регуляторными последовательностями, которые обеспечивают транскрипцию и, необязательно, экспрессию в прокариотической или эукариотической клетке-хозяине. Согласно изобретению, регуляторная

последовательность - предпочтительно ДНК - может быть гомологичной или гетерологичной по отношению к нуклеиновой кислоте. Например, нуклеиновая кислота находится под контролем соответствующего промотора или терминатора. Соответствующими промоторами могут быть промоторы, которые конститутивно индуцируются (например: 35S промотор из "Вируса мозаики цветной капусты" (Odell et al., 1985); особенно подходят те промоторы, которые являются тканеспецифическими (например: специфические для пыльцы промоторы, Chen et al. (2010), Zhao et al. (2006), или Twell et al. (1991)), или специфическими для развития (например, промоторы, специфические для цветения). Подходящими промоторами могут быть также синтетические или химерные промоторы, которые не встречаются в природе, состоят из нескольких элементов и содержат минимальный промотор, а также по крайней мере один цис-регуляторный элемент, который служит местом связывания для специальных факторов транскрипции и расположен перед минимальным промотором. Химерные промоторы могут быть сконструированы в соответствии с желаемыми специфичностями и индуцироваться или подавляться с помощью различных факторов. Примеры таких промоторов можно найти в работах Gurr & Rushton (2005) или в работах Venter (2007). Например, соответствующим терминатором является терминатор нопалин синтетазы (NOS) (Depicker et al., 1982). Вектор может быть введен путем конъюгации, мобилизации, биологической трансформации, трансформации опосредованной агробактериями, трансфекции, трансдукции, вакуумной инфильтрации или электропорации. Вектор может быть плазмидой, космидой, фаговым или экспрессионным вектором, вектором трансформации, челночным вектором или вектором клонирования; он может быть двухцепочечным или одноцепочечным, линейным или кольцевым. Вектор может трансформировать прокариотического или эукариотического хозяина путем интеграции в его геном, или позахромосомно.

В этом документе термин "оперативно сцепленный" или "операционно сцепленный" означает соединенный в общей молекуле нуклеиновой кислоты таким образом, при котором соединенные элементы размещены и ориентированы друг относительно друга таким образом, при котором может происходить транскрипция молекулы нуклеиновой кислоты. ДНК, которая оперативно соединена с промотором, находится под транскрипционным контролем этого промотора. В одном из аспектов, изобретение касается использования полинуклеиновой кислоты или вектора согласно

описанному изобретению, для получения растения или части растения кукурузы, имеющей повышенную устойчивость и/или толерантность к патогенам.

В некоторых вариантах, вектор является вектором экспрессии. Нуклеиновая кислота, предпочтительно, оперативно соединена в векторе с одной или несколькими регуляторными последовательностями, которые обеспечивают транскрипцию и, необязательно, экспрессию в прокариотической или эукариотической клетке-хозяине. Регуляторная последовательность может быть гомологичной или гетерологичной по отношению к нуклеиновой кислоте. Например, нуклеиновая кислота находится под контролем соответствующего промотора или терминатора. Соответствующими промоторами могут быть промоторы, которые конститутивно индуцируются, например, 35S промотор из "Вируса мозаики цветной капусты" (Odell et al., 1985. Identification of DNA sequences required for activity of the cauliflower mosaic virus 35S promoter). Тканеспецифические промоторы, например, специфические для пыльцы промоторы, описанные в работах Chen et al. (2010. Molecular Biology Reports 37(2):737-744), Zhao et al. (2006. Planta 224(2): 405-412), или Twell et al. (1991. Genes & Development 5(3): 496-507), являются особенно подходящими, как и специфические для развития промоторы, например, промоторы, специфические для цветения. Пригодными промоторами также могут быть синтетические или химерные промоторы, которые не встречаются в природе и состоят из нескольких элементов. Такой синтетический или химерный промотор может содержать минимальный промотор, а также по крайней мере один цис-регуляторный элемент, который служит местом связывания специальных факторов транскрипции. Химерные промоторы могут быть сконструированы в соответствии с желаемой спецификой и могут быть индуцированы или репрессированы с помощью различных факторов. Примеры таких промоторов можно найти в работах Gurr & Rushton (2005. Trends in Biotechnology 23(6): 275-282) или в работах Venter (2007. Trends in Plant Science: 12(3):, 118-124). Например, соответствующим терминатором является терминатор нопалин синтетазы (NOS) (Depicker et al., 1982. Journal of Molecular and Applied Genetics 1(6): 561-573).

В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, вектор является условным вектором экспрессии. В некоторых вариантах осуществления изобретения, вектор является конститутивным вектором экспрессии. В некоторых вариантах осуществления изобретения, вектор является тканеспецифическим вектором экспрессии, например, специфическим для пыльцы вектором экспрессии. В некоторых вариантах осуществления

настоящего изобретения, вектор является индуцибельным вектором экспрессии. Все такие векторы хорошо известны в данной области техники.

Способы получения описанных векторов являются общеизвестными для данной области (Sambrook et al., 2001).

Кроме того, в настоящем документе предусмотрена клетка-хозяин, например, растительная клетка, которая содержит описанную здесь нуклеиновую кислоту, предпочтительно, нуклеиновую кислоту, способствующую индукции или нуклеиновую кислоту, кодирующую двухцепочечную РНК или вектор, описанные в настоящем документе. Клетка-хозяин может содержать нуклеиновую кислоту в виде позахромосомной (эписомной) реплицирующейся молекулы или включать нуклеиновую кислоту, интегрированную в ядерный или пластидный геном клетки-хозяина, или в виде введенной (внедренной) хромосомы, например, минихромосомы.

Клеткой-хозяином может быть прокариотическая (например, бактерия) или эукариотическая клетка (например, растительная клетка или клетка дрожжей). Например, клеткой-хозяином может быть агробактерия, такая, как например Agrobacterium tumefaciens или Agrobacterium rhizogenes. Предпочтительно, клетка-хозяин является растительной клеткой.

В одном из аспектов, изобретение касается использования полинуклеиновой кислоты или вектора, согласно описанному изобретению, для идентификации растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам.

Нуклеиновую кислоту или вектор, описанные в этом документе, можно внедрять в клетку-хозяина с помощью известных методов, которые могут зависеть от выбранной клетки-хозяина, включая, например, конъюгацию, мобилизацию, биологическую трансформацию, трансформацию, опосредованную агробактериями, трансфекцию, трансдукцию, вакуумную инфильтрацию или электропорацию. В частности, методы введения нуклеиновой кислоты или вектора в клетку агробактерии хорошо известны специалистам и могут включать методы конъюгации или электропорации. Также известны методы введения нуклеиновой кислоты или вектора в клетку растения (Sambrook et al., 2001), которые могут включать различные методы трансформации, такие как биолитическая трансформация и трансформация, опосредованная агробактериями.

В конкретных вариантах осуществления, настоящее изобретение касается трансгенной растительной клетки, которая содержит нуклеиновую кислоту, описанную в этом документе, в частности нуклеиновую кислоту, способствующую индукции, или нуклеиновую кислоту, кодирующую двухцепочечную РНК в качестве трансгена или вектора, описанных в этом документе. В дальнейших вариантах осуществления, это изобретение касается трансгенного растения или части растения, которые включают трансгенную растительную клетку.

Например, такая трансгенная растительная клетка или трансгенное растение представляет собой растительную клетку или растение, которое, предпочтительно стабильно трансформировано нуклеиновой кислотой, описанной в этом документе, в частности нуклеиновой кислотой, способствующей индукции, или нуклеиновой кислотой, кодирующей описанную двухцепочечную РНК или вектор.

Предпочтительно, нуклеиновая кислота в трансгенной растительной клетке оперативно соединена с одной или несколькими регуляторными последовательностями, которые обеспечивают транскрипцию и, необязательно, экспрессию в растительной клетке. Регуляторная последовательность может быть гомологичной или гетерологичной по отношению к нуклеиновой кислоте. Общая структура, состоящая из нуклеиновой кислоты согласно изобретению и регуляторной (регуляторных) последовательности (последовательностей), может представлять собой трансген.

В одном из аспектов, изобретение касается использования одного или нескольких (молекулярных) маркеров (аллелей), описанных в этом документе, для идентификации растения или части растения, имеющих повышенную устойчивость и/или толерантность к патогенам. В одном из аспектов, изобретение касается использования одного или нескольких из описанных здесь (молекулярных) маркеров (аллелей), которые способны выявлять по крайней мере один диагностический маркерный аллель для идентификации растения или части растения с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам. В одном из аспектов, изобретение касается выявления одного или нескольких описанных здесь (молекулярных) маркерных аллелей для идентификации растения или части растения с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогенам.

Маркерные аллели изобретения, описанные в этом документе, могут быть диагностическими маркерными аллелями, которые можно использовать для идентификации растений или частей растений, имеющих повышенную устойчивость и/или толерантность к патогенам.

В одном из аспектов, изобретение касается растения или части растения, такой как протопласт, содержащий полинуклеиновую кислоту или вектор согласно описанному изобретению.

В одном из аспектов, изобретение касается способа контроля заражения растения (популяции) кукурузы патогеном, который включает

a) Предоставление растения (растений) кукурузы согласно описанному изобретению или его (их) выращивание из семян,

b) разведение растения (растений) a) в условиях заражения патогеном.

В некоторых вариантах осуществления изобретения, заражение патогенами уменьшается. В определенных - заражение патогеном задерживается. В некоторых вариантах осуществления изобретения, симптомы, вызванные патогенами, уменьшаются. В определенных - симптомы задерживаются. В некоторых вариантах осуществления изобретения, инвазия и симптомы уменьшаются или их развитие задерживается. В некоторых вариантах осуществления изобретения, уменьшается количество поражений, например, среднее или значительное количество поражений растения или, среднее или значительное количество поражений популяции растений (например, выраженное в количестве растений на площадь посадки, например, на гектар). Уменьшение количества поражений может составлять не менее 5%, лучше если 10%, еще лучше если 20%. Задержка заражения или появления симптомов, вызванных патогеном может составлять одну неделю, лучше если две недели, еще лучше если один месяц.

Описанные в этом документе растения, части растений или популяции растений, имеющие повышенную устойчивость или толерантность к патогенам, могут быть использованы для контроля заражения или инфицирования патогенами. Соответственно, в одном из аспектов, изобретение касается использования таких растений для контроля заражения или инфицирования патогенами. Предпочтительно заражение патогеном или инфекцию контролируют путем уменьшения заражения патогеном или инфекции или путем уменьшения проявления симптомов заражения патогеном или инфекции на уровне растения, части растения или популяции растения, как описано ниже.

В некоторых вариантах осуществления изобретения, повышенная устойчивость или толерантность может проявляться как уменьшение инфекции или заражения

(например, количества патогенов (например, на площадь растения или на растительную биомассу), уменьшение размножения или распространения/распределения патогенов, а также также уменьшение скорости распространения патогенов, например, в определенное время в время в течение (вегетационного) периода) на (суб)растительном уровне (например, на уровне отдельных клеток, органов или тканей, пригодных для сбора частей растения или, например, на уровне листьев, стебля, плодов или семян) или на уровне популяции, например, уменьшение хотя бы на 5%, желательно - хотя бы на 10%, лучше - минимум на 20%, еще лучше - минимум на 30%, еще лучше - минимум на 40%, или минимум на 50%, или минимум на 60%, или минимум на 70%, или минимум на 80%, или минимум на 90%, а лучше всего – приблизительно на 100%. На популяционном уровне повышенная устойчивость или толерантность может проявляться как уменьшение инфекции или заражения, описанных выше, а также, как уменьшение количества зараженных растений (или их комбинации), например, уменьшение хотя бы на 5%, желательно - хотя бы на 10%, лучше - минимум на 20%, еще лучше - минимум на 30%, еще лучше - минимум на 40%, или минимум на 50%, или минимум на 60%, или минимум на 70%, или минимум на 80%, или минимум на 90% а лучше всего – приблизительно на 100%. Следует понимать, что такое снижение инфекции или заражения может быть относительно эталонного растения (части) или популяции (например, соответствующего растения дикого типа, не соответствующего изобретению).

В некоторых вариантах осуществления, повышенная устойчивость или толерантность может проявляться в уменьшении потерь биомассы или урожая в целом или определенной (пригодной для уборки) части растения (например, количества или веса семян, или плодов) из-за или вследствие инфицирования патогеном. В некоторых вариантах осуществления изобретения, устойчивые или толерантные растения, соответствующие описанному в данной статье изобретению демонстрируют более низкую потерю продукции биомассы (например, выраженную в г/сутки, кг/га или кг/га/сутки, например, выраженную в сухом веществе или процентах от массы) под влиянием патогенной инфекции, чем соответствующее менее устойчивое или толерантное контрольное растение, или растение, которое не является таковым хотя бы на 1%, желательно - хотя бы на 2%, лучше - минимум на 3%, минимум на 4%, минимум на 5%, минимум на 10%, минимум на 15%, минимум на 20% или более. В некоторых вариантах осуществления изобретения, устойчивые или толерантные растения соответствующие описанному в данной статье изобретению демонстрируют более высокую продукцию биомассы (например, выраженную в г/сутки, кг/га или кг/га/сутки, например, выраженную в

сухом веществе или в процентах массы) при инфицировании патогеном, чем соответствующее менее устойчивое или толерантное контрольное растение, или растение, которое не является таковым, хотя бы на 1%, желательно - хотя бы на 2%, лучше - минимум на 3%, минимум на 4%, минимум на 5%, минимум на 10%, минимум на 15%, минимум на 20% или более.

В этом документе термин "потенциал урожайности" означает максимальный урожай, который можно получить во время уборки урожая.

В одном из аспектов, изобретение связано с использованием растения кукурузы в соответствии с описанным здесь изобретением для контроля заражения патогенами в растении (популяции) кукурузы.

В одном из аспектов, изобретение связано с использованием растения кукурузы в соответствии с описанным здесь изобретением для повышения урожайности (потенциала) растения, предпочтительно в условиях заражения патогенами. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, выход - это биомасса или выход семян. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, указанная биомасса является цельной биомассой растения или биомассой его части. В некоторых вариантах осуществления настоящего изобретения, указанная часть растения является тканью, органом, плодом или семенами.

В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M1. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M2. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M3. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M4. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M5. В

определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M6. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M7. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в этом документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярные маркеры (аллели) M6 и M7. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M8. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M9. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M10. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M11. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M12. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M13. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M14. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M15. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M16. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы

содержит молекулярный маркер (аллель) M17. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M18. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M19. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M20. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M21. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M22. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M23. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M24. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M25. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M25. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M27. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M28. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований,

описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M29. В определенном варианте реализации способов, растений, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M30. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M31. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M32. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M33. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M34. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M35. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M36. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M37. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M38. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M39. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M40. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M41. В определенном варианте реализации способов,

растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M42. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M43. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M44. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M45. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M46. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M47. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M48. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M49. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M50. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M51. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M52. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит

молекулярный маркер (аллель) M53. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M54. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M55. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M56. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M57. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M60. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M61. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M62. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M63. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M64. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, кукуруза или ее часть содержит молекулярный маркер (аллель) M65. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M66. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M67. В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или

их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M68.

В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярные маркеры (аллели) M1-M12.

В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярные маркеры (аллели) M13-M17.

В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярные маркеры (аллели) M18-M30.

В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярные маркеры (аллели) M31-M48.

В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярные маркеры (аллели) M49-M56.

В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярный маркер (аллель) M57.

В определенном варианте реализации способов, растений, полинуклеиновых кислот или их использований, описанных в настоящем документе, растение или часть растения кукурузы содержит молекулярные маркеры (аллели) M60-M68.

В некоторых, выше описаных вариантах, растение или часть растения кукурузы с повышенной устойчивостю и/или толерантностью к патогенам, дополнительно содержит ген или аллель Ht2, Ht3, HTN, H102 или TropicalD2 RLK1. В некоторых, выше описаных вариантах, растение или часть растения кукурузы с повышенной устойчивостю и/или толерантностью к патогенам, дополнительно содержит ген или аллель HT2 RLK1. В некоторых, выше описаных вариантах, растение или часть растения кукурузы с повышенной устойчивостю и/или толерантностью к патогенам, дополнительно содержит ген или аллель HT3 RLK1. В некоторых, выше описаных вариантах, растение или часть растения кукурузы с повышенной устойчивостю и/или

толерантностью к патогенам, дополнительно содержит ген или аллель HTN RLK1. В некоторых, выше описаных вариантах, растение или часть растения кукурузы с повышенной повышенной устойчивостю и/или толерантностью к патогенам, дополнительно содержит ген содержит ген или аллель H102 RLK1. В некоторых, выше описаных вариантах, растение или часть растения кукурузы с повышенной устойчивостю и/или толерантностью к патогенам, дополнительно содержит ген или аллель TropicalD2 RLK1.

Аспекты и варианты осуществления изобретения дополнительно подтверждаются следующими примерами, которые не являются исчерпывающими. Следующие примеры, включая проведенные эксперименты и полученные результаты, приведены только с иллюстративной целью и не рассматриваются как ограничивающие данное изобретение.

ПРИМЕРЫ

ПРИМЕР 1: Тонкое картирование и клонирование гена устойчивости HTM на хромосоме 4

Картирование QTL и создание рекомбинантов

Проводилось скрещивание и обратное скрещивание донорской линии H102 (Welz, H.G. 1998) с патентованными линиями KWS 5FX и 9QX для создания двух популяций F2 для картирования QTL. Популяции F2 были высажены в поле в количестве 538 + 489 особей. Картирование QTL показало пик на (значение LOD (логарифма соотношения шансов) для популяции с 5FX = 62,66 (Фиг.1A); значение LOD для популяции с 9QX = 25,45 (Фиг.1B)) в обеих популяций на хромосоме 4. Дополнительные пики QTL были обнаружены на хромосоме 1 (значение LOD 12,4/14,6) и хромосоме 8 (значение LOD 9,7/4,7).

Для выведения рекомбинантных растений для QTL, на хромосоме 4 были созданы две дополнительные картографические популяции с 1GX и 1AX. Поколение BC3S3 было генотипировано, а поколение BC3S4 фенотипировано с 66 и 103 рекомбинантами, соответственно в 4 местах. Эти рекомбинанты содержат только донорский фрагмент на хромосоме 4 и имеют повторяющийся родительский фрагмент в участках QTL на хромосомах 1 и 8. Таким образом, влияние участка QTL на хромосоме 4 может быть подтверждено. Валидированный участок в 1AX-популяции охватывает 67,4 Mbp/20,6 putcM, а в 1GX-популяции - 2,36 Mbp/4,21 putcM. Эффект донорского аллеля на хромосоме 4 по сравнению с рекуррентным родительским аллелем составляет 4,3 балла.

Молекулярный анализ участка-мишени

Для донорской линии H102 были созданы геномные ресурсы:

a. секвенирование всего генома с помощью 40x Illumina и сборки de novo;

b. секвенирование с длинными чтениями 40x и сборка de novo

Валидированный участок в 1GX-популяции 2.36 Mbp/4.21 putcM был дополнительно исследован на наличие вероятных генов-кандидатов. В общем, участок охватывает 42 гена (на основе аннотации B73AGPv04), из которых было отобрано пять генов для дальнейшей оценки:

Zm00001d049121 является аннотированным как белок, содержащий нуклеотид-связывающие сайты и лейцин-богатые повторы ((Nucleotide-binding site-leucine-rich repeat protein) (белок NBS-LRR)). На уровне кДНК устойчивый генотип H102 имеет 98,3% идентичности с восприимчивым генотипом B73, а на уровне белка - 97,7%. Аминокислотные последовательности отличаются, в частности, во второй части (C-концевой) белка. Выявлено несколько аминокислотных субституций (положений с отсылкой к аллелю B73 Zm00001d049121). Аминокислотные субституции с сохранением между группами со слабо сходными свойствами и примерно эквивалентные оценке =< 0,5 и > 0 в матрице Gonnet PAM 250 являются следующими: D544G, M564T, K603S, P604L, A605E и C821R. Аминокислотные субституции с сохранением между группами с очень похожими свойствами, как показано ниже - примерно эквивалентные оценке > 0,5 в матрице Gonnet PAM 250, являются следующими: N682S, E844K и H895N. Кроме этих субституций, генотип H102 демонстрирует инсерцию 10 аминокислот (-Asn-Leu-Gln-Tyr-Val-Arg-Val-Thr-Ser-Cys-) между положениями 602 и 603, относящихся к Zm00001d049121, полученному из B73, и небольшую делецию 2 аминокислот (-Arg-Asp-) в положениях 809 и 810, относящихся к Zm00001d049121, полученному из B73.

Zm00001d049113 является аннотированным как папаиноподобная цистеиновая протеаза (тип C1). На уровне кДНК устойчивый генотип H102 имеет 99,4% идентичности с восприимчивым генотипом B73, а на уровне белка - 99,7%. Аминокислотные последовательности отличаются только в положении 138, относящемся к Zm00001d049113, полученному из B73, где аллель B73 несет аланин (A), который отсутствует в устойчивом генотипе H102 в этом положении.

Zm00001d049145 является аннотированным как CRINKLY4-подобная протеинкиназа. На уровне кДНК устойчивый генотип H102 имеет 99,4% идентичности с восприимчивым генотипом B73, а на уровне белка - 99,1%. Выявлено несколько

аминокислотных субституций (положения, относящиеся к аллелю B73). Аминокислотные субституции с сохранением между группами со слабо похожими свойствами, что примерно эквивалентно оценке =< 0,5 и > 0 в матрице Gonnet PAM 250, являются следующими: N83A, A366V и P428A. Аминокислотные субституции с сохранением между группами с очень похожими свойствами, как показано ниже - примерно эквивалентные оценке > 0,5 в матрице Gonnet PAM 250, являются следующими: V368L, A387S и K414R. Кроме этих замен, генотип H102 имеет еще одну дополнительную аминокислоту, а именно аспарагин (N) между положениями 414 и 415, относящуюся к аллелю B73.

Zm00001d049148 является аннотированным как ингибитор сериновой (или цистеиновой) протеазы. На уровне кДНК устойчивый генотип H102 имеет 98,7% идентичности с восприимчивым генотипом B73, а на уровне белка - 98,7%. Обнаружено несколько аминокислотных субституций (положения с отсылкой к аллелю B73). Аминокислотные субституции с сохранением между группами со слабо сходными свойствами, примерно эквивалентные оценке =< 0,5 и > 0 в матрице Gonnet PAM 250 являются следующими: V113A, G170V и L198Q. Аминокислотные субституции с сохранением между группами с очень похожими свойствами, примерно эквивалентные оценке > 0,5 в матрице Gonnet PAM 250, являются следующими: V138I, T368S и V434L.

Zm00001d049159 является аннотированным как рецептороподобная протеинкиназа лейцин-богатых повторов (Leucine-rich repeat receptor-like protein kinase). На уровне кДНК устойчивый генотип H102 имеет 99,3% идентичности с восприимчивым генотипом B73, а на уровне белка - 99,5%. Обнаружено несколько аминокислотных субституций (положения с отсылкой к аллелю B73). Аминокислотные субституции с сохранением между группами со слабо похожими свойствами, примерно эквивалентные оценке =< 0,5 и > 0 в матрице Gonnet PAM 250, являются следующими: F8L и A16V. Аминокислотные субституции с сохранением между группами с очень похожими свойствами, примерно эквивалентные оценке > 0,5 в матрице Gonnet PAM 250 - являются следующими: F8L, A16V: V64I и Q672E. Кроме этих замен, генотип H102 демонстрирует небольшую инсерцию 2 аминокислот (-Gly-Pro-) между положениями 18 и 19, относящимися к аллелю B73.

ZmNLR24892 является аннотированным как белок, содержащий нуклеотид-связывающие сайты и лейцин-богатые повторы ((Nucleotide-binding site-leucine-rich repeat protein) (белок NBS-LRR)). Этот ген у B73 отсутствует. Этот ген присутствует в инсерции длиной 149 717 bp между маркерами M61 и M62 (включительно) в H102. Маркер M61

находится в положении 16,139,405 в геномной сборке B73 AGPv04 и в положении 14,796,545 в геномной сборке v3 H102. Маркер M62 находится в положении 16,170,861 в геномной сборке B73 AGPV04 и в положении 14,946,261 в геномной сборке v3 H102. ZmNLR24892 расположен между основаниями 15,911 и 19,681 инсерционной последовательности в H102 (включая M61 и M62). Ген был идентифицирован в трех других линиях. ZmNLR24892_H102 отличается от этих линий одним нуклеотидом в положении 2,860 в пределах гена, то есть имеет 99,97% идентичности. Никаких аминокислотных субституций не обнаружено.

Таблица 2: Последовательности (SEQ ID №№) выбранных генов и соответствующие отсылки к B73; ген ZmNLR24892 в генотипе B73 отсутствует:

Идентификатор гена	**H102**		**Название гена в H102**	**B73**	
	кДНК	**протеин**		**кДНК**	**Протеин**
Zm001d049121	1	2	MA_H102_24908	11	12
Zm001d049113	3	4	MA_H102_249025	13	14
Zm00001d049145	5	6	MA_H102_24936	15	16
Zm00001d049148	7	8	MA_H102_24937	17	18
Zm001d049159	9	10		19	20
ZmNLR24892	38	39		-	-

Таблица 3: Сравнение размеров участка-мишени и инсерционного участка между H102 и B73

Участок-мишень	v3 H102	B73AGPV04
QTL между маркерами A и B	2,818,536 bp	2,363,182 bp
описанный участок инсерции в H102 между маркерами M61 и M62	149 717 bp	31 457 bp

Валидация выбранных генов

Для всех выбранных генов были разработаны зонды для скрининга библиотеки BAC с целью получения большего геномного фрагмента донорской линии H102. Функциональную валидацию проводили путем трансформации аллеля H102, расположенного на фрагментах, в восприимчивом генотипе кукурузы A188.

В первой экспрессионной кассете кодирующая последовательность Zm00001d049121 слита с последовательностью конститутивно активного промотора

OsActin, включающей интронную последовательность и терминатор. Дополнительно сконструированы экспрессионные кассеты с геномным фрагментом Zm00001d049121 под под контролем или его нативного промотора, или конститутивно активного промотора BdEF1 и терминатора. Для выбранных генов Zm00001d049113, Zm00001d049145, Zm00001d049148, Zm00001d049159 были сконструированы экспрессионные кассеты с промотором BdEF1 и соответствующими геномными фрагментами выбранных генов, а также последовательностью терминатором. Каждую из этих экспрессионных кассет трансформировали в бинарный вектор, содержащий ген гербицида (например, устойчивость к BASTA, устойчивость к глифосату или устойчивость к ингибитору ALS) для дальнейшей трансформации в Agrobacterium tumefaciens для опосредованной Agrobacterium трансформации в кукурузу (Zea mays) генотипа A188. Растения T0 были размножены, а потомки, выращенные в теплице, протестированы на устойчивость к северному гельминтоспориозу (NCLB).

Для этого, в горшках выращивали по 20 особей каждого генотипа. В качестве контролера выступал нетрансформированный генотип A188, а также генотип A188, трансформированный пустым вектором. Через 14 дней после посева было проведено искусственное заражение с помощью инфицированного и измельченного листового материала, который вводили в растения, подлежащие тестированию. Этот тип инокуляции позволил смоделировать сопоставимое заражение возбудителем H. turcicum в разные годы испытаний и в разных местах, независимо от преобладающих там естественных условий заражения. Через 2-3 недели появились первые симптомы заболевания. С момента появления первых симптомов, через день определяли классификационные баллы по признаку устойчивости к НТ, а также количество растений с симптомами. На основе этого определяли AUDPC (площадь под кривой прогрессирования заболевания). Частота заражения (как %/час × период) использовалась для классификации исследуемых растений; здесь AUDPC от 0 до 100 - устойчивые, 101 - 450 - гетерозиготные, а > 450 - уязвимые.

Устойчивость кукурузы (Zea mays) к северному гельминтоспориозу с помощью экспрессии Zm00001d049121

Кодирующий участок Zm00001d049121 (SEQ ID №:1) был клонирован в бинарный вектор FDC232 и стабильно трансформирован в растения кукурузы генотипа A188. Векторная конструкция FDC232, которая использовалась для трансформации, показана на Фигуре 12. Экспрессия кодирующей последовательности Zm00001d049121 находилась под контролем промотора актина риса и последовательности терминатора нопалин синтетазы.

Трансгенные растения кукурузы, а также нетрансгенные линии A188 были протестированы на устойчивость к Setosphaeria turcica (возбудитель северного гельминтоспориоза) в теплице. 10-недельные растения кукурузы были опрысканы 5 000 спорами/мл смеси двух изолятов расы 0, собранных с инфицированных растений кукурузы из питомника KWS. Визуальную оценку заболевания на 9-м и 10-м листах проводили через 17 дней и 24 дня после инокуляции. Трансгенная линия FDC232-T073 показала умеренное, а линия FDC232-T024 - сильное уменьшение симптомов заболевания по сравнению с нетрансгенным контролем, как показано на Фигуре 13.

После анализа на устойчивость были собраны образцы листьев, выделена РНК и определена экспрессия трансформированного гена Zm00001d049121 (SEQ ID №:1) с помощью qRT-PCR. QRT-PCR проводили с праймерами S4003 (GCTCCATGTTTGTTTATCCATGGG (SEQ ID №:40)) и S2455 (GTTTGAACGATCGGGGGGAAATTC (SEQ ID №:41)), которые позволяют специфически выявлять R-ген конструкции FDC232. Праймер S4003 связывается с кодирующей последовательностью Zm00001d049121, а S2455 - с транскрибированной частью терминатора нопалин синтетазы и амплифицирует фрагмент размером 155 bp. Данные экспрессии Zm00001d049121 нормализовали с помощью измерения фрагмента гена EF-Tu кукурузы культурной длиной 132 bp, амплифицированного праймерами S3428 (GGTAAAGAGAAGTCCCACATCAACA (SEQ ID №:42)) и S3429 (CTCCTTCTCAAACCTCTCTCGATCA (SEQ ID №:43)).

Линия FDC232-T073 показала обнаруженную, а линия FDC232-T024 - сильную экспрессию гена Zm00001d049121. У контрольных растений не было обнаружено экспрессии R-гена, (Фигура 14).

Эти эксперименты показали, что экспрессия Zm00001d049121 приводит к повышению устойчивости кукурузы к северному гельминтоспориозу (NCLB) и уровень устойчивости коррелирует с уровнем экспрессии гена (Фигура 15).

Устойчивость кукурузы (Zea mays) к северному гельминтоспориозу с помощью экспрессии ZmNLR24892.

Кодирующий участок ZmNLR24892 (SEQ ID №:38) был клонирован в бинарный вектор FDC357 и стабильно трансформирован в растения кукурузы генотипа A188. Векторная конструкция FDC357, которую использовали для трансформации, показана на фигуре 16. Экспрессию кодирующей последовательности ZmNLR24892

контролировали с помощью промотора актина риса и последовательности терминатора нопалин синтетазы.

Трансгенные растения кукурузы, а также нетрансгенные линии A188 были протестированы на устойчивость к Setosphaeria turcica (возбудитель северного гельминтоспориоза) в теплице. 10-недельные растения кукурузы опрыскивали 5 000 спорами/мл смеси двух изолятов расы 0, собранных с инфицированных растений кукурузы из питомника KWS. Визуальная оценка заболевания на 9-м и 10-м листах проводилась через 17 дней и 24 дня после инокуляции. Ожидается, что трансгенные линии покажут уменьшение симптомов болезни по сравнению с нетрансгенными контролями.

С трансгенных линий FDC357 и контрольных растений отбирали образцы листьев, выделяли РНК и определяли экспрессию трансформированного гена ZmNLR24892 (SEQ ID №:69) с помощью qRT-PCR. Данные экспрессии ZmNLR24892 нормализовали с помощью измерения фрагмента гена EF-Tu кукурузы длиной 132 bp, амплифицированного праймерами S3428 (GGTAAAGAGAAGTCCCACATCAACA (SEQ ID №:42)) и S3429 (CTCCTTCTCAAACCTCTCTCGATCA (SEQ ID №:43)).

Обнаружено, что линии FDC357 демонстрируют сильную экспрессию гена ZmNLR24892. У контрольных растений экспрессия R-гена не должна проявляться.

Ожидается, что эти эксперименты покажут, что экспрессия ZmNLR24892 приводит к повышению устойчивости кукурузы к северному гельнинтоспориозу (NCLB) и что устойчивые линии демонстрируют сильную экспрессию гена.

Разработка маркеров

С помощью нескольких дополнительных запатентованных и общедоступных последовательностей были выполнены и проанализированы выравнивания выбранных генов Zm00001d049113, Zm00001d049121 и Zm00001d049159 для разработки диагностических маркеров. Для генов Zm00001d049113 и Zm00001d049121 три диагностических однонуклеотидных полиморфизма (SNP) (специфических для донорской линии) были конвертированы в KASP-маркеры (Таблица 4).

Таблица 4: Последовательности маркеров KASP

Идентификатор гена	**Последовательность маркеров SNP в [ ]**	**Аллель донор**	**SEQ ID №:**
Zm001d049121	AAGACCTTCA[A/G]CCAATGATC	G	21
Zm001d049121	GGCACTCCC[A/G]AGCTGGGA	A	22

Zm001d049113	GTATAAAAM[A/T]TCGGTACTGG	A	23
ZmNLR24892_H102	CCAAACCA[G/A]AAGTCCCGT	G	71
ZmNLR24892_H102	ACGTCAGCAGCAGCTGTCAGTC GTCCCAGCGACATGCAGCGCAG CGAGGAGGAGGAGGGAGGAGG AGGTTTTTTCGTCCTGGGGGGGT CAGTCAATGGGGGGGGGGGGGG GGG	T	72
ZmNLR24892_H102	GGTGGTGCCCTGCATCACGTCA GCAGCTGCTCTCAGATCCAGCC AGCGCAGCGAGGAGGGAGGGG AGGAGGTAGTTTGTCGTCGTCCC TGGGGGGAGGAGGAGG	T	73
ZmNLR24892_H102	TATGCACTCCTCCCTCCCTCCCT CCCCTCCCCCCCTCCCCCCCCTG CCCCCTGCCCCCCCCCCCCCCCC CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC CTGCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC CCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC CCCT	A в положении 101; T в положении 193; G в положении 251	74

Все остальные однонуклеотидные полиморфизмы (SNP) или инсерционно/делеционные полиморфизмы, которые можно получить из выравнивания последовательностей кДНК (фиг. 1, 3, 5, 7 и 9), могут быть использованы для разработки молекулярных маркеров для выявления отдельных генов и, таким образом, для выявления растений кукурузы, устойчивых к северному гельминтоспориозу (NCLB), несущих локус HtM. Все идентифицированные полиморфизмы в кДНК отобранных генов изложены в таблице 4.

Таблица 4

Идентификатор гена	**Полиморфизм**	**аллель (донор) H102**	**аллель B73**	**Нуклеотидное положение, связанное с кДНК аллеля B73 или H102 для ZmNLR24892)**
Zm001d049121	SNP	T	G	1071
	SNP	G	A	1302
	SNP	C	A	1497
	SNP	G	A	1631

	SNP	C	T	1691
	Инсерционно-делеционный полиморфизм	-	A	1807
	Инсерционно-делеционный полиморфизм	GTACGTCCGAGTGACCTCTCCTCTGAG	-	между 1815 и 1816
	SNP	G	A	2045
	Инсерционно-делеционный полиморфизм	-	CAGGGA	2424 – 2429
	SNP	C	T	2458
	SNP	A	G	2530
	SNP	A	C	2683
Zm001d049113	SNP	C	A	12
	SNP	C	A	291
	SNP	T	A	309
	SNP	T	C	324
	Инсерционно-делеционный полиморфизм	-	GCT	415 – 417
Zm00001d049145	SNP	G	C	195
	SNP	G	A	247
	SNP	C	A	248
	SNP	T	C	1097
	SNP	C	G	1105
	SNP	T	G	1159
	SNP	T	C	1185
	Инсерционно-делеционный полиморфизм	GTC	-	между 1216 и 1217
	SNP	C	A	1242
	SNP	G	C	1282
	SNP	G	A	1344
	SNP	C	T	1380
	SNP	C	T	1422

Zm00001d049148	SNP	C	T	338
	SNP	A	G	412
	SNP	T	C	432
	SNP	G	C	447
	SNP	T	G	507
	SNP	T	G	509
	SNP	T	C	585
	SNP	T	C	588
	SNP	A	T	593
	SNP	C	A	672
	SNP	T	C	741
	SNP	G	A	753
	SNP	C	T	846
	SNP	T	C	996
	SNP	C	T	1092
	SNP	T	A	1102
	SNP	C	T	1260
	SNP	T	G	1300
Zm001d049159	SNP	C	T	22
	SNP	T	C	47
	Инсерционно-делеционный полиморфизм	CCGCC	-	между 52 и 53
	SNP	A	C	189
	SNP	A	G	190
	SNP	G	A	1980
	SNP	G	C	2014
	SNP	G	A	2160
ZmNLR24892	SNP	C	G	
	SNP	A	G	
	SNP	G	C	
	SNP	G	A	2860

ФОРМУЛА ИЗОБРЕТЕНИЯ

1. Способ идентификации растения или части растения кукурузы, включающий скрининг на наличие аллеля QTL, расположенного на хромосоме 4 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL расположен на хромосомном интервале, фланкированном маркерными аллелями A и B, причем где маркерные аллели A и B представляют собой однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs), являющиеся соответственно цитозином (C) в положении 16107190 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73 и цитозином (C) в положении 18470371 п.о. в эталонном геноме AGPv04 кукурузы B73,

необязательно, дополнительно включающий скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2.

2. Способ, согласно п. 1, где указанный аллель QTL включает один или несколько маркерных аллелей M60 - M68 или M1 - M68, где

– M60 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 14809915 или соответствующим положению 14809915 в геноме v3 H102

– M61 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 14796545 или соответствующим положению 14796545 в геноме H102 v3, или являющийся цитозином (C) в положении 16139405 или соответствующим положению 16139405 в эталонном геноме AGPv4 кукурузы B73;

– M62 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 14946261 или соответствующим положению 14946261 в геноме H102 v3, или являющийся цитозином (C) в положении 16170861 или соответствующим положению 16170861 в эталонном геноме AGPv4 кукурузы B73;

– M63 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 14813366 или соответствующим положению 14813366 в геноме H102 v3, или являющийся цитозином (C) в положении 2860 или соответствующим положению 2860 последовательности ZmNLR24892, эталонного генома H102 v3, или

являющийся цитозином (C) в положении 2860 или соответствующим положению 2860 SEQ ID №: 37;

– M64 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 3394 или соответствующим положению 3394 SEQ ID NO:38; или являющийся тимином (T) в положении 378 или соответствующим положению 378 SEQ ID NO:37; или являющийся тимином (T) в положении 101 или соответствующим положению 101 SEQ ID NO:72;

– M65 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 3410 или соответствующим положению 3410 SEQ ID NO:38; или являющийся тимином (T) в положении 362 или соответствующим положению 362 SEQ ID NO:37; или являющийся тимином (T) в положении 101 или соответствующим положению 101 SEQ ID NO:73;

– M66 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 101 или соответствующим положению 101 SEQ ID NO:74;

– M67 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 193 или соответствующим положению 193 SEQ ID NO:74;

– M68 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 251 или соответствующим положению 251 SEQ ID NO:74.

– M1 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 1071 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M2 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 1302 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M3 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1497 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M4 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 1631 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M5 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1691 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M6 представляет собой инсерционно-делеционный полиморфизм, яляющийся делецией нуклеотида в положении 1807 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящейся к эталонному геному AGPv4

– M7 представляет собой инсерционно-делеционный полиморфизм, яляющийся инсерцией одного или нескольких нуклеотидов между нуклеотидами в положениях 1815 и 1816 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M8 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 2045 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M9 представляет собой инсерционно-делеционный полиморфизм, яляющийся делецией нуклеотидов в положениях 2424-2429 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M10 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 2458 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M11 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 2530 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M12 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 2683 кодирующей последовательности Zm00001d049121, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M13 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 12 кодирующей последовательности Zm00001d049113, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M14 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 291 кодирующей последовательности Zm00001d049113, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M15 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 309 кодирующей последовательности Zm00001d049113, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M16 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 324 кодирующей последовательности Zm00001d049113, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M17 представляет собой инсерционно-делеционный полиморфизм, являющийся делецией нуклеотидов в положениях 415-417 кодирующей последовательности Zm00001d049113, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M18 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 195 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M19 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 247 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M20 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 248 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M21 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 1097 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M22 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1105 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M23 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 1159 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M24 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 1185 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M25 представляет собой инсерционно-делеционный полиморфизм, являющийся инсерцией одного или нескольких нуклеотидов между нуклеотидами в положениях 1216 и 1217 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M26 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1242 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M27 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 1282 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M28 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 1344 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M29 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1380 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M30 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1422 кодирующей последовательности Zm00001d049145, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M31 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 338 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M32 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 412 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M33 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 432 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M34 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 447 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M35 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 507 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M36 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 509 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M37 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 585 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M38 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 588 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M39 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 593 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M40 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 672 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M41 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 741 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M42 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 753 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M43 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 846 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M44 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 996 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M45 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1092 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M46 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 1102 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M47 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 1260 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M48 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 1300 кодирующей последовательности Zm00001d049148, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M49 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся цитозином (C) в положении 22 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M50 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся тимином (T) в положении 47 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M51 представляет собой инсерционно-делеционный полиморфизм, являющийся инсерцией одного или нескольких нуклеотидов между нуклеотидами в положениях 52 и 53 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M52 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 189 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M53 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся аденином (A) в положении 190 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M54 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 1980 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M55 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 2014 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M56 представляет собой однонуклеотидный полиморфизм (SNP), являющийся гуанином (G) в положении 2160 кодирующей последовательности Zm00001d049159, относящейся к эталонному геному AGPv4;

– M57 представляет собой полиморфизм, предпочтительно SNP, инсерцию или делецию, в любом положении геномной последовательности MA_H102_24892, указанной как SEQ ID №:37 и/или кодирующей последовательности MA_H102_24892, который подходит для выявления наличия MA_H102_24892,

предпочтительно где

– кодирующая последовательность ZmNLR24892 H102 включает последовательность, представленную в SEQ ID №:38;

– кодирующая последовательность Zm00001d049121 B73 включает последовательность, представленную в SEQ ID №:11;

– кодирующая последовательность Zm00001d049113 B73 включает последовательность, представленную в SEQ ID №:13;

– кодирующая последовательность Zm00001d049145 B73 включает последовательность, представленную в SEQ ID №:15;

– кодирующая последовательность Zm00001d049148 B73 включает последовательность, представленную в SEQ ID №:17; и/или

– кодирующая последовательность Zm00001d049159 B73 включает последовательность, представленную в SEQ ID №:19.

3. Способ согласно пп. 1 и 2, где скрининг на наличие указанного аллеля QTL включает идентификацию одного или нескольких молекулярных маркеров A или B и/или идентификацию одного или нескольких маркерных аллелей, выбранных из M60 - M68 или M1 - M68, определенных в п. 2.

4. Способ идентификации растения или части растения кукурузы, включающий скрининг на наличие одного или нескольких маркерных аллелей, выбранных из M60-M68 или из M1-M68, определенных в п. 2.

5. Способ согласно пп. 1-4, который дополнительно включает отбор растения или растительной части, содержащей указанный аллель QTL или один или несколько маркерных аллелей M60-M68 или M1-M68, определенных в п. 2.

6. Способ согласно пп. 1-5, в котором растение или часть растения идентифицируют как имеющие повышенную устойчивость к патогену, если в них присутствует указанный QTL или один или несколько маркерных аллелей.

7. Способ получения растения кукурузы, включающий введение в геном растения или части растения

– аллеля QTL, определенного в любом из пп. 1-3;

– одного или нескольких маркерных аллелей, выбранных из M60 - M68 или из M1 - M68, определенных в п. 2;

– полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный ZmNLR24892, которая необязательно включает один или несколько, предпочтительно все, молекулярные маркеры M60-M68, и предпочтительно, имеет кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:38, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:38, хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или кодирует последовательность, представленную в SEQ ID №:39, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049113, которая необязательно включает один или несколько, предпочтительно все, молекулярные маркеры M13-M17, и предпочтительно, имеет кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:3, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:3, хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%,

99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или кодирует последовательность, представленную в SEQ ID №:4, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98.5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049121, которая необязательно включает один или несколько, предпочтительно все, молекулярные маркеры M1-M12, и предпочтительно, имеет кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:1, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:1, хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или кодирует последовательность, представленную в SEQ ID №:2, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049145, которая необязательно включает один или несколько, предпочтительно все, молекулярные маркеры M18-M30, и предпочтительно, имеет кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:5, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:5, хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или кодирует последовательность, представленную в SEQ ID №:6, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049148, которая необязательно включает один или несколько, предпочтительно все, молекулярные маркеры M31-M48, и предпочтительно, имеет кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:7, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:7, хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или кодирует последовательность, представленную в SEQ ID №:8, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности; и/или

– полинуклеиновой кислоты, кодирующей экзогенный Zm00001d049159, которая необязательно включает один или несколько, предпочтительно все, молекулярные маркеры M49-M56, и предпочтительно, имеет кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №:9, или кодирующую последовательность идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №:9, хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности, или кодирует последовательность, представленную в SEQ ID №:10, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

необязательно, дополнительно включающий скрининг на наличие гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8 в растении или части растения кукурузы, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, входящих в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2,

предпочтительно, где введение в геном включает мутагенез или трансгенез.

8. Способ, в соответствии с п. 7, включающий трансформацию растения или части растения, предпочтительно растительной клетки или растительной ткани, более предпочтительно протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия аллелем QTL, определенным в пп. 1-3, или полинуклеиновой кислотой, определенной в п. 7 и, необязательно, включающий регенерацию растения или части растения из указанной растительной клетки или растительной ткани, предпочтительно из указанных протопласта, каллуса, незрелого или зрелого зародыша или соцветия.

9. Способ согласно пп. 1-8, при котором указанное растение или часть растения имеет повышенную устойчивость к патогену, предпочтительно к грибковому патогену, более предпочтительно, когда указанным патогеном является Exserohilum sp, наиболее предпочтительно, когда указанным патогеном является Exserohilum turcicum.

10. Способ получения растения или части растения кукурузы, предпочтительно растения или части растения кукурузы с повышенной устойчивостью и/или толерантностью к патогену, желательно, где указанным патогеном является Exserohilum turcicum, который включает

– эндогенный ZmNLR24892, мутирующий к последовательности, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №:39, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 39 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности,

– эндогенный Zm00001d049113, мутирующий к последовательности, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №:4, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 4 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049121, мутирующий к последовательности, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №:2, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 2 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%,

98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049145, мутирующий к последовательности, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №:6, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 6 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

– эндогенный Zm00001d049148, мутирующий к последовательности, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №:8, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 8 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности; и/или

– эндогенный Zm00001d049159, мутирующий к последовательности, кодирующей последовательность, представленную в SEQ ID №:10, или последовательность, идентичную последовательности, представленной в SEQ ID №: 10 хотя бы на 90%, желательно - минимум на 95%, лучше всего - минимум на 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9%, предпочтительно по всей длине последовательности;

необязательно, дополнительно включает введение в геном гена или аллеля RLK1, обеспечивающего устойчивость и/или толерантность к патогенам, или аллеля QTL, расположенного на хромосоме 8, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1, обеспечивающий устойчивость и/или толерантность к патогенам, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, содержащихся в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102 или TropicalD2.

11. Растение кукурузы, содержащее аллель QTL, определенный в любом из пп. 1-3, один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M60-M68 или из M1-M68, определенных в п. 2, одну или несколько полинуклеиновых кислот с кодирующей последовательностью, представленной в SEQ ID №№: 38, 3, 1, 5, 7 и 9, одну или несколько полинуклеиновых кислот с кодирующей последовательностью идентичной по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%,

99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности, представленной в SEQ ID №№:38, 3, 1, 5, 7 и 9, предпочтительно по всей длине, одну или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих последовательность, представленную в SEQ ID №№:39, 4, 2, 6, 8 и 10, и/или одну или несколько полинуклеиновых кислот, кодирующих последовательность идентичную по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% последовательности из SEQ ID №№: 39, 4, 2, 6, 8 и 10, предпочтительно по всей длине последовательности,

необязательно, дополнительно включающее ген или аллель RLK1 устойчивости и/или толерантности к патогенам или аллель QTL, расположенный на хромосоме 8, где указанный аллель QTL включает ген или аллель RLK1 устойчивости и/или толерантности к патогенам, предпочтительно, где ген или аллель RLK1 выбран из генов или аллелей RLK1, содержащихся в Ht2, HT3, HTN (HTN1), H102, или TropicalD2,

или часть растения, или его потомки.

12. Растение кукурузы или его часть, соответствующие п. 11, которые являются трансгенными, генно-редактированными или мутагенными.

13. Выделенная полинуклеиновая кислота, которая содержит кодирующую последовательность, представленную в SEQ ID №№:38, 3, 1, 5, 7, и/или которая по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% идентична, предпочтительно по всей длине, любой последовательности из SEQ ID №№:38, 3, 1, 5, 7 и 9; или которая кодирует полипептид, выбранный из SEQ ID №№:39, 4, 2, 6, 8 и 10, или полипептид, который по меньшей мере на 80%, 85%, 90%, 95%, 98,5%, 98,6%, 98,7%, 98,8%, 98,9%, 99%, 99,1%, 99,2%, 99,3%, 99,4%, 99,5%, 99,6%, 99,7%, 99,8% или 99,9% идентичен, предпочтительно по всей длине, любой последовательности из SEQ ID №№:39, 4, 2, 6, 8 и 10, ее комплементу или обратному комплементу, или ее уникальному фрагменту.

14. Выделенная полинуклеиновая кислота указанная в п.13, где эта полинуклеиновая кислота содержит

- один или несколько маркерных аллелей, выбранных из M60-M68;
- один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M13-M17;

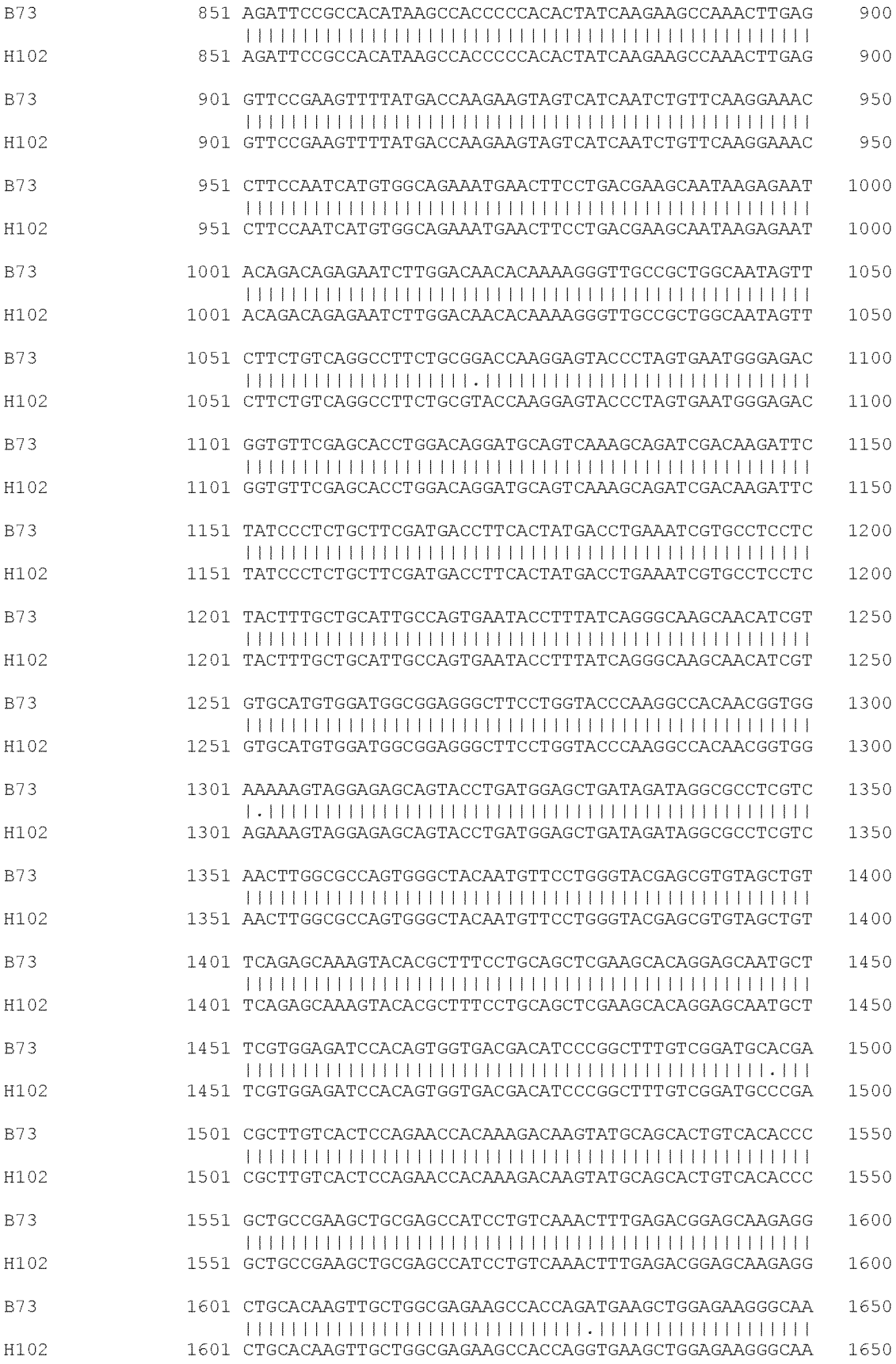
- один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M1-M12;
- один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M18-M30;
- один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M31-M48;
- один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M49-M56 и/или
- один или несколько молекулярных маркеров, выбранных из M57.

15. Выделенная полинуклеиновая кислота, специфически гибридизируется с полинуклеиновой кислотой, указанной в пп. 13 или 14, ее комплементом или обратным комплементом, предпочтительно, когда указанная полинуклеиновая кислота является праймером или зондом.

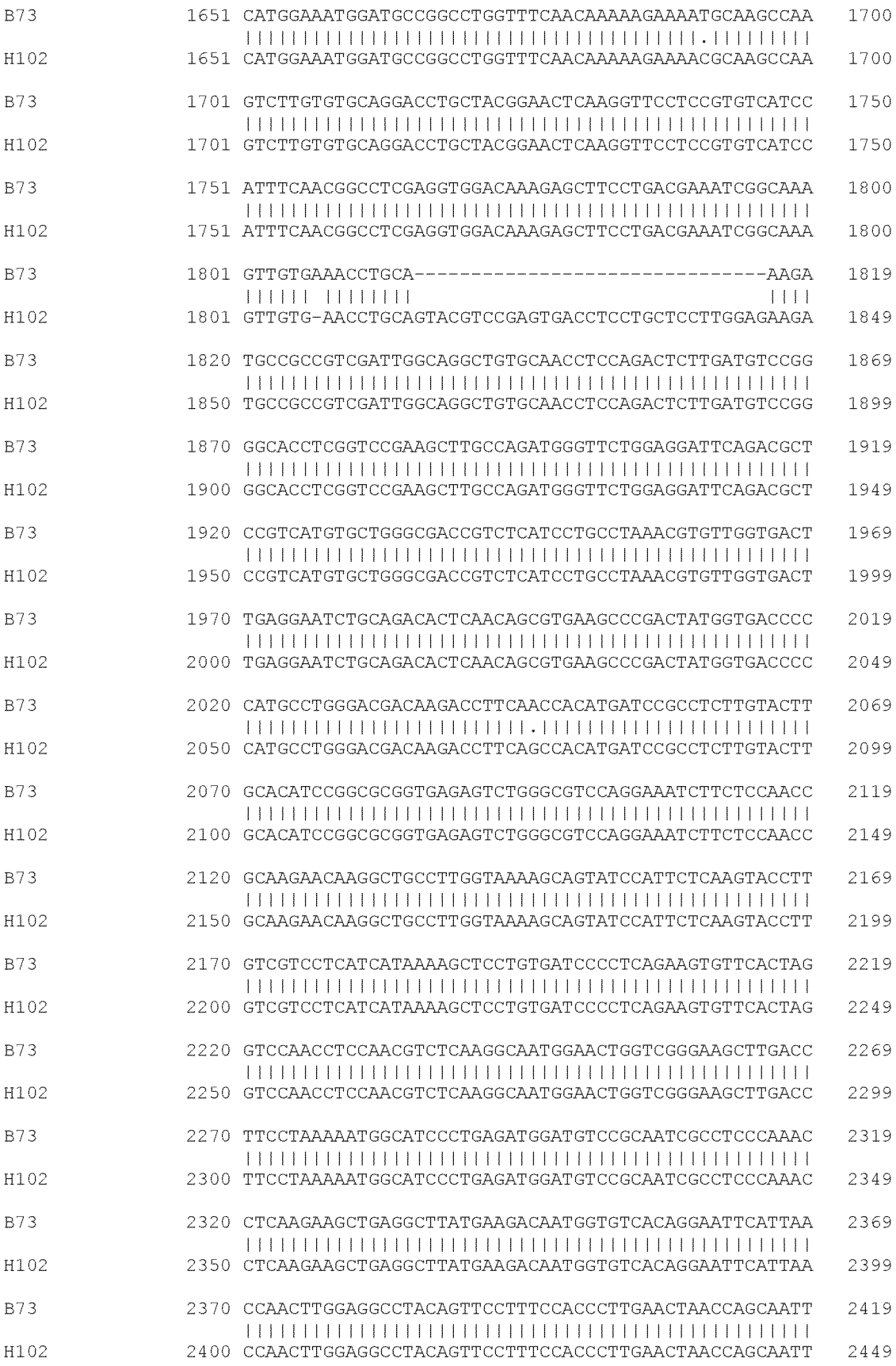
Фигура 1A

```
B73                1 ATGGCGGAGGCCATCGTGGGGTCGATGCTGTGGAAGCTGCAGCAGGTGGC     50
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102               1 ATGGCGGAGGCCATCGTGGGGTCGATGCTGTGGAAGCTGCAGCAGGTGGC     50

B73               51 GGTGAGTGAGGCGCGGACGCTGGTGGCCGTGAACGAGGACATCCGGAGCC    100
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102              51 GGTGAGTGAGGCGCGGACGCTGGTGGCCGTGAACGAGGACATCCGGAGCC    100

B73              101 TCCGGGACAAGCTCATGTGGATGCAGGCGTTCCTGCACGACGTCCAGCCG    150
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             101 TCCGGGACAAGCTCATGTGGATGCAGGCGTTCCTGCACGACGTCCAGCCG    150

B73              151 TCGCGCCGCGTGCAGCCCAACGAGCTCATCAAGGTGTGGCTGCAGCAGAC    200
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             151 TCGCGCCGCGTGCAGCCCAACGAGCTCATCAAGGTGTGGCTGCAGCAGAC    200

B73              201 CCGCGACGCCGTCTTCGACGCCGAAGACGCCGTCGACCACTTTACCACCC    250
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             201 CCGCGACGCCGTCTTCGACGCCGAAGACGCCGTCGACCACTTTACCACCC    250

B73              251 AAGTGGTTGTCCGTCGCGACCTCTCCAGCAGGATCAGGCTGATCAATGGA    300
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             251 AAGTGGTTGTCCGTCGCGACCTCTCCAGCAGGATCAGGCTGATCAATGGA    300

B73              301 AGGCTGGAGGGAATCATTGCCAACAAGGACAGGTACAGGTTGGGAGAGTC    350
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             301 AGGCTGGAGGGAATCATTGCCAACAAGGACAGGTACAGGTTGGGAGAGTC    350

B73              351 TACTACGCTGGGAGCAATTTGGAGGCCATCTAGCTCCACGTCACCGCTCT    400
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             351 TACTACGCTGGGAGCAATTTGGAGGCCATCTAGCTCCACGTCACCGCTCT    400

B73              401 CGGAAATGATGGACGAGGTGGTGCTGCCACTGGTGGGACGAGAGGAACTG    450
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             401 CGGAAATGATGGACGAGGTGGTGCTGCCACTGGTGGGACGAGAGGAACTG    450

B73              451 GTGCGCAATCTTAAGAATTGGCTTTATAAAGGCAGCGGGAATCATAAAAA    500
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             451 GTGCGCAATCTTAAGAATTGGCTTTATAAAGGCAGCGGGAATCATAAAAA    500

B73              501 TGTGATCACCGTGACGGGGGAAAGTGGAGTCGGCAAGACAAAGCTGGTGA    550
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             501 TGTGATCACCGTGACGGGGGAAAGTGGAGTCGGCAAGACAAAGCTGGTGA    550

B73              551 GGAACTTGTACGACAGCAAGCAGACCCTGTCTCACTTTGACATCTACGAG    600
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             551 GGAACTTGTACGACAGCAAGCAGACCCTGTCTCACTTTGACATCTACGAG    600

B73              601 TGGGTGAGCTTTGGGCCCAATCTCAGTGCCTCTGATGTCCTCAAGATCAT    650
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             601 TGGGTGAGCTTTGGGCCCAATCTCAGTGCCTCTGATGTCCTCAAGATCAT    650

B73              651 CATCAGACGCATTACAGATGGAGAAGAATGTTCCAAGGACAACATAGAGA    700
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             651 CATCAGACGCATTACAGATGGAGAAGAATGTTCCAAGGACAACATAGAGA    700

B73              701 GGAAGCTGCGGGAGATACTGAAAGAAAAGAAGTATCTGTTGGTGATAGAT    750
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             701 GGAAGCTGCGGGAGATACTGAAAGAAAAGAAGTATCTGTTGGTGATAGAT    750

B73              751 GCTGAGCTCAGTAACTCGGAGTGGAATCGCATTTTCGCTATGCTCCCTGA    800
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             751 GCTGAGCTCAGTAACTCGGAGTGGAATCGCATTTTCGCTATGCTCCCTGA    800

B73              801 CCCCAAGGATGTGGATGTCGATGCTGCCAGCAGAATAGTGAGGATTTCTC    850
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             801 CCCCAAGGATGTGGATGTCGATGCTGCCAGCAGAATAGTGAGGATTTCTC    850
```

Фигура 1B


B73 851 AGATTCCGCCACATAAGCCACCCCCACACTATCAAGAAGCCAAACTTGAG 900
H102 851 AGATTCCGCCACATAAGCCACCCCCACACTATCAAGAAGCCAAACTTGAG 900
B73 901 GTTCCGAAGTTTTATGACCAAGAAGTAGTCATCAATCTGTTCAAGGAAAC 950
H102 901 GTTCCGAAGTTTTATGACCAAGAAGTAGTCATCAATCTGTTCAAGGAAAC 950
B73 951 CTTCCAATCATGTGGCAGAAATGAACTTCCTGACGAAGCAATAAGAGAAT 1000
H102 951 CTTCCAATCATGTGGCAGAAATGAACTTCCTGACGAAGCAATAAGAGAAT 1000
B73 1001 ACAGACAGAGAATCTTGGACAACACAAAAGGGTTGCCGCTGGCAATAGTT 1050
H102 1001 ACAGACAGAGAATCTTGGACAACACAAAAGGGTTGCCGCTGGCAATAGTT 1050
B73 1051 CTTCTGTCAGGCCTTCTGCGGACCAAGGAGTACCCTAGTGAATGGGAGAC 1100
H102 1051 CTTCTGTCAGGCCTTCTGCGTACCAAGGAGTACCCTAGTGAATGGGAGAC 1100
B73 1101 GGTGTTCGAGCACCTGGACAGGATGCAGTCAAAGCAGATCGACAAGATTC 1150
H102 1101 GGTGTTCGAGCACCTGGACAGGATGCAGTCAAAGCAGATCGACAAGATTC 1150
B73 1151 TATCCCTCTGCTTCGATGACCTTCACTATGACCTGAAATCGTGCCTCCTC 1200
H102 1151 TATCCCTCTGCTTCGATGACCTTCACTATGACCTGAAATCGTGCCTCCTC 1200
B73 1201 TACTTTGCTGCATTGCCAGTGAATACCTTTATCAGGGCAAGCAACATCGT 1250
H102 1201 TACTTTGCTGCATTGCCAGTGAATACCTTTATCAGGGCAAGCAACATCGT 1250
B73 1251 GTGCATGTGGATGGCGGAGGGCTTCCTGGTACCCAAGGCCACAACGGTGG 1300
H102 1251 GTGCATGTGGATGGCGGAGGGCTTCCTGGTACCCAAGGCCACAACGGTGG 1300
B73 1301 AAAAAGTAGGAGAGCAGTACCTGATGGAGCTGATAGATAGGCGCCTCGTC 1350
H102 1301 AGAAAGTAGGAGAGCAGTACCTGATGGAGCTGATAGATAGGCGCCTCGTC 1350
B73 1351 AACTTGGCGCCAGTGGGCTACAATGTTCCTGGGTACGAGCGTGTAGCTGT 1400
H102 1351 AACTTGGCGCCAGTGGGCTACAATGTTCCTGGGTACGAGCGTGTAGCTGT 1400
B73 1401 TCAGAGCAAAGTACACGCTTTCCTGCAGCTCGAAGCACAGGAGCAATGCT 1450
H102 1401 TCAGAGCAAAGTACACGCTTTCCTGCAGCTCGAAGCACAGGAGCAATGCT 1450
B73 1451 TCGTGGAGATCCACAGTGGTGACGACATCCCGGCTTTGTCGGATGCACGA 1500
H102 1451 TCGTGGAGATCCACAGTGGTGACGACATCCCGGCTTTGTCGGATGCCCGA 1500
B73 1501 CGCTTGTCACTCCAGAACCACAAAGACAAGTATGCAGCACTGTCACACCC 1550
H102 1501 CGCTTGTCACTCCAGAACCACAAAGACAAGTATGCAGCACTGTCACACCC 1550
B73 1551 GCTGCCGAAGCTGCGAGCCATCCTGTCAAACTTTGAGACGGAGCAAGAGG 1600
H102 1551 GCTGCCGAAGCTGCGAGCCATCCTGTCAAACTTTGAGACGGAGCAAGAGG 1600
B73 1601 CTGCACAAGTTGCTGGCGAGAAGCCACCAGATGAAGCTGGAGAAGGGCAA 1650
H102 1601 CTGCACAAGTTGCTGGCGAGAAGCCACCAGGTGAAGCTGGAGAAGGGCAA 1650

Фигура 1C


B73 1651 CATGGAAATGGATGCCGGCCTGGTTTCAACAAAAAGAAAATGCAAGCCAA 1700
H102 1651 CATGGAAATGGATGCCGGCCTGGTTTCAACAAAAAGAAAACGCAAGCCAA 1700
B73 1701 GTCTTGTGTGCAGGACCTGCTACGGAACTCAAGGTTCCTCCGTGTCATCC 1750
H102 1701 GTCTTGTGTGCAGGACCTGCTACGGAACTCAAGGTTCCTCCGTGTCATCC 1750
B73 1751 ATTTCAACGGCCTCGAGGTGGACAAAGAGCTTCCTGACGAAATCGGCAAA 1800
H102 1751 ATTTCAACGGCCTCGAGGTGGACAAAGAGCTTCCTGACGAAATCGGCAAA 1800
B73 1801 GTTGTGAAACCTGCA----------AAGA 1819
H102 1801 GTTGTG-AACCTGCAGTACGTCCGAGTGACCTCCTGCTCCTTGGAGAAGA 1849
B73 1820 TGCCGCCGTCGATTGGCAGGCTGTGCAACCTCCAGACTCTTGATGTCCGG 1869
H102 1850 TGCCGCCGTCGATTGGCAGGCTGTGCAACCTCCAGACTCTTGATGTCCGG 1899
B73 1870 GGCACCTCGGTCCGAAGCTTGCCAGATGGGTTCTGGAGGATTCAGACGCT 1919
H102 1900 GGCACCTCGGTCCGAAGCTTGCCAGATGGGTTCTGGAGGATTCAGACGCT 1949
B73 1920 CCGTCATGTGCTGGGCGACCGTCTCATCCTGCCTAAACGTGTTGGTGACT 1969
H102 1950 CCGTCATGTGCTGGGCGACCGTCTCATCCTGCCTAAACGTGTTGGTGACT 1999
B73 1970 TGAGGAATCTGCAGACACTCAACAGCGTGAAGCCCGACTATGGTGACCCC 2019
H102 2000 TGAGGAATCTGCAGACACTCAACAGCGTGAAGCCCGACTATGGTGACCCC 2049
B73 2020 CATGCCTGGGACGACAAGACCTTCAACCACATGATCCGCCTCTTGTACTT 2069
H102 2050 CATGCCTGGGACGACAAGACCTTCAGCCACATGATCCGCCTCTTGTACTT 2099
B73 2070 GCACATCCGGCGCGGTGAGAGTCTGGGCGTCCAGGAAATCTTCTCCAACC 2119
H102 2100 GCACATCCGGCGCGGTGAGAGTCTGGGCGTCCAGGAAATCTTCTCCAACC 2149
B73 2120 GCAAGAACAAGGCTGCCTTGGTAAAAGCAGTATCCATTCTCAAGTACCTT 2169
H102 2150 GCAAGAACAAGGCTGCCTTGGTAAAAGCAGTATCCATTCTCAAGTACCTT 2199
B73 2170 GTCGTCCTCATCATAAAAGCTCCTGTGATCCCCTCAGAAGTGTTCACTAG 2219
H102 2200 GTCGTCCTCATCATAAAAGCTCCTGTGATCCCCTCAGAAGTGTTCACTAG 2249
B73 2220 GTCCAACCTCCAACGTCTCAAGGCAATGGAACTGGTCGGGAAGCTTGACC 2269
H102 2250 GTCCAACCTCCAACGTCTCAAGGCAATGGAACTGGTCGGGAAGCTTGACC 2299
B73 2270 TTCCTAAAAATGGCATCCCTGAGATGGATGTCCGCAATCGCCTCCCAAAC 2319
H102 2300 TTCCTAAAAATGGCATCCCTGAGATGGATGTCCGCAATCGCCTCCCAAAC 2349
B73 2320 CTCAAGAAGCTGAGGCTTATGAAGACAATGGTGTCACAGGAATTCATTAA 2369
H102 2350 CTCAAGAAGCTGAGGCTTATGAAGACAATGGTGTCACAGGAATTCATTAA 2399
B73 2370 CCAACTTGGAGGCCTACAGTTCCTTTCCACCCTTGAACTAACCAGCAATT 2419
H102 2400 CCAACTTGGAGGCCTACAGTTCCTTTCCACCCTTGAACTAACCAGCAATT 2449

Фигура 1D

```
B73             2420 CTTTCAGGGACAGGGAGCTTGTCTTCACGGAAGGATTTTGCAGCCTCAAA   2469
                     ||||      ||||||||||||||||||||||||||.||||||||||
H102            2450 CTTT------CAGGGAGCTTGTCTTCACGGAAGGATTTCGCAGCCTCAAA   2493

B73             2470 GAACTGACATTGCATGAGGAGACACTCGAGAGGTTGGAGATACATGAGTC   2519
                     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2494 GAACTGACATTGCATGAGGAGACACTCGAGAGGTTGGAGATACATGAGTC   2543

B73             2520 GGCACTTCCCGAGCTTGGGGATCTGGATATTGTCGGCCATAGGGACAAGC   2569
                     ||||||||||.|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2544 GGCACTTCCCAAGCTTGGGGATCTGGATATTGTCGGCCATAGGGACAAGC   2593

B73             2570 TCCATGTTGTTATCCATGGTCATTCCGTGCTCGTGCAACACATTGAAGCA   2619
                     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2594 TCCATGTTGTTATCCATGGTCATTCCGTGCTCGTGCAACACATTGAAGCA   2643

B73             2620 GAGGATGAAGATATTTTTAAGGTTACGGAAGTAATAACGACGCAACAAGT   2669
                     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2644 GAGGATGAAGATATTTTTAAGGTTACGGAAGTAATAACGACGCAACAAGT   2693

B73             2670 CCAAGTGGAAGACCACAAAGTCTGA   2694
                     |||||||||||||.||||||||||||
H102            2694 CCAAGTGGAAGACAACAAAGTCTGA   2718
```

Фигура 2A

B73 1 MAEAIVGSMLWKLQQVAVSEARTLVAVNEDIRSLRDKLMWMQAFLHDVQP 50
H102 1 MAEAIVGSMLWKLQQVAVSEARTLVAVNEDIRSLRDKLMWMQAFLHDVQP 50
B73 51 SRRVQPNELIKVWLQQTRDAVFDAEDAVDHFTTQVVVRRDLSSRIRLING 100
H102 51 SRRVQPNELIKVWLQQTRDAVFDAEDAVDHFTTQVVVRRDLSSRIRLING 100
B73 101 RLEGIIANKDRYRLGESTTLGAIWRPSSSTSPLSEMMDEVVLPLVGREEL 150
H102 101 RLEGIIANKDRYRLGESTTLGAIWRPSSSTSPLSEMMDEVVLPLVGREEL 150
B73 151 VRNLKNWLYKGSGNHKNVITVTGESGVGKTKLVRNLYDSKQTLSHFDIYE 200
H102 151 VRNLKNWLYKGSGNHKNVITVTGESGVGKTKLVRNLYDSKQTLSHFDIYE 200
B73 201 WVSFGPNLSASDVLKIIIRRITDGEECSKDNIERKLREILKEKKYLLVID 250
H102 201 WVSFGPNLSASDVLKIIIRRITDGEECSKDNIERKLREILKEKKYLLVID 250
B73 251 AELSNSEWNRIFAMLPDPKDVDVDAASRIVRISQIPPHKPPPHYQEAKLE 300
H102 251 AELSNSEWNRIFAMLPDPKDVDVDAASRIVRISQIPPHKPPPHYQEAKLE 300
B73 301 VPKFYDQEVVINLFKETFQSCGRNELPDEAIREYRQRILDNTKGLPLAIV 350
H102 301 VPKFYDQEVVINLFKETFQSCGRNELPDEAIREYRQRILDNTKGLPLAIV 350
B73 351 LLSGLLRTKEYPSEWETVFEHLDRMQSKQIDKILSLCFDDLHYDLKSCLL 400
H102 351 LLSGLLRTKEYPSEWETVFEHLDRMQSKQIDKILSLCFDDLHYDLKSCLL 400
B73 401 YFAALPVNTFIRASNIVCMWMAEGFLVPKATTVEKVGEQYLMELIDRRLV 450
H102 401 YFAALPVNTFIRASNIVCMWMAEGFLVPKATTVEKVGEQYLMELIDRRLV 450
B73 451 NLAPVGYNVPGYERVAVQSKVHAFLQLEAQEQCFVEIHSGDDIPALSDAR 500
H102 451 NLAPVGYNVPGYERVAVQSKVHAFLQLEAQEQCFVEIHSGDDIPALSDAR 500
B73 501 RLSLQNHKDKYAALSHPLPKLRAILSNFETEQEAAQVAGEKPPDEAGEGQ 550
H102 501 RLSLQNHKDKYAALSHPLPKLRAILSNFETEQEAAQVAGEKPPGEAGEGQ 550
B73 551 HGNGCRPGFNKKKMQAKSCVQDLLRNSRFLRVIHFNGLEVDKELPDEIGK 600
H102 551 HGNGCRPGFNKKKTQAKSCVQDLLRNSRFLRVIHFNGLEVDKELPDEIGK 600
B73 601 VV----------KPAKMPPSIGRLCNLQTLDVRGTSVRSLPDGFWRIQTL 640
H102 601 VVNLQYVRVTSCSLEKMPPSIGRLCNLQTLDVRGTSVRSLPDGFWRIQTL 650
B73 641 RHVLGDRLILPKRVGDLRNLQTLNSVKPDYGDPHAWDDKTFNHMIRLLYL 690
H102 651 RHVLGDRLILPKRVGDLRNLQTLNSVKPDYGDPHAWDDKTFSHMIRLLYL 700
B73 691 HIRRGESLGVQEIFSNRKNKAALVKAVSILKYLVVLIIKAPVIPSEVFTR 740
H102 701 HIRRGESLGVQEIFSNRKNKAALVKAVSILKYLVVLIIKAPVIPSEVFTR 750
B73 741 SNLQRLKAMELVGKLDLPKNGIPEMDVRNRLPNLKKLRLMKTMVSQEFIN 790
H102 751 SNLQRLKAMELVGKLDLPKNGIPEMDVRNRLPNLKKLRLMKTMVSQEFIN 800

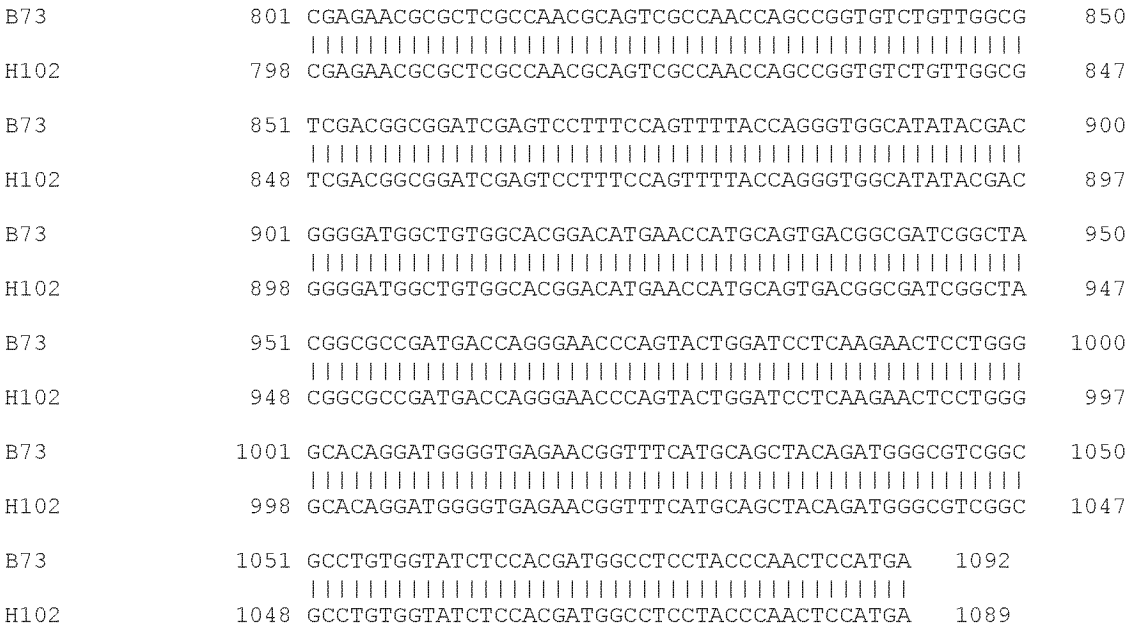
Фигура 2B

```
B73             791 QLGGLQFLSTLELTSNSFRDRELVFTEGFCSLKELTLHEETLERLEIHES    840
                    ||||||||||||||||||  |||||||||.||||||||||||||||||||
H102            801 QLGGLQFLSTLELTSNSF--RELVFTEGFRSLKELTLHEETLERLEIHES    848

B73             841 ALPELGDLDIVGHRDKLHVVIHGHSVLVQHIEAEDEDIFKVTEVITTQQV    890
                    |||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            849 ALPKLGDLDIVGHRDKLHVVIHGHSVLVQHIEAEDEDIFKVTEVITTQQV    898

B73             891 QVEDHKV    897
                    ||||:||
H102            899 QVEDNKV    905
```

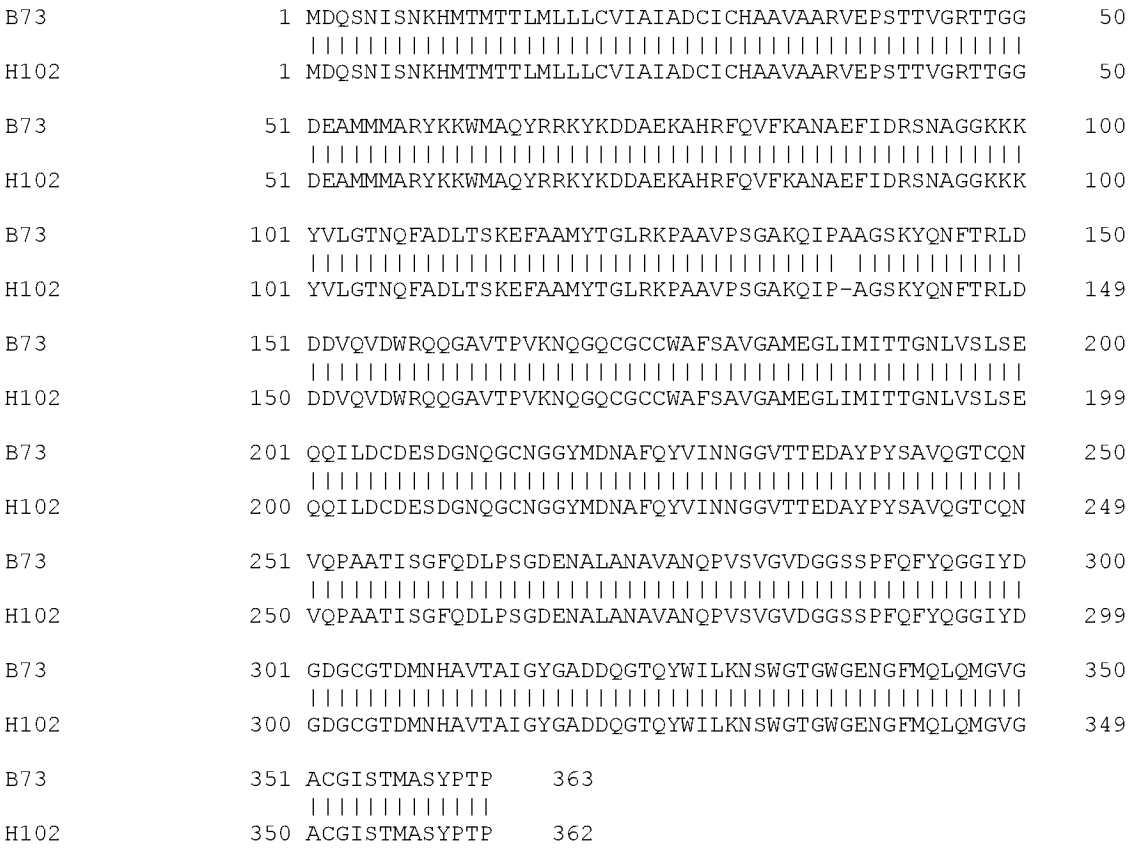
Фигура 3A

B73 1 ATGGATCAGTCAAACATTAGCAACAAGCACATGACGATGACAACCCTAAT 50
H102 1 ATGGATCAGTCCAACATTAGCAACAAGCACATGACGATGACAACCCTAAT 50
B73 51 GCTCCTCCTCTGTGTCATAGCCATTGCAGATTGCATTTGCCACGCCGCAG 100
H102 51 GCTCCTCCTCTGTGTCATAGCCATTGCAGATTGCATTTGCCACGCCGCAG 100
B73 101 TGGCAGCCCGGGTGGAGCCATCCACCACCGTCGGCAGAACTACAGGAGGA 150
H102 101 TGGCAGCCCGGGTGGAGCCATCCACCACCGTCGGCAGAACTACAGGAGGA 150
B73 151 GACGAGGCGATGATGATGGCGAGGTACAAGAAGTGGATGGCGCAGTATCG 200
H102 151 GACGAGGCGATGATGATGGCGAGGTACAAGAAGTGGATGGCGCAGTATCG 200
B73 201 CCGGAAGTACAAGGACGACGCCGAGAAAGCACACCGTTTCCAGGTATTCA 250
H102 201 CCGGAAGTACAAGGACGACGCCGAGAAAGCACACCGTTTCCAGGTATTCA 250
B73 251 AGGCGAACGCGGAGTTTATTGACAGGTCTAACGCTGGAGGAAAGAAGAAG 300
H102 251 AGGCGAACGCGGAGTTTATTGACAGGTCTAACGCTGGAGGCAAGAAGAAG 300
B73 301 TACGTCCTAGGGACCAACCAGTTCGCCGACCTGACCAGCAAAGAGTTCGC 350
H102 301 TACGTCCTTGGGACCAACCAGTTTGCCGACCTGACCAGCAAAGAGTTCGC 350
B73 351 GGCCATGTACACCGGTTTGAGGAAACCGGCGGCGGTGCCTTCCGGGGCCA 400
H102 351 GGCCATGTACACCGGTTTGAGGAAACCGGCGGCGGTGCCTTCCGGGGCCA 400
B73 401 AGCAGATCCCTGCAGCTGGTTCCAAGTACCAGAATTTTACGCGCCTAGAT 450
H102 401 AGCAGATCCCTGCA---GGTTCCAAGTACCAGAATTTTACGCGCCTAGAT 447
B73 451 GATGATGTCCAGGTTGATTGGAGGCAGCAGGGTGCTGTCACTCCTGTCAA 500
H102 448 GATGATGTCCAGGTTGATTGGAGGCAGCAGGGTGCTGTCACTCCTGTCAA 497
B73 501 GAACCAAGGCCAATGTGGCTGTTGCTGGGCGTTCTCTGCAGTAGGTGCCA 550
H102 498 GAACCAAGGCCAATGTGGCTGTTGCTGGGCGTTCTCTGCAGTAGGTGCCA 547
B73 551 TGGAAGGTTTGATCATGATAACGACAGGAAACCTGGTCTCCCTGTCGGAG 600
H102 548 TGGAAGGTTTGATCATGATAACGACAGGAAACCTGGTCTCCCTGTCGGAG 597
B73 601 CAGCAGATTCTAGACTGCGACGAGTCAGACGGGAACCAGGGCTGCAACGG 650
H102 598 CAGCAGATTCTAGACTGCGACGAGTCAGACGGGAACCAGGGCTGCAACGG 647
B73 651 TGGCTACATGGACAACGCCTTCCAGTACGTCATCAACAATGGCGGCGTCA 700
H102 648 TGGCTACATGGACAACGCCTTCCAGTACGTCATCAACAATGGCGGCGTCA 697
B73 701 CCACTGAGGACGCCTACCCTTACTCTGCAGTCCAAGGGACGTGCCAAAAC 750
H102 698 CCACTGAGGACGCCTACCCTTACTCTGCAGTCCAAGGGACGTGCCAAAAC 747
B73 751 GTCCAGCCAGCCGCCACCATCAGCGGCTTCCAGGACCTGCCCAGCGGCGA 800
H102 748 GTCCAGCCAGCCGCCACCATCAGCGGCTTCCAGGACCTGCCCAGCGGCGA 797

Фигура 3B


B73 801 CGAGAACGCGCTCGCCAACGCAGTCGCCAACCAGCCGGTGTCTGTTGGCG 850
H102 798 CGAGAACGCGCTCGCCAACGCAGTCGCCAACCAGCCGGTGTCTGTTGGCG 847
B73 851 TCGACGGCGGATCGAGTCCTTTCCAGTTTTACCAGGGTGGCATATACGAC 900
H102 848 TCGACGGCGGATCGAGTCCTTTCCAGTTTTACCAGGGTGGCATATACGAC 897
B73 901 GGGGATGGCTGTGGCACGGACATGAACCATGCAGTGACGGCGATCGGCTA 950
H102 898 GGGGATGGCTGTGGCACGGACATGAACCATGCAGTGACGGCGATCGGCTA 947
B73 951 CGGCGCCGATGACCAGGGAACCCAGTACTGGATCCTCAAGAACTCCTGGG 1000
H102 948 CGGCGCCGATGACCAGGGAACCCAGTACTGGATCCTCAAGAACTCCTGGG 997
B73 1001 GCACAGGATGGGGTGAGAACGGTTTCATGCAGCTACAGATGGGCGTCGGC 1050
H102 998 GCACAGGATGGGGTGAGAACGGTTTCATGCAGCTACAGATGGGCGTCGGC 1047
B73 1051 GCCTGTGGTATCTCCACGATGGCCTCCTACCCAACTCCATGA 1092
H102 1048 GCCTGTGGTATCTCCACGATGGCCTCCTACCCAACTCCATGA 1089

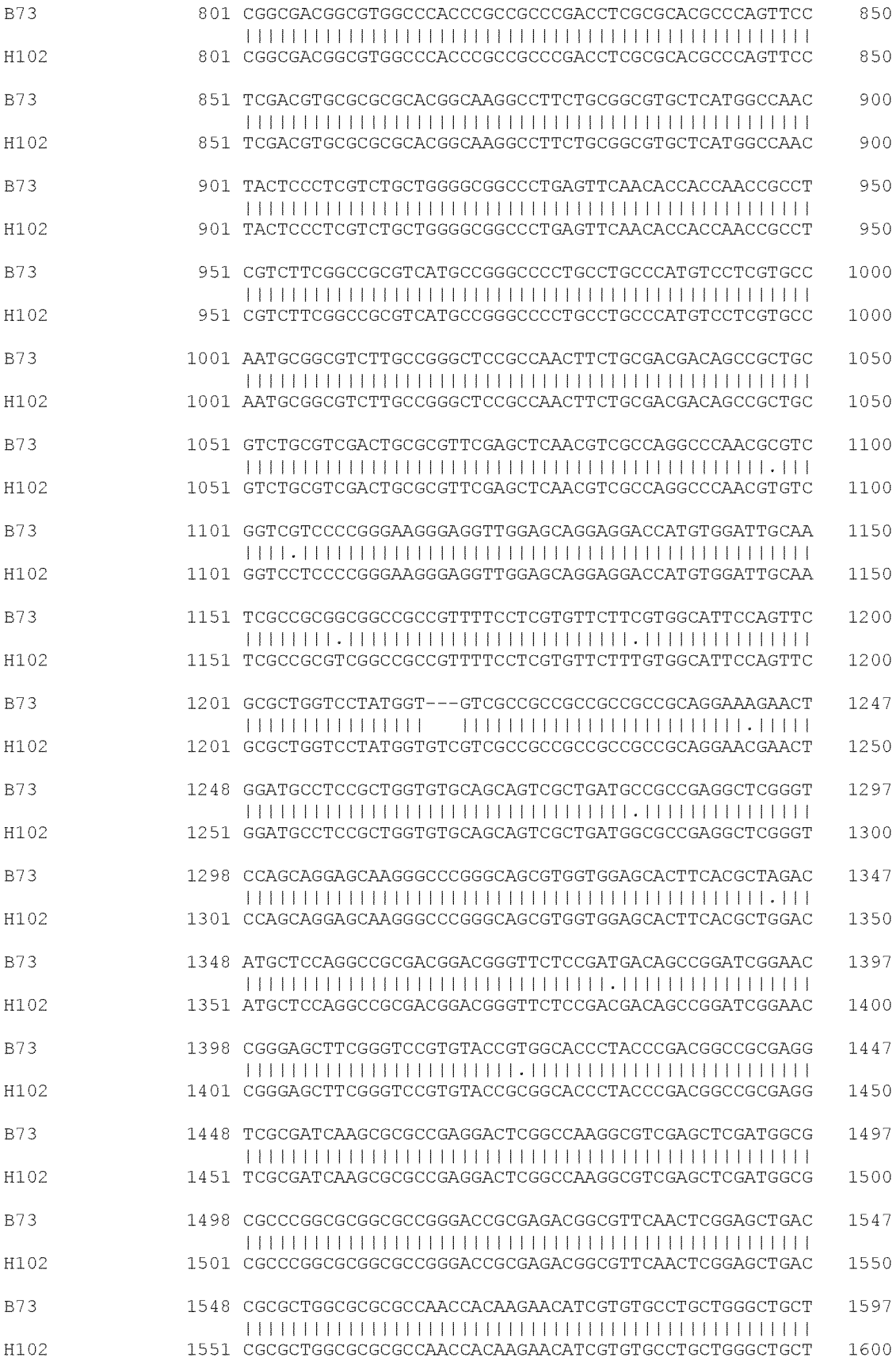
Фигура 4


B73 1 MDQSNISNKHMTMTTLMLLLCVIAIADCICHAAVAARVEPSTTVGRTTGG 50
H102 1 MDQSNISNKHMTMTTLMLLLCVIAIADCICHAAVAARVEPSTTVGRTTGG 50
B73 51 DEAMMMARYKKWMAQYRRKYKDDAEKAHRFQVFKANAEFIDRSNAGGKKK 100
H102 51 DEAMMMARYKKWMAQYRRKYKDDAEKAHRFQVFKANAEFIDRSNAGGKKK 100
B73 101 YVLGTNQFADLTSKEFAAMYTGLRKPAAVPSGAKQIPAAGSKYQNFTRLD 150
H102 101 YVLGTNQFADLTSKEFAAMYTGLRKPAAVPSGAKQIP-AGSKYQNFTRLD 149
B73 151 DDVQVDWRQQGAVTPVKNQGQCGCCWAFSAVGAMEGLIMITTGNLVSLSE 200
H102 150 DDVQVDWRQQGAVTPVKNQGQCGCCWAFSAVGAMEGLIMITTGNLVSLSE 199
B73 201 QQILDCDESDGNQGCNGGYMDNAFQYVINNGGVTTEDAYPYSAVQGTCQN 250
H102 200 QQILDCDESDGNQGCNGGYMDNAFQYVINNGGVTTEDAYPYSAVQGTCQN 249
B73 251 VQPAATISGFQDLPSGDENALANAVANQPVSVGVDGGSSPFQFYQGGIYD 300
H102 250 VQPAATISGFQDLPSGDENALANAVANQPVSVGVDGGSSPFQFYQGGIYD 299
B73 301 GDGCGTDMNHAVTAIGYGADDQGTQYWILKNSWGTGWGENGFMQLQMGVG 350
H102 300 GDGCGTDMNHAVTAIGYGADDQGTQYWILKNSWGTGWGENGFMQLQMGVG 349
B73 351 ACGISTMASYPTP 363
H102 350 ACGISTMASYPTP 362

Фигура 5A

B73 1 ATGCCGCCGCCGCGCCGGCTCCACCTCCATGCCGCCTTCCTCCTCCTGCC 50
H102 1 ATGCCGCCGCCGCGCCGGCTCCACCTCCATGCCGCCTTCCTCCTCCTGCC 50
B73 51 CATCTTCCTGCTCGCGACGTGGCGGCCCGCGGCGGCGTCCGCACTCTCCA 100
H102 51 CATCTTCCTGCTCGCGACGTGGCGGCCCGCGGCGGCGTCCGCACTCTCCA 100
B73 101 CCTTCGCGCTGGCCAAGGCGGACGCCACCACCATAGTGTGCGCGCTCCTG 150
H102 101 CCTTCGCGCTGGCCAAGGCGGACGCCACCACCATAGTGTGCGCGCTCCTG 150
B73 151 CCGTCCGCGGCGTCGCCTCTGCTGGTCGACCTCAACTGCACGGCCGCCGG 200
H102 151 CCGTCCGCGGCGTCGCCTCTGCTGGTCGACCTCAACTGCACGGCGGCCGG 200
B73 201 CGGCGACCACGCGCGCCAGGAGACGTACCCGTCCTCGCACCCCTTCAACG 250
H102 201 CGGCGACCACGCGCGCCAGGAGACGTACCCGTCCTCGCACCCCTTCGCCG 250
B73 251 CGCTGGCCGGAGGGGAGGACTTCCTCTGCGCCGTGGGGCCCTCCGGCGAG 300
H102 251 CGCTGGCCGGAGGGGAGGACTTCCTCTGCGCCGTGGGGCCCTCCGGCGAG 300
B73 301 CGCGCGGGCGACGTGGACATGCGCTGGTGGGACCTGTCCGGCGACGGTAG 350
H102 301 CGCGCGGGCGACGTGGACATGCGCTGGTGGGACCTGTCCGGCGACGGTAG 350
B73 351 CAACAGGTCCAAGCGGGTCTACATGGGCCCGCCGCTCCGGGCGCTGTCCT 400
H102 351 CAACAGGTCCAAGCGGGTCTACATGGGCCCGCCGCTCCGGGCGCTGTCCT 400
B73 401 CGAGCGAGTACCGCGTCTGCGGGGTGCTCCACAGCGGGGAGCTCCACTGC 450
H102 401 CGAGCGAGTACCGCGTCTGCGGGGTGCTCCACAGCGGGGAGCTCCACTGC 450
B73 451 TGGCGCTGGCGCGGCCTCCGCATCTCCAGGGACCTCCGGTTCGTCGCCGC 500
H102 451 TGGCGCTGGCGCGGCCTCCGCATCTCCAGGGACCTCCGGTTCGTCGCCGC 500
B73 501 CGCCGTCGGGGACGGATTCGTGTGCGCCATCCTCAAGGGGACGCCGGCCT 550
H102 501 CGCCGTCGGGGACGGATTCGTGTGCGCCATCCTCAAGGGGACGCCGGCCT 550
B73 551 CCATCCGCTGCTTCGGCAACGACACAGCGGCCCCGGCCGTCGCCGGCGCG 600
H102 551 CCATCCGCTGCTTCGGCAACGACACAGCGGCCCCGGCCGTCGCCGGCGCG 600
B73 601 CCGACGAACGGGAGCTTCGACGTCGTGGCCGCTTGCGCCCACCGCGCGTG 650
H102 601 CCGACGAACGGGAGCTTCGACGTCGTGGCCGCTTGCGCCCACCGCGCGTG 650
B73 651 CGCGCTGTCCACGGCGGGGGCGCTCACGTGCTGGGGCCGCGACCCGCCGC 700
H102 651 CGCGCTGTCCACGGCGGGGGCGCTCACGTGCTGGGGCCGCGACCCGCCGC 700
B73 701 GCGTCGGCCCGGGCGATGCGGCGGCCACCGGGTACGCGGCGCTGGCATTG 750
H102 701 GCGTCGGCCCGGGCGATGCGGCGGCCACCGGGTACGCGGCGCTGGCATTG 750
B73 751 GGGGAGGACGGCGTCTGCGGCCTGCGCACCAATTTCACCATCCGCTGCTT 800
H102 751 GGGGAGGACGGCGTCTGCGGCCTGCGCACCAATTTCACCATCCGCTGCTT 800

Фигура 5B


B73 801 CGGCGACGGCGTGGCCCACCCGCCGCCCGACCTCGCGCACGCCCAGTTCC 850
H102 801 CGGCGACGGCGTGGCCCACCCGCCGCCCGACCTCGCGCACGCCCAGTTCC 850
B73 851 TCGACGTGCGCGCGCACGGCAAGGCCTTCTGCGGCGTGCTCATGGCCAAC 900
H102 851 TCGACGTGCGCGCGCACGGCAAGGCCTTCTGCGGCGTGCTCATGGCCAAC 900
B73 901 TACTCCCTCGTCTGCTGGGGCGGCCCTGAGTTCAACACCACCAACCGCCT 950
H102 901 TACTCCCTCGTCTGCTGGGGCGGCCCTGAGTTCAACACCACCAACCGCCT 950
B73 951 CGTCTTCGGCCGCGTCATGCCGGGCCCCTGCCTGCCCATGTCCTCGTGCC 1000
H102 951 CGTCTTCGGCCGCGTCATGCCGGGCCCCTGCCTGCCCATGTCCTCGTGCC 1000
B73 1001 AATGCGGCGTCTTGCCGGGCTCCGCCAACTTCTGCGACGACAGCCGCTGC 1050
H102 1001 AATGCGGCGTCTTGCCGGGCTCCGCCAACTTCTGCGACGACAGCCGCTGC 1050
B73 1051 GTCTGCGTCGACTGCGCGTTCGAGCTCAACGTCGCCAGGCCCAACGCGTC 1100
H102 1051 GTCTGCGTCGACTGCGCGTTCGAGCTCAACGTCGCCAGGCCCAACGTGTC 1100
B73 1101 GGTCGTCCCCGGGAAGGGAGGTTGGAGCAGGAGGACCATGTGGATTGCAA 1150
H102 1101 GGTCCTCCCCGGGAAGGGAGGTTGGAGCAGGAGGACCATGTGGATTGCAA 1150
B73 1151 TCGCCGCGGCGGCCGCCGTTTTCCTCGTGTTCTTCGTGGCATTCCAGTTC 1200
H102 1151 TCGCCGCGTCGGCCGCCGTTTTCCTCGTGTTCTTTGTGGCATTCCAGTTC 1200
B73 1201 GCGCTGGTCCTATGGT---GTCGCCGCCGCCGCCGCCGCAGGAAAGAACT 1247
H102 1201 GCGCTGGTCCTATGGTGTCGTCGCCGCCGCCGCCGCAGGAACGAACT 1250
B73 1248 GGATGCCTCCGCTGGTGTGCAGCAGTCGCTGATGCCGCCGAGGCTCGGGT 1297
H102 1251 GGATGCCTCCGCTGGTGTGCAGCAGTCGCTGATGGCGCCGAGGCTCGGGT 1300
B73 1298 CCAGCAGGAGCAAGGGCCCGGGCAGCGTGGTGGAGCACTTCACGCTAGAC 1347
H102 1301 CCAGCAGGAGCAAGGGCCCGGGCAGCGTGGTGGAGCACTTCACGCTGGAC 1350
B73 1348 ATGCTCCAGGCCGCGACGGACGGGTTCTCCGATGACAGCCGGATCGGAAC 1397
H102 1351 ATGCTCCAGGCCGCGACGGACGGGTTCTCCGACGACAGCCGGATCGGAAC 1400
B73 1398 CGGGAGCTTCGGGTCCGTGTACCGTGGCACCCTACCCGACGGCCGCGAGG 1447
H102 1401 CGGGAGCTTCGGGTCCGTGTACCGCGGCACCCTACCCGACGGCCGCGAGG 1450
B73 1448 TCGCGATCAAGCGCGCCGAGGACTCGGCCAAGGCGTCGAGCTCGATGGCG 1497
H102 1451 TCGCGATCAAGCGCGCCGAGGACTCGGCCAAGGCGTCGAGCTCGATGGCG 1500
B73 1498 CGCCCGGCGCGGCGCCGGGACCGCGAGACGGCGTTCAACTCGGAGCTGAC 1547
H102 1501 CGCCCGGCGCGGCGCCGGGACCGCGAGACGGCGTTCAACTCGGAGCTGAC 1550
B73 1548 CGCGCTGGCGCGCGCCAACCACAAGAACATCGTGTGCCTGCTGGGCTGCT 1597
H102 1551 CGCGCTGGCGCGCGCCAACCACAAGAACATCGTGTGCCTGCTGGGCTGCT 1600

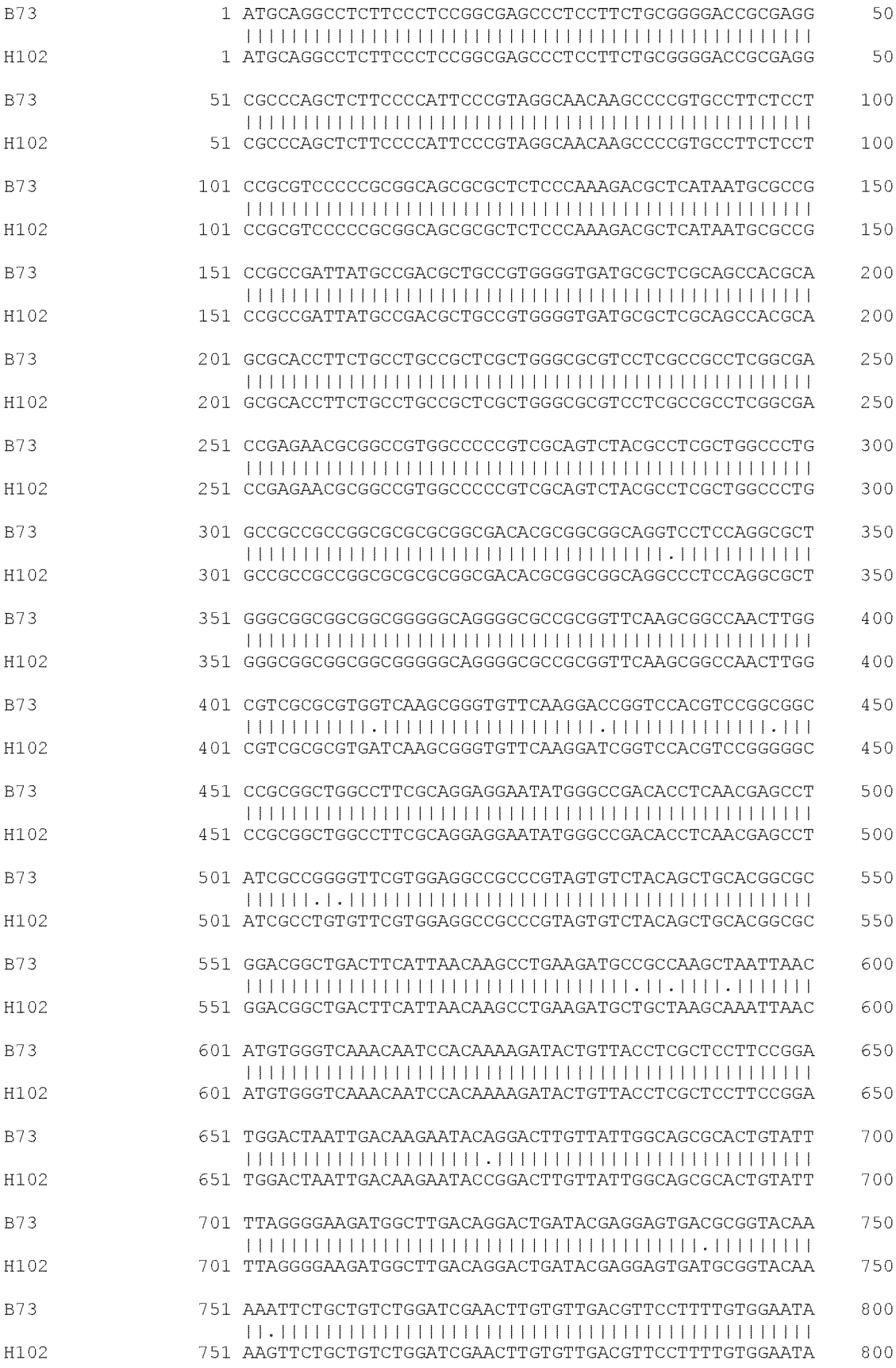
Фигура 5C

```
B73             1598 GCGCGGACTCCGGCGAGCGCGTGCTGGTGTTCGAGTTCATGGCGAACGGC   1647
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1601 GCGCGGACTCCGGCGAGCGCGTGCTGGTGTTCGAGTTCATGGCGAACGGC   1650

B73             1648 ACGCTGCACGACCAGCTCCACAGCCGCAGCCCCATGGCTGCGGCCGTGTC   1697
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1651 ACGCTGCACGACCAGCTCCACAGCCGCAGCCCCATGGCTGCGGCCGTGTC   1700

B73             1698 GTCGTGGCGCGGCCGCCTCACCATCGCGCTGGGCGCGGCGCGGGGCATCG   1747
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1701 GTCGTGGCGCGGCCGCCTCACCATCGCGCTGGGCGCGGCGCGGGGCATCG   1750

B73             1748 AGTACATGCACGTCTACGCCGTGCCGCCCATCATCCACCGCGACGTCAAG   1797
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1751 AGTACATGCACGTCTACGCCGTGCCGCCCATCATCCACCGCGACGTCAAG   1800

B73             1798 TCCGCCAACATCCTGCTCGACGACGCGTGGACGGCCAAGATCGCCGACTT   1847
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1801 TCCGCCAACATCCTGCTCGACGACGCGTGGACGGCCAAGATCGCCGACTT   1850

B73             1848 CGGGCTGTCCTCCGTCCTGGACCCCGGCGTGGGCGCCTGCGGCGACGGCA   1897
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1851 CGGGCTGTCCTCCGTCCTGGACCCCGGCGTGGGCGCCTGCGGCGACGGCA   1900

B73             1898 CGCCGCAGGAGCCCCTCTACACCGGCGGCACGGTGGGGTACATGGACCCG   1947
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1901 CGCCGCAGGAGCCCCTCTACACCGGCGGCACGGTGGGGTACATGGACCCG   1950

B73             1948 GAGTACTACCGGCTGCAGCACCTGACGGACAAGAGCGACGTGTACAGCTT   1997
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1951 GAGTACTACCGGCTGCAGCACCTGACGGACAAGAGCGACGTGTACAGCTT   2000

B73             1998 CGGCGTGGTGCTCCTGGAGCTCATGTCCGGGTGCCGCGTCGTGCAGCGCT   2047
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2001 CGGCGTGGTGCTCCTGGAGCTCATGTCCGGGTGCCGCGTCGTGCAGCGCT   2050

B73             2048 ACGCCGAGAGCGTGACGCCCAAGAACGTGGTGGAGTTCGCGGTGCCGCAC   2097
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2051 ACGCCGAGAGCGTGACGCCCAAGAACGTGGTGGAGTTCGCGGTGCCGCAC   2100

B73             2098 ATCCTCGCCGACGACGTCGCGCGCGTGCTCGACCCGCGCCTGCCCGCGCC   2147
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2101 ATCCTCGCCGACGACGTCGCGCGCGTGCTCGACCCGCGCCTGCCCGCGCC   2150

B73             2148 CACGCCCGACGAAGCCGAGGCGCTGGCCTACGTGGGCTACCTCGCCGCCG   2197
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2151 CACGCCCGACGAAGCCGAGGCGCTGGCCTACGTGGGCTACCTCGCCGCCG   2200

B73             2198 ACTGCGTGGGGCCAGTGGGGTGCGACCGCCCGTCCATGACCGAGGTCGTG   2247
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2201 ACTGCGTGGGGCCAGTGGGGTGCGACCGCCCGTCCATGACCGAGGTCGTG   2250

B73             2248 GACGCCCTGGAGCGCGCCCTCGCGGCCTGCGGGGCTGGGCCGCTCTCCCG   2297
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2251 GACGCCCTGGAGCGCGCCCTCGCGGCCTGCGGGGCTGGGCCGCTCTCCCG   2300

B73             2298 CGCCGGCACCGGCCGCCGCCCCGTGCTCTCCCGCTCCGGCACCGACCAGT   2347
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2301 CGCCGGCACCGGCCGCCGCCCCGTGCTCTCCCGCTCCGGCACCGACCAGT   2350

B73             2348 TCGACCTCACCGACACCGACTAG   2370
                     |||||||||||||||||||||||
H102            2351 TCGACCTCACCGACACCGACTAG   2373
```

Фигура 6

```
B73                1 MPPPRRLHLHAAFLLLPIFLLATWRPAAASALSTFALAKADATTIVCALL     50
                     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102               1 MPPPRRLHLHAAFLLLPIFLLATWRPAAASALSTFALAKADATTIVCALL     50

B73               51 PSAASPLLVDLNCTAAGGDHARQETYPSSHPFNALAGGEDFLCAVGPSGE    100
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||.||||||||||||||||||
H102              51 PSAASPLLVDLNCTAAGGDHARQETYPSSHPFAALAGGEDFLCAVGPSGE    100

B73              101 RAGDVDMRWWDLSGDGSNRSKRVYMGPPLRALSSSEYRVCGVLHSGELHC    150
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             101 RAGDVDMRWWDLSGDGSNRSKRVYMGPPLRALSSSEYRVCGVLHSGELHC    150

B73              151 WRWRGLRISRDLRFVAAAVGDGFVCAILKGTPASIRCFGNDTAAPAVAGA    200
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             151 WRWRGLRISRDLRFVAAAVGDGFVCAILKGTPASIRCFGNDTAAPAVAGA    200

B73              201 PTNGSFDVVAACAHRACALSTAGALTCWGRDPPRVGPGDAAATGYAALAL    250
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             201 PTNGSFDVVAACAHRACALSTAGALTCWGRDPPRVGPGDAAATGYAALAL    250

B73              251 GEDGVCGLRTNFTIRCFGDGVAHPPPDLAHAQFLDVRAHGKAFCGVLMAN    300
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             251 GEDGVCGLRTNFTIRCFGDGVAHPPPDLAHAQFLDVRAHGKAFCGVLMAN    300

B73              301 YSLVCWGGPEFNTTNRLVFGRVMPGPCLPMSSCQCGVLPGSANFCDDSRC    350
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             301 YSLVCWGGPEFNTTNRLVFGRVMPGPCLPMSSCQCGVLPGSANFCDDSRC    350

B73              351 VCVDCAFELNVARPNASVVPGKGGWSRRTMWIAIAAAAAVFLVFFVAFQF    400
                     ||||||||||||||.||:||||||||||||||:||||||||||||||||||
H102             351 VCVDCAFELNVARPNVSVLPGKGGWSRRTMWIAIAASAAVFLVFFVAFQF    400

B73              401 ALVLWCRRRRRRRK-ELDASAGVQQSLMPPRLGSSRSKGPGSVVEHFTLD    449
                     |||||||||||||: ||||||||||||.|||||||||||||||||||||||
H102             401 ALVLWCRRRRRRRRNELDASAGVQQSLMAPRLGSSRSKGPGSVVEHFTLD    450

B73              450 MLQAATDGFSDDSRIGTGSFGSVYRGTLPDGREVAIKRAEDSAKASSSMA    499
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             451 MLQAATDGFSDDSRIGTGSFGSVYRGTLPDGREVAIKRAEDSAKASSSMA    500

B73              500 RPARRRDRETAFNSELTALARANHKNIVCLLGCCADSGERVLVFEFMANG    549
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             501 RPARRRDRETAFNSELTALARANHKNIVCLLGCCADSGERVLVFEFMANG    550

B73              550 TLHDQLHSRSPMAAAVSSWRGRLTIALGAARGIEYMHVYAVPPIIHRDVK    599
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             551 TLHDQLHSRSPMAAAVSSWRGRLTIALGAARGIEYMHVYAVPPIIHRDVK    600

B73              600 SANILLDDAWTAKIADFGLSSVLDPGVGACGDGTPQEPLYTGGTVGYMDP    649
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             601 SANILLDDAWTAKIADFGLSSVLDPGVGACGDGTPQEPLYTGGTVGYMDP    650

B73              650 EYYRLQHLTDKSDVYSFGVVLLELMSGCRVVQRYAESVTPKNVVEFAVPH    699
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             651 EYYRLQHLTDKSDVYSFGVVLLELMSGCRVVQRYAESVTPKNVVEFAVPH    700

B73              700 ILADDVARVLDPRLPAPTPDEAEALAYVGYLAADCVGPVGCDRPSMTEVV    749
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             701 ILADDVARVLDPRLPAPTPDEAEALAYVGYLAADCVGPVGCDRPSMTEVV    750

B73              750 DALERALAACGAGPLSRAGTGRRPVLSRSGTDQFDLTDTD    789
                     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             751 DALERALAACGAGPLSRAGTGRRPVLSRSGTDQFDLTDTD    790
```

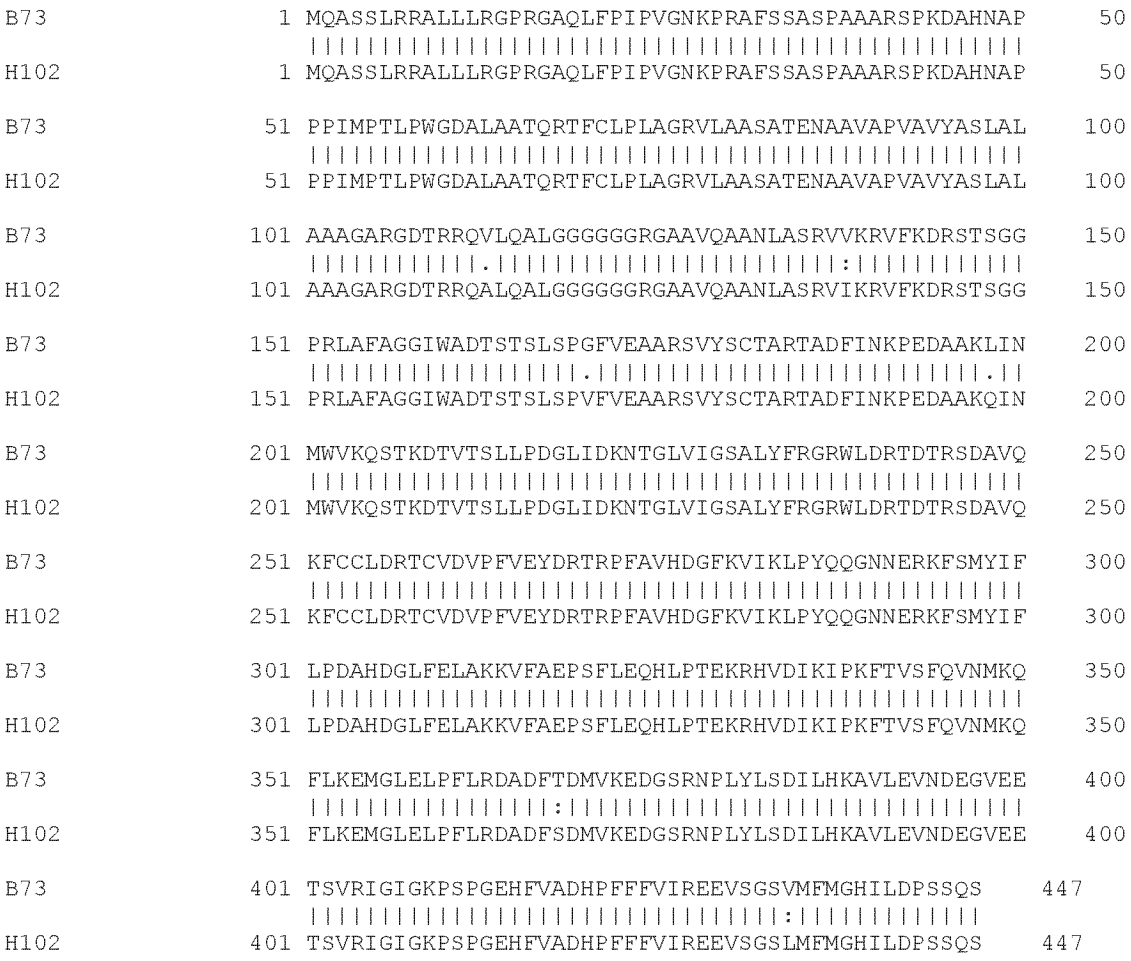
Фигура 7A


B73 1 ATGCAGGCCTCTTCCCTCCGGCGAGCCCTCCTTCTGCGGGGACCGCGAGG 50
H102 1 ATGCAGGCCTCTTCCCTCCGGCGAGCCCTCCTTCTGCGGGGACCGCGAGG 50
B73 51 CGCCCAGCTCTTCCCCATTCCCGTAGGCAACAAGCCCCGTGCCTTCTCCT 100
H102 51 CGCCCAGCTCTTCCCCATTCCCGTAGGCAACAAGCCCCGTGCCTTCTCCT 100
B73 101 CCGCGTCCCCCGCGGCAGCGCGCTCTCCCAAAGACGCTCATAATGCGCCG 150
H102 101 CCGCGTCCCCCGCGGCAGCGCGCTCTCCCAAAGACGCTCATAATGCGCCG 150
B73 151 CCGCCGATTATGCCGACGCTGCCGTGGGGTGATGCGCTCGCAGCCACGCA 200
H102 151 CCGCCGATTATGCCGACGCTGCCGTGGGGTGATGCGCTCGCAGCCACGCA 200
B73 201 GCGCACCTTCTGCCTGCCGCTCGCTGGGCGCGTCCTCGCCGCCTCGGCGA 250
H102 201 GCGCACCTTCTGCCTGCCGCTCGCTGGGCGCGTCCTCGCCGCCTCGGCGA 250
B73 251 CCGAGAACGCGGCCGTGGCCCCCGTCGCAGTCTACGCCTCGCTGGCCCTG 300
H102 251 CCGAGAACGCGGCCGTGGCCCCCGTCGCAGTCTACGCCTCGCTGGCCCTG 300
B73 301 GCCGCCGCCGGCGCGCGCGGCGACACGCGGCGGCAGGTCCTCCAGGCGCT 350
H102 301 GCCGCCGCCGGCGCGCGCGGCGACACGCGGCGGCAGGCCCTCCAGGCGCT 350
B73 351 GGGCGGCGGCGGCGGGGGCAGGGGCGCCGCGGTTCAAGCGGCCAACTTGG 400
H102 351 GGGCGGCGGCGGCGGGGGCAGGGGCGCCGCGGTTCAAGCGGCCAACTTGG 400
B73 401 CGTCGCGCGTGGTCAAGCGGGTGTTCAAGGACCGGTCCACGTCCGGCGGC 450
H102 401 CGTCGCGCGTGATCAAGCGGGTGTTCAAGGATCGGTCCACGTCCGGGGGC 450
B73 451 CCGCGGCTGGCCTTCGCAGGAGGAATATGGGCCGACACCTCAACGAGCCT 500
H102 451 CCGCGGCTGGCCTTCGCAGGAGGAATATGGGCCGACACCTCAACGAGCCT 500
B73 501 ATCGCCGGGGTTCGTGGAGGCCGCCCGTAGTGTCTACAGCTGCACGGCGC 550
H102 501 ATCGCCTGTGTTCGTGGAGGCCGCCCGTAGTGTCTACAGCTGCACGGCGC 550
B73 551 GGACGGCTGACTTCATTAACAAGCCTGAAGATGCCGCCAAGCTAATTAAC 600
H102 551 GGACGGCTGACTTCATTAACAAGCCTGAAGATGCTGCTAAGCAAATTAAC 600
B73 601 ATGTGGGTCAAACAATCCACAAAAGATACTGTTACCTCGCTCCTTCCGGA 650
H102 601 ATGTGGGTCAAACAATCCACAAAAGATACTGTTACCTCGCTCCTTCCGGA 650
B73 651 TGGACTAATTGACAAGAATACAGGACTTGTTATTGGCAGCGCACTGTATT 700
H102 651 TGGACTAATTGACAAGAATACCGGACTTGTTATTGGCAGCGCACTGTATT 700
B73 701 TTAGGGGAAGATGGCTTGACAGGACTGATACGAGGAGTGACGCGGTACAA 750
H102 701 TTAGGGGAAGATGGCTTGACAGGACTGATACGAGGAGTGATGCGGTACAA 750
B73 751 AAATTCTGCTGTCTGGATCGAACTTGTGTTGACGTTCCTTTTGTGGAATA 800
H102 751 AAGTTCTGCTGTCTGGATCGAACTTGTGTTGACGTTCCTTTTGTGGAATA 800

Фигура 7B

B73 801 TGATAGAACTCGACCTTTCGCAGTCCACGATGGATTTAAAGTGATTAAGC 850
H102 801 TGATAGAACTCGACCTTTCGCAGTCCACGATGGATTTAAAGTGATCAAGC 850
B73 851 TTCCTTACCAGCAAGGAAATAATGAACGGAAGTTCTCCATGTACATCTTC 900
H102 851 TTCCTTACCAGCAAGGAAATAATGAACGGAAGTTCTCCATGTACATCTTC 900
B73 901 CTGCCTGATGCTCATGATGGCTTGTTTGAATTAGCTAAGAAAGTTTTCGC 950
H102 901 CTGCCTGATGCTCATGATGGCTTGTTTGAATTAGCTAAGAAAGTTTTCGC 950
B73 951 GGAACCATCATTCTTAGAACAACACTTGCCAACTGAGAAGCGGCACGTGG 1000
H102 951 GGAACCATCATTCTTAGAACAACACTTGCCAACTGAGAAGCGGCATGTGG 1000
B73 1001 ATATCAAGATTCCCAAGTTCACAGTGTCATTCCAGGTCAATATGAAGCAG 1050
H102 1001 ATATCAAGATTCCCAAGTTCACAGTGTCATTCCAGGTCAATATGAAGCAG 1050
B73 1051 TTTCTGAAAGAAATGGGCCTCGAATTACCCTTCCTCCGTGATGCAGATTT 1100
H102 1051 TTTCTGAAAGAAATGGGCCTCGAATTACCCTTCCTCCGTGACGCAGATTT 1100
B73 1101 CACTGATATGGTCAAGGAAGATGGATCCAGAAATCCGTTGTATCTATCCG 1150
H102 1101 CTCTGATATGGTCAAGGAAGATGGATCCAGAAATCCGTTGTATCTATCCG 1150
B73 1151 ACATACTTCATAAAGCAGTTTTGGAGGTTAATGATGAAGGCGTTGAAGAA 1200
H102 1151 ACATACTTCATAAAGCAGTTTTGGAGGTTAATGATGAAGGCGTTGAAGAA 1200
B73 1201 ACTTCTGTGAGAATTGGCATAGGGAAGCCCTCACCAGGAGAGCACTTTGT 1250
H102 1201 ACTTCTGTGAGAATTGGCATAGGGAAGCCCTCACCAGGAGAGCACTTTGT 1250
B73 1251 TGCCGACCATCCTTTCTTCTTTGTCATTAGGGAGGAGGTGTCTGGCTCAG 1300
H102 1251 TGCCGACCACCCTTTCTTCTTTGTCATTAGGGAGGAGGTGTCTGGCTCAT 1300
B73 1301 TAATGTTCATGGGGCACATACTGGACCCATCATCACAATCTTAA 1344
H102 1301 TAATGTTCATGGGGCACATACTGGACCCATCATCACAATCTTAA 1344

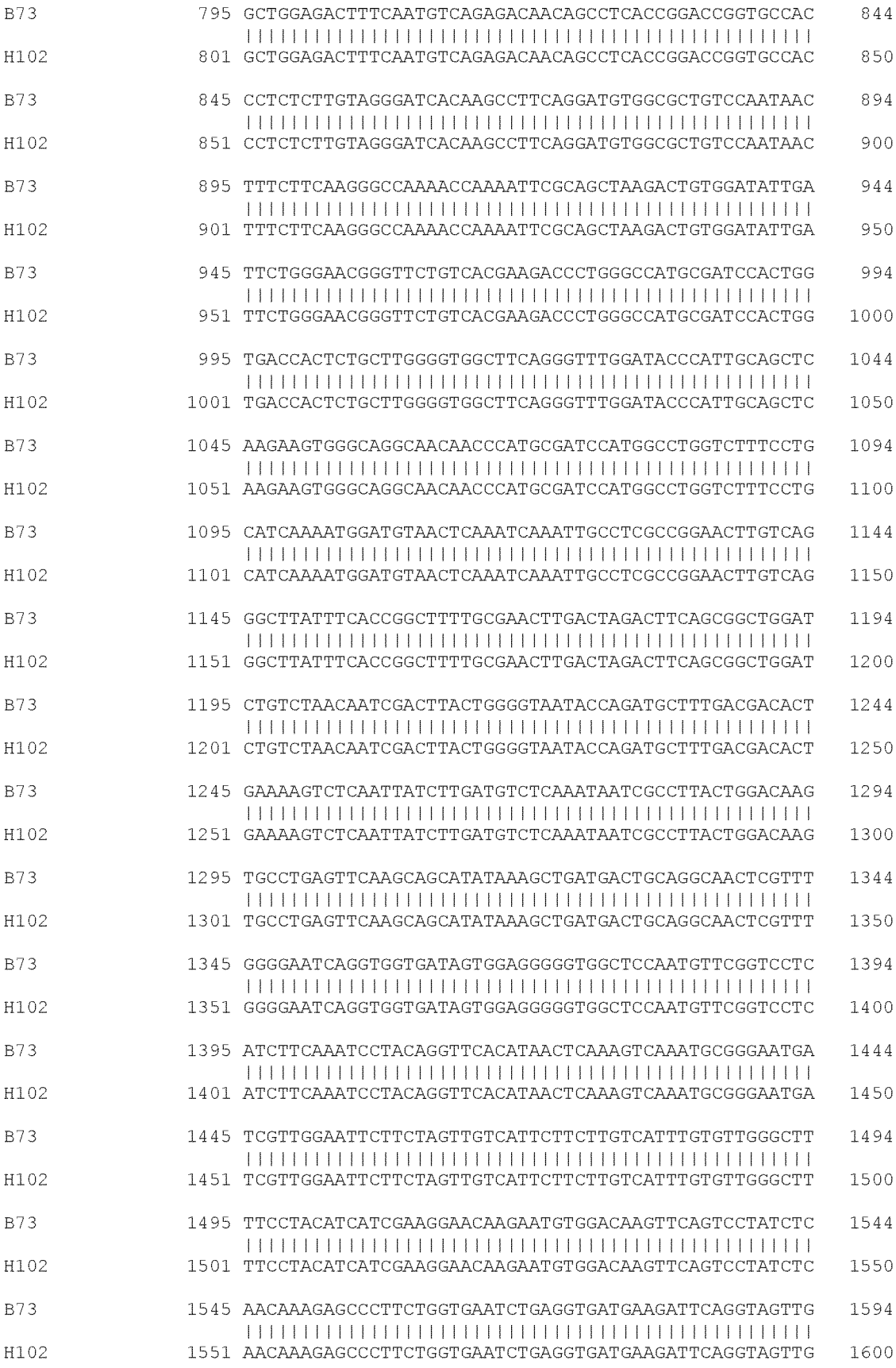
Фигура 8


B73 1 MQASSLRRALLLRGPRGAQLFPIPVGNKPRAFSSASPAAARSPKDAHNAP 50
H102 1 MQASSLRRALLLRGPRGAQLFPIPVGNKPRAFSSASPAAARSPKDAHNAP 50
B73 51 PPIMPTLPWGDALAATQRTFCLPLAGRVLAASATENAAVAPVAVYASLAL 100
H102 51 PPIMPTLPWGDALAATQRTFCLPLAGRVLAASATENAAVAPVAVYASLAL 100
B73 101 AAAGARGDTRRQVLQALGGGGGGRGAAVQAANLASRVVKRVFKDRSTSGG 150
H102 101 AAAGARGDTRRQALQALGGGGGGRGAAVQAANLASRVIKRVFKDRSTSGG 150
B73 151 PRLAFAGGIWADTSTSLSPGFVEAARSVYSCTARTADFINKPEDAAKLIN 200
H102 151 PRLAFAGGIWADTSTSLSPVFVEAARSVYSCTARTADFINKPEDAAKQIN 200
B73 201 MWVKQSTKDTVTSLLPDGLIDKNTGLVIGSALYFRGRWLDRTDTRSDAVQ 250
H102 201 MWVKQSTKDTVTSLLPDGLIDKNTGLVIGSALYFRGRWLDRTDTRSDAVQ 250
B73 251 KFCCLDRTCVDVPFVEYDRTRPFAVHDGFKVIKLPYQQGNNERKFSMYIF 300
H102 251 KFCCLDRTCVDVPFVEYDRTRPFAVHDGFKVIKLPYQQGNNERKFSMYIF 300
B73 301 LPDAHDGLFELAKKVFAEPSFLEQHLPTEKRHVDIKIPKFTVSFQVNMKQ 350
H102 301 LPDAHDGLFELAKKVFAEPSFLEQHLPTEKRHVDIKIPKFTVSFQVNMKQ 350
B73 351 FLKEMGLELPFLRDADFTDMVKEDGSRNPLYLSDILHKAVLEVNDEGVEE 400
H102 351 FLKEMGLELPFLRDADFSDMVKEDGSRNPLYLSDILHKAVLEVNDEGVEE 400
B73 401 TSVRIGIGKPSPGEHFVADHPFFFVIREEVSGSVMFMGHILDPSSQS 447
H102 401 TSVRIGIGKPSPGEHFVADHPFFFVIREEVSGSLMFMGHILDPSSQS 447

Фигура 9A

```
B73                1 ATGGGGAGGGCGGGATTTCTCTTCCTCCCCCTCCTGCTCCTCCTCGCCTT     50
                     |||||||||||||||||||||.|||||||||||||||||||||||||.|||
H102               1 ATGGGGAGGGCGGGATTTCTCCTCCTCCCCCTCCTGCTCCTCCTCGTCTT     50

B73               51 CG------CCGGCCCCGGCCCCGCCTCCGCGGCGACGGCCATGACCCCGG     94
                     ||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102              51 CGCCGGCCCCGGCCCCGGCCCCGCCTCCGCGGCGACGGCCATGACCCCGG    100

B73               95 ACGCGGGCGTCATCTTGGACCTCGCCAAGTCGCTGACCAACCCGCCGCCG    144
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             101 ACGCGGGCGTCATCTTGGACCTCGCCAAGTCGCTGACCAACCCGCCGCCG    150

B73              145 TCCTGGACCGGCACCGACGTCTGCGGCGGCGTCTCCTTCAGCGGCGTCAC    194
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||..||||
H102             151 TCCTGGACCGGCACCGACGTCTGCGGCGGCGTCTCCTTCAGCGGAATCAC    200

B73              195 CTGCAACGGCGCCGCCCGCGTCACCGGCATCAACCTCGCCAAGCTGCATT    244
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             201 CTGCAACGGCGCCGCCCGCGTCACCGGCATCAACCTCGCCAAGCTGCATT    250

B73              245 TATCCGGCACCCTTTCCTCGTCCCTCGCCAATCTCACCGCGCTCCAATCG    294
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             251 TATCCGGCACCCTTTCCTCGTCCCTCGCCAATCTCACCGCGCTCCAATCG    300

B73              295 CTGCAGCTCCAAGGCAACGCGCTGGAGGGCGACCTGCCCTCCCTGGCCCA    344
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             301 CTGCAGCTCCAAGGCAACGCGCTGGAGGGCGACCTGCCCTCCCTGGCCCA    350

B73              345 GATGGGCTCCCTCGAGACCCTCGTTCTCGACGGCAACGCCTTCTCCACCC    394
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             351 GATGGGCTCCCTCGAGACCCTCGTTCTCGACGGCAACGCCTTCTCCACCC    400

B73              395 TGCCGCCGGACTTCCTCGAGGGTCTCCCCTCGCTGCTCAAGCTCAGTATG    444
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             401 TGCCGCCGGACTTCCTCGAGGGTCTCCCCTCGCTGCTCAAGCTCAGTATG    450

B73              445 GACGACCTCCCTCTCGAGCCATGGAGCATCCCCGACGCTATCGCGGGGTG    494
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             451 GACGACCTCCCTCTCGAGCCATGGAGCATCCCCGACGCTATCGCGGGGTG    500

B73              495 CGCGATGCTTCAGACCTTCTCGGCCTCCAATGCCTCTGTCTCTGGCCCCT    544
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             501 CGCGATGCTTCAGACCTTCTCGGCCTCCAATGCCTCTGTCTCTGGCCCCT    550

B73              545 TCCCGGCGGTTCTTGCCAACCTGACGTCGCTACAGACGCTGCGGCTGTCG    594
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             551 TCCCGGCGGTTCTTGCCAACCTGACGTCGCTACAGACGCTGCGGCTGTCG    600

B73              595 TACAATAACCTTACCGGGGTCCTGCCGGTGGGGTTAGAGGCGTTGGGCTC    644
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             601 TACAATAACCTTACCGGGGTCCTGCCGGTGGGGTTAGAGGCGTTGGGCTC    650

B73              645 GCTGGAGACGCTGCAGCTCAACAGCCAGAGGTCGAACGGCATGCTGTCAG    694
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             651 GCTGGAGACGCTGCAGCTCAACAGCCAGAGGTCGAACGGCATGCTGTCAG    700

B73              695 GGCCAATTGACGTTGTGGCGAAGTTGCCGAGCTTGAAGACACTGTGGCTT    744
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             701 GGCCAATTGACGTTGTGGCGAAGTTGCCGAGCTTGAAGACACTGTGGCTT    750

B73              745 CAGTCCAACTCGTTCACCGGCCCGATCCCGGAGTTTGATCCCAACACGCA    794
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             751 CAGTCCAACTCGTTCACCGGCCCGATCCCGGAGTTTGATCCCAACACGCA    800
```

Фигура 9B


B73 795 GCTGGAGACTTTCAATGTCAGAGACAACAGCCTCACCGGACCGGTGCCAC 844
H102 801 GCTGGAGACTTTCAATGTCAGAGACAACAGCCTCACCGGACCGGTGCCAC 850
B73 845 CCTCTCTTGTAGGGATCACAAGCCTTCAGGATGTGGCGCTGTCCAATAAC 894
H102 851 CCTCTCTTGTAGGGATCACAAGCCTTCAGGATGTGGCGCTGTCCAATAAC 900
B73 895 TTTCTTCAAGGGCCAAAACCAAAATTCGCAGCTAAGACTGTGGATATTGA 944
H102 901 TTTCTTCAAGGGCCAAAACCAAAATTCGCAGCTAAGACTGTGGATATTGA 950
B73 945 TTCTGGGAACGGGTTCTGTCACGAAGACCCTGGGCCATGCGATCCACTGG 994
H102 951 TTCTGGGAACGGGTTCTGTCACGAAGACCCTGGGCCATGCGATCCACTGG 1000
B73 995 TGACCACTCTGCTTGGGGTGGCTTCAGGGTTTGGATACCCATTGCAGCTC 1044
H102 1001 TGACCACTCTGCTTGGGGTGGCTTCAGGGTTTGGATACCCATTGCAGCTC 1050
B73 1045 AAGAAGTGGGCAGGCAACAACCCATGCGATCCATGGCCTGGTCTTTCCTG 1094
H102 1051 AAGAAGTGGGCAGGCAACAACCCATGCGATCCATGGCCTGGTCTTTCCTG 1100
B73 1095 CATCAAAATGGATGTAACTCAAATCAAATTGCCTCGCCGGAACTTGTCAG 1144
H102 1101 CATCAAAATGGATGTAACTCAAATCAAATTGCCTCGCCGGAACTTGTCAG 1150
B73 1145 GGCTTATTTCACCGGCTTTTGCGAACTTGACTAGACTTCAGCGGCTGGAT 1194
H102 1151 GGCTTATTTCACCGGCTTTTGCGAACTTGACTAGACTTCAGCGGCTGGAT 1200
B73 1195 CTGTCTAACAATCGACTTACTGGGGTAATACCAGATGCTTTGACGACACT 1244
H102 1201 CTGTCTAACAATCGACTTACTGGGGTAATACCAGATGCTTTGACGACACT 1250
B73 1245 GAAAAGTCTCAATTATCTTGATGTCTCAAATAATCGCCTTACTGGACAAG 1294
H102 1251 GAAAAGTCTCAATTATCTTGATGTCTCAAATAATCGCCTTACTGGACAAG 1300
B73 1295 TGCCTGAGTTCAAGCAGCATATAAAGCTGATGACTGCAGGCAACTCGTTT 1344
H102 1301 TGCCTGAGTTCAAGCAGCATATAAAGCTGATGACTGCAGGCAACTCGTTT 1350
B73 1345 GGGGAATCAGGTGGTGATAGTGGAGGGGGTGGCTCCAATGTTCGGTCCTC 1394
H102 1351 GGGGAATCAGGTGGTGATAGTGGAGGGGGTGGCTCCAATGTTCGGTCCTC 1400
B73 1395 ATCTTCAAATCCTACAGGTTCACATAACTCAAAGTCAAATGCGGGAATGA 1444
H102 1401 ATCTTCAAATCCTACAGGTTCACATAACTCAAAGTCAAATGCGGGAATGA 1450
B73 1445 TCGTTGGAATTCTTCTAGTTGTCATTCTTCTTGTCATTTGTGTTGGGCTT 1494
H102 1451 TCGTTGGAATTCTTCTAGTTGTCATTCTTCTTGTCATTTGTGTTGGGCTT 1500
B73 1495 TTCCTACATCATCGAAGGAACAAGAATGTGGACAAGTTCAGTCCTATCTC 1544
H102 1501 TTCCTACATCATCGAAGGAACAAGAATGTGGACAAGTTCAGTCCTATCTC 1550
B73 1545 AACAAAGAGCCCTTCTGGTGAATCTGAGGTGATGAAGATTCAGGTAGTTG 1594
H102 1551 AACAAAGAGCCCTTCTGGTGAATCTGAGGTGATGAAGATTCAGGTAGTTG 1600

Фигура 9C

```
B73             1595 GGACAAATGGCCATAGCAACATAAGTGGTTCTGTAGGCTCAACTGAGCTT   1644
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1601 GGACAAATGGCCATAGCAACATAAGTGGTTCTGTAGGCTCAACTGAGCTT   1650

B73             1645 TACAGTCATTCAAGTGCTGACAACACAAGCATTGCTGACCTCTTCGAGTC   1694
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1651 TACAGTCATTCAAGTGCTGACAACACAAGCATTGCTGACCTCTTCGAGTC   1700

B73             1695 CCATGGGATGCAATTACCGATGAGTGTGCTACTAAAGGCCACAAACAACT   1744
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1701 CCATGGGATGCAATTACCGATGAGTGTGCTACTAAAGGCCACAAACAACT   1750

B73             1745 TTGATGAGGACTACATCTTAGGTACAGGGGGCTTTGGGGTGGTTTTTAAG   1794
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1751 TTGATGAGGACTACATCTTAGGTACAGGGGGCTTTGGGGTGGTTTTTAAG   1800

B73             1795 GGGACTCTCAATGACAAGCTGGTTGCTGTGAAGAGGTGCGACAGTGGCAC   1844
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1801 GGGACTCTCAATGACAAGCTGGTTGCTGTGAAGAGGTGCGACAGTGGCAC   1850

B73             1845 TATGGGAACTAAAGGGCTGCAAGAATTCATGGCTGAGATTGACGTTCTTA   1894
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1851 TATGGGAACTAAAGGGCTGCAAGAATTCATGGCTGAGATTGACGTTCTTA   1900

B73             1895 GGAAGGTGAGACATCGGCACTTGGTTGCATTGCTTGGATACTGCACCCAT   1944
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            1901 GGAAGGTGAGACATCGGCACTTGGTTGCATTGCTTGGATACTGCACCCAT   1950

B73             1945 GGCAATGAGAGGCTCTTGGTCTATGAATATATGTCAGGAGGAACACTGCG   1994
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||.||||||||||||||||
H102            1951 GGCAATGAGAGGCTCTTGGTCTATGAATATATGTCGGGAGGAACACTGCG   2000

B73             1995 CCAGCACTTGTGTGATCTTCAGCAGAGTGGTTATACTCCTCTTACATGGA   2044
                     ||||||||||||||||||||.||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2001 CCAGCACTTGTGTGATCTTGAGCAGAGTGGTTATACTCCTCTTACATGGA   2050

B73             2045 CACAGAGGATGACAATAGCTTTGGATGTTGCCCGGGGGATAGAATATTTG   2094
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2051 CACAGAGGATGACAATAGCTTTGGATGTTGCCCGGGGGATAGAATATTTG   2100

B73             2095 CATGGTTTGGCGCAGGAGACTTTCATTCATAGGGATCTGAAGCCTTCCAA   2144
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2101 CATGGTTTGGCGCAGGAGACTTTCATTCATAGGGATCTGAAGCCTTCCAA   2150

B73             2145 CATATTGCTTGATCAAGATTTAAGAGCCAAGGTTTCGGACTTTGGATTGG   2194
                     ||||||||||||||||.||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2151 CATATTGCTTGATCAGGATTTAAGAGCCAAGGTTTCGGACTTTGGATTGG   2200

B73             2195 TCAAGCTTGCGAAAGATACAGATAAGTCCATGATGACAAGAGTAGCAGGG   2244
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2201 TCAAGCTTGCGAAAGATACAGATAAGTCCATGATGACAAGAGTAGCAGGG   2250

B73             2245 ACATTTGGATACCTTGCGCCTGAATATGCCACTACAGGAAAGGTCACTAC   2294
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2251 ACATTTGGATACCTTGCGCCTGAATATGCCACTACAGGAAAGGTCACTAC   2300

B73             2295 AAAAGTAGATGTGTATGCATACGGTGTGATACTGATGGAGATGATTACGG   2344
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2301 AAAAGTAGATGTGTATGCATACGGTGTGATACTGATGGAGATGATTACGG   2350

B73             2345 GAAGGAAAGTACTTGATGACTCATTACCCGATGGCGAAACGCATCTCGTA   2394
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2351 GAAGGAAAGTACTTGATGACTCATTACCCGATGGCGAAACGCATCTCGTA   2400
```

Фигура 9D

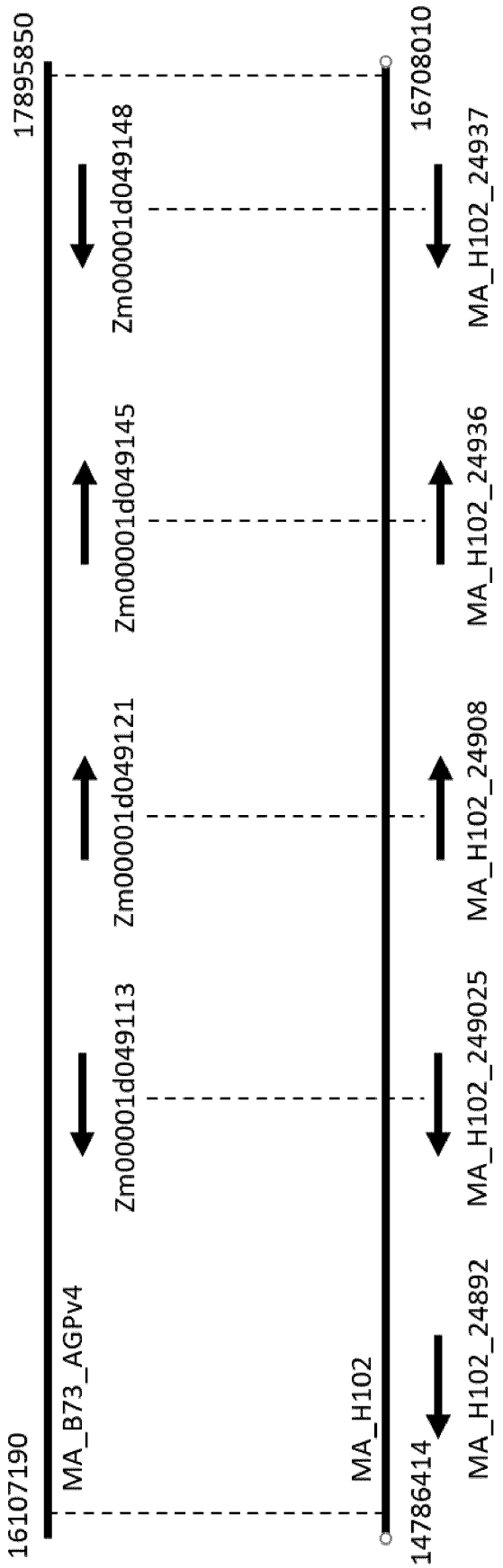
```
B73             2395 ACGAGCTTCCGAAAAAACATGCTCGACAAAGAGAAGTTCAGGAAGTTTTT   2444
                     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2401 ACGAGCTTCCGAAAAAACATGCTCGACAAAGAGAAGTTCAGGAAGTTTTT   2450

B73             2445 GGACCCCACCCTGGAGCTCAGCGCTGAATCTTGGAACAGCCTGCTGGAGG   2494
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2451 GGACCCCACCCTGGAGCTCAGCGCTGAATCTTGGAACAGCCTGCTGGAGG   2500

B73             2495 TGGCCGATCTTGCTCGCCATTGCACGGCGCGGGAACCGTACCAGCGGCCA   2544
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2501 TGGCCGATCTTGCTCGCCATTGCACGGCGCGGGAACCGTACCAGCGGCCA   2550

B73             2545 GACATGGGTCACTGCGTGAACAGGCTTTCCAGCCTAGTGGACCAGTGGAA   2594
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2551 GACATGGGTCACTGCGTGAACAGGCTTTCCAGCCTAGTGGACCAGTGGAA   2600

B73             2595 GCCAACCAACATTGTTGATGATGACGATGAGGAGGGTGGGACAAGCGAGA   2644
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2601 GCCAACCAACATTGTTGATGATGACGATGAGGAGGGTGGGACAAGCGAGA   2650

B73             2645 TGGGTCTTCACCAGCACCTAGAAATATGGAGATGCGATGATTTCACTATA   2694
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2651 TGGGTCTTCACCAGCACCTAGAAATATGGAGATGCGATGATTTCACTATA   2700

B73             2695 TCGGATTCGGATTCATTCAGCGCACACAACACATCAAGGAAGTACCATTG   2744
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            2701 TCGGATTCGGATTCATTCAGCGCACACAACACATCAAGGAAGTACCATTG   2750

B73             2745 A   2745
                     |
H102            2751 A   2751
```

Фигура 10A

```
B73                1 MGRAGFLFLPLLLLLAFA--GPGPASAATAMTPDAGVILDLAKSLTNPPP     48
                     |||||||.|||||||.||  ||||||||||||||||||||||||||||||
H102               1 MGRAGFLLLPLLLLLVFAGPGPGPASAATAMTPDAGVILDLAKSLTNPPP     50

B73               49 SWTGTDVCGGVSFSGVTCNGAARVTGINLAKLHLSGTLSSSLANLTALQS     98
                     ||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102              51 SWTGTDVCGGVSFSGITCNGAARVTGINLAKLHLSGTLSSSLANLTALQS    100

B73               99 LQLQGNALEGDLPSLAQMGSLETLVLDGNAFSTLPPDFLEGLPSLLKLSM    148
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             101 LQLQGNALEGDLPSLAQMGSLETLVLDGNAFSTLPPDFLEGLPSLLKLSM    150

B73              149 DDLPLEPWSIPDAIAGCAMLQTFSASNASVSGPFPAVLANLTSLQTLRLS    198
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             151 DDLPLEPWSIPDAIAGCAMLQTFSASNASVSGPFPAVLANLTSLQTLRLS    200

B73              199 YNNLTGVLPVGLEALGSLETLQLNSQRSNGMLSGPIDVVAKLPSLKTLWL    248
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             201 YNNLTGVLPVGLEALGSLETLQLNSQRSNGMLSGPIDVVAKLPSLKTLWL    250

B73              249 QSNSFTGPIPEFDPNTQLETFNVRDNSLTGPVPPSLVGITSLQDVALSNN    298
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             251 QSNSFTGPIPEFDPNTQLETFNVRDNSLTGPVPPSLVGITSLQDVALSNN    300

B73              299 FLQGPKPKFAAKTVDIDSGNGFCHEDPGPCDPLVTTLLGVASGFGYPLQL    348
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             301 FLQGPKPKFAAKTVDIDSGNGFCHEDPGPCDPLVTTLLGVASGFGYPLQL    350

B73              349 KKWAGNNPCDPWPGLSCIKMDVTQIKLPRRNLSGLISPAFANLTRLQRLD    398
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             351 KKWAGNNPCDPWPGLSCIKMDVTQIKLPRRNLSGLISPAFANLTRLQRLD    400

B73              399 LSNNRLTGVIPDALTTLKSLNYLDVSNNRLTGQVPEFKQHIKLMTAGNSF    448
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             401 LSNNRLTGVIPDALTTLKSLNYLDVSNNRLTGQVPEFKQHIKLMTAGNSF    450

B73              449 GESGGDSGGGGSNVRSSSSNPTGSHNSKSNAGMIVGILLVVILLVICVGL    498
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             451 GESGGDSGGGGSNVRSSSSNPTGSHNSKSNAGMIVGILLVVILLVICVGL    500

B73              499 FLHHRRNKNVDKFSPISTKSPSGESEVMKIQVVGTNGHSNISGSVGSTEL    548
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             501 FLHHRRNKNVDKFSPISTKSPSGESEVMKIQVVGTNGHSNISGSVGSTEL    550

B73              549 YSHSSADNTSIADLFESHGMQLPMSVLLKATNNFDEDYILGTGGFGVVFK    598
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             551 YSHSSADNTSIADLFESHGMQLPMSVLLKATNNFDEDYILGTGGFGVVFK    600

B73              599 GTLNDKLVAVKRCDSGTMGTKGLQEFMAEIDVLRKVRHRHLVALLGYCTH    648
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             601 GTLNDKLVAVKRCDSGTMGTKGLQEFMAEIDVLRKVRHRHLVALLGYCTH    650

B73              649 GNERLLVYEYMSGGTLRQHLCDLQQSGYTPLTWTQRMTIALDVARGIEYL    698
                     |||||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||
H102             651 GNERLLVYEYMSGGTLRQHLCDLEQSGYTPLTWTQRMTIALDVARGIEYL    700

B73              699 HGLAQETFIHRDLKPSNILLDQDLRAKVSDFGLVKLAKDTDKSMMTRVAG    748
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             701 HGLAQETFIHRDLKPSNILLDQDLRAKVSDFGLVKLAKDTDKSMMTRVAG    750

B73              749 TFGYLAPEYATTGKVTTKVDVYAYGVILMEMITGRKVLDDSLPDGETHLV    798
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102             751 TFGYLAPEYATTGKVTTKVDVYAYGVILMEMITGRKVLDDSLPDGETHLV    800
```

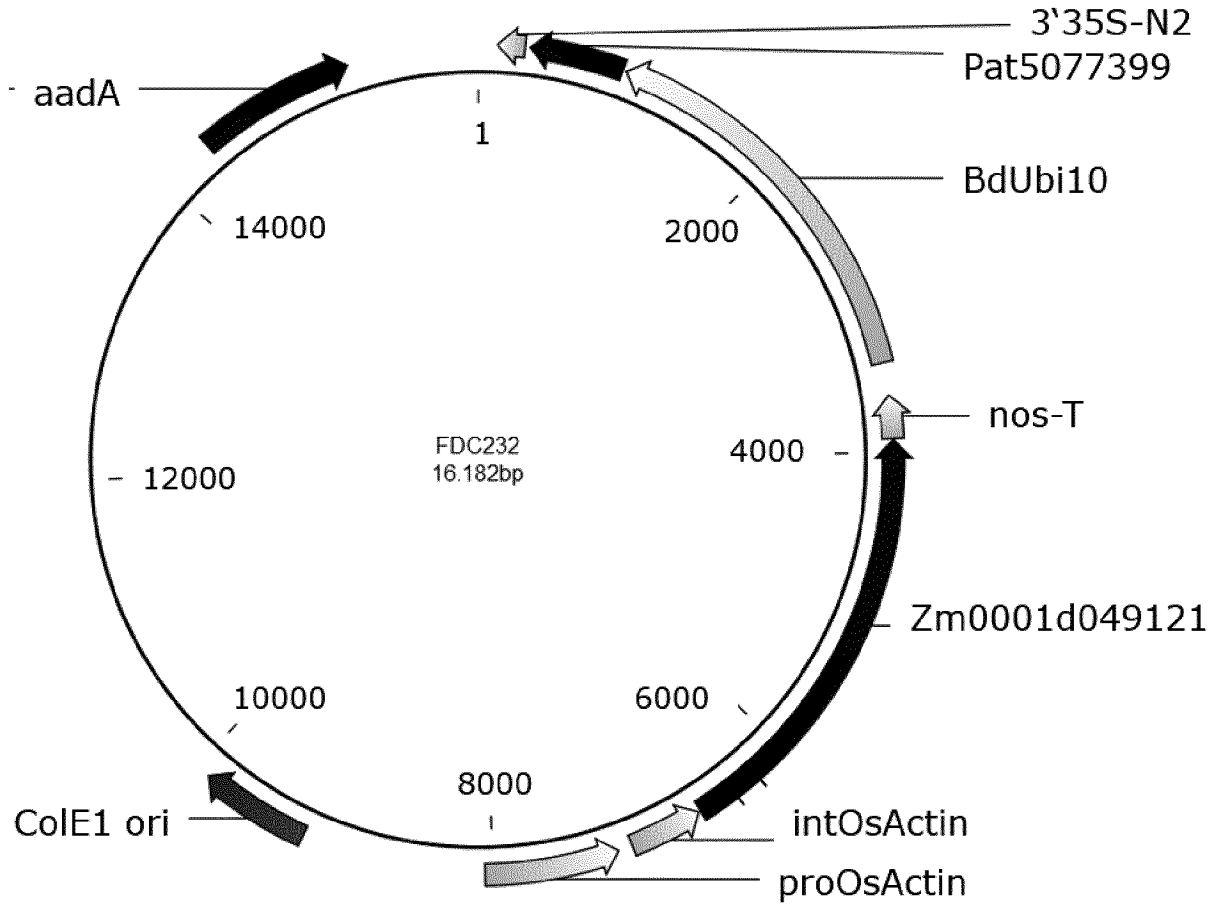
Фигура 10B

```
B73             799 TSFRKNMLDKEKFRKFLDPTLELSAESWNSLLEVADLARHCTAREPYQRP    848
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            801 TSFRKNMLDKEKFRKFLDPTLELSAESWNSLLEVADLARHCTAREPYQRP    850

B73             849 DMGHCVNRLSSLVDQWKPTNIVDDDDEEGGTSEMGLHQHLEIWRCDDFTI    898
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
H102            851 DMGHCVNRLSSLVDQWKPTNIVDDDDEEGGTSEMGLHQHLEIWRCDDFTI    900

B73             899 SDSDSFSAHNTSRKYH    914
                    ||||||||||||||||
H102            901 SDSDSFSAHNTSRKYH    916
```

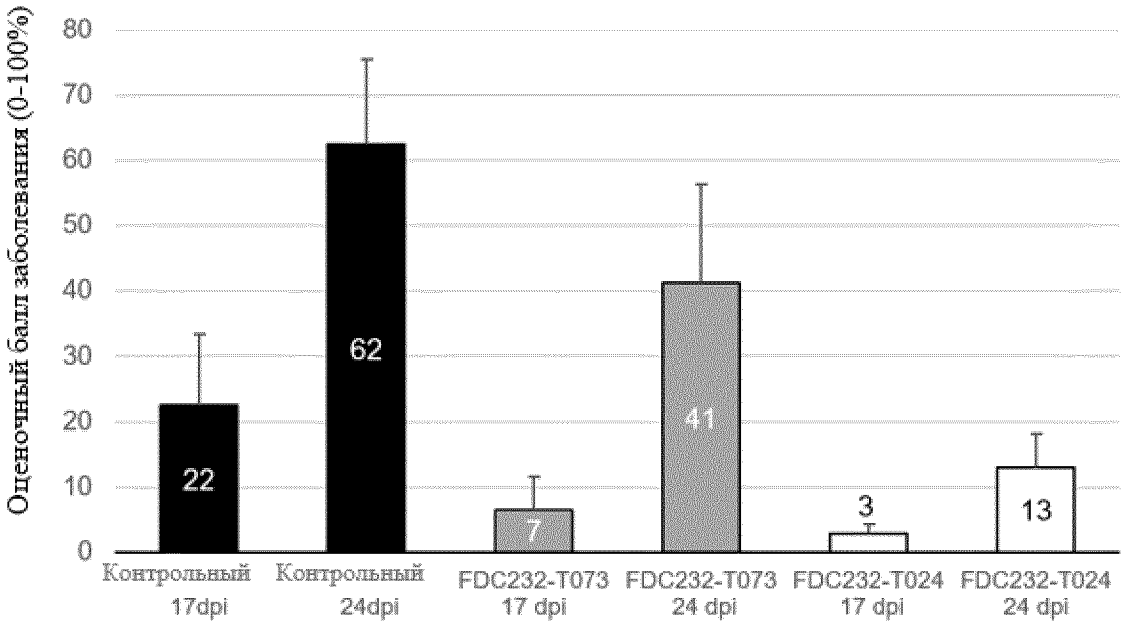

17895850
16708010
Zm00001d049148
MA_H102_24937
Zm00001d049145
MA_H102_24936
Zm00001d049121
MA_H102_24908
Zm00001d049113
MA_H102_249025
MA_B73_AGPv4
MA_H102_24892
MA_H102
16107190
14786414

Фиг. 11

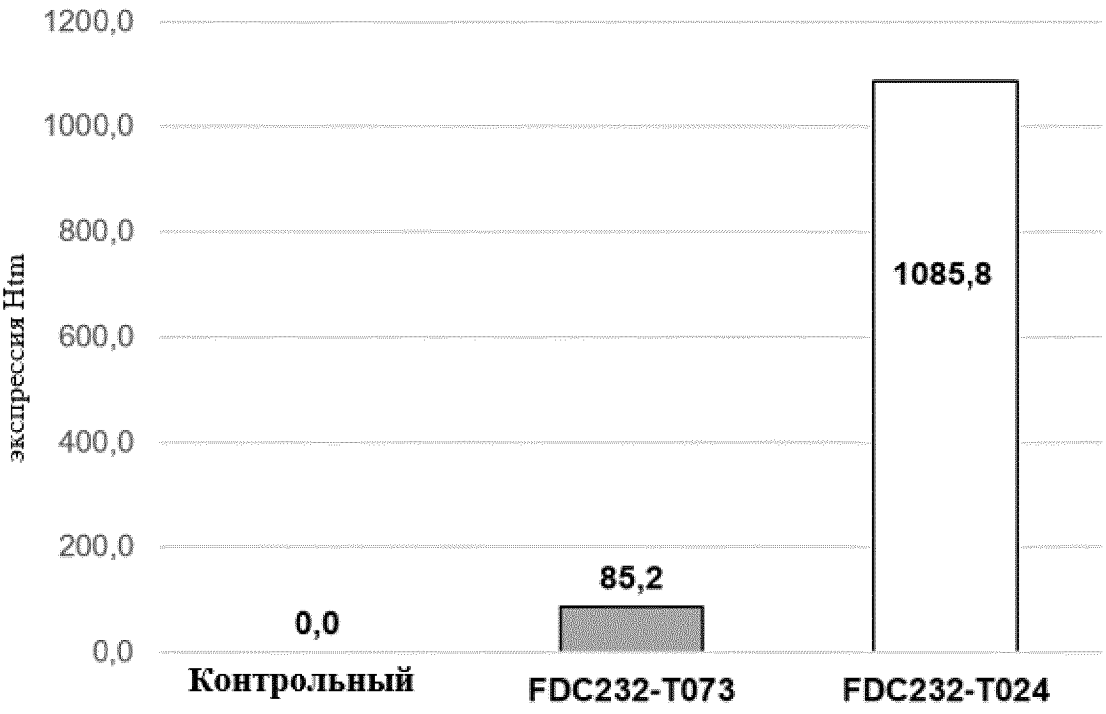
Фигура 12


3‘35S-N2
Pat5077399
aadA
1
BdUbi10
14000
2000
nos-T
FDC232
16.182bp
4000
12000
Zm0001d049121
10000
6000
8000
ColE1 ori
intOsActin
proOsActin

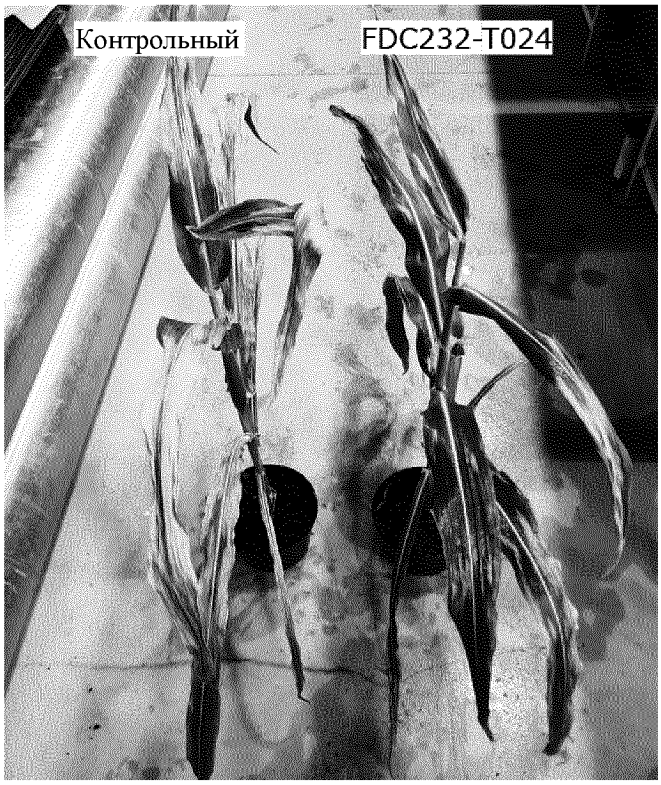
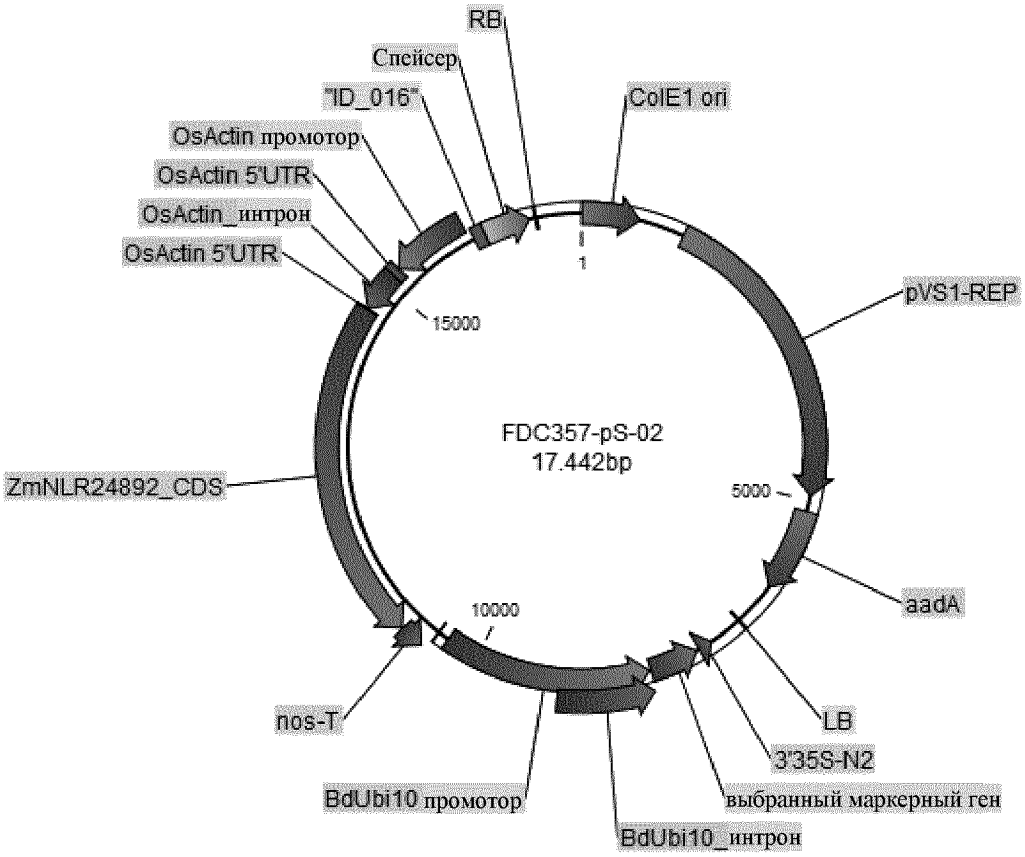
Фигура 13



Фигура 14



Фигура 15



Фигура 16