



(12) BẢN MÔ TẢ SÁNG CHẾ THUỘC BẢNG ĐỘC QUYỀN SÁNG CHẾ

(19) Cộng hòa xã hội chủ nghĩa Việt Nam (VN)
CỤC SỞ HỮU TRÍ TUỆ

(11)



1-0026664

(51)⁷ A01H 1/00

(13) B

(21) 1-2014-00194

(22) 08/06/2012

(86) PCT/US2012/041467 08/06/2012

(87) WO 2012/177418 A1 27/12/2012

(30) 61/500,407 23/06/2011 US

(45) 25/12/2020 393

(43) 25/03/2014 312A

(73) BANGLADESH JUTE RESEARCH INSTITUTE (BD)

Manik Mia Avenue, Dhaka, 1207 Bangladesh, People's Republic.

(72) ALAM, Maqsudul (BD); KHAN, Haseena (BD); ZAMAN, Mahboob (BD); UDDIN, Mohammed, Kamal (BD); HAQUE, Mohammed, Samiul (BD); ISLAM, Mohammed, Shahidul (BD); AZAM, Muhammad, Shafiul (BD); MAHMOOD, Niaz (BD).

(74) Công ty TNHH Trần Hữu Nam và Đồng sự (TRAN H.N & ASS.)

(54) PHÂN TỬ AXIT NUCLEIC MÃ HÓA ENZYM MANG LẠI KHẢ NĂNG KHÁNG BỆNH Ở CÂY ĐẬY VÀ PHƯƠNG PHÁP TẠO RA THỰC VẬT CHUYỂN GEN

(57) Sáng chế đề cập đến phân tử axit nucleic được phân lập và các đoạn của chúng mã hóa enzym hoặc protein mang lại khả năng kháng bệnh ở cây đậu. Sáng chế còn đề cập đến vectơ, tế bào chủ, hạt và thực vật chuyển gen chứa phân tử axit nucleic này.

Lĩnh vực kỹ thuật của sáng chế

Sáng chế đề cập đến polynucleotit mã hóa các polypeptit mang lại khả năng kháng bệnh ở cây đay. Sáng chế cũng đề cập đến các vector và vi khuẩn chứa phân tử axit nucleic này, cũng như tế bào thực vật và thực vật được biến nạp với ít nhất một trong số các phân tử axit nucleic này.

Tình trạng kỹ thuật của sáng chế

Không giống như con người, thực vật không có hệ miễn dịch, nhưng ở những giai đoạn khác nhau của quá trình tiến hóa, chúng đã phát triển một loạt các cơ chế phòng vệ để chống lại các mầm bệnh. Một cơ chế phòng vệ thực vật tốt là do sự tương tác giữa các protein kháng bệnh của thực vật, được mã hóa bởi các gen kháng bệnh (R), và các gen mất độc tính tương ứng (Avr) được biểu hiện bởi mầm bệnh. (Bent, AF và Mackey, D, 2007, Elicitors, Evector, and R-gene: a new paradigm and life-time supply of questions, Annu, Riv, Phytopathol, 45:399-436). Sự tương tác này dẫn đến việc kích hoạt phản ứng của thực vật, điều này lần lượt dẫn đến việc làm tăng khả năng kháng bệnh. Phức hợp phối tử-thụ thể kích hoạt một chuỗi các tín hiệu truyền tin góp phần vào khả năng kháng bệnh. (Baker, B et al., 1997, Signaling in plant - microbe interactions, Science, 273:726-733). Một số hoạt động tế bào thể hiện khả năng kháng bệnh bao gồm sự đốt cháy bằng cách ôxy hóa, cảm ứng biểu hiện gen phòng vệ, và tiêu diệt nhanh tế bào tại vị trí nhiễm. (Dhalowal, HS and Uchimiya, H, 1999, Genetic engineering for disease and pest resistance in plants, Plant Biotechnol, 16:255 -261).

Có nhiều loại gen kháng bệnh khác nhau. Trong suốt quá trình tiến hóa khác nhau, thực vật đã nhận được và loại bỏ các gen kháng bệnh khác nhau. Do đó, thực vật mà thể hiện khả năng đề kháng đối với một mầm bệnh cụ thể thì có

thể có (các) gen cần thiết để kháng lại mầm bệnh đó. Vì vậy, việc xác định các gen kháng bệnh là một lĩnh vực đầy hứa hẹn của công nghệ sinh học phân tử thực vật.

Các gen kháng bệnh (R), mà tương tác với các gen Avr của các mầm bệnh khác nhau, đã được phân lập từ nhiều loài thực vật. Các gen này mang lại khả năng đề kháng đối với nhiều loại mầm bệnh ở thực vật, bao gồm vi khuẩn, nấm, thủy khuẩn, virus và giun tròn. (Baker et al., 1997; Bent, 1996; Hammond-Kosack, KE và Jones, JDG, 1997, Plant disease resistance genes, Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology, 48:573-605; Ellis, CN et al., 1988, Topical Tretinoin for Photoaged SkinReply, JAMA, 259(22):3274-78). Mặc dù các sản phẩm gen mất độc tính thông thường ít tương đồng với nhau, nhưng các gen R chỉ thị có các miền chức năng bảo toàn, chẳng hạn miền protein kinaza (PK), các vùng giàu leuxin (LRR) và các vị trí liên kết nucleotit (NBS). (Bent, 1996; Ellis et al., 1988).

Dựa trên cấu trúc của các sản phẩm gen R, các gen R có thể được phân loại thành bốn lớp chính: Vị trí gắn kết nucleotit - vùng lặp giàu leuxin (Nucleotide-Binding Site-Leucine-Rich Repeat: NBS-LRR); Vùng lặp xuyên màng giàu leuxin - protein kinaza (Leukine-Rich Repeat-Trans-Membrane domain Protein Kinase: LRR-TM-PK); vùng lặp giàu leuxin - miền xuyên màng (Leukine Rich Repeat - Trans- Membrane: LRR-TM); và protein kinaza (protein kinase: PK). (Bent, 1996; Ellis et al., 1988; Hammond-Kosack và Jones, 1997). Số lượng lớn nhất protein R được nhận dạng đặc điểm là loại NBS-LRR. Các protein NBS-LRR này có thể được chia nhỏ thêm thành hai phân lớp dựa trên sự có mặt hoặc vắng mặt của một vùng tương đồng với miền thụ thể Toll và interleukin-1 (TIR) tại đầu N của chúng. (Baker et al., 1997; Parker, MF et al., 1997, Molecular characterization of adenocarcinoma of the cervix, Gynecol Oncol, 64(2):242-51). Hai phân lớp được chỉ định tương ứng là TIR và phi TIR. Phần lớn các thành viên của phân họ phi TIR mã hóa một vùng xoắn cuộn (CC) giả định ở đầu N của chúng. (Pan, P et al., 2000, Determination of the in situ bactericidal activity of an essential oil mouth rinse using a vital stain method, J Clin Periodontol.,

27:256-261). Các gen R TIR và phi TIR NBS-LRR có thể được phân biệt bởi các môtip axit amin được tìm thấy trong chính miền NBS. (Meyers, BC et al., 2003, Genome - wide analysis of NBS - LRR - encoding genes in Arabidopsis, Plant Cell, 15:809-834.; Pan et al., 2000). Chúng cũng khác nhau ở mức độ chức năng, dựa trên sự tham gia mặc định của chúng vào các chu trình truyền tín hiệu khác nhau. (Aarts, N et al., 1998, , Different requirements for EDS1 and NDR1 by disease resistance genes define at least two R gene - mediated signaling pathways in Arabidopsis, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 95:10306-10311).

Có nhiều trình tự NBS trong các hệ gen thực vật. (Meyers et al., 1999). Trong thực tế, hệ gen cây Arabidopsis chứa 150 gen mã hóa NBS, bao gồm 85 gen TIR NBS-LRR, 43 gen phi TIR NBS-LRR, và nhiều gen TIR hoặc CC-NBS bị cắt cụt mà thiếu một miền LRR (The Arabidopsis Genome Initiative, 2000). Chưa có chức năng chính xác nào đã được thiết lập cho mỗi trong số các yếu tố tương tự gen kháng bệnh này (RGA). (Kanazin, V. et al., 1996, , Resistance gene analogs are conserved and clustered in soybean, PNAS, USA, 93(21):11746-11750; Leister, D et al., 1996, , PCR based approach for isolating pathogen resistance genes from potato with potential for wide application in plants , Nature Genetics, 14(4):421-429; Yu, YG et al., 1996, 96 , Isolation of a super family of candidate disease - resistance genes in soybean based on a conserved nucleotide - binding site, PNAS, USA 93(21):11751-11756). Do đó, các chỉ thị RGA có giá trị là các nguồn tiềm năng gen R hoạt động.

Bản chất kỹ thuật của sáng chế

Trong số các nội dung đã nêu, sáng chế đề xuất phân tử axit nucleic mã hóa enzym từ cây đay mà tham gia vào các chu trình kháng bệnh của thực vật, và từ đó có thể tạo ra được thực vật biến đổi gen với khả năng tăng cường đặc tính kháng bệnh đối với các mầm bệnh khác nhau.

Theo một khía cạnh, sáng chế đề cập đến phân tử axit nucleic phân lập được có mức độ tương đồng về trình tự ít nhất 90% so với trình tự axit nucleic được lựa chọn từ nhóm bao gồm các trình tự nêu trong: SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25 và 27.

Theo một phương án, trình tự axit nucleic được lựa chọn từ nhóm bao gồm các trình tự nêu trong: SEQ ID NO: 1, 3 và 5.

Theo một phương án, trình tự axit nucleic được lựa chọn từ trình tự nêu trong SEQ ID NO: 7.

Theo một phương án, trình tự axit nucleic được lựa chọn từ nhóm bao gồm các trình tự nêu trong: SEQ ID NO: 9, 11, và 13.

Theo một phương án, trình tự axit nucleic được lựa chọn từ nhóm bao gồm các trình tự nêu trong SEQ ID NO: 15.

Theo một phương án, trình tự axit nucleic được lựa chọn từ nhóm bao gồm các trình tự nêu trong: SEQ ID NO: 17 và 19.

Theo một phương án, trình tự axit nucleic được lựa chọn từ nhóm bao gồm các trình tự nêu trong: SEQ ID NO: 25 và 27.

Theo một phương án, trình tự axit nucleic được lựa chọn từ trình tự nêu trong SEQ ID NO: 23.

Theo một khía cạnh, sáng chế đề cập đến phân tử polypeptit phân lập được có mức độ tương đồng về trình tự ít nhất 90% so với trình tự axit amin được lựa chọn từ nhóm gồm các trình tự nêu trong SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26 và 28.

Theo một khía cạnh khác, sáng chế đề cập đến cặp môi (xuôi và ngược) hữu dụng để khuếch đại cADN được lựa chọn từ nhóm gồm các trình tự nêu trong SEQ ID NO: 29 và SEQ ID NO: 30; SEQ ID NO: 31 và SEQ ID NO: 32; SEQ ID NO: 33 và SEQ ID NO: 34; SEQ ID NO: 35 và SEQ ID NO: 36; và SEQ ID NO: 37 và SEQ ID NO: 38.

Theo các phương án cụ thể, sáng chế đề cập đến một trong số các phân tử polynucleotit phân lập được hoặc các phân tử polypeptit phân lập được bất kỳ nêu trên, trong đó phân tử đã nêu có mức độ tương đồng về trình tự ít nhất 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, hoặc 100% so với trình tự bất kỳ trong số các trình tự được nhận biết bởi một SEQ ID NO:

Theo một khía cạnh, sáng chế đề cập đến vectơ biểu hiện chứa phân tử axit nucleic theo sáng chế.

Theo một khía cạnh, sáng chế đề cập đến kháng thể phân lập được hoặc đoạn liên kết kháng nguyên của nó mà liên kết đặc hiệu với phân tử polypeptit theo sáng chế.

Theo một khía cạnh, sáng chế đề cập đến tế bào cây tiêu huyền hoặc tế bào thực vật được chuyển nhiễm bởi vector theo sáng chế.

Theo một khía cạnh, sáng chế đề cập đến vật liệu có nguồn gốc từ thực vật chuyển gen theo sáng chế.

Theo một khía cạnh, sáng chế đề cập đến hạt từ thực vật được chuyển nhiễm bởi vector theo sáng chế.

Theo một khía cạnh, sáng chế đề cập đến phương pháp tạo ra thực vật chuyển gen, trong đó phương pháp này bao gồm các bước chuyển nhiễm ít nhất một tế bào thực vật bằng vector theo sáng chế, và phát triển ít nhất một tế bào thực vật đã nêu thành thực vật.

Theo một khía cạnh, sáng chế đề cập đến phương pháp cải thiện sự sinh trưởng, sản lượng sợi, độ bền của sợi, khả năng kháng bệnh, hoặc việc sử dụng nước trong cây đay, bao gồm bước đưa vào cây đay trình tự axit nucleic không có trong tự nhiên theo sáng chế.

Mô tả vắn tắt các hình vẽ

Fig. 1a và 1b: thể hiện kết quả so sánh trình tự protein của *Corchorus olitorius* Toll và vùng thụ thể interleukin-1 tại vị trí gắn kết nucleotit đầu N - vùng lặp giàu Leuxin (TolTIR-NBS-LRR)¹ và ColTIR-NBS-LRR2 với các trình tự protein TIR-NBS-LRR thực vật.

Fig. 2a và 2b: thể hiện kết quả so sánh trình tự protein của ColTIR-NBS-LRR3 với các trình tự protein TIR-NBS-LRR thực vật và các trình tự protein dạng kháng bệnh khác; Fig. 2 bộc lộ SEQ ID NO: 6 và 41-42 tương ứng, theo trình tự xuất hiện.

Fig. 3: thể hiện kết quả so sánh trình tự protein của ColNBS-LRR với một trình tự protein NBS-LRR thực vật; Fig 3 bộc lộ SEQ ID NO: 8 và 43 tương ứng, theo trình tự xuất hiện.

Fig. 4a và 4b: thể hiện kết quả so sánh trình tự protein của ColCC-NBS-LRR1 với các trình tự protein CC-NBS-LRR thực vật; Fig 4 bộc lộ SEQ ID NO: 10 và 44 tương ứng, theo trình tự xuất hiện.

Fig. 5a và 5b: thể hiện kết quả so sánh trình tự protein của ColCC-NBS-LRR2 và ColCC-NBS-LRR3 với các trình tự protein CC-NBS-LRR thực vật; Fig 5 bộc lộ lần lượt SEQ ID NO 14, 45-46 và 12, theo trình tự xuất hiện.

Fig. 6: thể hiện kết quả so sánh trình tự protein của protein kháng bệnh ColNBS với các trình tự protein kháng bệnh NBS thực vật; Fig 6 bộc lộ lần lượt SEQ ID NO 16 và 47, theo trình tự xuất hiện.

Fig. 7a và 7b: thể hiện kết quả so sánh trình tự protein của ColLRR1 và protein ColLRR-TM-PK với các trình tự protein chứa vùng lặp giàu leuxin thực vật; Fig 7 bộc lộ SEQ ID NO: 20 và 48-50 tương ứng, theo trình tự xuất hiện.

Fig. 8a và 8b: thể hiện kết quả so sánh trình tự protein của typ ColCCH với các trình tự protein typ CCH thực vật; Fig 8 bộc lộ SEQ ID NO: 22 và 51 tương ứng, theo trình tự xuất hiện.

Fig. 9: thể hiện kết quả so sánh trình tự protein của protein kháng bệnh ColTIR-NBS với các trình tự protein kháng bệnh TIR-NBS; Fig 9 bộc lộ SEQ ID NO: 24 và 52-53 tương ứng, theo trình tự xuất hiện.

Fig. 10a và 10b: thể hiện kết quả so sánh trình tự protein của ColRGA1 và ColRGA2 với các trình tự protein RGA thực vật; Fig 10 bộc lộ SEQ ID NO: 28, 54, 26 và 55 tương ứng, theo trình tự xuất hiện.

Fig. 11: thể hiện gel ADN của protein kháng bệnh TIR-NBS-LRR.

Fig. 12: thể hiện gel ADN của protein kháng bệnh TIR-NBS-LRR.

Fig. 13: thể hiện gel ADN của protein kháng bệnh CC-NBS-LRR1.

Fig. 14: thể hiện gel ADN của protein kháng bệnh CC-NBS-LRR3.

Fig. 15: thể hiện gel ADN của yếu tố tương tự gen kháng bệnh (RGA1).

Mô tả chi tiết sáng chế

Nhận dạng các gen NBS-LRR

Việc nhận dạng các gen mã hóa NBS ở cây đay quả dài *Corchorus olitorius*

đã được thực hiện bằng cách sử dụng BLAST (Altschul, SF et al., 1990, Basic local alignment search tool. J Mol Biol, 215:403-410) với cơ sở dữ liệu gen kháng bệnh NBS nội bộ có ngưỡng giá trị kỳ vọng độ chính xác cao là $1e^{-25}$. Việc dự đoán gen đã được thực hiện bằng Augustus, và việc xác nhận thêm các trình tự đã được hoàn thành bằng cách sử dụng chương trình dự đoán miền InterProScan. Việc lựa chọn các mô hình được dựa trên tính đầy đủ và tương đồng với một bộ gen mã hóa NBS được lựa chọn của các thực vật khác.

Phân loại các gen được nhận dạng

Sau đó, các gen đã được nhận dạng này được phân loại dựa trên các vùng đầu N (Ming et al., 2008). Miền TIR được xác định bằng cách tìm kiếm Pfam HMM sử dụng mô hình cho TIR (PF01582). (Finn, RD et al., 2008, The Pfam protein families database, Nucleic Acid Res, 36:281-288). Các miền xoắn cuộn (coiled coil: CC) đã được nhận dạng bởi chương trình COILS sử dụng ngưỡng là 0,9. (Lupas, A et al., 1991, Predicting coiled coils from protein sequences, Science, 252:1162-1164). Để nhận dạng các môtip LRR, sử dụng các dạng tìm kiếm Pfam HMM sử dụng các mô hình cho LRR-1 (PF00560), LRR_2 (PF07723) và LRR_3 (PF07725). (Finn et al., 2008). Các môtip bảo toàn trong các miền nêu trên đã được nhận dạng bằng cách sử dụng công cụ MEME (Multiple Expectation Maximization for Motif Elicitation: MEME). (Bailey, TL and Elkan, C, 1995, The value of prior knowledge in discovering motifs with MEME, Proc. Int. Conf. Intell. Syst. Mol. Biol., 3:2119).

Lập bản đồ với các dữ liệu c-ADN

Việc giải trình tự c-ADN của hệ gen *C. olitorius* đã được thực hiện bởi giải 454 trình tự nền và các trình tự NBS được nhận dạng được lập bản đồ cho các trình tự o-ADN sử dụng GMAP. (Wu, TD và Watanabe, CK, 2005, GMAP: a genomic mapping and alignment program for mRNA và EST sequences, Bioinformatics, 21:1859-1875). Các tiêu chuẩn được gán để lập bản đồ đối với một EST là có mức độ tương đồng về trình tự là lớn hơn 95%. Chỉ xem xét cho các EST có điểm so sánh tốt nhất để có thể lập bản đồ cho nhiều vị trí trong hệ gen.

Kết quả so sánh trình tự axit amin của protein giả định được mã hóa bởi các gen ColTIR-NBS-LRR1 và ColTIR-NBS-LRR2 với các trình tự protein TIR-NBS-LRR thực vật khác đã có trong cơ sở dữ liệu NCBI, bằng cách sử dụng chương trình CLUSTAL W, được thể hiện trên các hình Fig. 1a và 1b. Các protein dưới đây đã được so sánh với các protein được cho là ColTIR-NBS-LRR, với các số truy cập Ngân hàng gen trong các dấu ngoặc đơn: PtcTIR-NBS-LRR (*Populus trichocarpa*, gi224127726) và MtrTIR-NBS-LRR (*Medicago trunculata*, gi87162908).

Kết quả so sánh trình tự axit amin của các protein giả định được mã hóa bởi gen ColTIR-NBS-LRR3 với các trình tự protein TIR-NBS-LRR thực vật và các trình tự protein dạng kháng bệnh khác đã có trong cơ sở dữ liệu NCBI, bằng cách sử dụng chương trình CLUSTAL W, được thể hiện trên các hình Fig. 2a và 2b. Các protein dưới đây đã được so sánh với protein được cho là ColTIR-NBS-LRR3, với các số truy cập Ngân hàng gen trong các dấu ngoặc đơn: PtcTIR-NBS-LRR (*Populus trichocarpa*, gi224126507) và protein dạng kháng giun tròn Stu (*Solunum tuberosum*, gi37781360).

Kết quả so sánh trình tự axit amin của các protein giả định được mã hóa bởi gen ColNBS-LRR với các trình tự protein NBS-LRR thực vật khác đã có trong cơ sở dữ liệu NCBI, bằng cách sử dụng chương trình CLUSTAL W, được thể hiện trên Fig. 3. Protein dưới đây đã được so sánh với các protein được cho là ColNBS-LRR, với các số truy cập Ngân hàng gen trong dấu ngoặc đơn: PtcNBS-LRR (*Populus trichocarpa*, gi224075299).

Kết quả so sánh trình tự axit amin của các protein giả định được mã hóa bởi gen ColCC-NBS-LRR1 với các trình tự protein CC-NBS-LRR thực vật khác đã có trong cơ sở dữ liệu NCBI, bằng cách sử dụng chương trình CLUSTAL W, được thể hiện trên các hình Fig. 4a và 4b. Protein dưới đây đã được so sánh với protein được cho là ColCC-NBS-LRR, với các số truy cập Ngân hàng gen trong dấu ngoặc đơn: PtcCC-NBS-LRR (*Populus trichocarpa*, gi224111284).

Kết quả so sánh trình tự axit amin của các protein giả định được mã hóa bởi các gen ColCC-NBS-LRR2 và ColCC-NBS-LRR3 với các trình tự protein CC-

NBS-LRR thực vật khác sẵn có trong cơ sở dữ liệu NCBI, bằng cách sử dụng chương trình CLUSTAL W, được thể hiện trên các hình Fig. 5a và 5b. Các protein dưới đây đã được so sánh với các protein được cho là ColCC-NBS-LRR, với số truy cập Ngân hàng gen trong các dấu ngoặc đơn: PtcCC-NBS-LRR (*Populus tricocarpa*, gi224059584) và PtcCC-NBS-LRR (*Populus tricocarpa*, gi8224132258).

Kết quả so sánh trình tự axit amin của các protein giả định được mã hóa bởi gen ColNBS với các trình tự protein NBS thực vật khác sẵn có trong cơ sở dữ liệu NCBI, bằng cách sử dụng chương trình CLUSTAL W, được thể hiện trên Fig. 6. Protein dưới đây đã được so sánh với protein được cho là ColNBS, với các số truy cập Ngân hàng gen trong các dấu ngoặc đơn: PtcNBS (*Populus tricocarpa*, gi224058687).

Kết quả so sánh trình tự axit amin của các protein giả định được mã hóa bởi các gen ColLLR1 và ColLLR-TM-PK với các trình tự protein LRR thực vật khác đã có trong cơ sở dữ liệu NCBI, bằng cách sử dụng chương trình CLUSTAL W, được thể hiện trên các hình Fig. 7a and 7b. Các protein dưới đây đã được so sánh với các protein được cho là ColLLR, với các số truy cập Ngân hàng gen trong các dấu ngoặc đơn: AthLLR (*Arabidopsis thaliana*, gi42561789) và RcoLLR (*Ricinus communis*, gi255546155).

Kết quả so sánh trình tự axit amin của các protein giả định được mã hóa bởi gen ColCCH với các trình tự protein CCH thực vật khác đã có trong cơ sở dữ liệu NCBI, bằng cách sử dụng chương trình CLUSTAL W, được thể hiện trên các hình Fig. 8a và 8b. Protein dưới đây đã được so sánh với các protein được cho là ColCCH, với các số truy cập Ngân hàng gen trong các dấu ngoặc đơn: loại PtcCCH (*Ricinus communis*, gi109676362).

Kết quả so sánh trình tự axit amin của các protein giả định được mã hóa bởi gen ColTIR-NBS với các trình tự protein TIR-NBS thực vật khác đã có trong cơ sở dữ liệu NCBI, bằng cách sử dụng chương trình CLUSTAL W, được thể hiện trên Fig. 9. Các protein dưới đây đã được so sánh với các protein được cho là ColTIR-NBS, với các số truy cập Ngân hàng gen trong các dấu ngoặc đơn: Ptc

(*Populus tricocarpa*, gi224071947) và Rco nucleosit-triphosphataza (*Ricinus communis*, gi255537517).

Kết quả so sánh trình tự axit amin của các protein giả định được mã hóa bởi các gen ColRGA1 và ColRGA2 với các trình tự protein RGA thực vật khác đã có trong cơ sở dữ liệu NCBI, bằng cách sử dụng chương trình CLUSTAL W, được thể hiện trên các hình Fig. 10a và 10b. Các protein dưới đây đã được so sánh với các protein được cho là ColRGA, với các số truy cập Ngân hàng gen trong các dấu ngoặc đơn: RcoRGA2 (*Ricinus communis*, gi255561034) và RcoRGA2 (*Ricinus communis*, gi255568719).

Các gel ADN của các phản ứng PCR sử dụng các môi xuôi và ngược cho một số enzym kháng bệnh ở cây đay được thể hiện trên các hình Fig. 11-15. Ở Fig. 11, gel ADN là của protein kháng bệnh TIR-NBS-LRR từ cây đay quả dài *Corchorus olitorius*. Làn 1 là sản phẩm PCR của protein kháng bệnh TIR-NBS-LRR sử dụng cADN làm bản mẫu. Môi xuôi và môi ngược tương ứng là SEQ ID NO: 29 và 30. Làn 2 là thang 1 Kb +. Ở Fig. 12, gel ADN là của protein kháng bệnh TIR-NBS-LRR từ cây đay quả dài *Corchorus olitorius*. Làn 1 là sản phẩm PCR của protein kháng bệnh TIR-NBS-LRR sử dụng cADN làm bản mẫu. Môi xuôi và môi ngược tương ứng là SEQ ID NO: 31 và 32. Làn 2 là thang 1 Kb+. Ở Fig. 13, gel ADN là của protein kháng bệnh CC-NBS-LRR1 từ cây đay quả dài *Corchorus olitorius*. Làn 1 là sản phẩm PCR của protein kháng bệnh CC-NBS-LRR1 sử dụng cADN làm bản mẫu. Môi xuôi và môi ngược tương ứng là SEQ ID NO: 33 và 34. Làn 2 là thang 1 Kb +. Ở Fig. 14, gel ADN là của protein kháng bệnh CC-NBS-LRR3 từ cây đay quả dài *Corchorus olitorius*. Làn 1 là sản phẩm PCR của protein kháng bệnh CC-NBS-LRR3 sử dụng cADN làm bản mẫu. Môi xuôi và môi ngược tương ứng là SEQ ID NO: 35 và 36. Làn 2 là thang 1 Kb +. Ở Fig. 15, gel ADN là của protein kháng bệnh RGA1 từ cây đay quả dài *Corchorus olitorius*. Làn 1 là sản phẩm PCR của protein kháng bệnh RGA1 sử dụng cADN làm bản mẫu. Môi xuôi và môi ngược tương ứng là SEQ ID NO: 37 và 38. Làn 2 là thang 1 Kb +.

Các định nghĩa

Tế bào đã "được biến nạp" hoặc "được chuyển nhiễm" bởi ADN ngoại sinh hoặc khác loại khi ADN đó đã được đưa vào trong tế bào. ADN biến nạp có thể được hoặc có thể không được tích hợp (được liên kết cộng hóa trị) vào trong hệ gen của tế bào. Ở các prokaryote, nấm men, và các tế bào động vật có vú chẳng hạn, ADN biến nạp có thể được duy trì trên một bộ phận thể bổ sung chẳng hạn như một plasmit. Đối với các tế bào có nhân điển hình, một tế bào được biến nạp ổn định là tế bào mà trong đó ADN biến nạp đã được tích hợp vào nhiễm sắc thể sao cho nó được kế thừa bởi các tế bào con thông qua sao chép nhiễm sắc thể. Việc thực hiện sáng chế này dự liệu rất nhiều tế bào thực vật được biến nạp ổn định.

Một "kết cấu biểu hiện" đề cập đến một cấu trúc axit nucleic, mà khi được đưa vào một tế bào chủ, sẽ dẫn đến việc phiên mã và/hoặc dịch mã tương ứng một ARN và/hoặc polypeptit. Kết cấu biểu hiện có thể bao gồm một axit nucleic gồm một trình tự khởi động, có hoặc không có một trình tự chứa các dấu hiệu polyadenyl hóa mRNA, và một hoặc nhiều vị trí enzym giới hạn được bố trí xuôi dòng từ trình tự khởi đầu cho phép chèn các trình tự gen khác loại. Kết cấu biểu hiện có khả năng điều khiển biểu hiện của một protein khác loại khi gen mã hóa protein khác loại đó được liên kết một cách có kiểm soát với trình tự khởi đầu bằng cách chèn vào một trong số các vị trí giới hạn. Kết cấu biểu hiện tái tổ hợp cho phép biểu hiện protein khác loại trong một tế bào chủ khi kết cấu biểu hiện chứa protein khác loại được đưa vào tế bào chủ. Các kết cấu biểu hiện có thể thu được từ nhiều nguồn khác nhau tùy vào tế bào chủ được sử dụng để biểu hiện. Ví dụ, một kết cấu biểu hiện có thể chứa các thành phần dẫn xuất từ một nguồn virus, vi khuẩn, côn trùng, thực vật hoặc động vật có vú. Trong trường hợp cả hai biểu hiện chuyển gen và ức chế gen nội sinh (ví dụ, bằng cách kìm hãm đối nghĩa hoặc có nghĩa), trình tự polynucleotit được chèn vào không cần thiết phải tương đồng và có thể là "gần như tương đồng" với một trình tự gen mà nó được dẫn xuất. Tốt hơn là, kết cấu biểu hiện tái tổ hợp cho phép biểu hiện ở một giai đoạn lây nhiễm sớm và/hoặc nó cho phép biểu hiện trong gần như tất cả các tế bào của một sinh vật, chẳng hạn như thực vật. Có thể tìm thấy các ví dụ

về các kết cấu biểu hiện phù hợp cho việc biến nạp thực vật trong US 5 880 333 và US 6 002 072; WO 1990/002189 và WO 2000/026388; Ainley and Key, 1990, *Plant Mol. Biol.*, 14:949-967; và Birch, 1997, *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol.*, 48:297-326, mà tất cả các nội dung của các tài liệu này được đưa vào đây bằng cách viện dẫn.

Thuật ngữ "tế bào chủ" đề cập đến một tế bào từ sinh vật bất kỳ. Các tế bào chủ ưu tiên có nguồn gốc từ thực vật, vi khuẩn, nấm men, nấm, côn trùng, hoặc các động vật khác. Thuật ngữ "tế bào chủ tái tổ hợp" (hay đơn giản là "tế bào chủ") đề cập đến tế bào mà vector biểu hiện tái tổ hợp đã được đưa vào đó. Nên hiểu rằng thuật ngữ "tế bào chủ" không những được dùng để chỉ tế bào cụ thể đang đề cập mà còn bao gồm cả thế hệ con cháu của tế bào đó. Do những biến đổi nhất định có thể xảy ra trong các thế hệ tiếp theo bởi đột biến hoặc các ảnh hưởng của môi trường, trong thực tế các thế hệ con cháu này có thể không tương đồng với tế bào cha mẹ, những vấn đề thuộc phạm vi của thuật ngữ "tế bào chủ" như được sử dụng theo sáng chế. Các phương pháp đưa các trình tự polynucleotit vào các loại tế bào chủ khác nhau đã được biết rõ trong lĩnh vực kỹ thuật này. Sáng chế đề xuất các tế bào vật chủ hoặc thế hệ con cháu của các tế bào vật chủ được biến nạp có các kết cấu biểu hiện tái tổ hợp theo sáng chế. Các tế bào vật chủ có thể là các tế bào thực vật. Tốt hơn là, các tế bào thực vật là tế bào cây day.

Thuật ngữ "liên kết một cách có kiểm soát" hoặc "được chèn một cách có kiểm soát" chỉ các trình tự điều hòa cần thiết cho việc biểu hiện trình tự mã hóa được đưa vào trong một phân tử axit nucleic tại vị trí thích hợp so với trình tự mã hóa để có thể biểu hiện trình tự mã hóa này. Định nghĩa này có thể còn được áp dụng cho việc bố trí các trình tự điều hòa phiên mã (ví dụ, các trình tự tăng cường) trong một kết cấu biểu hiện. Các trình tự điều hòa phiên mã và dịch mã là các trình tự điều hòa ADN, chẳng hạn như các trình tự khởi đầu, trình tự tăng cường, dấu hiệu polyadenyl hóa, bộ phân giới, và các bộ phận tương tự, mà quy định việc biểu hiện một trình tự mã hóa trong một tế bào chủ.

Các thuật ngữ "trình tự khởi đầu", "vùng khởi động" hay "trình tự khởi

động" nói chung đề cập đến các vùng điều hòa phiên mã của gen, mà có thể tìm thấy ở phía 5' hoặc 3' của vùng mã hóa, hoặc trong vùng mã hóa, hoặc trong các đoạn intron. Thông thường, một trình tự khởi đầu là một vùng điều hòa ADN có khả năng liên kết với ARN polymeraza trong một tế bào và khởi đầu phiên mã một trình tự mã hóa xuôi dòng (hướng 3'). Trình tự khởi động 5' đặc thù bị giới hạn tại đầu 3' của nó bởi vị trí khởi đầu phiên mã và kéo dài ngược dòng (hướng 5') để có số gốc hoặc thành phần tối thiểu cần thiết cho việc khởi động phiên mã ở các mức độ có thể dò được phía trên nền. Trong trình tự khởi đầu có một vị trí khởi đầu phiên mã (được xác định một cách dễ dàng bằng cách lập bản đồ với nucleaza S1), cũng như các miền liên kết protein (các trình tự điều hòa) chịu trách nhiệm liên kết ARN polymeraza.

Thuật ngữ "cấu trúc axit nucleic" hay "cấu trúc ADN" đôi khi được sử dụng để đề cập đến một hoặc các trình tự mã hóa được liên kết một cách có kiểm soát với các trình tự điều hòa thích hợp và được chèn vào một kết cấu biểu hiện để biến nạp một tế bào. Thuật ngữ này có thể được sử dụng hoán đổi với thuật ngữ "biến nạp ADN" hay "chuyển gen". Một kết cấu axit nucleic như vậy có thể chứa một trình tự mã hóa cho một sản phẩm gen được quan tâm, cùng với một gen đánh dấu có thể chọn và/hoặc một gen chỉ thị. Thuật ngữ "gen đánh dấu có thể chọn" đề cập đến một gen mã hóa một sản phẩm mà, khi được biểu hiện, mang lại kiểu hình có thể chọn, chẳng hạn như khả năng đề kháng kháng sinh, trên một tế bào được biến nạp. Thuật ngữ "gen chỉ thị" đề cập đến một gen mã hóa một sản phẩm mà dễ tìm ra bằng các phương pháp tiêu chuẩn, trực tiếp hoặc gián tiếp.

Một vùng "khác loại" của một cấu trúc axit nucleic là một đoạn (hoặc các đoạn) có thể nhận diện của phân tử axit nucleic trong một phân tử lớn hơn mà không được tìm thấy ở phân tử lớn hơn trong tự nhiên. Khi vùng khác loại mã hóa một gen thực vật, gen sẽ thường bị áp sừn bởi ADN mà không nằm áp sừn ADN hệ gen thực vật trong hệ gen của sinh vật nguồn. Trong một ví dụ khác, một vùng khác loại là một cấu trúc mà ở đó bản thân trình tự mã hóa không được tìm thấy trong tự nhiên (ví dụ, một cADN mà ở đó trình tự mã hóa

hệ gen chứa các đoạn intron, hoặc các trình tự tổng hợp có các thể chuồng khác với gen nguyên thể). Các biến thể alen hoặc các biến cố đột biến xảy ra một cách tự nhiên không làm phát sinh vùng khác loại của ADN như được xác định trong tài liệu này. Thuật ngữ "cấu trúc ADN" cũng được sử dụng để đề cập đến một vùng khác loại, cụ thể là vùng khác loại được tạo ra để sử dụng trong biến nạp tế bào.

Thuật ngữ "vector" nhằm đề cập đến một phân tử axit nucleic có khả năng vận chuyển một axit nucleic khác mà nó được liên kết. Một loại vector là "plasmit" mà đề cập đến một thông lượng ADN sợi kép hình tròn mà các đoạn ADN bổ sung có thể được thắt vào đó. Một loại vector là vector virus, mà ở đó các đoạn ADN bổ sung có thể được thắt vào hệ gen virus. Các vector nhất định có khả năng sao chép tự chủ trong một tế bào chủ mà chúng được đưa vào (ví dụ, các vector vi khuẩn có nguồn gốc sao chép vi khuẩn và các vector động vật có vú thể bổ sung). Các vector khác có thể được tích hợp vào hệ gen của một tế bào chủ khi đưa vào tế bào chủ, và nhờ đó được sao chép cùng với hệ gen vật chủ. Ngoài ra, các vector nhất định có khả năng điều khiển việc biểu hiện các gen mà chúng được liên kết một cách có kiểm soát. Các vector như thế được đề cập ở đây là "các vector biểu hiện tái tổ hợp" (hoặc đơn giản là "các vector biểu hiện"). Nói chung, các vector biểu hiện hữu dụng trong các kỹ thuật ADN tái tổ hợp thường ở dạng các plasmit. Trong bản mô tả này, "plasmit" và "vector" có thể được sử dụng hoán đổi cho nhau bởi vì plasmit là dạng vector thường được sử dụng nhất. Tuy nhiên, sáng chế nhằm bao gồm các dạng vector biểu hiện khác như thế, chẳng hạn như các vector virus (ví dụ, các retrovirus khiếm khuyết sao chép, virus adeno và các virus liên quan đến adeno), là các vector có các chức năng tương đương.

"Phần trăm mức độ tương đồng về trình tự" được xác định bằng cách so sánh hai trình tự được sắp xếp một cách tối ưu trên một cửa sổ so sánh, mà ở đó phần trình tự polynucleotit trong cửa sổ so sánh có thể bao gồm các phần bổ sung hoặc các phần đứt đoạn (tức là, các khe hở) so với trình tự tham chiếu (là trình tự không bao gồm các phần bổ sung hoặc các phần đứt đoạn) để so sánh tối

ưu hai trình tự này. Phần trăm được tính toán bằng cách xác định số vị trí mà tại đó gốc axit nucleic tương đồng hoặc gốc axit amin tìm thấy ở cả hai trình tự để tạo ra số vị trí tương ứng, chia số vị trí tương ứng cho tổng số các vị trí trong cửa sổ so sánh, và nhân kết quả với 100 để cho ra phần trăm tính tương đồng về trình tự.

Thuật ngữ "tính gần như tương đồng" của các trình tự polynucleotit nghĩa là một polynucleotit bao gồm một trình tự có mức độ tương đồng về trình tự ít nhất 25% so với một trình tự tham chiếu như được xác định bằng cách sử dụng các chương trình được mô tả theo sáng chế; tốt hơn là BLAST sử dụng các thông số tiêu chuẩn, như được mô tả. Tùy chọn, phần trăm tính tương đồng có thể là bất kỳ số nguyên nào từ 25% đến 100%. Các phương án ưu tiên hơn bao gồm các trình tự polynucleotit mà có mức độ tương đồng về trình tự ít nhất: 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% hoặc 99% so với một trình tự tham chiếu. Các giá trị này có thể được điều chỉnh một cách thích hợp để xác định tính tương đồng tương ứng của các protein được mã hóa bởi hai trình tự nucleotit bằng cách xem xét sự suy biến của thể chuồng, tính tương tự của axit amin, việc định vị khung đọc, và các khía cạnh tương tự.

Thuật ngữ "về cơ bản tương đồng" của các trình tự axit amin (và của các polypeptit có các trình tự axit amin này) thông thường có nghĩa là tính tương đồng về trình tự của ít nhất 40% so với một trình tự tham chiếu như được xác định bằng cách sử dụng các chương trình được mô tả trong tài liệu này; tốt hơn là BLAST sử dụng các thông số tiêu chuẩn, như đã được mô tả. Phần trăm tính tương đồng ưu tiên của các axit amin có thể là bất kỳ số nguyên nào từ 40% đến 100%. Các phương án ưu tiên hơn bao gồm các trình tự axit amin mà mức độ tương đồng về trình tự ít nhất 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, hoặc 99% so với một trình tự tham chiếu. Các polypeptit mà "gần như tương đồng" dùng chung các trình tự axit amin như được lưu ý trên đây ngoại trừ các vị trí gốc mà không tương đồng thì có thể khác nhau do những

thay đổi axit amin bảo toàn. Những thay thế axit amin bảo toàn đề cập đến khả năng hoán đổi các gốc có các mạch bên tương tự. Ví dụ, một nhóm axit amin có các mạch bên béo là glyxin, alanin, valin, leuxin, và isoleuxin; một nhóm axit amin có các mạch bên hydroxyl béo là serin và threonin; một nhóm axit amin có các mạch bên chứa amit là asparagin và glutamin; một nhóm axit amin có các mạch bên thơm là phenylalanin, tyrosin, và tryptophan; một nhóm axit amin có các mạch bên bazơ là lysin, arginin, và histidin; và một nhóm axit amin có các mạch bên chứa lưu huỳnh là cystein và methionin. Các nhóm thay thế axit amin bảo toàn ưu tiên là: valin-leuxin-isoleuxin, phenylalanin-tyrosin, lysin-arginin, alanin-valin, axit aspactic-axit glutamic, và asparagin-glutamin.

Nội dung đưa vào để tham chiếu

Tất cả các patent Hoa Kỳ, các đơn sáng chế Hoa Kỳ đã được công bố, và các đơn PCT đã được công bố có chỉ định Hoa Kỳ mà được viện dẫn trong tài liệu này được đưa vào đây để tham chiếu.

Các phương án tương đương

Mặc dù một số phương án theo sáng chế đã được mô tả và minh họa trong tài liệu này, những người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này sẽ dễ dàng đưa ra nhiều cách thức và/hoặc kết cấu khác để thực hiện các chức năng và/hoặc thu được các kết quả và/hoặc một hoặc nhiều ưu điểm được mô tả theo sáng chế, và các biến thể và/hoặc cải biến này được cho là thuộc phạm vi theo sáng chế. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này sẽ nhận thấy, hoặc có thể biết chắc là sẽ không phải sử dụng thêm thực nghiệm thông thường, đối với nhiều phương án tương đương cho các phương án cụ thể của sáng chế đã được mô tả trong tài liệu này. Do đó, cần hiểu rằng các phương án trên đây được trình bày chỉ nhằm để minh họa và trong phạm vi yêu cầu bảo hộ kèm theo và các phương án tương đương của chúng; nhưng sáng chế có thể được thực hiện khác với những gì đã được mô tả cụ thể và yêu cầu bảo hộ.

YÊU CẦU BẢO HỘ

1. Phân tử axit nucleic bao gồm trình tự cADN có độ tương đồng trình tự ít nhất 95% so với trình tự axit nucleic được chọn từ nhóm bao gồm các trình tự nêu trong: SEQ ID NO: 1, 3 và 5, trong đó phân tử axit nucleic này mã hóa protein kháng *Corchorus olitorius* Toll và vùng thụ thể interleukin-1 tại vị trí gắn kết nucleotit đầu N - vùng lặp giàu leuxin (TolTIR-NBS-LRR).
2. Vector biểu hiện, trong đó vector này chứa phân tử axit nucleic theo điểm 1.
3. Thực vật chuyển gen, trong đó thực vật này chứa vector biểu hiện theo điểm 2.
4. Vật liệu thu được từ thực vật chuyển gen theo điểm 3, trong đó vật liệu này chứa vector biểu hiện.
5. Hạt từ thực vật chuyển gen theo điểm 3, trong đó hạt này chứa vector biểu hiện.
6. Phương pháp tạo ra thực vật chuyển gen, trong đó phương pháp này bao gồm các bước: chuyển nhiễm ít nhất một tế bào thực vật với vector biểu hiện theo điểm 2; và phát triển ít nhất một tế bào thực vật nêu trên thành thực vật chuyển gen.
7. Phương pháp cải thiện khả năng kháng bệnh trong cây đay, trong đó phương pháp này bao gồm bước đưa vào cây đay phân tử axit nucleic theo điểm 1.
8. Phân tử axit nucleic theo điểm 1, trong đó cADN này có độ tương đồng trình tự ít nhất 98% so với trình tự nucleotit được chọn từ nhóm bao gồm các trình tự nêu trong SEQ ID NO: 1, 3 và 5.
9. Phân tử axit nucleic theo điểm 1, trong đó cADN này có độ tương đồng trình tự ít nhất 99% so với trình tự nucleotit được chọn từ nhóm bao gồm các trình tự nêu trong SEQ ID NO: 1, 3 và 5.
10. Phân tử axit nucleic theo điểm 1, trong đó cADN này có độ tương đồng trình tự là 100% so với trình tự nucleotit được chọn từ nhóm bao gồm các trình tự nêu trong SEQ ID NO: 1, 3 và 5.

11. Phân tử axit nucleic theo điểm 10, trong đó cADN này có trình tự nêu trong SEQ ID NO: 1.
12. Phân tử axit nucleic theo điểm 10, trong đó cADN này có trình tự nêu trong SEQ ID NO: 3.
13. Phân tử axit nucleic theo điểm 10, trong đó cADN này có trình tự nêu trong SEQ ID NO: 5.

[illegible]

Figure 1a

Ptc	TIR-NBS-LRR	GI:224127726	ELHSGSCSKLKEFP-EIEGNNKKLRKLCLDQTSIEELPPSIQYVLGLSLKDKCKKLSLC	775
Mtr	TIR-NBS-LRR	GI:224127726	KLILSGSSKFPLP-EPGEKMENLSMLALEGTDIRKLPLSLGRVLGNLNLDCKCKSLVC	759
Col	TIR-NBS-LRR1		TWILSGCSNLERLPQIDGEMECVLYLDGTGIRHLPSLIHGLSGLVLLNLKGCRCNLAS	754
Col	TIR-NBS-LRR2		TLILSGCSNLERLPQIDGMCECLVELHLDGTGVGHLSAISGHLSSLVLLNLKDCRNLAS	761
				***.*:::* : * : * : * : * : * : *
Ptc	TIR-NBS-LRR	GI:224127726	LPSSINGLKSLKTLHLSGCSELENLPENFGQLECNELDVSGTAIREPPVSIFSLKNLKI	835
Mtr	TIR-NBS-LRR	GI: 87162908	L PDTIHGLNSLTITLDSIGCSKLCRLPDGLKEIKCLEELHANDTAIDELPSSIIFYLDSLKV	819
Col	TIR-NBS-LRR1		LPSNINGLKRKLIKFDLSGCSKLEIIPESLQQVESLEELDLSETAIRQPSPFIQPKNLKH	814
Col	TIR-NBS-LRR2		LPSSINGLKCLKTLLNLSGCSNLEHFFPENQQLESLEELDLSGTAITKPSPFIQPKNLKH	821
				.*::*: * : :***: * :.: : :*.***. . *** : * ** :..**
Ptc	TIR-NBS-LRR	GI:224127726	LSFHGCAESSRSTTNIWQLMFLPMFGKANSTSLVLP-SLSGLSSLTRLGLSNLCNLLEG	894
Mtr	TIR-NBS-LRR	GI: 87162908	LSFAGCQGPGS--TTSMNWFLPFNLMPGSQPSANFRLPSSVMGLPSLEYLNLSYCNLSSE	877
Col	TIR-NBS-LRR1		LSFRGCKGPLS-KLRPNLPSLFVKVMQPSRSLNSMALMLP-PLSGLSSLTNLDISYCNLGEE	872
Col	TIR-NBS-LRR2		LSFHGCKAPT-KLQPNQPSLG-----CMNCMAITLP-PLSGLSSLTQLNISYCNLYEG	873
				*** ** : * : : ***** * : * : :
Ptc	TIR-NBS-LRR	GI:224127726	AVPNDIGYLSLRLQNLSRNKRVSLPTSIDQLSGLQFLRMEDCKMLQSLELPSPNLEEPR	954
Mtr	TIR-NBS-LRR	GI: 87162908	SFPNYFHHLSLKSOLDTGNNFVIIPSSISKLSRLRFLCLNWCKLQLPELPTMTQTQLN	937
Col	TIR-NBS-LRR1		AIPSDVYRLSSLLKLNLCGNNFISLPANLERLSNLKCLVLTHCMELKSLEFLTATSSC	932
Col	TIR-NBS-LRR2		ATPSDICSLSLKRLDLRGNNFISLPANLDRSLNLDYLGLTDCMELKSLPELLTSTLVPI	933
				:.*. . ****:* * *:.* :.:.:*** * : * * :****:
Ptc	TIR-NBS-LRR	GI:224127726	VNGCTSLEKMQFS-RKLCLQNLV--RYLFINCWRLSSEDCWNMMFFTLLRKCFQGPPLI	1011
Mtr	TIR-NBS-LRR	GI: 87162908	ASNCDSLDTMKFNPAKLCSL-----PASPRKLS-----YYQELYKRFEDRCLPT	981
Col	TIR-NBS-LRR1		NIIGHRSVDLSANATVRNSVSCA--SIWLTCNCRLES-----TDIVTLKKHLKASANSR	986
Col	TIR-NBS-LRR2		SNDCSFPVGLFANARACNSMDWAPASIWLTNCYRLAEN---TNVLTKLKKHLKVPFAKR	989
				 : * : : * * : :
Ptc	TIR-NBS-LRR	GI:224127726	ESFSVIIPGSEIPTWFHSQSEGSSVSQTPPHSHENDEWLGYAVCASLG-----YPDFP	1065
Mtr	TIR-NBS-LRR	GI: 87162908	TRFDMLIPGDEIPSWFVQPSVSWAKVHIP--NNFPQDEWVGAFALCFLLV-----SYADP	1034
Col	TIR-NBS-LRR1		Q-LNILVLPGESEIPEWFSNQRDGCSIKIPPLYQILNDSQCIGVAFCVFVNAIEMRRKAPI	1045
Col	TIR-NBS-LRR2		ETLDIILPGSQIPDWFSHQNESSIKIPLPHHLQSNSKWIGVAFCCVFVDVVGIDCKAFV	1049
				:.:.:***:** * * * : : : * * * :
Ptc	TIR-NBS-LRR	GI:224127726	PNVFRSPMQCFFNGDGNESESIYVRLKPCILSDHLWFLYFPSRFRK-----	1112
Mtr	TIR-NBS-LRR	GI: 87162908	PELCKHEIDCYLFASNGKKLITTRSLLPMPDCPYPHYLYMSIDEFRDEILKDDYW---	1090
Col	TIR-NBS-LRR1		HGRKSNQVNDHVLCITNGCSSVTKDHLHLLGYWSRDYFYYSISEEKCGETEQLESSL---	1101
Col	TIR-NBS-LRR2		HGRMSHDINGYGlyFGHG--SSVTKDHLWLRYWSRNKLYS-FALDDCKGETGHQPSLKCVP	1107
				: :
Ptc	TIR-NBS-LRR	GI:224127726	-----FDRHRVRFREDNCSQT-KVIKCGVRLVYQQDV EELNRMT-----NLYENS	1156
Mtr	TIR-NBS-LRR	GI: 87162908	-----SESGIEPVLCYCQCQSILQVVS CGSRLVCKQDV EDWSKMS-----HFNES-	1134
Col	TIR-NBS-LRR1		--ESBDELVVVEDEDEMLS SKPTIKKCGIHI VYKKDVEEME QIKEHHILOIGNTTIEDI	1159
Col	TIR-NBS-LRR2		DQESDEFEVAVEVEVELSRSRFKVKVKCGVRLVYEKDLQELEQL-----LQICNSTCADE	1162
				: . : : ** : * : * : : :
Ptc	TIR-NBS-LRR	GI:224127726	TFEGVDEC FQESGGALVKRLGHTNDVGEASGSVSDEQPPTKKLKOI-----	1203
Mtr	TIR-NBS-LRR	GI: 87162908	PQPQNGDESEIGKGALVKRRKNFYEKSES D KIEERPQPKRLQQFLKCI MRKEL--	1212
Col	TIR-NBS-LRR1		SK--TGEVP-----VKRRKN I YE--EEAE L SE S DS FRGPERFLRYIMQKKEHN	1206
Col	TIR-NBS-LRR2			

Figure 1b

Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	MASSSMQKAASSSYSPQWKYDVFLSFRGKDRNNFTSHLYSNLEQRGIDVYMDDRGLER 60
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	GKTIEPALWQAIEDSRFSIVVFSRDYASSPWCLDELVKIVQCMKEMGHTVLPVIFYDVPDS 120
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	EVADQKGNKYKAFIEHKEKHSGLNDKVKCWSCLSTVANLSGWDVRNRDESQSIIKIVEY 180
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	IQCKLSFTLPTISKNLVGIDSRLKVLNEYIDEQANDTLFIGICMGGMGKTTVARVLYDR 240
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	IRWQPGGSCFLANVREYFAEKDGLCRLQEQLLSEISMELPTARDSRRIDLIKRRRLRLKK 300
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	VLLILDVDDEEQQLMLAAEHGTFGPGSRIIITSRNKHVLDHSHGVTRIYEADKLNKDAL 360
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	MLFSWKAFKRDQPAEDLSELSKQVVGYANGLPLALEVIGSFLHKRGLREWKSADRMNDI 420
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	PDRKIIDVLRISFDGLHELEKKIFLDIACFLKGMKKDRITRLDSCGFHADIGMQALIEK 480
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	SLIRVSRDEIRMHNLQKMGEEIVRCESPEEPGRSRSLCTYKDVCDALDSTGKIESIFV 540
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	DLPAKEAPWNMTAFSKMTKLRLLLKIHNVLDSEGPYLSNELRFLWEHAYPSKSLPACFR 600
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	LDLVELYMSCSSIEQLWCGCKLLTCLLHVSAPMRRCTSSNVCNTSTFDESQSIIKIAE 660
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	DIMARLGSQRHASNVGNLVGMELHMQVYKMLVGSGGVRLFLGILMSGVGKTTLARVIY 71
	YIQCKLSFTLQTI SKN- LVGIDSRLKVLNEYIDEQATDTLFIGICMGGMGKTTVARVMY 719
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	DNIRSQFQGTCTFLHEVRDRSA-KQGLERLQEIILLSEILVVKLRINDLPEGANMQKQRLR 130
	DRIRWQFQGSCLANVREYFAEKDGRCLQEQLLSEISMELPTAR-DSSRRIDLIKRRRL 778
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	YKKVLVLDDVDHIDQLDTLAGEREWFGDGSRIIITTKDKHLLVKYETEKIYRMGTLDKY 190
	LKKVLLILDVDDEEQQLMLAAEHGSFPGSRIIITSRNKHVLDHSHGVTRIYEADKLNK 838
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	ESLQLFKQHAFKKNHPTKEFEDLSAQVIEHTGGLPVALKVLGSLYGRGLDEWLSEVERL 250
	DALMLPSWKAFKRDQPAEDLSELSKQVVGYANGLPLALEVIGSFLHKRGLREWKSADRM 898
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	KQIPQNEILKKLEPSFIGLNNIEQKIFLDIACFFSGKKKDSVTRILESFPHFSPVIGIKVL 310
	NDIPDRKIIDVLRISFDGLHELEKKIFLDIACFLKGMKKDRIARLLDSCGFHADIGMQAL 958
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	MEKCLITILQGRITAIHQLIQDMGWHIVRREASYNPRICSLRWKREDICPVLERNLATDKI 370
	IEKSLISVSRDEIRMHNLQKMGEEIVRCESPEEPGRSRSLCTYKDVCDALD--STEKI 1016
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	EGISLHLTNEEEVNFQGGKAFMQMTSLRFLKPRNAYVCQGPFLPDELRLWDWHGYPSKSL 430
	QSIFLDLPKAKEAQWNMTAFSKMTKLRLLLKIHNVLDSEGPYLSKELRFLWEHAYPSKSL 1076
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	PNSFKGDQLVSLTLKKSRIIQLWKTSKDLGKLKYMNLSSHQKLIRTPDFSVMPNLERLVL 490
	PACFRPDELVELYMSCSSIEQLWCGCKILVNLKIINLSNLSLYLINTPDFTGIPNLESLLI 1136
Col TIR-NBS-LRR3	-----
Stu nematode res-like protein gi37781360	-----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507	EECKSLVEINFSGDLGKLVLLNLKNCRNKLTLPKRIRLEKLEILVLSGCCKLRTFPPEIE 550
	EGCASLSEVHPSFGRHKKLQLVNLVNCYSLRILPSNLEMESLEVCTLSSCKLDPFDIV 1196

Figure 2a

```

Col TIR-NBS-LRR3                                     -----ASLPSSIHELKCLKTLDLSG 20
Stu nematode res-like protein gi37781360             EKMNCLAEVLGATALSELSASVENLSGVGVINLCYCKHLESIPSSIFRLKCLKTLDVSG 610
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507                         GNINCLRELRLDGTATAKLSSSFHCLAGLVLLSMNCKNLESIPSSIRGLKSLKRLDVS
1256                                                    *:**** **.* **.*

Col TIR-NBS-LRR3                                     CSKLENLPESLQQVESLEELDLSGTAITKPPSFIFQLKNLKHLSFRGCKGTVSKSRPNLL 80
Stu nematode res-like protein gi37781360             CSKLNLPDDLGLLVGLEEFHCTHTAIQTIPSSISLLKNLKHLSLRGCNALSS----- 663
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507                         CSELKNIPENLGEVESLEEFDAAGTSIRQPPTSFFLLKNLKVLSFKGCKRIAV-----
1309                                                    **:.*:.*:.* : .***: . : *.* * : : **** **.*:

Col TIR-NBS-LRR3                                     SLFKVMQRGGGSVNSVALTLPPLSGLTCLTKLDISYCNLGEAIPSDICHLSLRDLNLS 140
Stu nematode res-like protein gi37781360             ---QVSSSSHG-QKSVGVNFQNLGSLCSLIMLDLSDCNISDGGILSNLGFPLAGLILD 719
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507                         -----NLTDQILPSLSGLCSLEELDLCACNLGEGAVPDIGCLSSLSRLNLS
1356                                                    : . : **** * **.* **.*: : : *.* *.*

Col TIR-NBS-LRR3                                     GNTFSSLPAN-LDRLSNLERIRLRHCTELKSLPELLRST-----YHSVGVFANAIRNSR 194
Stu nematode res-like protein gi37781360             GNNFSPNIPAAISRLTRLEILALAGCRRLESLELPSPSIKEIYADECTSLMSIDQLTKYS 779
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507                         RNNFISLPKS-INQLSRLEKLALKDCVMLESLPEVPLKVQKVKLDGCLKKEIPDPKLC
1415                                                    *. * . : : : *.* : * * * : ****: . :

:

Col TIR-NBS-LRR3                                     DWACIFLP--NCYRIAEN---TNIVTLKKNLKVGLYIS-----P----PNQLTQRNL
238
Stu nematode res-like protein gi37781360             MLHEVSFT--KCHQLVTNKQHASMVDSLKQMHKGLYLNGSFSMYIPGVEIPEWETYKNS
837
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507                         SLKRSEFKCLNCWELYMHNQNNMGLNMLEKYLQGSPPRGFGIAPVPGNEIPGWFTHQSK
1475                                                    : : * : : . : : : * * * * : * :

Col TIR-NBS-LRR3                                     -----
Stu nematode res-like protein gi37781360             GTESISVALPKQWYTP---FRGIAICVVDMMTP-FILWKPNSEPFSPFNKCKSTPQ 893
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507                         E-SSIRVQMPSNYLDGDDNGWGMFAACAAFSYELKERENESSSELELSFHSYDQGVKVE
1534

Col TIR-NBS-LRR3                                     -----
Stu nematode res-like protein gi37781360             GLVMVFSFTGHDGLWHRFRTCLSIGSEKPVG-----LGNTFLAQVPLD 937
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507                         NCGVRMVNSGHLIVASKEAASSYTPSWQSPGTGHLIIASKEAASSYIDSLANSSSYQWMH
1594

Col TIR-NBS-LRR3                                     -----
Stu nematode res-like protein gi37781360             RFWRLEDDNYIFNDFIQLEVGVCDN-----IHEDVVVKGLGVRLVYE 979
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507                         DVFFSFRGKHNSNFTLHTALFQIRIIRYKRQIKYKKIESLVSIDIKESGLSIIIFAR
1654

Col TIR-NBS-LRR3                                     -----
Stu nematode res-like protein gi37781360             N----- 980
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507                         DYVSTLFGGFPVKIDBPMKMKSDTVFPVSTVSYNVEQSRVDEQTESYTIIVFDKDEEDFS
1714

Col TIR-NBS-LRR3                                     -----
Stu nematode res-like protein gi37781360             -----
Ptc TIR-NBS-LRR gi224126507                         EDKEKVQRWMDILTEVAISSGSESSKR 1741

```

Figure 2b

ColNBS-LRR		MAEAAVSFVLERLADILEEDFQTNVRNEVVRLQDELKRMRCFLRDADAK	50
PtcNBS-LRR	gi224075299	MAEAAVSFVLERLADLFDELEFHDTDVHKEVERLLQDELRRIRCFCLRDAK	50
ColNBS-LRR		*****:	
ColNBS-LRR		QDDDDRNVNWSDIRNVAYDAEDLDITFILRIDAVQKKNS--IKKYASV	97
PtcNBS-LRR	gi224075299	QDEDERVNRWVSDIRDVAYDAEDLIDRFIMNDPLKKKKKNHF1KCKTSY	100
ColNBS-LRR		**:*:*****:	
ColNBS-LRR		FKDWKRRSKIANELIAIQRRILDVSQSREKYGIKNIGEGISTAKERLRKQ	147
PtcNBS-LRR	gi224075299	VKGWKQRSKIAEDLMAIRSRLQDISASRETYGIONVGEGTTAAGETLRKL	150
ColNBS-LRR		.*:***:**::**:	
ColNBS-LRR		RRSSPRGEEDIIVGLDDDI AKLVTLQVLDAEDQWHAI SVVMGGIGKTTLA	197
PtcNBS-LRR	gi224075299	RRSSPRDEERDIVGLEDDTAKLVHDHLQMGDHWSAVSVGMGGIGKTTLG	200
ColNBS-LRR		*****:	
ColNBS-LRR		KKVYNHADIQARFPTRA WVVYSQEYSIRDI FQAII KQVASTGRNLEKLRE	247
PtcNBS-LRR	gi224075299	IKIYNHSAVRARFPSRAWICVSQEFARSARDILQRVIRQIASPRERLEALTD	250
ColNBS-LRR		*:***:;:****;*:***:*	
ColNBS-LRR		ELEEELIYEHLRKKRYLVVLDVWSIEAWNLS EAFP DSSNGSRVMLTT	297
PtcNBS-LRR	gi224075299	EELEDLYENLRKKRYLVVLD DIWSTNAWDCLKKAFPVDRSN GSRLLLT	300
ColNBS-LRR		*****:	
ColNBS-LRR		RNKSIALKADARSVPYDLHF MNEENGWMLFCKKAFT QSDASHRSRPLEEI	347
PtcNBS-LRR	gi224075299	RNKNVALHVDPQTTPYDLGFLSKQNSWELFCCKTFIDGRD TSCSPILEEI	350
ColNBS-LRR		***:**:.**:*****:~::~*~*****:~::~*~*****	
ColNBS-LRR		GKEIVEKCAGLPLA IIVMGGLLSTK RSLAEWKRVLSNMMSFFAQDPNGVS	397
PtcNBS-LRR	gi224075299	GREIVERCAGLPLA IIVIGLLSRKLNWERILNNMDSHFARHPNGVA	400
ColNBS-LRR		*:****:*****:***** *	
ColNBS-LRR		AIALSYNDLPYYLKSCFLHLQQFPEDQPIPTHKLFRLWTABGLIPQQGE	447
PtcNBS-LRR	gi224075299	AIALSYNDLPYYLKSCFLYLGLFPEDCTIQAHKLFRLWVAEGLIPHQEL	450
ColNBS-LRR		*****:	
ColNBS-LRR		RVEDVAEDYLNELIERNMVQVAKVSVNERVKQCRL HDLLRDL SISKAKAE	497
PtcNBS-LRR	gi224075299	RGEDVAEDYLNELIERNMVQMEGMSVNGRVKQCRL HDLLRDL SISAKTE	500
ColNBS-LRR		* *****:	
ColNBS-LRR		SFHEIQSQSLESARSRRHA IYSTFWPQCKYSNPQLRTL LLLFRVDHNQ	547
PtcNBS-LRR	gi224075299	NFLQIPGNENIPSLTRCRRHPI YSDSHLSCVERLSPHLRSL LFFRVVS-R	549
ColNBS-LRR		. * . : . : . : *	
ColNBS-LRR		SQVNYIN-DPY--KM EGSDLDYISKNFLLRVLELEGIPCATIPSI IG	593
PtcNBS-LRR	gi224075299	VRYRYFIGRN VYGFE LSGAKFDYITRNFNLRLRI LELEGISCSSIPSTIG	599
ColNBS-LRR		: *. *: . * ~::~:~*****:~*****:~***** *	
ColNBS-LRR		LLIHLKYLGLKETNLQELSSATGSLRSLQTL DIAANLHLLTIPNI WKLK	643
PtcNBS-LRR	gi224075299	ELIHLSYLGLKETNIRVL PSTLGS LCNLQTLDIAGNLHLRI PDVINMK	649
ColNBS-LRR		*****:	
ColNBS-LRR		RLRHLYMCGHKYGGPLRIDTLQH LQALSEINVQRWMQN DPANLTSLR---	690
PtcNBS-LRR	gi224075299	NLRHLYMCGHS-GGHLRIDTLKH LQTLTEIDVSRWKQNTADLVSLRKLG	698
ColNBS-LRR		***** ** *****:~*****:~*****:~***** *	
ColNBS-LRR		-----TEEADFPSLTQLSALQNLVKLH	712
PtcNBS-LRR	gi224075299	IRGNLCSDTIKIFDSISALLQLRS LYLRAEGAEFFPSLVQLGSLRSLIKLH	748
ColNBS-LRR		: * ~*****:~*****:~*****	
ColNBS-LRR		MRGTI RQLPNSEEFPPNL CQLTLEHTLQDQSVGILEKLPRL ILRLKAR	762
PtcNBS-LRR	gi224075299	LRGGISQLPSQQDFPPNL SQLTLEHTQLEQEST IELEKLPKLSILRFKAE	798
ColNBS-LRR		:** * ~*****:~*****:~*****:~***** *	
ColNBS-LRR		SYDGEMKISVSGFPQLEVLE LVLSLESLEELNLEEGAMLR LRSFRIKCE	812
PtcNBS-LRR	gi224075299	SYSKEKL TISADGFPQLEFLEFN SLESLEHFNIEENAVPRLESFLVNCKE	848
ColNBS-LRR		** . ***:~*****:~*****:~*****:~***** *	
ColNBS-LRR		KLKMLPEGMKTTLTGLREL DIELMPKS FVDRI RGEDFYKVQHVPSILFV	860
PtcNBS-LRR	gi224075299	GLRMLPEEMRFVATLHKLV IEEMP KV FVDRLQGEDLHKVQH IPIKIFI	896
ColNBS-LRR		***** *	

Figure 3

Figure 4b

-27-

Col CC-NBS-LRR3	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224132258	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224059584	HNSSLTITLKLGSMSRLTYLKGQLLQSLGALKVLMISDFPKLTSLWQKGTGLENFEPQPV	998
Col CC-NBS-LRR2	-----	
Col CC-NBS-LRR3	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224132258	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224059584	SLTEIGMPSTHKSSKLSGCDKLDLLPIHTVHMLLSLEDLCIESCPNLVSIPEAGLLSSLR	1058
Col CC-NBS-LRR2	-----	
Col CC-NBS-LRR3	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224132258	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224059584	HLVLRDCKALRSLPDGMSNCPLEDLEIECPSELECFPGRMPLPATLKGKIRYCTELKSLP	1118
Col CC-NBS-LRR2	-----	
Col CC-NBS-LRR3	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224132258	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224059584	EDLMHNKNGPGTLCHEHLEIIGCPSLKSPFDGKLPTRLKTLKWDCSQLKPLSEMMMLHD	1178
Col CC-NBS-LRR2	-----	
Col CC-NBS-LRR3	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224132258	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224059584	DMSLEYLAISDCEALSSFPECLSSFHLSLNLNCSALKLFPGVGFPANLRTLTIYNC	1238
Col CC-NBS-LRR2	-----	
Col CC-NBS-LRR3	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224132258	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224059584	KNLKSLPNEMRKLTSLQELTICSCPALKSPNGDMPPHLTSLEIWDGCLSEWNLQ	1298
Col CC-NBS-LRR2	-----	
Col CC-NBS-LRR3	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224132258	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224059584	SLTCLRDFSAGGCFSHTVSFPDEKCLLPNTLTSVWIGRLPNLESLSMQLQSLAYLEELE	1358
Col CC-NBS-LRR2	-----	
Col CC-NBS-LRR3	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224132258	-----	
Ptc CC-NBS-LRR gi224059584	IVDCPKLKS LPRGCLPHALGRFSIRDCPLMTQRC SKLKG VYWPLISHIPCVEIDGNDM	1417
Col CC-NBS-LRR2	-----	

Figure 5b

[illegible]

Figure 6

Figure 7a

```

Col LRR1      LNIWYCHSLKNVSWVLLLPKLEAIYLFYCKKMEQVVSGBEGLLEPDPKAFSLRKLTIE--- 610
Rco LRR gi: 255546155 VNIWHCHKLKEVSWVQLQNLFLYLMYCNEMEEVVSRENMPMEA- PKAFPSLKTLS--- 819
Col LRR-TM-PK YLLDWAYVLRERGSLELVDPELGSEYSSEEAVMVLNVALCTNAAPTLRPTMSQVVSML 930
Ath LRR gi:42561789 LLLDWAYVLQERGSLELVDPTLASDYSBEEAMLMLNVALMCTNASPTLRPTMSQVVS LI 950
               :  :  *  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
Col LRR1      --IRDLPKLKISISPTWLAFPPCLKSIA--VIDCPKLKLPIGTHNSSTLPTVYCSEE---- 662
Rco LRR gi: 255546155 --IRNLPLKLSIAQRAALAFPTLETIA--VIDCPKLKMLPKTHSTLTLPVYGSKEWWDG 875
Col LRR-TM-PK EGQTSVQDILSDPGFSMSNKFKALVNHFWQNP-SQTMSLSSNGPNTDSSSSNIEDIEEN 989
Ath LRR gi:42561789 EGKTAMQELLSDPFSFTVNPKLKALRNHFQWQNELSRSLSFSTSGPRTASANS-LVDAAEK 1009
               :  :  *  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
Col LRR1      -----
Rco LRR gi: 255546155 LE----- 877
Col LRR-TM-PK SHLLRVSSIQSEA 1002
Ath LRR gi:42561789 TGLLD----- 1014

```

Figure 7b

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

Col CCH type
Ptc CCH type GI: 109676362

MASGQVFAKERLHRKHNKHYFRQBEWYCTLP LLGIGRARPLTMVLLQLMAVAQTNGRV 60

PTGASITATDDSPSWPSASGEFAGFRQLENKDYFLLSIWYEKIPEKTVVWYAIGEDPTD 120

DPAVPRGSKLELTDDRGLLLADPQGNQIWSSGIPPGAAVSSGVMDTGNFVLQNRNSPRL 180

WESFNNPTDITLLPTQIMEVGGVSSRRRTETNFSLGRFQLRLLDNGNLVLNLMNLPTKFVY 240

DDYYSETSDASNSSNSGYRLIPNESGYMYILRRNGLIEDLTKTALPTIDFYHRATLNF 300

GVFTQYFYPKASSGNRSWSSVWSKPDDICVNMGADLGSAGGYNSICNLKADKRPECKCP 360

-RFIPISGNE----- -NTDWPATADYEWIKPCSLEE 28
QGFSLLDQNDKYGSCIPDFELSCRDDGLNSTEDQYDFVELINVDWPTSDYERYKPINED 420
* . . . * : * * *

CKTQCLQDCLCTVAVFNENGCKKALPLPFGRQDPDVKSNSYLKVRKPEFSQKNPLPFLD 88
CRKSCINDCLCSVAIFR-DGCWKKKLPLSNGRFDIGMNGKAFKFPKGYVPLDRPPQPLP 479
* * * * * * *

-TKKNQNSLVILVSVLLGSSVFNFIILVGVLCSSGFPLYQKKIARNGRKYKNGIQNNLRC 147
GEKKKPDIKFITGVSVVLGTSVFNFNVLVGAFCLTSSFIYRKKTAK-VKEGGSGLETNLR 538
* * * * * * *

PSYKLEEBATNGFKEELGRGAFGI VYKGLIKTDAQDPTEAAVKKLDREVQDKNEPRTVE 207
FTYKELABEATNDFKDEVGRRGGFVYKGTIQAGSTR--VVAVKKLDKVVDGKEKFKTEV 596
* * * * * * *

SVIAQTHHRNLVKLLGYCDEGQCRMLVYELSNKTLASFLFGDQKPSWNQRKQIALGIAR 267
QVIGQTHHKNLVRLGFCDEGQNRLLVYEFLSNGTLANFLFGCSKPNWKQRTQIAFGIAR 656
* * * * * * *

GLLYLHEECSPQIIHCDIKPQNILLDDYIEARISDFGLSKLLGTDQSYTNTAIRGTKGYV 327
GLLYLHEECGTQIIHCDIKPQNILLDNYNARISDFGLAKLLVMDQSKTQTAIRGTKGYV 716
* * * * * * *

APEWFKTVPSVKVDVYSFGVLLLEIICCRNVMDIGKAKMEILTDWACDCELEGTLDA 387
APEWFRNRPIITVKVDVYSFGVMLLEIICCRNVLDLEIGEVENPVLTWDAYDCYMDGSLDV 776
* * * * * * *

LVDNDADALSDKAKLETFFVMVA----- 409
LIGDDTEAKNDISTLERLLKPARQNRIRASSNSPNAATPVALAPAAPPPLGRHTFSPLD 836
* * * * * * *

--IWCIQEDLSL----- 419
LPPWNSNPRSQQIMATKVTGILTAGKKVGRGSRSPWFLRFSCTHAPPVAAEATPNEPI 896
* *

KANNITKSPVDIARVCTDKIYGVGNTKTGMGQASREFELMKMKDNESVKDYSGRMLMDV 956

NQMRLLGKAFTDHKVVVEKIMVSVVPQKFEAKISAI EESCDMMNLTIAELTSKLHVQEQRVQ 1016

MRDEEAEIGAFQANTKERSSGYLQRKKSFKFTKGKTEMSSRKQNYSPCSHCKRTNHAEDK 1076

CWYKDKPSFKCTFCNNLGHSEKYCRACKKQSQQHQNANVSEKEKEDDEHLFMAEQVIS 1136

SHEQNIWLIDSGCTSYMTKHLAIFSSIDKSIQPKVKLGNGDVVQAKGRGTIAVSTKRGYR 1196

IYNLSAAKVQISIDVHFNENSCWKWDLKEVDRTTTAALEPAVGGTGQSDIEGTSOTSIL 1256

KVRPLSDVYERCNVPYAKPTSYTEAARPPAWIDA KSEIDSIERNGTWKLTLPQNKKEI 1316

GVKWFVKTKFNPDGSI FRHKARLVVKGFAQVAGVDYDDTFAPVARHDTIRLLALAGQKK 1376

WKVYHLDVKFAFLNGIILLEEIYVQPEGFVVTSEHKVYKHLKALYGLKQAPRAWYNRID 1436

TYLIQLGPKRSENEVTLYLKQDQDGLQLVISLYVDDMLVTGSNVKLLAEFKREMQDV FEM 1496

SDLGIINYFLGMEIHQCSSGIPISQRKYAVDILKRPKLESCKEVTTLMAQNEKISKNDGE 1556

Figure 8a

Col CCH type	-----	
Ptc CCH type GI: 109676362	KLEEPSAYRSLVGSLLYL TATKPDLMFLAGLLSRFMS SPSNFHMGVAKRVLKYIRGTTNL	1616
Col CCH type	-----	
Ptc CCH type GI: 109676362	GILYSKSGVNL SGYADSDWAGSVDDMKSTFGYVFTIGSGTICWN AKKQEVVAQSTAEAE	1676
Col CCH type	-----	
Ptc CCH type GI: 109676362	YIFLAAAANQAIWLNKLLAKNVHQLSFIVITFAMLLSAVAFES EIRSFGLAGYYRRFV	1736
Col CCH type	-----	
Ptc CCH type GI: 109676362	ENFSRISAPLTKLTQKNVKFQWSEACEKS FLELKERLTTAPVLAVPSGSGGYTVYCDASR	1796
Col CCH type	-----	
Ptc CCH type GI: 109676362	VGLGCVLMQHGKVIAYASRQLKKHEQNYPTH DLEMTAVIFALKIWRHYLYGETCEIFTDH	1856
Col CCH type	-----	
Ptc CCH type GI: 109676362	KSLKYIFQQRD LNLRRQRRWELLDYDCTIHYHPGKANVVADALSRKSSGSLAHIQEVRR	1916
Col CCH type	-----	
Ptc CCH type GI: 109676362	PLIRELHELVD EGVRFDLSEAGAMIAHFQVKS DLPDKIKAAQKDDSLLRIRNEVEQGKA	1976
Col CCH type	-----	
Ptc CCH type GI: 109676362	AGFVIGDDDDV LRYKDRLCVPDVDDLRRRLMVEAHQT VYTVHPGSTKMYKDLKVFDLSEGK	2036
Col CCH type	-	
Ptc CCH type GI: 109676362	G 2037	

Figure 8b

[illegible]

Figure 9

[illegible]

Figure 10a

```

Col RGA2      KLSKSLPKYLPCLKKLKIRRCGKLEGLPEAPSIIEVQLEGCDALQMEALPSGLRELQID 858
Rco RGA2 GI: 255568719 NLIQTLPGNLPSLTTIKIVGCPQLAASFPSAPAIQKLKLK-DDHRNVLLQNFDSSSKV 931
Col RGA1      VLLGFRPARS--NNGCRIGELRNLTRLRTLGLHLTHADEVEDSEFNAMNLDLEKLSIS 719
Rco RGA2 GI: 255561034 VLMGFRPSRLGQLGGCRIAELRNLTRLRTLGLHLTQGDEIEDNEVNALVNLQLEHLTIS 716
      *      *      : *      *      :      :      :      :      :      :
Col RGA2      GLRINAS-----ILKQMLQP--CTILEQLQISKCNRLRSLPEGSNLPMR-LKKLR 905
Rco RGA2 GI: 255568719 KFHSVDP-----LLQGMKIGVLFISEEIEVGNCDSLKCFPLELFPPELYSLEIYR 981
Col RGA1      FFDSHGSADLTSKIDKLP----- 739
Rco RGA2 GI: 255561034 CFDSQG--NDLIGKLDRLYP----- 734
      :
Col RGA2      IEESNVLNDISKILMY--TSLESKIRNSRWNGVESFPLG--SFPLLNRDITGCEELKWI 961
Rco RGA2 GI: 255568719 CQNLCEISEAEVTSKGLNVLESIKIR--ECPKLISFPKGGNLAPNLTSLHLCDCSNLKSL 1039
Col RGA1      -----
Rco RGA2 GI: 255561034 -----

Col RGA2      IGASEGEDAPLSCLNLSLEIYNCPNFVCFEKGFCAPNLTSLLELVGCSNLKALPEQMHS 1021
Rco RGA2 GI: 255568719 P---ECMHSLLPS-LYALAINNCPKLESFP--EGGLPPKLYSLVIESCDKLVTRGMKWN 1093
Col RGA1      -----PQQLHELSSVMFYPGKISPLWLNPL 763
Rco RGA2 GI: 255561034 -----PPEIYELSLAFYPGKMSPVWLNPI 758
      :      :      *      :      :
Col RGA2      LFPSLEELWISFCPKIEGFPKEG-LPSTLKALFIQ-----G 1056
Rco RGA2 GI: 255568719 QTISLKYFSISKNEVESFPEKMLLPSTLTCLQISNFQNLKSLDYDGIQHLTSLTELTIS 1153
Col RGA1      ALPMLKYLSSIGN----- 777
Rco RGA2 GI: 255561034 SLPMLRYLSSIGN----- 772
      *      :      **
Col RGA2      GCKKLIKG----MMRRDRDTEWGLQSLPSLEE----FIISSGGEEIEGIESFP--DEHL 1105
Rco RGA2 GI: 255568719 NCPKLQSVTEQELPLTVTYLDIWDLQNLKSLDPRGLCYLTSLEKEIWNCPNLQSMPE 1213
Col RGA1      -----LAKMHQNFWGG-----DNN 791
Rco RGA2 GI: 255561034 -----LAQMHQSFWG-----EDN 785
      :      *      :
Col RGA2      LPSSLTSLSISYFPNLSLESKGFQHLTSLRQLGIYFCPRLQSIPEKRVISSLSYLEIAK 1165
Rco RGA2 GI: 255568719 LPSSLVCLTISNLQNLQSLNFKGLQDLTFLIQLDILDCPKLESIPPEGLPTSLSSLIYN 1273
Col RGA1      IVWKVEGLMLESLSDELQWPKLQQLMQILRVNVSWCPPELVSFPIEDVG----- 841
Rco RGA2 GI: 255561034 SVWKIEALLLESSELGMDWSMIQNVMSLRIVNSSWCPDLSPAPPIEEIG----- 835
      :      *      :      :      *      :      :      *      :      :
Col RGA2      CPKLRENREKEKGKHWPNISHIPVINFDGDFPVII 1200
Rco RGA2 GI: 255568719 CPSLKQRCKQEKGEDWPKISHIRHIBIDGDTMNKC 1308
Col RGA1      -----FRGGVWIKQIRN----- 854
Rco RGA2 GI: 255561034 -----FRGGVWTKBQRN----- 848
      :      *      :      :

```

Figure 10b

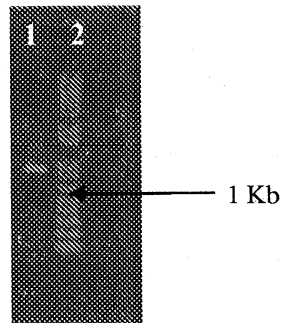
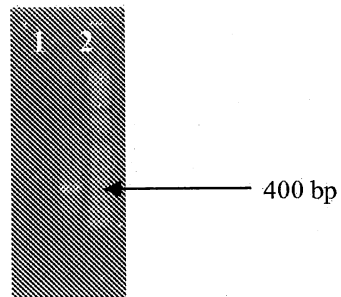
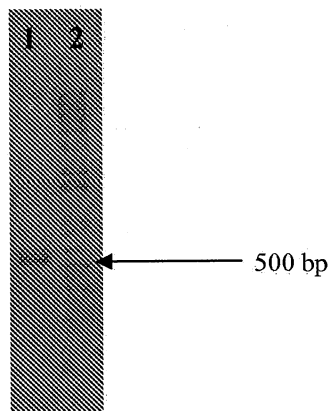
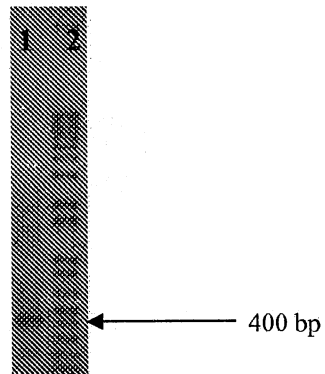
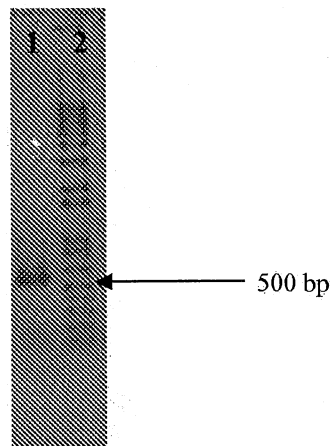
Figure 11**Figure 12****Figure 13**

Figure 14**Figure 15**

DANH MỤC TRÌNH TỰ

<110> BANGLADESH JUTE RESEARCH INSTITUTE

<120> PHÂN TỬ AXIT NUCLEIC MÃ HÓA ENZYM MANG LẠI KHẢ NĂNG KHÁNG BỆNH Ở CÂY ĐÀY VÀ PHƯƠNG PHÁP TẠO RA THỰC VẬT CHUYỂN GEN

<130> JGX-004.25

<140> PCT/US2012/041467

<141> 2012-06-08

<150> 61/500,407

<151> 2011-06-23

<160> 55

<170> PatentIn phiên bản 3.5

<210> 1

<211> 3639

<212> ADN

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 1

atgctgtcca	tacaatcatc	ttctttcttgt	tcctatgttt	ctcgaaagaa	gtatgatggt	60
ttcctgagtt	tcagaggaga	agataccgcg	aataacttca	ccgatcatct	ttatgccgct	120
ctagtcagga	gaggaatcgt	cacttttcagg	gacaatgaaa	ggctcgaggc	cggagaatcg	180
atcgccaccg	aactctttaa	agcaattcag	gaatcatggg	gttcagtaat	tgtattctcg	240
gaaacttatg	ccttttcagg	ttggtgcttg	gacgagctaa	cccagattgt	caaacagaaa	300
aatgaagaag	ggcataaagt	tttccccatt	ttctatgatg	ttgatccatc	tgattttaaga	360
aaacagacag	ggaaagttgc	agaagccttt	gtcaaacatg	aagaaagata	taaggagaat	420
aaaaacaaga	cacaaacttg	gcgatctgct	ttgactgaag	tggctaattt	aaagggatgg	480
catctaaata	atagaccgga	agcagaattc	attgcagaca	tcgttaaaaag	ggtgtcagca	540
aagttatacc	aagcctgttc	tagcattcct	gatgacttaa	ttggaattca	ttcacgcttg	600
gaagagttgc	attccaaact	agaaattggg	gaagatgata	tccgcattat	aggaatttgt	660
ggtatgggtg	gcattggcaa	aacaactctc	gcaagagttg	tttacactca	aatgtcacct	720
cattttgaag	ccaaaagtgt	tctttctgat	gtccgagaag	tttcagataa	atttggactt	780
gtagctatac	agaaacagct	tctttctcaa	atcttcccag	aggaacacct	caattttttt	840
gatgtccaag	aaggaagttt	catgataagt	cgtagcctat	ctcacaaaaa	agttcttata	900
gttcttgatg	atgttgataa	catacaacac	ttgaaaatgg	ttgggagcag	gatcatcgta	960
actacaagag	atgaacatgt	gctacaatct	tttcaagtgg	atgatgtgtt	aaagcctaca	1020
atattagatg	ccaatgaagc	acttcgtctt	tttagcttaa	aagctttcaa	tagtgataca	1080
ccagaagatg	atttcattga	gctttctaaa	tgtgtttaga	aatatgctga	tggccttccc	1140
ttagctcttg	aagtattggg	ttcattttta	tgtggtaggg	atgaagatca	atggacaagt	1200
gccattgaaa	ggttttaaaag	agactctaac	aaagaaatcc	acaaccggct	togaataagc	1260
tttgatggat	tagaagaaac	tgagaaaaat	attttttttg	atattgcatg	tttcttttaa	1320
ggggaggaga	aagattttgt	actgagagta	ctggatggtt	gtgggttttt	cccaggtatt	1380
ggaatagatg	ctctcattaa	gaaatctctc	ataaaaagttt	atggggacaa	ggacaaatat	1440
ttgtggatgc	atgacttgct	acaagagatg	ggaaggaaaa	ttgtgaagca	aaaatcgcta	1500
gaagaacctg	gaaaacgttg	tagattgtgg	gaggggaagg	atgtctatga	cgtgctaaca	1560
aagaacactg	ctacagaaga	aattgagggc	atggacatcg	acatcaagtg	ttgggatcag	1620

```

agaaagacaa tcacttggaa tgttgaagcc ttcttgaaga tgaaaaaatt aagattgctc 1680
agagtctctt atctcccaaa tccctgtgat ctcaattatc tttctgataa gctacgactt 1740
ttagattgga gtggatatcc ttttagatcc ttaccttcaa acttccaacc agacaacctt 1800
gttgcacttc tctacctta tagccgcgtt caacagctat ggaatggaaa catatgttta 1860
gaaaagttga aatgggttaa cctcgaaggc tctggaaacc tgaccaagac cccagacttt 1920
acaatggctc caaatctcga aactttgatt ttggaagctt gtatcaagat agtagatggt 1980
catccctcca ttggacttct gaggagactc agattttctga atttaagaaa ctgcaaaaagt 2040
cttaggagac ttccaaccaa aattggcatg aaatctcttg aaacatggat tctttcaggt 2100
tgctcaaadc ttgaaagggt accagatcag attgatgggg aaatggaatg tttagttgag 2160
ctttatttag atgggacggg cattcgacat cttccctctc taattggaca tctgagtggg 2220
cttgttttat taaatctgaa aggttgacag aacttggcga gcctccaag caacattaat 2280
gggttgaaac gcttaaaaaa ttttgatctc tctggctgct ctaaaactga aattttgcc 2340
gaaagtttgc agcaagtaga atctttggag gagcttgatt taagtgaac tgccataaga 2400
caaccgccat cttcatatt tcaatttaaa aatcttaaac atctgtcttt ccgtggatgc 2460
aaggggccac tgtctaaatt aagaccaaat ctgccttctc ttttcaagggt tatgcaaagc 2520
agaagtttga attccatggc tctaattgta cctcctttgt caggtttgag ttctttaaca 2580
aatctggata taagttactg caatcttggg gaagaggcta ttcctagcga tgtttaccgg 2640
ttatcctctt tgaaaaaatt aaatctttgt ggtaacaatt tcatcagcct gcctgcaaat 2700
cttgaacgac tttccaatct taagtgtctc gtattgacac attgtatgga gcttaaatca 2760
ttgcctgagt ttctaacaag cacggccagt tcatgcaata ttataggtcg tcatagtgt 2820
gacctatctg caaatgcaac agtacgcaac tcagtaagct gtgcttctat ttggttaact 2880
aattgcttca gattgagtga gaatacagac atagtaacat tgctgaaaaa acatcttaag 2940
gcatctgcaa attcaagaca attgaacatt gttctaccgg gaagtgaat cccagagtgg 3000
ttcagcaatc agagggatgg atgttcgata aagatacctc tgccttacca gattttgaat 3060
gatagtcagt gtattggagt tgctttctgc tgtgtctttg tcaatgctat agaaatgcgc 3120
cgcaaagctt ttatccatgg tagaaagtct caaatgtgg ataatcatgt gttgtgcatt 3180
acaaatggct gctcctcggg cactaaagac cacctcttgc taggttattg gtctcgtgac 3240
tacttttatt caatttatte cttggaggag aaatgtgggtg aaactgagca attatcaagc 3300
ctagaatccg atgaacttga ggttggtggt gaggttgatg aggatgagat gttgtcatct 3360
aagccgacca tcaagaagtg tggaaatcat atagtttata agaaagatgt ggaagagatg 3420
gaacaaataa aagaacacca cattctgcaa attggcaata caactattga ggatatccct 3480
cagcctcaga acggtgatga atcgagata gggaagggag ctcttgtaaa gcgaaaacgc 3540
aacttctatg agaaaagtga gagtgacaaa attgaagaga gaccacaacc taaacggctt 3600
caacaatttc taaaatgtat aatgcggaag gagctttaa 3639

```

<210> 2

<211> 1212

<212> PRT

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 2

```

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

```

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

```

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

```

Gln	Pro	Pro	Ser	Phe	Ile	Phe	Gln	Phe	Lys	Asn	Leu	Lys	His	Leu	Ser	
					805					810					815	
Phe	Arg	Gly	Cys	Lys	Gly	Pro	Leu	Ser	Lys	Leu	Arg	Pro	Asn	Leu	Pro	
					820					825					830	
Ser	Leu	Phe	Lys	Val	Met	Gln	Ser	Arg	Ser	Leu	Asn	Ser	Met	Ala	Leu	
										840					845	
Met	Leu	Pro	Pro	Leu	Ser	Gly	Leu	Ser	Ser	Leu	Thr	Asn	Leu	Asp	Ile	
										850					860	
Ser	Tyr	Cys	Asn	Leu	Gly	Glu	Glu	Ala	Ile	Pro	Ser	Asp	Val	Tyr	Arg	
865															880	
Leu	Ser	Ser	Leu	Lys	Lys	Leu	Asn	Leu	Cys	Gly	Asn	Asn	Phe	Ile	Ser	
										885					895	
Leu	Pro	Ala	Asn	Leu	Glu	Arg	Leu	Ser	Asn	Leu	Lys	Cys	Leu	Val	Leu	
										900					910	
Thr	His	Cys	Met	Glu	Leu	Lys	Ser	Leu	Pro	Glu	Phe	Leu	Thr	Ser	Thr	
										915					925	
Ala	Ser	Ser	Cys	Asn	Ile	Ile	Gly	Arg	His	Ser	Val	Asp	Leu	Ser	Ala	
										930					940	
Asn	Ala	Thr	Val	Arg	Asn	Ser	Val	Ser	Cys	Ala	Ser	Ile	Trp	Leu	Thr	
945															960	
Asn	Cys	Phe	Arg	Leu	Ser	Glu	Asn	Thr	Asp	Ile	Val	Thr	Leu	Leu	Lys	
										965					975	
Lys	His	Leu	Lys	Ala	Ser	Ala	Asn	Ser	Arg	Gln	Leu	Asn	Ile	Val	Leu	
										980					990	
Pro	Gly	Ser	Glu	Ile	Pro	Glu	Trp	Phe	Ser	Asn	Gln	Arg	Asp	Gly	Cys	
										995					1000	
Ser	Ile	Lys	Ile	Pro	Leu	Pro	Tyr	Gln	Ile	Leu	Asn	Asp	Ser	Gln		
										1010					1015	
Cys	Ile	Gly	Val	Ala	Phe	Cys	Cys	Val	Phe	Val	Asn	Ala	Ile	Glu		
										1025					1030	
Met	Arg	Arg	Lys	Ala	Phe	Ile	His	Gly	Arg	Lys	Ser	Gln	Asn	Val		
										1040					1045	
Asp	Asn	His	Val	Leu	Cys	Ile	Thr	Asn	Gly	Cys	Ser	Ser	Val	Thr		
										1055					1060	
Lys	Asp	His	Leu	Leu	Leu	Gly	Tyr	Trp	Ser	Arg	Asp	Tyr	Phe	Tyr		
										1070					1075	
Ser	Ile	Tyr	Ser	Leu	Glu	Glu	Lys	Cys	Gly	Glu	Thr	Glu	Gln	Leu		
										1085					1090	
Ser	Ser	Leu	Glu	Ser	Asp	Glu	Leu	Glu	Val	Val	Val	Glu	Val	Asp		
										1100					1105	
Glu	Asp	Glu	Met	Leu	Ser	Ser	Lys	Pro	Thr	Ile	Lys	Lys	Cys	Gly		
										1115					1120	
Ile	His	Ile	Val	Tyr	Lys	Lys	Asp	Val	Glu	Glu	Met	Glu	Gln	Ile		

1160 1165 1170
 Ala Leu Val Lys Arg Lys Arg Asn Phe Tyr Glu Lys Ser Glu Ser
 1175 1180 1185
 Asp Lys Ile Glu Glu Arg Pro Gln Pro Lys Arg Leu Gln Gln Phe
 1190 1195 1200
 Leu Lys Cys Ile Met Arg Lys Glu Leu
 1205 1210

<210> 3

<211> 3621

<212> ADN

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 3

atgttgtcct taccaccatc atcctcttcc catgtttctc gaaaaaagta tgatgttttc	60
ttgagtttca gaggagcaga tactcgccaa aagttcaccc atcatctcta tgctgccttg	120
aaaagaaatg gaatcatcac ttccaggac aatgaaaggc ttgaggctgg tgaatcgatc	180
aggatggaac tctttaaagc aattcaggaa tcatggtgtt ctatagttgt attctcaaaa	240
acttattcct ttccagggtg gtgcttgac gagcttgctg agattgtcaa acagaaaaat	300
gaatgcaggc atacaatttt cccattttc tatgatatcg atccatctga tctaagaaag	360
cagacgggaa gagttgcaga agcctttgcc aaacatgaag agagatacaa ggagaataga	420
aacaggacac aaagctggcg atctgcttta actgaagtgg ctaatttaaa gggatggcat	480
ctaaataata caagacatga atcagaattc attggagaca ttgttagaag gatatcagca	540
aagtattgcc aaacctattc ctctgttcca gatgacttga ttggaattaa ttcaagtttg	600
gaagagttgc attctaaaaat agacattggg gaagatgaca ttcgtattat aggaatttgt	660
ggtatgggtg gcattggcaa aacaactctt gcaagagttg ttacactca aatgtcacct	720
cattttgaag gtaaaagctt tcttcccgat gttcgagaag ttcaaataa acttggaactt	780
gtatttttac agaagcagtt tctttctcac attttccag aagaatgctt caattttct	840
gatgttcatg aaggaagtta catgattaat cgtaggctat ctcacaaaaa gtttcttgta	900
gttatcgatg atgtcgataa catacaacag ttgaaatggt tgattggaag gcgtgattgg	960
cttggttcag gtagcagagc cattttaact actagagatg aacatgttct gctatcatac	1020
agagtggatc atgtttgtaa gccacaaca ttagattcca atgatgcact ttgccttttt	1080
agtttgaaag ctttcaataa tgatacacca gaaaatgatt tcattgagct ttctaaacgt	1140
gttgatcaat attgtgatgg ccttccctta gctcttgaag ttttggggtc atttttttgt	1200
ggaagagatg cagctcaatg gagaagtgca attgaaaggc ttaaaagaga gtctaacaag	1260
gaaattcatg accggcttca aataagcttt gatggattag aagaaacaga gaaaaacata	1320
tttttgatg ttgcttgttt ctttaaaagg gagagaaaag atttagtaat caaagttcta	1380
gatggttgcg agttttaccc agatattgga atagatgttc tcatcaagaa atctctcatc	1440
aaattttatg gtgacaagta ttggtggatg catgatttgc tgcaagagat gggtagaaaa	1500
attgtcaagc aaaaatctgt tgatgaacct ggacgacgtt gtagatttggt ggaggaaagg	1560
gatgtctatc atgtgctaac aaagaacacg gctacgaaag cagttgaagg cttggacatc	1620
aacgttaaat gctgggagca cagaaagatg ttcactagga atgctgatgc cttcatgaag	1680
atgaaaaaat taagattgct caaagtctgt aatctcccaa attctcatga tctcaaatat	1740
ctttctaatg cgctacggct ttttagattgg actggatata ctttcagatc cttgccttca	1800
cgcttccaac cagacaacct tgttgcaact ctctacctt gtagccgcat tgaacaacta	1860
tggaacggaa acatactttt agaaaaactg aaattcgtca acctogaagg atccatgaac	1920
cttatcagga caccagactt tacaatggcc ccaaatctgg aaagtttgat tttggaaagt	1980

```

tgtgtcaact tagtagatgt tcatccatcc atcggccttc taaggagact aaaactttctg 2040
aatttttagag gctgcaaaag tcttagcagt cttccaacca aaattggaat gaaatctctt 2100
gaaacattga ttcttttcagg ttgctcaaat cttgaaaggt taccagatca gattgatggg 2160
aagatggaat gtttggtcga gtttcattta gatgggaccg gtgtgggaca tctttctctt 2220
gcaattggac atctgagtgg tcttgtttta ttgaatctga aagattgcag aaatttagca 2280
agtctcccaa gcagcattaa tgggctgaaa tgtctgaaaa ctcttaatct ctcaggctgc 2340
tctaattcttg aacattttcc agagaatttg cagcaattag aatctttaga ggagcttgat 2400
ttaagtggaa ctgctataac aaagccacca tccttcattt tccaattcaa gaatcttaaa 2460
catctgtctt tccatggatg caaggcacca ccaactaaat tacaaccaa tcagccttct 2520
ctaggatgta tgaactgcat ggcgctaacc ttaccgcctt tgtcagggtct gagttcttta 2580
acacagctga atataagtta ctgcaatctt tatgaaggag ctattccgag tgatatttgc 2640
tccttatact ctttgaaaag actagatctt cgcggtaaca atttcttcag cctacctgcg 2700
aatcttgata gactttccaa tctcgactat ctcgattga cagattgtat ggagcttaaa 2760
tcattgcctg agcttctaac aagcacacta gttcctattt caaatgattg cagttttcca 2820
gtgggactat ttgcaaatgc aagagcatgc aattcaatgg attgggcacc tgcttctatt 2880
tgggttaacta attgctacag actggctgag aacacaaatg tattaacatt gctgaaaaaa 2940
catcttaagg tgtttgcaa ggcaagagaa actttggaca ttattttacc cggaagtcaa 3000
atcccagatt ggttcagcca tcagagcaat gaatcgtaa tcaagatacc tctgcctcac 3060
catcttcaga gtaatagtaa gtggattgga gttgctttct gctgtgtctt cgtcgatgtt 3120
gtgggtatcg actgcaaagc ttttgtccat ggtagaatgt cccacgacat taatggttac 3180
gggttgattt ttggacatgg ctctcggtc acaaaggatc atctttggct acgttattgg 3240
tctcgtaaca agttatatc gtttgcttg gatgacaaat gtggtgaaac agggcatcca 3300
cagagcctaa aatgtccggt agatcaagaa tccgatgaat tcgagggttg tggtgagggt 3360
gaggttgagt tgtcacggtc acgttttaag aaagtgaaga agtgtgggt tagactagtt 3420
tatgagaaaag atttgcaaga gttggagcaa cttctgcaaa tctgcaattc aacttgtgca 3480
gatgaatcaa aaacagggga ggttccggt aagcgaaaac gcaacatcta tgaagaggag 3540
gcagaactaa gtgagagtga cagcttccga gggccggaac gatttctaag atatataatg 3600
cagaagaagg aacataattg a 3621

```

<210> 4

<211> 1206

<212> PRT

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 4

```

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

```

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

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

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

1190
Glu His Asn
1205

1195

1200

<210> 5
<211> 719
<212> ADN
<213> *Corchorus olitorius*

<400> 5
ttgcgagtct cccaagcagc attcatgagt tgaaatgtct aaaaactctt gatctctcag 60
gctgctctaa acttgaaaat ttgccagaga gtttgcagca agtagaatct ctgaggagc 120
ttgatttaag tgggactgcc ataacaaaac caccatcctt catttttcaa ttgaaaaatc 180
ttaaacatct gtctttccgc ggatgcaagg gaacagtttc taaatcacga cccaatctgc 240
tttctctttt caaggtaatg caaagaggag gaggaagtgt gaattcagtg gctctaacct 300
tacctccctt gtcaggtttg acttgtttga caaagctgga tataagttac tgcaatcttg 360
gtgaaggggc tattcctagc gatatttgcc acttatactc tttgagagac ttgaatctta 420
gtggttaacac tttctccagc ctctctgcaa accttgatcg actttccaat cttgagcgta 480
tcagactgag acattgtacg gagcttaaat cattgcctga gcttcttagg agcacatacc 540
attcggttgg agtatattgcg aatgctgcaa tacgcaactc gcgagattgg gcatgtatgt 600
ttttacctaa ttgctacaga atagctgaga atacaaatat agtaaccttg ctgaagaaga 660
atcttaaggt tgggtctctat atctctcccc ctaatcagct cacacaaaga aatttatga 719

<210> 6
<211> 238
<212> PRT
<213> *Corchorus olitorius*

<400> 6
Ala Ser Leu Pro Ser Ser Ile His Glu Leu Lys Cys Leu Lys Thr Leu
1 5 10 15
Asp Leu Ser Gly Cys Ser Lys Leu Glu Asn Leu Pro Glu Ser Leu Gln
20 25 30
Gln Val Glu Ser Leu Glu Glu Leu Asp Leu Ser Gly Thr Ala Ile Thr
35 40 45
Lys Pro Pro Ser Phe Ile Phe Gln Leu Lys Asn Leu Lys His Leu Ser
50 55 60
Phe Arg Gly Cys Lys Gly Thr Val Ser Lys Ser Arg Pro Asn Leu Leu
65 70 75 80
Ser Leu Phe Lys Val Met Gln Arg Gly Gly Gly Ser Val Asn Ser Val
85 90 95
Ala Leu Thr Leu Pro Pro Leu Ser Gly Leu Thr Cys Leu Thr Lys Leu
100 105 110
Asp Ile Ser Tyr Cys Asn Leu Gly Glu Gly Ala Ile Pro Ser Asp Ile
115 120 125

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

<210> 7

<211> 2583

<212> ADN

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 7

atggctgaag	ctgctgtttc	ctttgtgcta	gagaggctag	ctgacatact	ggaagaaatt	60
gattttcaaa	caaagtgtcg	gaatgaagtt	gtgctgtttac	aagatgaact	gaagaggatg	120
cgttgtttct	tgctgatgc	agatgcaaag	caagatgatg	atgatagagt	gcgcaactgg	180
gtgtctgata	ttagaaatgt	agcttatgat	gctgaggatc	tcattgacac	attcattctc	240
agaattgatg	ccgttcaaaa	aaagaactcc	atcaaaaagt	atgcttccgt	tttcaaagat	300
tggaaacgtc	gctccaagat	tgcaaatgag	ctcattgcta	tccagagaag	aatccttgat	360
gtttctcaga	gtcgtgaaaa	gtatggtatc	aagaacattg	gagaggggat	tagcacagca	420
aaagagaggc	tccgcaagca	gagaagatca	tctcctcgcg	gtgaagagaa	agatattggt	480
ggactggacg	atgatatagc	taagctggtg	acacaacttg	ttgatgctga	ggaccaatgg	540
catgccattt	cagtagtggg	aatgggaggg	atcggcaaga	caactcttgc	caagaaggtt	600
tacaatcatg	ctgatatcca	ggcccgtttt	cctacccgag	catgggttta	tgtatcccag	660
gaatacagca	ttcgagacat	atttcaggca	attataaagc	aagtggcatc	aacaggaagg	720
aatttggaag	aactgcggga	agaagagttg	gaagaaattc	tctatgaaca	cctccggaaa	780
aaacggtatt	tgggtggtctt	ggatgatgta	tggagcatag	aagcatggaa	ttctctttct	840
gaggcctttc	cggatagcag	cagcaatgga	agcagagtga	tgctaacgac	tcgcaacaag	900
agtattgctc	tcaaagcaga	tgctagaagt	gttccttatg	atttgcactt	tatgaatgaa	960
gaaaatggat	ggatgttggt	ctgcaagaaa	gctttcattc	aaagtgctga	ttcacatcgt	1020
tccccacggt	tggaggaaat	cgggaaggag	attgttgaaa	aatgtgctgg	tttaccactg	1080
gccatcattg	tgatgggagg	attgctttca	acaaaaagaa	gtttagcaga	atggaaaagg	1140
gttctctcca	acatgagctc	attctttgct	caagaccgga	atggggatc	agcaatactg	1200
gctttgagtt	acaacgactt	gccatattat	ctcaaactct	gtttcctcca	tctaggacag	1260
ttcccagaag	accagccaat	tccaacacat	aaattgttta	ggctatggat	tgctgagggc	1320
ttgataccac	agcaaggtga	aagggtggag	gatgtagcag	aggactactt	gaatgagcta	1380
atagagagaa	acatggttca	agtagccaaa	tggagtgtca	acgagagagt	taaacaatgt	1440
cgtcttcatg	atctattacg	agatctctcc	atttcaaagg	ccaaagcaga	gagctttcat	1500
gagattcaag	ggagccaaag	cctcgaacct	tctgctagat	cacgtcgtca	tgccatctat	1560

```

tccacctttc attggcccca atgtaagtat tccaatcctc aacttcggac acttctccta 1620
tttagagttg atcataacca aagccagggt aattattata taaatgatcc ctataaaatg 1680
gaaggcagcg atctagatta tattagcaaa aacttcaaat tactgagggt cttggagttg 1740
gaggggtatac catgtgctac cattccaagc ataattgggt tactaattca tttgaagtac 1800
ttgggggctaa aggagactaa cctgcaagag ctttcatccg ccattgggtt tttgaggagc 1860
ctgcagactc ttgatatagc tgcaaattctt catcttctaa caattcccaa tgtcatatgg 1920
aagttaaaaa gattaaggca tctttacatg tgcgggcata aatatggggg gcctctgcga 1980
atcgacacat tacagcatct tcaagctctg tctgaaataa atgtccagag atggatgcaa 2040
aatgatcctg ccaatttaac cagcctgcga actgaagagg ctgattttcc atctctcaca 2100
caactttctg ctcttcaaaa tcttgtcaag ttgcatatga gaggaacaat aaggcagttg 2160
ccaaactcag aggaattccc accaaatctc tgtcagctga ccttggaaca tacccatctc 2220
cagcaagatt cagtgggaat tcttgagaaa ttgccaagat tgttgatttt gagactaaaa 2280
gcacggtcct acgatggaga aaaaatgaaa atatcagtca gcggctttcc ccaacttgaa 2340
gtcctggagc ttgtttcatt ggaatcattg gaagagttga atcttgaaga aggtgcaatg 2400
ctaaggctta ggagttttcg gattataaag tgtgagaaat tgaagatgct tcctgagggg 2460
atgaaaacc ctaaccggtct ccgtgagttg gacattgaat tgatgccaaa atcattcgtg 2520
gataggattc gtggggaaga tttctacaaa gtgcagcatg ttccctctat cttgtttgtt 2580
tga 2583

```

<210> 8

<211> 860

<212> PRT

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 8

```

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

```

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

```

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

```

<210> 9

<211> 6459

<212> ADN

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 9

atgggagtttg ttgtaggcac tgtagctct attttcacgc ctgctgtaca attgattatc

60

tcccccatca	aaaacaaaat	caaatacatt	tccaatcatg	agaacaatgt	ccaaactctc	120
aagaatcaag	ttgagagcct	gaaggatgaa	agaaagagag	ttcaacattc	tgttgatgcc	180
gctagacaaa	acggggaaga	gattgaagat	gatgttaaaa	agtggcagaa	gacggctcgac	240
cagaagatcg	ctgatgaagt	agagaaaagta	attgcagatg	aggagaaaagc	taagaaaaaaa	300
tgtttcgttg	gcttgtgtcc	gaatctctgg	gctcgttata	agcatagtgt	gaaagctgaa	360
gagaagggga	aggttgtggc	taagttgctt	gaacagggca	aatttgacaa	ggtttcttat	420
cgtccagctc	cacaaggtgc	cagtgtcact	gctgcatttg	ttaaaggttt	tgaagaattc	480
aagtcaagag	aagtgtttt	gaaaggaatc	atggaggcgc	tgaacgatga	taaaatcaac	540
atcatgggag	tgcattggcat	gggtggcggt	ggcaagacca	tgcttggttaa	agaagttgct	600
agacaagtta	aggaggggag	gctatttgat	tatgtgggta	tggcaaaagt	gactcagact	660
gttgatgtca	agacaattca	gaatgatatt	gctgagttac	tgggtttaag	atttgacgaa	720
cagagtattg	ttaggagggc	tgatcgactg	cgagaaagat	tgaagagaga	gacaaaagtt	780
cttgttgttc	tggatgacgt	atgggaaaga	ttagatctgg	aggaaagttg	gattccagtt	840
gcagatgaac	acaaggggtg	caagatactg	ctgacgtcca	gagatctcaa	tgttttatcc	900
aatgggatga	acagtgagaa	aaattttgtg	gttggccttc	tactgaaga	agaaacctgg	960
aaccttttta	agaagaaggc	cggttatggt	gttgaaagtt	ctgatataaa	gcctacggct	1020
atcgaggtgg	caaagaaatg	tgcaaaattg	ccaatcgcca	tcgccacagt	tgcaggggct	1080
ttgaggaaca	aagaggcggt	ccattggaag	gatgctctgt	gccaaattaca	gaagcettca	1140
acagtaaacc	tcaaaggggt	agcaacgact	gtacattcag	ctataaagct	tagctacgat	1200
tttttagaaa	gcgaggaagt	taaattcact	ttcttgcttt	gctgtttatt	gggccgcaat	1260
ggtttgattg	aggacttggt	gaagtatggt	attggatga	gattatttca	aggcatcaca	1320
atagaggaaa	caagaaacag	agtattgact	gtggtgagta	atctgaaagc	ctcttgctg	1380
ttacttgata	gctataataa	tgaaaagttt	gatatccatg	atgttgtttg	ggatgttgct	1440
ctattgattg	catcaagaga	ccgccatatg	tttgtcttaa	gagatggtga	agagctaaaa	1500
gactggccta	cccaggagat	gaaggagaat	tgcaagtgcg	ttaactttcg	ttgtcctcgt	1560
attatgaccg	agctacctga	tgagatggaa	ggtttacgtc	tttccttatt	gcgcttgagc	1620
aatgtaggcg	cattggaaat	tccagccaac	ttcttttagac	ggatggaaaag	actcgatgtc	1680
ttacatttca	ctagaatgca	tttttctctc	ctacctgttt	caattagtct	ccttaciaaac	1740
cttcacacac	tgtgtctcag	tgattgtgca	ctgcaagata	taaccattgt	tggaaagctg	1800
aagaatttag	aaatccttag	ccttgacagt	tcagttattg	aagccctgcc	cgaggagaca	1860
gcgcaattga	ctcggttaag	gctgttagat	ttgagtcatt	gttctaaact	tcagctcatt	1920
ccaccaaatg	ttctatcaag	tttgtccaag	ttggaagaat	tatatttgta	caatagcttt	1980
gttcaatggg	aagtggaagt	acatagcagc	ggaaggagaa	atgctagcct	tgatgaacta	2040
aagcatttgt	ctcatcttac	cactttgtat	gttcatatcc	ccaatgccga	aatagttcca	2100
aaagatcttt	tcattgagag	attggaaaga	ttcagtattt	tgattgaaga	tgagcggcgt	2160
tggtacagtg	agtttgaata	ctcaagaact	ttgaaattga	agatatatac	aagcatttat	2220
ttggatcatg	cggtgagaat	gttattgaag	aaaactgaag	atctacatct	ataccaactt	2280
aaaggatatca	agaatgtgct	tgatgagtta	attgatgggt	tagaattgcc	gcatctaaag	2340
aaccttcata	ttcgcaatgg	ttcggagggtc	caatatatca	tgaggaagaa	aattgagtgc	2400
gctcaattaa	agtccatgac	acttgaagg	ctgccgaaac	tgattagctt	ttggtttgaa	2460
gacaaaagg	gttccacatc	tcatgaggag	cgagctacga	gttccaatcc	cctgccactt	2520
ttcaataaac	agcttgtgtt	cccttgcttg	gaaagcctgc	gattgtcctc	aattaatgct	2580
gaaagaatat	ggcacagccc	tctttcggag	aattgtactt	ttgctgcaaa	tttgaaaagc	2640
ttgacggttg	aaggctgtgg	cgaattggag	catctattat	caccctctgt	tgccagaagt	2700
cttgtccagc	ttacacactt	cgaggtagca	agatgccagc	gcctaagaga	gataatatct	2760
acagaggaaa	tagaagatga	gagtgttgcg	atttgtttcc	cccaattaaa	ctccttagag	2820
ataagaagtc	tccagaatct	agcaaacctt	tgtgcaggaa	actataatat	tgaattccca	2880

gcacttaaaag	tattggaggt	taatggctgc	cctgtattaa	aggaattcat	tagggtgaat	2940
aaaagtgagt	ttcatgtgcc	ggctctcttc	aatgaaaagg	ttgctcttcc	tagcttggaa	3000
aggatggaat	tctcctacct	gaaaaatgtg	aagatgatat	ttgacaagca	acttctggca	3060
ggttcctttt	gcaaattaaa	agcaatgtca	gtttatcatt	gtgatgcatt	attgactatt	3120
ttttcatcta	atatatttgg	agcatttcag	agtctagaaa	atcttgatgt	gtacagatgt	3180
aattcacttg	aaatgatatt	tgaggttgga	gggttaaata	tcagagaacc	acacgttgta	3240
cactctcaac	taagatctct	gtatatttcc	tcgctgcctg	cattgaagca	tgtttggaat	3300
aaagatcccc	aaggaattct	ttccttccaa	aatcttcata	cagtagattt	gtctttttgt	3360
cggaatttga	aaagtctatt	tccagtgtca	gtagccaaac	accttcaaca	gctcgaaaat	3420
ctgagactgt	gtaattctgc	ggtggaggag	attgtgtttt	cagaagaagg	attagaagag	3480
cccattgggt	tcgagtttgc	tcaactgtct	tcccttgtgc	tttataatct	aagagagctc	3540
aaatgcttct	atcgagggca	gcatacaata	gtgtgggcga	tggtgaaaaa	gttgagagcg	3600
gatcattcta	ctttactgaa	gatagtaggt	agtaattcac	aacatcttgg	catccaagaa	3660
atgaatagca	atgaccacc	agaatgcaca	actggacaac	cacttttttc	gactgaaaag	3720
gtcattccca	ttttagagga	actgcatttg	cggtttaaca	accctgatga	catttcaaag	3780
atatgtgatg	gccattttct	ccaaagattc	tgcaatttgg	aaagttaga	actttcatct	3840
tctgaaggag	atgatgtca	gatactacca	gatgcggtga	cacttccacg	aattaaaaca	3900
ttaatatgtg	cttcttgcaa	ctttcttaag	catatatggg	agaagaagga	ttcagagcta	3960
gggcacattc	ttcaaaaagct	cgaaattctt	gaagttaacg	agtgtggcga	tttgacaagt	4020
tttggaaccgt	cctcggcatc	ttttcaaaaat	ctcacaactt	tggaagtgc	atactgcaac	4080
atgatgataa	acttggctac	accctcagta	gtccagaatc	tggtacaatt	aacaaccatg	4140
aggatagcat	actgcagggg	aatggcagaa	atagttgcaa	atgagggagg	tgaagcaaca	4200
ccaacatatg	agatcaattt	cagcaagttg	caaagtttag	aactcaatcg	gttacatcgc	4260
ctcacaagct	tttctccagg	gaattacacc	atcaactttc	cttccttgca	agaattaatg	4320
agagtaaaaag	aatcacataa	tgatcgaaaa	gggcgttggg	ccggtgacct	taataccacc	4380
atacaacttt	tgtacagcgt	aaatgttggt	gagggatacc	atggcatatg	taatttgaaa	4440
ttatcagaca	cctctcctga	gttgatggaa	atatggaatg	gaaggaaccc	tcatgaaatt	4500
gtggacttga	aattccttgg	acgtgtggaa	ttttgtaact	gtagcagctt	gaaatacatt	4560
tttactctgt	ccaggttgtt	gagcctcaag	cacctatctt	atttagtagt	aaaagaatgc	4620
agtactctga	aagaagttgt	gatggaacag	gaaattgagg	aggaagcaac	aaccgataac	4680
ttcatattcc	ctaattctccg	gtacattaaa	attgagtcac	gttccagctt	gagatgcttt	4740
tatttgggaa	gtggagctct	tgaaattcca	cggttggaaa	ttattgagat	aactgactgt	4800
ccaaaaatga	ctacgtttgc	ttcttcattc	ccaagagatg	aggagaaaaga	gattagtgt	4860
gatggaagtg	aaaaaagggt	tggccatggc	gacctcaata	ttgaaccgtt	tttcagcgat	4920
aagggtggcct	tgccatagttt	agaaaagggtg	agaatcaaaag	gcatggggaa	atgtagaaaag	4980
atatggcaag	accaactcac	tgtgaattca	ttttgcgagc	taaagtatat	actggtagaa	5040
agctgtgaaa	aactctcaaa	tattttttcca	ttcaacatga	tggaaaaggct	tgagaaaacta	5100
gaagagttgc	agattgtgaa	ttgtgattca	ttagaagaaa	tctttgagcc	agaagccctc	5160
actaataatc	aatcacatgg	agttgccact	actgaatcta	ttgtagaaga	gacaatggct	5220
aagtttgtat	ttcccagtgc	tacatacctt	cgacttgaaa	acttgcccaa	cttgaaatgt	5280
ttttactcga	ggacacatgc	taccgaatgg	ccatctctga	aaaaaatgaa	ggttctcgat	5340
tgccaaaatg	tgcagatttt	tgcttcagaa	tgtcctgcct	ttggagaaac	acaaggagcg	5400
agcacagaaa	ttaatatctc	aaatcaacct	cctctgtttc	gggtcaacga	ggttacattc	5460
ccaatcttag	aagaattaaa	attgaagcca	gatgatacat	ggcatggaca	agtactctca	5520
acagagtgtt	tcagcaaatt	gaaagttcta	gagctcatct	gcattcctga	gaaggcaaca	5580
gatcttgcac	gttgcttcat	tcaatcattg	ccgaatcttg	aaaagttact	tgtgaaggat	5640
tcttctttct	gtcaaatatt	ccagtttgaa	ggactcagtg	atgatgacca	aagacatgca	5700

```

gcactcactc ggttaagtga attgagattg tctaaacttc cagagttgac acatctctgg 5760
acggaagaat tccaaccgg agcagcattt tctaacctga aacttcttga agtgcttcat 5820
tgtgtcaaat taaagacttt agtcccatct ttggtgtctt tcaacaattt aacaactctg 5880
aaagtttcag gatgtcatgg attaaccaat ttagtaacat gctcaatagc tacaagcttg 5940
atgcaactca aaagaatgag tataactgat tgcaacatga tagaagagat catagcatgt 6000
gatgctgatg aaattcaagg tgccattggt ttctcccagt tgagatattt gaaactcagc 6060
tgtctaccaa gtttggaag cttttgctta ggcaatcaga gctttgattt cccaaccttg 6120
caaaagttga ttgttcatga atgccccaaa ctggagattt tctgtcaagg agacttaacc 6180
accccaaagc tgcagcaagt gctattgcca gagtatgaat atgaatacta tgatgcagaa 6240
gagtatgaag atgaatatga tgcagaagag tatgaagaaa acagcatgtg ggagggcgac 6300
cttaaaagta ctataagaaa gctgttcgaa gaaatggcag aggatgaaga tgaagatgaa 6360
gatgaagatg atgatgaaga gcatgaagat gaagatgaag atgaagatga tgatgaagag 6420
catgaagatg aagatgaaga tgaagatgat gatggttga 6459

```

<210> 10

<211> 2152

<212> PRT

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 10

```

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

```

210	215	220
Thr Ile Gln Asn Asp	Ile Ala Glu Leu Leu	Gly Leu Arg Phe Asp Glu
225	230	235
Gln Ser Ile Val Arg	Arg Ala Asp Arg Leu	Arg Glu Arg Leu Lys Arg
245	250	255
Glu Thr Lys Val Leu	Val Val Leu Asp Asp	Val Trp Glu Arg Leu Asp
260	265	270
Leu Glu Glu Val Gly	Ile Pro Val Ala Asp	Glu His Lys Gly Cys Lys
275	280	285
Ile Leu Leu Thr Ser	Arg Asp Leu Asn Val	Leu Ser Asn Gly Met Asn
290	295	300
Ser Glu Lys Asn Phe	Val Val Gly Leu Leu	Thr Glu Glu Glu Thr Trp
305	310	315
Asn Leu Phe Lys Lys	Lys Ala Gly Tyr Val	Val Glu Ser Ser Asp Ile
325	330	335
Lys Pro Thr Ala Ile	Glu Val Ala Lys Lys	Cys Ala Lys Leu Pro Ile
340	345	350
Ala Ile Ala Thr Val	Ala Gly Ala Leu Arg	Asn Lys Glu Ala Phe His
355	360	365
Trp Lys Asp Ala Leu	Cys Gln Leu Gln Lys	Pro Ser Thr Val Asn Leu
370	375	380
Lys Gly Val Ala Thr	Thr Val His Ser Ala	Ile Lys Leu Ser Tyr Asp
385	390	395
Phe Leu Glu Ser Glu	Glu Glu Val Lys Phe	Thr Phe Leu Leu Cys Cys Leu
405	410	415
Leu Gly Arg Asn Gly	Leu Ile Glu Asp Leu	Leu Lys Tyr Val Ile Gly
420	425	430
Met Arg Leu Phe Gln	Gly Ile Thr Ile Glu	Glu Thr Arg Asn Arg Val
435	440	445
Leu Thr Val Val Ser	Asn Leu Lys Ala Ser	Cys Leu Leu Leu Asp Ser
450	455	460
Tyr Asn Asn Glu Lys	Phe Asp Ile His Asp	Val Val Trp Asp Val Ala
465	470	475
Leu Leu Ile Ala Ser	Arg Asp Arg His Met	Phe Val Leu Arg Asp Gly
485	490	495
Glu Glu Leu Lys Asp	Trp Pro Thr Gln Glu	Met Lys Glu Asn Cys Ser
500	505	510
Ala Ile Asn Phe Arg	Cys Pro Arg Ile Met	Thr Glu Leu Pro Asp Glu
515	520	525
Met Glu Gly Leu Arg	Leu Ser Leu Leu Arg	Leu Asp Asn Val Gly Ala
530	535	540
Leu Glu Ile Pro Ala	Asn Phe Phe Arg Arg	Met Glu Arg Leu Asp Val
545	550	555
Leu His Phe Thr Arg	Met His Phe Ser Ser	Leu Pro Val Ser Ile Ser
565	570	575
Leu Leu Thr Asn Leu	His Thr Leu Cys Leu	Ser Asp Cys Ala Leu Gln
580	585	590

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

965										970										975																			
Ile	Arg	Val	Asn	Lys	Ser	Glu	Phe	His	Val	Pro	Ala	Leu	Phe	Asn	Glu																								
980										985										990																			
Lys	Val	Ala	Leu	Pro	Ser	Leu	Glu	Arg	Met	Glu	Phe	Ser	Tyr	Leu	Lys																								
995										1000										1005																			
Asn	Val	Lys	Met	Ile	Phe	Asp	Lys	Gln	Leu	Leu	Ala	Gly	Ser	Phe																									
1010										1015										1020																			
Cys	Lys	Leu	Lys	Ala	Met	Ser	Val	Tyr	His	Cys	Asp	Ala	Leu	Leu																									
1025										1030										1035																			
Thr	Ile	Phe	Ser	Ser	Asn	Ile	Phe	Gly	Ala	Phe	Gln	Ser	Leu	Glu																									
1040										1045										1050																			
Asn	Leu	Asp	Val	Tyr	Arg	Cys	Asn	Ser	Leu	Glu	Met	Ile	Phe	Glu																									
1055										1060										1065																			
Val	Gly	Gly	Leu	Asn	Ile	Arg	Glu	Pro	His	Val	Val	His	Ser	Gln																									
1070										1075										1080																			
Leu	Arg	Ser	Leu	Tyr	Ile	Ser	Ser	Leu	Pro	Ala	Leu	Lys	His	Val																									
1085										1090										1095																			
Trp	Asn	Lys	Asp	Pro	Gln	Gly	Ile	Leu	Ser	Phe	Gln	Asn	Leu	His																									
1100										1105										1110																			
Thr	Val	Asp	Leu	Ser	Phe	Cys	Arg	Asn	Leu	Lys	Ser	Leu	Phe	Pro																									
1115										1120										1125																			
Val	Ser	Val	Ala	Lys	His	Leu	Gln	Gln	Leu	Glu	Asn	Leu	Arg	Leu																									
1130										1135										1140																			
Cys	Asn	Ser	Ala	Val	Glu	Glu	Ile	Val	Phe	Ser	Glu	Glu	Gly	Leu																									
1145										1150										1155																			
Glu	Glu	Pro	Ile	Gly	Phe	Glu	Phe	Ala	Gln	Leu	Ser	Ser	Leu	Val																									
1160										1165										1170																			
Leu	Tyr	Asn	Leu	Arg	Glu	Leu	Lys	Cys	Phe	Tyr	Arg	Gly	Gln	His																									
1175										1180										1185																			
Thr	Ile	Val	Trp	Ala	Met	Leu	Lys	Lys	Leu	Glu	Thr	Asp	His	Ser																									
1190										1195										1200																			
Thr	Leu	Leu	Lys	Ile	Val	Gly	Ser	Asn	Ser	Gln	His	Leu	Gly	Ile																									
1205										1210										1215																			
Gln	Glu	Met	Asn	Ser	Asn	Asp	Pro	Pro	Glu	Cys	Thr	Thr	Gly	Gln																									
1220										1225										1230																			
Pro	Leu	Phe	Ser	Thr	Glu	Lys	Val	Ile	Pro	Ile	Leu	Glu	Glu	Leu																									
1235										1240										1245																			
His	Leu	Arg	Leu	Thr	Asn	Pro	Asp	Asp	Ile	Ser	Lys	Ile	Cys	Asp																									
1250										1255										1260																			
Gly	His	Phe	Leu	Gln	Arg	Phe	Cys	Asn	Leu	Glu	Ser	Leu	Glu	Leu																									
1265										1270										1275																			
Ser	Ser	Ser	Glu	Gly	Asp	Asp	Ala	Gln	Ile	Leu	Pro	Asp	Ala	Val																									
1280										1285										1290																			
Thr	Leu	Pro	Arg	Ile	Lys	Thr	Leu	Ile	Leu	Ser	Ser	Cys	Asn	Phe																									
1295										1300										1305																			
Leu	Lys	His	Ile	Trp	Glu	Lys	Lys	Asp	Ser	Glu	Leu	Gly	His	Ile																									
1310										1315										1320																			

Leu	Gln	Lys	Leu	Glu	Ile	Leu	Glu	Val	Asn	Glu	Cys	Gly	Asp	Leu
1325						1330					1335			
Thr	Ser	Phe	Gly	Pro	Ser	Ser	Ala	Ser	Phe	Gln	Asn	Leu	Thr	Thr
1340						1345					1350			
Leu	Glu	Val	Thr	Tyr	Cys	Asn	Met	Met	Ile	Asn	Leu	Ala	Thr	Pro
1355						1360					1365			
Ser	Val	Val	Gln	Asn	Leu	Val	Gln	Leu	Thr	Thr	Met	Arg	Ile	Ala
1370						1375					1380			
Tyr	Cys	Arg	Gly	Met	Ala	Glu	Ile	Val	Ala	Asn	Glu	Gly	Gly	Glu
1385						1390					1395			
Ala	Thr	Pro	Thr	Tyr	Glu	Ile	Asn	Phe	Ser	Lys	Leu	Gln	Ser	Leu
1400						1405					1410			
Glu	Leu	Asn	Arg	Leu	His	Arg	Leu	Thr	Ser	Phe	Ser	Pro	Gly	Asn
1415						1420					1425			
Tyr	Thr	Ile	Asn	Phe	Pro	Ser	Leu	Gln	Glu	Leu	Met	Arg	Val	Lys
1430						1435					1440			
Glu	Ser	His	Asn	Asp	Arg	Lys	Gly	Arg	Trp	Ala	Gly	Asp	Leu	Asn
1445						1450					1455			
Thr	Thr	Ile	Gln	Leu	Leu	Tyr	Ser	Val	Asn	Val	Val	Glu	Gly	Tyr
1460						1465					1470			
His	Gly	Ile	Cys	Asn	Leu	Lys	Leu	Ser	Asp	Thr	Ser	Pro	Glu	Leu
1475						1480					1485			
Met	Glu	Ile	Trp	Asn	Gly	Arg	Asn	Pro	His	Glu	Ile	Val	Asp	Leu
1490						1495					1500			
Lys	Phe	Leu	Gly	Arg	Val	Glu	Phe	Cys	Asn	Cys	Ser	Ser	Leu	Lys
1505						1510					1515			
Tyr	Ile	Phe	Thr	Leu	Ser	Arg	Leu	Leu	Ser	Leu	Lys	His	Leu	Ser
1520						1525					1530			
Tyr	Leu	Val	Val	Lys	Glu	Cys	Ser	Thr	Leu	Lys	Glu	Val	Val	Met
1535						1540					1545			
Glu	Gln	Glu	Ile	Glu	Glu	Glu	Ala	Thr	Thr	Asp	Asn	Phe	Ile	Phe
1550						1555					1560			
Pro	Asn	Leu	Arg	Tyr	Ile	Lys	Ile	Glu	Ser	Cys	Ser	Ser	Leu	Arg
1565						1570					1575			
Cys	Phe	Tyr	Leu	Gly	Ser	Gly	Ala	Leu	Glu	Ile	Pro	Arg	Leu	Glu
1580						1585					1590			
Ile	Ile	Glu	Ile	Thr	Asp	Cys	Pro	Lys	Met	Thr	Thr	Phe	Ala	Ser
1595						1600					1605			
Ser	Phe	Pro	Arg	Asp	Glu	Glu	Lys	Glu	Ile	Ser	Ala	Asp	Gly	Ser
1610						1615					1620			
Gln	Lys	Arg	Val	Gly	His	Gly	Asp	Leu	Asn	Ile	Glu	Pro	Phe	Phe
1625						1630					1635			
Ser	Asp	Lys	Val	Ala	Leu	Pro	Ser	Leu	Glu	Arg	Leu	Arg	Ile	Lys
1640						1645					1650			
Gly	Met	Gly	Lys	Cys	Arg	Lys	Ile	Trp	Gln	Asp	Gln	Leu	Thr	Val
1655						1660					1665			
Asn	Ser	Phe	Cys	Glu	Leu	Lys	Tyr	Ile	Leu	Val	Glu	Ser	Cys	Glu

1670	1675	1680
Lys Leu Ser Asn Ile Phe Pro	Phe Asn Met Met	Glu Arg Leu Glu
1685	1690	1695
Lys Leu Glu Glu Leu Gln Ile	Val Asn Cys Asp	Ser Leu Glu Glu
1700	1705	1710
Ile Phe Glu Pro Glu Ala Leu	Thr Asn Asn Gln	Ser His Gly Val
1715	1720	1725
Ala Thr Thr Glu Ser Ile Val	Glu Glu Thr Met	Ala Lys Phe Val
1730	1735	1740
Phe Pro Ser Ala Thr Tyr Leu	Arg Leu Glu Asn	Leu Pro Asn Leu
1745	1750	1755
Lys Cys Phe Tyr Ser Arg Thr	His Ala Thr Glu	Trp Pro Ser Leu
1760	1765	1770
Lys Lys Met Lys Val Leu Asp	Cys Gln Asn Val	Gln Ile Phe Ala
1775	1780	1785
Ser Glu Cys Pro Ala Phe Gly	Glu Thr Gln Gly	Ala Ser Thr Glu
1790	1795	1800
Ile Asn Ile Ser Asn Gln Pro	Pro Leu Phe Arg	Val Asn Glu Val
1805	1810	1815
Thr Phe Pro Ile Leu Glu Glu	Leu Lys Leu Lys	Pro Asp Asp Thr
1820	1825	1830
Trp His Gly Gln Val Leu Ser	Thr Glu Cys Phe	Ser Lys Leu Lys
1835	1840	1845
Val Leu Glu Leu Ile Cys Ile	Pro Glu Lys Ala	Thr Asp Leu Ala
1850	1855	1860
Cys Cys Phe Ile Gln Ser Leu	Pro Asn Leu Glu	Lys Leu Leu Val
1865	1870	1875
Lys Asp Ser Ser Phe Cys Gln	Ile Phe Gln Phe	Glu Gly Leu Ser
1880	1885	1890
Asp Asp Asp Gln Arg His Ala	Ala Leu Thr Arg	Leu Ser Glu Leu
1895	1900	1905
Arg Leu Ser Lys Leu Pro Glu	Leu Thr His Leu	Trp Thr Glu Glu
1910	1915	1920
Phe Gln Pro Gly Ala Ala Phe	Ser Asn Leu Lys	Leu Leu Glu Val
1925	1930	1935
Leu His Cys Val Lys Leu Lys	Thr Leu Val Pro	Ser Leu Val Ser
1940	1945	1950
Phe Asn Asn Leu Thr Thr Leu	Lys Val Ser Gly	Cys His Gly Leu
1955	1960	1965
Thr Asn Leu Val Thr Cys Ser	Ile Ala Thr Ser	Leu Met Gln Leu
1970	1975	1980
Lys Arg Met Ser Ile Thr Asp	Cys Asn Met Ile	Glu Glu Ile Ile
1985	1990	1995
Ala Cys Asp Ala Asp Glu Ile	Gln Gly Ala Ile	Val Phe Ser Gln
2000	2005	2010
Leu Arg Tyr Leu Lys Leu Ser	Cys Leu Pro Ser	Leu Ala Ser Phe
2015	2020	2025

Cys	Leu	Gly	Asn	Gln	Ser	Phe	Asp	Phe	Pro	Thr	Leu	Gln	Lys	Leu
2030						2035					2040			
Ile	Val	His	Glu	Cys	Pro	Lys	Leu	Glu	Ile	Phe	Cys	Gln	Gly	Asp
2045						2050					2055			
Leu	Thr	Thr	Pro	Lys	Leu	Gln	Gln	Val	Leu	Leu	Pro	Glu	Tyr	Glu
2060						2065					2070			
Tyr	Glu	Tyr	Tyr	Asp	Ala	Glu	Glu	Tyr	Glu	Asp	Glu	Tyr	Asp	Ala
2075						2080					2085			
Glu	Glu	Tyr	Glu	Glu	Asn	Ser	Met	Trp	Glu	Gly	Asp	Leu	Lys	Ser
2090						2095					2100			
Thr	Ile	Arg	Lys	Leu	Phe	Glu	Glu	Met	Ala	Glu	Asp	Glu	Asp	Glu
2105						2110					2115			
Asp	Glu	Asp	Glu	Asp	Asp	Asp	Glu	Glu	His	Glu	Asp	Glu	Asp	Glu
2120						2125					2130			
Asp	Glu	Asp	Asp	Asp	Glu	Glu	His	Glu	Asp	Glu	Asp	Glu	Asp	Glu
2135						2140					2145			
Asp	Asp	Asp	Gly											
2150														

<210> 11

<211> 928

<212> ADN

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 11

atgaaatgtc	ctcaactttt	gtgcctgatg	gatgaagaga	atgagctgcc	ctccaatctg	60
gagtatgtgg	aaattgaaga	ttgtagtaac	ctggcaaagc	ttccaaatgg	gctacaaaag	120
cttcgatcat	tgaaagattt	gagtgttaaa	tggtgcccc	aactgatgtc	ttttccaaat	180
gcagagttgc	catctacgct	gaaaactttg	tcaatcttgg	gatgtgaatc	tttagagtct	240
ttaccecaagg	gactggtgca	caatggtagc	agcagcattg	gtagatgtaa	tcttgataac	300
ctggagattc	taggatgtcc	atctcttaga	ttgttttcaa	ctggtgagct	accaacttgc	360
cttaagcaac	tcgatatttg	ggattgcatg	cagttgaagt	gtattccaga	gagattgctg	420
gagaatagtc	agtcacttga	atttatctgt	attgggaact	gcaaaaattt	gaaaacctta	480
ccgcagtgcc	tatacaggtt	tgattatcta	actgagttgc	atgtaaaatca	atgcccttcc	540
ttggagtctt	tcccagaaaa	gggcttgcc	attcgcaacc	tcaatctggg	tttaatatcc	600
aactgtgtga	atcttaagtc	cctaccaa	at	cgatgcatt	acctcacatc	660
ttgactttat	ttggttgtcc	aagtgtagaa	tcctttccgg	aagaagagtt	tactattcca	720
acaactcttg	tccacctg	agtcagagt	ctacctaatc	tggaatattt	atctaagggg	780
ctccaggacc	ttgtttttct	tgaatcattg	gatgtctgga	attgccctaa	gcttcagtac	840
ttgccaaagg	atggcctgcc	aagcatgctt	ggtttacttc	agatcagaaa	ctgtcctctt	900
ctagaaaaaa	aatgcttata	tgagaaag				928

<210> 12

<211> 309

<212> PRT

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 12

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

<210> 13

<211> 565

<212> ADN

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 13

```

atgccgagca attttggtgc attaactaat cttcaactgc tatcagattt tgttggtgggc      60
aaagacaagg gatatcaaat aaggagagcta caggatttat caaatctcaa gggttcactt      120
tatatttcag ggtagagaa tgttggtgaa actgaagatg catcaaaggc taagatacat      180
gataagtcag gactagataa gttggtgtta gactggaaga gtggaatgaa gaagaataga      240
gactttgaga atataagaga agatgttgag caaaagggtg tggatttgct tgaaccatct      300
aaacaactta aaaagcttgt tattatgcac tacagagggt tgatgttggc aaaatgggtg      360
ggaaattctt cattgactaa tttagaatct ttacagctta taaattgtac caattgcttg      420
tcattgccat cgcttgggga actaccattg ttgaaaaatg tggatgatcag gagattggat      480
agtataagca gtgtgggagt agagttcctt ggagaaaaaa cgatggaacc ttttcgagca      540
ttggagcttt tacaatttga agaca                                           565

```

<210> 14

<211> 188

<212> PRT

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 14

```

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

```

<210> 15

<211> 3141

<212> ADN

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 15

atggatccat	tacaagctgt	tgcagctgca	acacaaataa	tatccagtat	ggttggggct	60
gttggagcat	tagaacaagc	ctccagaaat	cttgatgaag	ctccaaagag	aatccgaagc	120
ctagaagaat	ttgtgtgtga	tcttgagaat	ttggcacaac	gaattaggca	aaaacatgcc	180
aacaagcttc	acaatgctca	gttagattac	caacttcaaa	gtttgcatgc	ccttatagaa	240
aggctgcgcc	caaacatcag	gaaggcaaga	acagttgtat	caaaaagtaa	aatcaagaac	300
ttggctaagg	tattctggaa	ttccatggcc	ggagatccgc	ttggaaaact	gacagtttta	360
attaaagatg	acttaaattg	gtggcttgat	actcaaattg	ttggcacaaa	tggtgagaaa	420
gtactagaat	caaccgcaca	agatacgcca	gttcgattga	aaataaagac	tgatcaaggc	480
taccaacttt	ctagtaaattg	tatctttgtg	aaggagttgc	ttgaacagga	ggatactcat	540
cgagtcattc	taattgtttg	gttatctggt	attggaaagt	cttgtttagc	tcgtcaagta	600
gcttctgata	cacccaaaaa	atltgcaggt	ggagcacttg	aacttggaat	tggtgcaatgg	660
tgtagtcgtg	ctgcttgcaa	tggcagtaag	gttgaatatc	agaagcgttt	ggcaaggaaa	720
attagtaaat	tcttggtgca	gattgggttc	tggaaaaaga	ttaaggagga	gaatagtgga	780
gatcttgatt	atgtttgtta	cttgcttcaa	gaagccttgt	atgggaaaag	catttttagtc	840
cttcttgatg	atgtatggga	gcaggacata	gttcagcggt	ttgctaaact	gtatgataac	900
aattgtaagt	acttagtaac	aacaagaaat	gaagccgtcc	atgaaattac	agaagctgaa	960
aaggtagagc	taagcaagga	tgatataagg	gagataagca	agggaaatcct	tctgtaccat	1020
agcctcctta	gtgaagaaga	gcttcgggtg	atagcagaga	gcttacttga	acgggtgtggc	1080
caccaccctc	taacagttgc	tgttatggga	aaggctctta	gaaaagaagt	aagagctgag	1140
aatggggaga	aggctataac	caacctatca	acttttgcta	catgcgcacc	aggtccagtc	1200
tcatatgtga	atgagaaaaga	tgctgaggac	acattaacca	tttttggttc	atltgagttc	1260
agtctagaag	caatgcctgt	tgactcaaag	agactcttca	tcgtctttgc	ttctctttca	1320
tgggcagaac	cggtaccaga	agcatgcata	gaggctatat	ggatcatgtat	cgggcaggag	1380
agcttggttt	cactcattgt	ctgcaagctt	gtcgaagggt	ctttattgat	gaaggtagac	1440
atggatccac	tataccaagt	acatgacatg	gtttcattgt	accttgatag	caagactact	1500
gattcaattg	agatgctact	gcatagatct	aaaccagaag	aaactgcatt	tatttgccct	1560
tggcttctta	tttttgggaa	agagaatgtg	aaaaagattg	ttgaagagag	gatgaagctt	1620
ttctttgata	tttttagatga	aaaacaagtg	gttatcacct	tagaatccag	tattgaggct	1680
ctaattggca	gcaaatccat	atctgaactc	gaagcaagca	gagcaagctt	tagtaggata	1740
ttgggaccca	agattacgga	tattgtctca	actaattcac	agagtatgat	tgcagtgctc	1800
gcagaagcca	tcataatcat	tttttagtaag	actgattatt	gcaactatlt	tccatccctt	1860
gaaactgaca	gtacagttga	taagttggca	agtatgttag	aagattgcga	agatcctgta	1920
atccaaacaa	acattttaac	catccttgcc	aagattgctg	agtttggaag	ccgggagatt	1980
gttgataaag	tgcttcaaag	tatccccctt	aaccagggtg	ctgacttgct	ctctcccaat	2040
gccaaggatt	ggcatgagag	catgtttaca	atattgatgt	ctttgaccaa	agctggaaaag	2100
tcaaaagctg	ttgaaagaat	gtttgctttt	cagattgata	aaaatctgat	taaccttata	2160
gagagtgaat	ctgaactagt	gcaacaccat	gccattgtca	ctttgaaggc	atlttatgag	2220
ctggctggcc	cttctttgaa	tagttctctt	cgacctgcta	atctagacct	cttgccatgg	2280
caagtgagac	ttcgttttaga	gagattttgt	atgccagacc	ggaacattcc	cctttccccc	2340
aaaccacaaa	cttttggaaga	tcttatccac	aagatgctag	ataatgacaa	caaacagggtg	2400
ttggaggcta	tgcaggatct	tgtgccgata	attgaaaagg	ctggagaccc	aggtttcaga	2460
cagatgattg	ttcaaagtcc	cctaattaga	aggttatcag	aacttctgca	acatggacat	2520
accgaacaaa	atltctataag	atcagaatct	gcattttttac	taatgaagct	agcttactct	2580
gggtggggaac	cctgcatcaa	taagtttcta	gagtttgatg	ttattcctga	gctggtaaag	2640
atgatgcagt	gcaacactgc	agagttgcag	gattcagcct	atacagctct	gcaccaaattg	2700

```

ctttttggca atggtggggt tcttgttttg agtaagatct tcaaaatggg tctaatagac 2760
aagattcctt atgcacttga gagcaaactc gcgaagactc gggaagtcct gctgcatttt 2820
gtatttgata ttgttgagct gggaagcaaa gcctgcttag agaaaatgct atctttgcaa 2880
gttgtggaga aactcaccaa gttagaaaaa agtgggtgggg gctctggtga aattgtgatt 2940
ggatttctga aggcgatgga taagtgtgaag catctcacag tagcggagcg aaaggatgatg 3000
aaacaacagg tggtagaaa ggtaagagcc tccttgaaag gccacaaatt cgaaactcgg 3060
attttagcgg ctgtagaagc tttcctctct ggaggggtcaa ggggtgcaag tggtagtggc 3120
agtggtcgga ataggaagta a 3141

```

<210> 16

<211> 1046

<212> PRT

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 16

```

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

```

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

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

Arg Ala Ser Leu Lys Gly His Lys Phe Glu Thr Arg Ile Leu Ala
 1010 1015 1020
 Ala Val Glu Ala Phe Leu Ser Gly Gly Ser Arg Gly Ala Ser Gly
 1025 1030 1035
 Ser Gly Ser Gly Arg Asn Arg Lys
 1040 1045

<210> 17

<211> 3009

<212> ADN

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 17

atgggaagag	ctgattttac	aactactact	ccaaagctgc	tacttctact	tgttttcatt	60
gcaatgctct	ggctttcaac	ctttggattt	gctgctgcta	ctcctcttct	tcattctgaa	120
gaagtgaagg	cactgaaagc	aatagggag	aagatgggga	agaaggattg	ggattttggg	180
gtggatcctt	gcagtggaaa	ggggaagtgg	attgagggag	atgaagaaac	tggttttgca	240
agcaaggtca	cctgcaattg	ctctttcaac	aacaacacca	cctgccatgt	agtaaccatg	300
gacctaaagtc	gcaactactt	cacaggttct	attcctaaag	aatgggctac	catgaagttg	360
gacatgctct	ctttcatggg	gaaccggttg	tctgggtccat	tcccaaaagt	tcttaccac	420
atcacaagcc	tcacaaactt	gtctattgaa	gggaacaact	tttcaggacc	cattcctcca	480
gagattggaa	agttgatcaa	tttacagaaa	cttggttctct	catctaattgc	cttaagtggg	540
gaattgcctg	cagaactagc	caagttggtc	aacttgactg	atatacgggt	tagcgacaat	600
aacttctctg	gaaagatacc	tgattttatc	agtaactgga	agcagattca	aaaactgcag	660
tttcaagggt	gctctcttga	ggggcctata	ccttcagca	tttctacttt	gactagctta	720
tctgatttga	ggattagtga	cttgaaaggc	aaagggtccc	catttccgct	attgcgtaac	780
catgactcac	tgaagacatt	gatactaagg	aactgcaaga	tacatggaga	aatcccagag	840
tatatggggg	atatgaagaa	attgaaaacc	ctggatctca	gctataataa	cttgactgga	900
gaaattccca	gttcattcta	caaactgaca	aaagctgatt	tcttgtattt	gactcggaat	960
cagctcaccg	ggtctgtccc	tgagtggatc	ctagaaagaa	ataaaaaatgc	ggatatactt	1020
ttcaacaatt	tcacctggga	cacatcaagt	ccaatagaat	gtcctcgagg	gagcgtgaac	1080
ttggttgaga	gctactccac	accaacaaat	aaactaagta	aagttcattc	atgtctaaaa	1140
cagaatttcc	catgttcagc	ttcaactagt	caacataaat	actccttgca	cataaattgt	1200
ggggggcagg	aattaaatgt	caatggtgat	gccaaatatg	aagctgatat	ggaaccaaga	1260
ggtgcttcca	tgttttacct	ggggcacaac	tgggcattaa	gcagcactgg	aaacttcatg	1320
gataacgata	ttgatgcaga	tgactatatt	gttaccaata	cttctgcatt	gtccaatgta	1380
tctgcaactc	attccgaact	ctacacaact	gcgcgtgttt	ctccccctctc	tctcacatac	1440
tatggactct	gcctagggaa	tggaactac	actgttaatc	ttcattttgc	agagattatt	1500
tatataaatg	atcgatcatt	ttacagcctt	gggaaacgca	tattcgatgt	ctatatccag	1560
ggagaattgg	tgctgaaaga	ctttaatatt	caagatgaag	ctggagggtac	tggttaagccc	1620
attgtaaaga	actttacagc	cgtcgtgaca	agaaatacat	taaaaatcca	cttatactgg	1680
gctggaaggg	gaacaacagg	cataccagca	agggggatgt	atgggtccact	catatcagct	1740
atatcagtg	tttcaaaact	tgagccccc	actgttggtg	gcaagaagaa	ttatctcata	1800
attgcggcag	gggcagcttc	tcagcaata	cttatagtc	ttatgggtctt	aggtatcatt	1860
tggaagaaa	gctggctggg	aggcaaaatc	tctgctgaaa	acgagctgaa	agacctggat	1920
ctgcaaacag	gaattttcag	tctaaggcag	attaaagctg	ccaccaacaa	cttcgatgct	1980
gagaacaaaa	ttggtgaggg	tggttttgt	tctgtttaca	agggtttatt	atcagatggg	2040

```

acagttatcg cagtgaagca gctttcatca aaatctaagc agggaaatcg tgaatttgtg 2100
aatgaaatag gcatgatatc tgcactgcag catccgaatc ttgtgaagct ctatggatgt 2160
tgtgtagaag gaaaccagtt attgctagtt tatgagtaca tggaaacataa ctgtgtatct 2220
cgtgctcttt ttgggaaggg ctcaacaccc aaattgaaac tggactggtc taccgggaaa 2280
aacatttgcc ttggtattgc caggggtttg gcctacctcc atgaagagtc gagaattaaa 2340
attgtgcaca gggatattaa aacaagtaat gtgttgcttg acaagaatct aaatgcaaaa 2400
atttctgatt ttggtttggc aaagctaaat gatgatgaca aaaccacat cagcactcgt 2460
atagccggga caattgggta tatggctcct gagtatgcaa tgcgtggata cctaaccagc 2520
aaagctgatg tctatagctt tgggtgttgg gcattggaaa ttgtagtg aaagagcaac 2580
acaaactaca gaccaactga ggactttgtt taccttcttg actgggccta tgttttgaga 2640
gagaggggaa gtttggttga gttggttgat ccagagttgg gatcagagta ctcacagag 2700
gaggcaatgg tgatgctgaa tgtggctcta ctatgcacca atgcagcccc caccctgagg 2760
cctaccatgt cacaggttgt gagcatgctc gaaggccaaa cctcagttca agacatcctc 2820
tccgaccctg gattttcatc catgaattcg aaattcaagg ccttagttaa tcaactctgg 2880
caaaatccaa gccaaacaat gagcttgctc agcaatggcc caaatacaga ttctcaagt 2940
tcaaacatag aagacataga agagaatagt catcttttga gagttagttc tattcaatcc 3000
gaggcgtga 3009

```

<210> 18

<211> 1002

<212> PRT

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 18

```

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

```

				180				185					190			
Thr	Asp	Ile	Arg	Phe	Ser	Asp	Asn	Asn	Phe	Ser	Gly	Lys	Ile	Pro	Asp	
		195					200					205				
Phe	Ile	Ser	Asn	Trp	Lys	Gln	Ile	Gln	Lys	Leu	Gln	Phe	Gln	Gly	Cys	
		210				215					220					
Ser	Leu	Glu	Gly	Pro	Ile	Pro	Ser	Ser	Ile	Ser	Thr	Leu	Thr	Ser	Leu	
225					230					235					240	
Ser	Asp	Leu	Arg	Ile	Ser	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Gly	Ser	Pro	Phe	Pro	
				245					250					255		
Leu	Leu	Arg	Asn	His	Asp	Ser	Leu	Lys	Thr	Leu	Ile	Leu	Arg	Asn	Cys	
			260					265					270			
Lys	Ile	His	Gly	Glu	Ile	Pro	Glu	Tyr	Ile	Gly	Asp	Met	Lys	Lys	Leu	
		275					280				285					
Lys	Thr	Leu	Asp	Leu	Ser	Tyr	Asn	Asn	Leu	Thr	Gly	Glu	Ile	Pro	Ser	
		290				295					300					
Ser	Phe	Tyr	Lys	Leu	Thr	Lys	Ala	Asp	Phe	Leu	Tyr	Leu	Thr	Arg	Asn	
305					310					315					320	
Gln	Leu	Thr	Gly	Ser	Val	Pro	Glu	Trp	Ile	Leu	Glu	Arg	Asn	Lys	Asn	
				325					330					335		
Ala	Asp	Ile	Ser	Phe	Asn	Asn	Phe	Thr	Trp	Asp	Thr	Ser	Ser	Pro	Ile	
			340					345					350			
Glu	Cys	Pro	Arg	Gly	Ser	Val	Asn	Leu	Val	Glu	Ser	Tyr	Ser	Thr	Pro	
		355					360				365					
Thr	Asn	Lys	Leu	Ser	Lys	Val	His	Ser	Cys	Leu	Lys	Gln	Asn	Phe	Pro	
		370				375					380					
Cys	Ser	Ala	Ser	Thr	Ser	Gln	His	Lys	Tyr	Ser	Leu	His	Ile	Asn	Cys	
385					390					395					400	
Gly	Gly	Gln	Glu	Leu	Asn	Val	Asn	Gly	Asp	Ala	Lys	Tyr	Glu	Ala	Asp	
				405					410					415		
Met	Glu	Pro	Arg	Gly	Ala	Ser	Met	Phe	Tyr	Leu	Gly	His	Asn	Trp	Ala	
			420					425					430			
Leu	Ser	Ser	Thr	Gly	Asn	Phe	Met	Asp	Asn	Asp	Ile	Asp	Ala	Asp	Asp	
		435					440					445				
Tyr	Ile	Val	Thr	Asn	Thr	Ser	Ala	Leu	Ser	Asn	Val	Ser	Ala	Thr	His	
		450				455					460					
Ser	Glu	Leu	Tyr	Thr	Thr	Ala	Arg	Val	Ser	Pro	Leu	Ser	Leu	Thr	Tyr	
465					470					475					480	
Tyr	Gly	Leu	Cys	Leu	Gly	Asn	Gly	Asn	Tyr	Thr	Val	Asn	Leu	His	Phe	
				485					490					495		
Ala	Glu	Ile	Ile	Tyr	Ile	Asn	Asp	Arg	Ser	Phe	Tyr	Ser	Leu	Gly	Lys	
			500					505					510			
Arg	Ile	Phe	Asp	Val	Tyr	Ile	Gln	Gly	Glu	Leu	Val	Leu	Lys	Asp	Phe	
		515														

Ala	Gly	Arg	Gly	Thr	Thr	Gly	Ile	Pro	Ala	Arg	Gly	Met	Tyr	Gly	Pro	565	570	575
Leu	Ile	Ser	Ala	Ile	Ser	Val	Val	Ser	Asn	Phe	Glu	Pro	Pro	Thr	Val	580	585	590
Val	Gly	Lys	Lys	Asn	Tyr	Leu	Ile	Ile	Ala	Ala	Gly	Ala	Ala	Ser	Ala	595	600	605
Ala	Ile	Leu	Ile	Val	Leu	Met	Val	Leu	Gly	Ile	Ile	Trp	Arg	Lys	Gly	610	615	620
Trp	Leu	Gly	Gly	Lys	Ile	Ser	Ala	Glu	Asn	Glu	Leu	Lys	Asp	Leu	Asp	625	630	635
Leu	Gln	Thr	Gly	Ile	Phe	Ser	Leu	Arg	Gln	Ile	Lys	Ala	Ala	Thr	Asn	645	650	655
Asn	Phe	Asp	Ala	Glu	Asn	Lys	Ile	Gly	Glu	Gly	Gly	Phe	Gly	Ser	Val	660	665	670
Tyr	Lys	Gly	Leu	Leu	Ser	Asp	Gly	Thr	Val	Ile	Ala	Val	Lys	Gln	Leu	675	680	685
Ser	Ser	Lys	Ser	Lys	Gln	Gly	Asn	Arg	Glu	Phe	Val	Asn	Glu	Ile	Gly	690	695	700
Met	Ile	Ser	Ala	Leu	Gln	His	Pro	Asn	Leu	Val	Lys	Leu	Tyr	Gly	Cys	705	710	715
Cys	Val	Glu	Gly	Asn	Gln	Leu	Leu	Leu	Val	Tyr	Glu	Tyr	Met	Glu	His	725	730	735
Asn	Cys	Val	Ser	Arg	Ala	Leu	Phe	Gly	Lys	Gly	Ser	Thr	Pro	Lys	Leu	740	745	750
Lys	Leu	Asp	Trp	Ser	Thr	Arg	Lys	Asn	Ile	Cys	Leu	Gly	Ile	Ala	Arg	755	760	765
Gly	Leu	Ala	Tyr	Leu	His	Glu	Glu	Ser	Arg	Ile	Lys	Ile	Val	His	Arg	770	775	780
Asp	Ile	Lys	Thr	Ser	Asn	Val	Leu	Leu	Asp	Lys	Asn	Leu	Asn	Ala	Lys	785	790	795
Ile	Ser	Asp	Phe	Gly	Leu	Ala	Lys	Leu	Asn	Asp	Asp	Asp	Lys	Thr	His	805	810	815
Ile	Ser	Thr	Arg	Ile	Ala	Gly	Thr	Ile	Gly	Tyr	Met	Ala	Pro	Glu	Tyr	820	825	830
Ala	Met	Arg	Gly	Tyr	Leu	Thr	Ser	Lys	Ala	Asp	Val	Tyr	Ser	Phe	Gly	835	840	845
Val	Val	Ala	Leu	Glu	Ile	Val	Ser	Gly	Lys	Ser	Asn	Thr	Asn	Tyr	Arg	850	855	860
Pro	Thr	Glu	Asp	Phe	Val	Tyr	Leu	Leu	Asp	Trp	Ala	Tyr	Val	Leu	Arg	865	870	875
Glu	Arg	Gly	Ser	Leu	Leu	Glu	Leu	Val	Asp	Pro	Glu	Leu	Gly	Ser	Glu	885	890	895
Tyr	Ser	Ser	Glu	Glu	Ala	Met	Val	Met	Leu	Asn	Val	Ala	Leu	Leu	Cys	900	905	910
Thr	Asn	Ala	Ala	Pro	Thr	Leu	Arg	Pro	Thr	Met	Ser	Gln	Val	Val	Ser	915	920	925
Met	Leu	Glu	Gly	Gln	Thr	Ser	Val	Gln	Asp	Ile	Leu	Ser	Asp	Pro	Gly			

930	935	940
Phe Ser Ser Met Asn Ser Lys Phe Lys Ala Leu Val Asn His Phe Trp		
945	950	955
Gln Asn Pro Ser Gln Thr Met Ser Leu Ser Ser Asn Gly Pro Asn Thr		960
	965	970
Asp Ser Ser Ser Ser Asn Ile Glu Asp Ile Glu Glu Asn Ser His Leu		975
	980	985
Leu Arg Val Ser Ser Ile Gln Ser Glu Ala		990
	995	1000

<210> 19

<211> 1989

<212> ADN

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 19

agaatttggtt gtcagtaaga tccaacagtc cattgtggcc aggttgggat tgccatggga	60
agaaaatgat tcctatgagc tacaaacttc aaagattcac aatgttttaa aaaataagag	120
gttcctccta ttgctggatg atgtttggga aggaattgat cttagtgaat ttgggattcc	180
tcttcctgat gaggaaaata aatgcaagct gatatttaca acgcggtcca tggatgtttg	240
cactgacatg gatgctcata ggaagctcaa agtagaattt ctggacgagg agaaatcatg	300
gcgattattc tgtgagaagg ttggaagaat ggagatttta gagtaccac ctgttagaac	360
ttatgctgag accattgtca ggaaatgtgg aggtctaccg cttgccttaa tcaactgtgg	420
gagagccatg gccaaatagg agactgaaga agaattgaaa tatgcaattg aattactcaa	480
caaactctct tctgaactta gaggtatgga agatgtcttt acccttttaa agtttagcta	540
tgacaatttg gatagtgaat caacaaaaat gtgctttttg tattgtttct ttttcccggc	600
aagctgttcc attgagaaac aacagcttgt agagtattgg attggtgaag gattcctaga	660
cagttctaata gctcataata aagggtttgc tgcaattggg tccctaaaag tagcttgttt	720
attggaaaca ggcgatgagg aaaccaagt aaagatgaat gatgttatcc gaagttttgc	780
cttatggata gcatctgaat ctggggtaaa taagggaac cttttggtag aagcaagctt	840
gggccttatt gaagctcctg gagttgaaa ctgggaagaa gcaaaaagga tttccttggt	900
agacaatgga atcacagtac tagaacaagt accaatatgc ccaaactctg tgaactctgt	960
gcttcagtgg aataatggtc tgaatcgaat agcagctaac ttttttcaat ctatgcctgc	1020
tccttagagtc ttggatttgt catttacaag cattagaaag atcccagtaa gcatcagtca	1080
attagtagag cttcggcatc ttaatttagc aggtacaaaa ataacaacat tgcctaggga	1140
gctagcaagt ttagcaaagc tgaattactt gaatctctca cgcacatatt ctcttcgaac	1200
ggttccacgt gaggttttat ctggactttc agagttagtg gtcttgaatt tgtattacag	1260
ttatgaggtt cgcgaagttc ggaattttga aggtgaaggt gaagttgaat ttgaggtatt	1320
ggagaccttg acacaactcc gtatccttgg tttaacaatc tcctcaatag cctccctgaa	1380
tagactcttt ggtttgagaa atctgggttag atgcatacac tatttactcc taaaggagtg	1440
tgaaggttta acagaattag tattttcatc agcttctggc ttaacattga gaagacttag	1500
catcacagac tgctatgatt tcaattactt agtagtgaat gctgaggatg gacaaaagtg	1560
gttgccaat ttggaggttt tatctttgca tgggtctacca aaagtgactt cagtgtggaa	1620
atccccagta agaaaagcaa gcctgcaaaa tttgcgcttg ttgaatatct ggtattgtca	1680
tagcttgaag aatgtttctt ggggtattact acttccaaag ttagaagcaa tttacttggt	1740
ctattgcaag aaaatggaac aagttgtaag tggagaagag ggactactag agcctgatcc	1800
aaaggcattt tcaaggctta aaactataga gatccgcgac ctctctgaat taaagagtat	1860

cagtccatgg acattggctt tcccctgctt gaagagcatt gctgtgattg attgtccaaa	1920
gctgaagaaa ctaccaattg gaaccataa ttctcaact cttccaactg tgtactgtag	1980
tgaagaatg	1989

<210> 20

<211> 662

<212> PRT

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 20

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

290	295	300
Thr Val Leu Glu Gln Val	Pro Ile Cys Pro	Asn Leu Leu Thr Leu Leu
305	310	315
Leu Gln Trp Asn Asn Gly	Leu Asn Arg Ile	Ala Ala Asn Phe Phe Gln
325	330	335
Ser Met Pro Ala Leu Arg	Val Leu Asp Leu Ser	Phe Thr Ser Ile Arg
340	345	350
Lys Ile Pro Val Ser Ile	Ser Gln Leu Val Glu	Leu Arg His Leu Asn
355	360	365
Leu Ala Gly Thr Lys Ile	Thr Thr Leu Pro Arg	Glu Leu Ala Ser Leu
370	375	380
Ala Lys Leu Asn Tyr Leu	Asn Leu Ser Arg Thr	Tyr Ser Leu Arg Thr
385	390	395
Val Pro Arg Glu Ala Leu	Ser Gly Leu Ser Glu	Leu Val Val Leu Asn
405	410	415
Leu Tyr Tyr Ser Tyr Glu	Val Arg Glu Val Arg	Asn Phe Glu Gly Glu
420	425	430
Gly Glu Val Glu Phe Glu	Val Leu Glu Thr Leu	Thr Gln Leu Arg Ile
435	440	445
Leu Gly Leu Thr Ile Ser	Ser Ile Ala Ser Leu	Asn Arg Leu Phe Gly
450	455	460
Leu Arg Asn Leu Val Arg	Cys Ile His Tyr Leu	Leu Leu Lys Glu Cys
465	470	475
Glu Gly Leu Thr Glu Leu	Val Phe Ser Ser Ala	Ser Gly Leu Thr Leu
485	490	495
Arg Arg Leu Ser Ile Thr	Asp Cys Tyr Asp Phe	Asn Tyr Leu Val Val
500	505	510
Asn Ala Glu Asp Gly Gln	Lys Trp Leu Pro Asn	Leu Glu Val Leu Ser
515	520	525
Leu His Gly Leu Pro Lys	Val Thr Ser Val Trp	Lys Ser Pro Val Arg
530	535	540
Lys Ala Ser Leu Gln Asn	Leu Arg Leu Leu Asn	Ile Trp Tyr Cys His
545	550	555
Ser Leu Lys Asn Val Ser	Trp Val Leu Leu Pro	Lys Leu Glu Ala
565	570	575
Ile Tyr Leu Phe Tyr Cys	Lys Lys Met Glu Gln	Val Val Ser Gly Glu
580	585	590
Glu Gly Leu Leu Glu Pro	Asp Pro Lys Ala Phe	Ser Arg Leu Lys Thr
595	600	605
Ile Glu Ile Arg Asp Leu	Pro Glu Leu Lys Ser	Ile Ser Pro Trp Thr
610	615	620
Leu Ala Phe Pro Cys Leu	Lys Ser Ile Ala Val	Ile Asp Cys Pro Lys
625	630	635
Leu Lys Lys Leu Pro Ile	Gly Thr His Asn Ser	Ser Thr Leu Pro Thr
645	650	655
Val Tyr Cys Ser Glu Glu		
660		

<210> 21

<211> 1258

<212> ADN

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 21

```

agatttatac caattagtgg aaatgaaaat acagattggc caacggcgga ttatgagtgg      60
attaagcctt gcagtttaga agaatgcaaa actcaatgct tgcaagattg tctttgtact      120
gtggcagtggt tcaatgagaa tggctgttgg aagaaggcgc taccgctgcc atttggtagg      180
caagaccagc atgtgaaatc caactcctac ctgaaagtaa gaaaaccaga attttccag      240
aaaaaccctc ttccatttct agacactaaa aagaaccaa attcattggt aattctggtt      300
tcagttctct tgggtagctc tgtgtttgtc aactttatat tggttggggg tttatgttcg      360
ggatcgtttt tctgtatca gaaaaagatt gcaagaaatg ggagaaagta caagaatggg      420
atacagaaca atttgaggtg ttttagttac aaggagcttg aagaagctac aaatggtttc      480
aaggaagagc taggaagggg agcattcggc atagtttata aagggctaataaaaaacagat      540
gctcaagatc caactgaagc tgcagttaag aagttagaca gagtggttca agacaaagac      600
aacgaattca gaactgaagt gagtgtgatt gctcaaacac atcataggaa tctgggtcaag      660
ttgcttggtg atgtgacga aggtcagtggt cggatgctgg tgtatgaata ctttaagcaat      720
aaaacattag caagctttct ttttggggat caaaaaccca gttggaacca aaggaaacag      780
attgctttgg gaattgcaag aggattgctt tacttgcatg aggaatgcag ccctcaaata      840
atccattgtg atataaagcc tcaaaacata cttcttgatg attactatga agctcggata      900
tctgactttg ggttgtcaaa gcttctaggg actgaccaat catatactaa taccgccata      960
aggggaacga aagggtatgt cgcgccagaa tggttcaaga cagtgcctgt atccgtgaag      1020
gttgatgtgt atagctttgg tgcctgctg ctagaaatca tttgtttag aagaaatgta      1080
gacatggata ttggcaaagc gaaaatggaa attttgacag attgggcttg tgattgcttc      1140
ctggaaggca ctttagatgc tcttggtgac aatgatgcag acgccttaag cgacaaggcg      1200
aagcttgaga cctttgttat ggttgccatt tgggtgcatt aagaagactt gtctctca      1258

```

<210> 22

<211> 419

<212> PRT

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 22

```

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

```

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

<210> 23

<211> 2362

<212> ADN

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 23

ataggattgc	atgggtgcaa	accttcgtta	ctgagggttg	caaattggct	ccgtgctgag	60
ttggaagttc	aagggatgag	ttgcttttga	tctgatagag	ctcgggttcag	gaactctcgt	120
aagcatggaa	ttattgaaag	ggcaatggat	gtttcttcat	tcggtgttgt	aatcctaacg	180
aggaagtctt	tcaggaatcc	atatactatt	gaggagctca	gattttttctc	gagcaagaaa	240
aatttggtcc	cgatctattt	tgatctgcgt	cctgggtgatt	gccttggtccg	ggatattggt	300
gagaagagag	gagacttggt	ggaaaaacat	gggggtgaat	tatgggtttt	ctatggagga	360
ttggagaagg	agtggaagga	agctgttagt	ggccttttcc	gagtggatga	atggaaactg	420
gaagctcagg	atggtaattg	gagagactgc	atattaaggg	ttgttaccat	tttggcaatg	480
aagttaggaa	gaagaagtgt	tgtagagcga	ttgacaaagt	ggaaagaaaa	ggtagacaaa	540
gaggaattcc	catttcctcg	aaatgaaaat	tttattggcc	gaaagaaaga	attgtcagag	600
ctagaattta	tacttttttg	tgatattagt	ggagaatcag	aaagagatta	ttttgagctc	660
aaggctaggt	caaagagaag	aaatttgaca	attgggtgga	gtaagagcac	ttcagtggag	720
gaaagacgta	gggaaagaca	gcgggaggat	ggcagccgga	agggcaaaga	acctgtggtt	780
tggaaggagt	cagaaaagga	gattgagatg	caaagcacag	aaagacagca	ctatcaaaga	840
ccaagagggtg	gacggaattc	acagagaaag	agatcagcga	aagttgtcta	tgggaagggc	900
attgcctgtg	taacagggga	atcaggactg	gggaaaactg	agcttcttct	ggagtttgcc	960
tataaatatc	accagaggta	taagatggtc	ctgtggatag	gaggggaaag	caggtatatt	1020
agacagaatt	atctaaacct	ctggtcattt	ttagaagttg	acgtaggggt	tgaaaattgc	1080
acagataaaa	gcaggatgaa	aagctttgaa	gagcaggaag	aggctgccat	ttctagagtc	1140
cggaaagagc	taatgagaaa	cattcccttt	ctgggtggtga	ttgataattt	agagagtgaa	1200
aaggattggt	gggatcgcaa	gcttgtaatg	gatcttcttc	cccgttttg	cggagagacc	1260
cacattctga	tagctacg	ccttcccg	gtgatgaatt	tagaaccttt	gaaactgtca	1320
tacttgctg	gagtagaggc	aatgtcatta	atgcagggtg	gcggcaaaga	ctaccctatt	1380
gctgagattg	atgcgcttag	ggtcattgag	gagaaagttg	gaaggctgac	tttgggcctt	1440
gctatagtag	gcgcaattct	atctgaacta	cccataaatc	caagcaggct	attggatacc	1500
atcaacagaa	tgcccttgag	agacttttca	tggagtggta	aggaagctta	ttcgtgagg	1560
aaaaacagtt	tcctcctgca	actctttgag	gtatgttttt	caatatttga	tcatgcagag	1620
ggaccaagga	gcttagcaac	gagaatggtc	caggtgagtg	gttgggttgc	acctgctgcc	1680
attcctgttt	ccctgttagc	catggctgct	cacaagatac	ctgagaaaca	taaaaggacc	1740
cgcttttgga	gaagattatt	gcgctcctta	acttggtggc	tttcttcatc	atactccaag	1800
aggtctgaaa	cagaagcatc	ttcaatggtg	ttgagattta	atattgcacg	aagcagtacc	1860
aagcaagggt	atgttcattt	taatgagctc	atcaagggtt	actctcgga	gagaggagtt	1920
gctggagttg	cacatgccat	ggtccaagct	gttggttagtc	gtggatcaat	tttagatcac	1980
tcagaacata	tgtgggcagc	atgctttttg	ctatttggtg	ttggtaatga	tcctacagct	2040
gttgagctca	aggtgtcgga	cctattatac	cttggtcaag	aggtgggttt	gcctcttgca	2100
attcggacat	tcattacatt	ctctaggtgc	agtgtgtctc	ttgaactcct	ccggtctgtg	2160
accaatgctt	tggaggcagc	agatcaagca	tttggttacac	cagttgaaaa	atgggtggac	2220
aaatcacttt	gttgagggcc	cattcaaact	aatgctcagt	taaatccata	tctttggcag	2280
gagttggcat	tatcaagagc	tactgtgcta	gaaaccaggg	ccaagttgat	gctaagaggg	2340
gggcaatttg	acataggaga	tg				2362

<210> 24

<211> 787

<212> PRT

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 24

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

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

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

<210> 25

<211> 2565

<212> ADN

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 25

atggcgatg caatagtcaa tgtattcttg gaaaagctgt taagcactct tgcagaggaa	60
ggcgcgtatg ttactgaatt cagggatcag tttgagaaac tacaaactga gcttcaattg	120
ctgcaatgct tcctcaagga tgcagatagg ctgaagagga aaaatcacac tatacgaaaa	180
atcttggtctg atcttcgcga gttaatatat gaagctgaag atatcctagc agattgccag	240
cttcagtcaa gggatgaaaa ccaattttcc caaagctggt tagcttggtt ctctccacca	300
aagcttcatt tcaagtacca aagtgggaag cgtcttaagg aaattactga gaaaatcaca	360
agcattaaac aaaacatctc atcattccct ggagggcctc ttttattcca accagaggtc	420
ataagcgcgc aggaccaa atgcctagatgg agttcgcagg tgtatgatca cactcaagtg	480
gttggaactag aatcagacac tcaaaagatg aaagactgga ttttgatgc agttcatgaa	540
ggagctcagg aaatactagc aattggagtt gttgggtatgg gtgggcttgg aaagactacc	600
attgctcaaa aggtttttta tgaaagagat atagaacatc actttgacag agaattgtgg	660
gtttctgttt ctcaaacatt cactgaagaa caaattatga gaagtatggt gaggaacttg	720
ggagatgcaa gtgtgggaga tgatagaaat gaactgctga agaaaattaa ccaatatctc	780
ttaggaaaga ggtatttgat tgtgatggat gatgtgtgga gtgaagatgt tctgtggtgg	840
caacgaatct gtgaagggct gcctaaagga aatggtagtt gtatcatcat aacaactaga	900
attgaaaagg ttgcaagaaa gatgggtgtg aaagaagcaa ggattcacag gcctaaattc	960
cttaacaaag attatagctg gcttctgttt cgaaaaatag cttttgctgc aagtgggtgga	1020
gagtgcactt cactgatct tgaggatggt ggaaaagaga ttgtagagaa gtgtaaagggt	1080
cttcccttgg ccatcaaagc tgttggagga atgatgcttt gtaaagcacc atattaccgt	1140
gaatggagggc gaattgcaga tcatttcaga gatgagttgg aagaaaatga taactctgtc	1200
atggcttcac tacaattgag ttatgatgag ctcccttccct acttgaagtc ctgcttgctt	1260
agcttctctc tttatcctga ggattgtgtc ataacaaaag agcaattagt tcattggtgg	1320
attggtgagg gatttgcccc acaaaggagt agtagatctt caactgatgc tggagaagat	1380
tgtttctcag gattaacaaa tcgatgtttg ttagaggtag tcgacaagac ttataatggt	1440
acaatttgca cttgcaaaat gcatgatatg gttcgtgatt tgggtcttaa gatagcaaaa	1500
gatgatgcat tttacaatgc aacgggtact aattatcgcc atttgggagt tgataacagc	1560
atggataaga agcaacttat tgctaatacag aagttgagag gattggtgtc cacaacaaaa	1620
acttgtgagg tgaacaagat tgaatcaggt attgcaaaaa gatttagtga gtgcaaatatc	1680
ttgagagttt tggatgtttc caaatcaata tttgaattgc ctctcagtag cttgctatat	1740
cgtgttggca cacttcaaca tctgacttat cttggtttaa gcaacactca tcctttgggt	1800
gaacttccag attcactaga aaatctcact aaccttcaaa ttttggatgt tagttactgt	1860
cagaatctga aattcttgc tcagtatctc attaaattca agaagctcaa agtcttagat	1920

```

gtgagctttt gtggttccct agaaaactta ccaaaaggct tgggaaggct ttcaaactt 1980
gaagttttgc tgggttttag acctgcaagg tcaaataatg gttgcaggat tggagaatta 2040
agaaaacttga cgcgattgag gacgcttga ttacatctaa cacacgctga tgaagttgaa 2100
gatagcgagt tcaacgcgat gatgaacctt caagacttgg aaaagctatc aataagtttc 2160
tttgatagcc atggcagtgc aagtgatctg acctctaaaa ttgacaaact ctgccctcca 2220
caacaactcc atgaactatc cgtcatgttc tatccaggaa agataagtcc actttggctc 2280
aacccttttag cacttcccat gcttaaatat ctgtcaatct cttcaggaaa tcttgcaaaa 2340
atgcatcaga acttttgggg tggtgacaac aacattgttt ggaaagttga aggcttaatg 2400
ttggaatcat tgtctgattt ggaactgcag tggccaaagt tgcaacagct tatgcaaadc 2460
ctgcgagttg tgaatgttag ttggtgtccg gaattagttt ctttcccaat tgaagatgtt 2520
ggattcaggg gtggagtatg gattaaggaa caaattagga actga 2565

```

<210> 26

<211> 854

<212> PRT

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 26

```

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

```

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

Leu Thr Asn Leu Gln Ile Leu Asp Val Ser Tyr Cys Gln Asn Leu Lys
 610 615 620
 Phe Leu Pro Gln Tyr Leu Ile Lys Phe Lys Lys Leu Lys Val Leu Asp
 625 630 635 640
 Val Ser Phe Cys Gly Ser Leu Glu Asn Leu Pro Lys Gly Leu Gly Arg
 645 650 655
 Leu Ser Asn Leu Glu Val Leu Leu Gly Phe Arg Pro Ala Arg Ser Asn
 660 665 670
 Asn Gly Cys Arg Ile Gly Glu Leu Arg Asn Leu Thr Arg Leu Arg Thr
 675 680 685
 Leu Gly Leu His Leu Thr His Ala Asp Glu Val Glu Asp Ser Glu Phe
 690 695 700
 Asn Ala Met Met Asn Leu Gln Asp Leu Glu Lys Leu Ser Ile Ser Phe
 705 710 715 720
 Phe Asp Ser His Gly Ser Ala Ser Asp Leu Thr Ser Lys Ile Asp Lys
 725 730 735
 Leu Cys Pro Pro Gln Gln Leu His Glu Leu Ser Val Met Phe Tyr Pro
 740 745 750
 Gly Lys Ile Ser Pro Leu Trp Leu Asn Pro Leu Ala Leu Pro Met Leu
 755 760 765
 Lys Tyr Leu Ser Ile Ser Ser Gly Asn Leu Ala Lys Met His Gln Asn
 770 775 780
 Phe Trp Gly Gly Asp Asn Asn Ile Val Trp Lys Val Glu Gly Leu Met
 785 790 795 800
 Leu Glu Ser Leu Ser Asp Leu Glu Leu Gln Trp Pro Lys Leu Gln Gln
 805 810 815
 Leu Met Gln Ile Leu Arg Val Val Asn Val Ser Trp Cys Pro Glu Leu
 820 825 830
 Val Ser Phe Pro Ile Glu Asp Val Gly Phe Arg Gly Gly Val Trp Ile
 835 840 845
 Lys Glu Gln Ile Arg Asn
 850

<210> 27

<211> 3604

<212> ADN

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 27

aaaagtagac atggcgggtg aattattcgg tggagctttt ctctctgccca ctctccaagt	60
tttgttcgac cggttggctt ctctgtgaggt ggtggacttc atcaggggaa agaaacttga	120
ggttttggtc aagaaactga agccagtgtt gctgtccgtc aaagcagtgc tggatgatgc	180
tgaagacaag cagatcacca accagaatgt gaaagagtgg ctctccgagc tcaaagatgg	240
tgtttatgat gcagaggacc tcctcgatga gatcgcttat gaagctctta aaaggaggct	300
ggaaaccact acttcagcca aggggatatt ggagtcaaag ttagaggaga tccttgagag	360
gctagaactt ctagtcgacc aaacagaacg cctgggggtg aaggagtgtg gaggtggtga	420
aaccttgtct caaaggttgc ctccaacttc tgtggtggat gagtcttgtg tttatggtag	480

agttgatgaa	aaagaagcaa	tcatgaagtt	gtacacacct	gaaaaccgga	ctcagaatca	540
gattgatgtg	attcccatag	tgggtatggg	aggggttggg	aaaaccaccc	ttgctcaatt	600
gattacaat	gacaacagat	tggaggaatg	gtttgacctc	aaagcttggg	tgtgtgtttc	660
agatgaattt	gatgctttca	gggttaccaa	aaccattctt	caacagattg	cttctgattg	720
ggatgatcgt	ctcgacctaa	atcagcttca	agttaaacta	caggagaagc	tgttggggaa	780
gagggtttcta	tttgttttag	atgatgtttg	gaatgacaaa	tatattgagt	ggaaacagtt	840
gacaagtcct	ttcagtgtcg	gggcaaaaaga	cagcaagatt	gttgtgacta	cacgtagtga	900
taatgttgca	aacatcatga	ggacagttcc	agcttatcag	cttccaatct	tatctgattc	960
tgattgttgc	ttgttatttg	caaagcatgc	gttcgtcaat	acaagcccaa	gtgagcagcc	1020
agatttgaag	ctaattgggg	aagcaattgt	caaaagggtgc	aaagggctac	ctctagcagt	1080
gaaagcagtt	ggagggttttc	ttcgttggaa	actagatgtt	gatgaatgga	gaaatatgaa	1140
tatggaagag	caaaggatg	agtacatcaa	agatttagag	tcaaggcat	ttttccaaaa	1200
attaagcggg	gatgaatcct	gctttgtcat	gcatgacctc	atcagtgaact	tggtctaaatc	1260
tgtgtctgga	gaattttttt	gcagattgga	aggtggcgat	ggaggttcat	gtgttataac	1320
taaaaagacc	cgccatttgt	ctaatatcca	agaaccttat	gatgtgcgta	agaaatttga	1380
gaccttatgt	gaagcaaaaag	gtttgcggac	attcctaact	ctgaatctga	agtcattcatt	1440
tctatcttct	tcttttggtt	ctaacaggct	aatggatgat	ttgattgtaa	aatcaagtcg	1500
cttacgagtt	ctttctttga	ctgattataa	taatattaat	atcagggaaa	tacaagaagg	1560
aattggaaat	ttgaagcatt	tgcgatattt	ggacctctct	aatactttta	ttcaaagggtt	1620
gccgaaccgt	gtgtgtactt	tgtataattt	acaaacatta	aaattgtttg	gatgtggcaa	1680
gcttggtgag	ttgccaaaag	atatgggaag	attgatcaat	atgcattcatc	ttgatattcag	1740
ggatacaggg	ttaaattgga	tgccatcagg	aataggaaaa	ttgaaagatc	ttaaagtttt	1800
aacaaatttt	tttgttggtt	agcataaggg	ttcaagcatt	ggtgagttgg	gaaagctgaa	1860
gcatctacaa	ggaagtgttg	ccatttgga	tttacaaaat	gttgtttgtg	caaaggatgc	1920
tatggatgcc	aatttgaagg	acaagggtgaa	ccttaaggag	ttgagattga	tatggagtaa	1980
ggatgctgat	gttgatgatg	attcagagcg	agatagagaa	gtacttgaac	aactggagcc	2040
tcacacagac	ttgcagcatc	ttgacatcat	gttttataga	ggtaccagat	ttccagagtgc	2100
gattgggcat	tcttctttct	caaaagtagt	atctatggag	ttaattgatt	gtaaaagttg	2160
tgaattgttg	ccccactac	gccaactatc	atccctgaaa	tctctctcta	ttagtgggtg	2220
tgttaagata	gttagactgg	gtgatgagtt	ctacggtagt	ggtgatgcac	tgagtaaccc	2280
atttgatgt	cttgaagttc	taaaatttga	ggatatgtca	gaatgggaag	aatggatttg	2340
tttgaaggaa	gaagctttct	ctaattctacg	agaattagtc	ataagagatt	gtcccaagtt	2400
aagcaagtct	ttgcccaagt	acctcccttg	tttaaagaaa	cttaagatta	gaagatgtgg	2460
aaagctcgaa	ggcatacttc	cagaggcacc	aagcattgaa	gaagtgcagc	tagaggggtg	2520
tgatgccttg	caaattggagg	cattgccaaag	tgggcttaga	gaattgcaga	ttgatggttt	2580
gcgaatcaat	gcttccatat	tgaagcagat	gttgcaacct	tgcactattc	ttgaacaatt	2640
gcaaatttct	aagtgttaata	ggctgagatc	ccttcctgaa	ggtagtaatt	tgccatagag	2700
actgaagaaa	ttgagaatcg	aagagagtaa	tgtgttgaat	gattctaaaa	tcctcatgta	2760
tacatccctt	gaatccttaa	aaataagaaa	tagcaggtgg	aatgggggtg	aatctttccc	2820
attaggatca	ttccctttgc	taaatcgtct	tgacataacg	ggatgtgaag	agttgaagtgc	2880
gattattggg	gcatcagagg	gagaagatgc	tcctctctca	tgtcgtctca	attcttttga	2940
gattctataat	tgccctaatt	ttgtatgttt	tgagaaatta	gagggattct	gtgcccccaa	3000
tttgacatca	cttgagctgg	tgggatgttc	aaattttaaag	gcattgcctg	agcaaatgca	3060
ctccctcttc	ccatcccttg	aagaattgtg	gatattcattt	tgtccaaaaa	tagagggatt	3120
tcaaaagag	ggttttacct	ccacattaaa	agctcttttt	atccaaggag	gatgtaagaa	3180
actaataaag	gggatgatga	ggagagatag	agatacggaa	tggggcttgc	aatcactccc	3240
ttcacttgaa	gagttcataa	tctcaggtgg	tggagaagag	atagaaggga	tagagagttt	3300

tccagatgaa catctgctgc cctcttctct tacctctctt tctatctctt attttccaaa 3360
 tctaaagagt ttggagtcta agggctttca acacctcacc tctctccgtc aattgggtat 3420
 ctacttttgt ccgaggctcc aatccatacc ggaaaagagg gtcatttcct ctctttctta 3480
 ttgggagatt gcaaaatgtc caaagctgag agaaaatcgt gaaaaggaga aaggcaaaca 3540
 ttggccaac atttcccaca tccctgtcat caactttgat gggtttgatc cagtcattat 3600
 atag 3604

<210> 28

<211> 1200

<212> PRT

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 28

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

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

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

Pro Ser	Leu Glu Glu Leu Trp	Ile Ser Phe Cys Pro	Lys Ile Glu
1025	1030	1035	
Gly Phe	Pro Lys Glu Gly Leu	Pro Ser Thr Leu Lys	Ala Leu Phe
1040	1045	1050	
Ile Gln	Gly Gly Cys Lys Lys	Leu Ile Lys Gly Met	Met Arg Arg
1055	1060	1065	
Asp Arg	Asp Thr Glu Trp Gly	Leu Gln Ser Leu Pro	Ser Leu Glu
1070	1075	1080	
Glu Phe	Ile Ile Ser Gly Gly	Gly Glu Glu Ile Glu	Gly Ile Glu
1085	1090	1095	
Ser Phe	Pro Asp Glu His Leu	Leu Pro Ser Ser Leu	Thr Ser Leu
1100	1105	1110	
Ser Ile	Ser Tyr Phe Pro Asn	Leu Lys Ser Leu Glu	Ser Lys Gly
1115	1120	1125	
Phe Gln	His Leu Thr Ser Leu	Arg Gln Leu Gly Ile	Tyr Phe Cys
1130	1135	1140	
Pro Arg	Leu Gln Ser Ile Pro	Glu Lys Arg Val Ile	Ser Ser Leu
1145	1150	1155	
Ser Tyr	Leu Glu Ile Ala Lys	Cys Pro Lys Leu Arg	Glu Asn Arg
1160	1165	1170	
Glu Lys	Glu Lys Gly Lys His	Trp Pro Asn Ile Ser	His Ile Pro
1175	1180	1185	
Val Ile	Asn Phe Asp Gly Phe	Asp Pro Val Ile Ile	
1190	1195	1200	

<210> 29

<211> 20

<212> ADN

<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> Mô tả trình tự nhân tạo: Tổng hợp

Mỗi chuỗi 1

<400> 29

tggacgagct aaccagatt

20

<210> 30

<211> 20

<212> ADN

<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> Mô tả trình tự nhân tạo: Tổng hợp

Mỗi ngược 1

<400> 30

ggacaagtgc cattgaaagg

20

<210> 31
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Trình tự nhân tạo
 <220>
 <223> Mô tả trình tự nhân tạo: Tổng hợp
 Mỗi xuôi 5

 <400> 31
 ctgccataac aaaaccacca 20

 <210> 32
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Trình tự nhân tạo
 <220>
 <223> Mô tả trình tự nhân tạo: Tổng hợp
 Mỗi ngược 5

 <400> 32
 attcggttgg agtatattgcg 20

 <210> 33
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Trình tự nhân tạo
 <220>
 <223> Mô tả trình tự nhân tạo: Tổng hợp
 Mỗi xuôi 9

 <400> 33
 tcaacatcat gggagtgcat 20

 <210> 34
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Trình tự nhân tạo
 <220>
 <223> Mô tả trình tự nhân tạo: Tổng hợp
 Mỗi ngược 9

 <400> 34
 tttgaggaac aaagaggcgt 20

 <210> 35
 <211> 20
 <212> ADN

<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> Mô tả trình tự nhân tạo: Tổng hợp

Mỗi xuôi 13

<400> 35

gtgggcaaag acaaggata

20

<210> 36

<211> 20

<212> ADN

<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> Mô tả trình tự nhân tạo: Tổng hợp

Mỗi ngược 13

<400> 36

gcttggggaa ctaccattgt

20

<210> 37

<211> 20

<212> ADN

<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> Mô tả trình tự nhân tạo: Tổng hợp

Mỗi xuôi 25

<400> 37

tggaagcgt ctttaaggaaa

20

<210> 38

<211> 20

<212> ADN

<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> Mô tả trình tự nhân tạo: Tổng hợp

Mỗi ngược 25

<400> 38

ctgttaaggg ctgcctaaag

20

<210> 39

<211> 1203

<212> PRT

<213> Populus trichocarpa

<400> 39

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

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

Pro Pro Ser Ile Gln Tyr Leu Val Gly Leu Ile Ser Leu Ser Leu Lys
 755 760 765
 Asp Cys Lys Lys Leu Ser Cys Leu Pro Ser Ser Ile Asn Gly Leu Lys
 770 775 780
 Ser Leu Lys Thr Leu His Leu Ser Gly Cys Ser Glu Leu Glu Asn Leu
 785 790 795 800
 Pro Glu Asn Phe Gly Gln Leu Glu Cys Leu Asn Glu Leu Asp Val Ser
 805 810 815
 Gly Thr Ala Ile Arg Glu Pro Pro Val Ser Ile Phe Ser Leu Lys Asn
 820 825 830
 Leu Lys Ile Leu Ser Phe His Gly Cys Ala Glu Ser Ser Arg Ser Thr
 835 840 845
 Thr Asn Ile Trp Gln Arg Leu Met Phe Pro Leu Met Pro Gly Lys Arg
 850 855 860
 Ala Asn Ser Thr Ser Leu Val Leu Pro Ser Leu Ser Gly Leu Ser Ser
 865 870 875 880
 Leu Thr Arg Leu Gly Leu Ser Asn Cys Asn Leu Gly Glu Gly Ala Val
 885 890 895
 Pro Asn Asp Ile Gly Tyr Leu Ser Ser Leu Arg Gln Leu Asn Leu Ser
 900 905 910
 Arg Asn Lys Phe Val Ser Leu Pro Thr Ser Ile Asp Gln Leu Ser Gly
 915 920 925
 Leu Gln Phe Leu Arg Met Glu Asp Cys Lys Met Leu Gln Ser Leu Pro
 930 935 940
 Glu Leu Pro Ser Asn Leu Glu Glu Phe Arg Val Asn Gly Cys Thr Ser
 945 950 955 960
 Leu Glu Lys Met Gln Phe Ser Arg Lys Leu Cys Gln Leu Asn Tyr Leu
 965 970 975
 Arg Tyr Leu Phe Ile Asn Cys Trp Arg Leu Ser Glu Ser Asp Cys Trp
 980 985 990
 Asn Asn Met Phe Pro Thr Leu Leu Arg Lys Cys Phe Gln Gly Pro Pro
 995 1000 1005
 Asn Leu Ile Glu Ser Phe Ser Val Ile Ile Pro Gly Ser Glu Ile
 1010 1015 1020
 Pro Thr Trp Phe Ser His Gln Ser Glu Gly Ser Ser Val Ser Val
 1025 1030 1035
 Gln Thr Pro Pro His Ser His Glu Asn Asp Glu Trp Leu Gly Tyr
 1040 1045 1050
 Ala Val Cys Ala Ser Leu Gly Tyr Pro Asp Phe Pro Pro Asn Val
 1055 1060 1065
 Phe Arg Ser Pro Met Gln Cys Phe Phe Asn Gly Asp Gly Asn Glu
 1070 1075 1080
 Ser Glu Ser Ile Tyr Val Arg Leu Lys Pro Cys Glu Ile Leu Ser
 1085 1090 1095
 Asp His Leu Trp Phe Leu Tyr Phe Pro Ser Arg Phe Lys Arg Phe
 1100 1105 1110
 Asp Arg His Val Arg Phe Arg Phe Glu Asp Asn Cys Ser Gln Thr

1115	1120	1125
Lys Val Ile Lys Cys Gly	Val Arg Leu Val Tyr	Gln Gln Asp Val
1130	1135	1140
Glu Glu Leu Asn Arg Met	Thr Asn Leu Tyr Glu	Asn Ser Thr Phe
1145	1150	1155
Glu Gly Val Asp Glu Cys	Phe Gln Glu Ser Gly	Gly Ala Leu Val
1160	1165	1170
Lys Arg Leu Gly His Thr	Asn Asp Val Gly Glu	Ala Ser Gly Ser
1175	1180	1185
Val Ser Ser Asp Glu Gln	Pro Pro Thr Lys Lys	Leu Lys Gln Ile
1190	1195	1200

<210> 40

<211> 1134

<212> PRT

<213> Medicago truncatula

<400> 40

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

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

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

980					985					990					
Ile	Pro	Ser	Trp	Phe	Val	Pro	Gln	Arg	Ser	Val	Ser	Trp	Ala	Lys	Val
995					1000					1005					
His	Ile	Pro	Asn	Asn	Phe	Pro	Gln	Asp	Glu	Trp	Val	Gly	Phe	Ala	
1010					1015					1020					
Leu	Cys	Phe	Leu	Leu	Val	Ser	Tyr	Ala	Asp	Pro	Pro	Glu	Leu	Cys	
1025					1030					1035					
Lys	His	Glu	Ile	Asp	Cys	Tyr	Leu	Phe	Ala	Ser	Asn	Gly	Lys	Lys	
1040					1045					1050					
Leu	Ile	Thr	Thr	Arg	Ser	Leu	Pro	Pro	Met	Asp	Pro	Cys	Tyr	Pro	
1055					1060					1065					
His	Leu	Tyr	Ile	Leu	Tyr	Met	Ser	Ile	Asp	Glu	Phe	Arg	Asp	Glu	
1070					1075					1080					
Ile	Leu	Lys	Asp	Asp	Tyr	Trp	Ser	Glu	Ser	Gly	Ile	Glu	Phe	Val	
1085					1090					1095					
Leu	Lys	Cys	Tyr	Cys	Cys	Gln	Ser	Leu	Gln	Val	Val	Ser	Cys	Gly	
1100					1105					1110					
Ser	Arg	Leu	Val	Cys	Lys	Gln	Asp	Val	Glu	Asp	Trp	Ser	Lys	Met	
1115					1120					1125					
Ser	His	Phe	Asn	Glu	Ser										
1130															

<210> 41

<211> 980

<212> PRT

<213> Solunum tuberosum

<400> 41

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

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

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

```

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

```

<210> 42

<211> 1741

<212> PRT

<213> Populus tricarpa

<400> 42

```

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

```

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

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

980					985					990					
Pro	Gly	Arg	Arg	Ser	Arg	Leu	Cys	Thr	Tyr	Lys	Asp	Val	Cys	Asp	Ala
995					1000					1005					
Leu	Glu	Asp	Ser	Thr	Glu	Lys	Ile	Gln	Ser	Ile	Phe	Leu	Asp	Leu	
1010					1015					1020					
Pro	Lys	Ala	Lys	Glu	Ala	Gln	Trp	Asn	Met	Thr	Ala	Phe	Ser	Lys	
1025					1030					1035					
Met	Thr	Lys	Leu	Arg	Leu	Leu	Lys	Ile	His	Asn	Val	Asp	Leu	Ser	
1040					1045					1050					
Glu	Gly	Pro	Glu	Tyr	Leu	Ser	Lys	Glu	Leu	Arg	Phe	Leu	Glu	Trp	
1055					1060					1065					
His	Ala	Tyr	Pro	Ser	Lys	Ser	Leu	Pro	Ala	Cys	Phe	Arg	Pro	Asp	
1070					1075					1080					
Glu	Leu	Val	Glu	Leu	Tyr	Met	Ser	Cys	Ser	Ser	Ile	Glu	Gln	Leu	
1085					1090					1095					
Trp	Cys	Gly	Cys	Lys	Ile	Leu	Val	Asn	Leu	Lys	Ile	Ile	Asn	Leu	
1100					1105					1110					
Ser	Asn	Ser	Leu	Tyr	Leu	Ile	Asn	Thr	Pro	Asp	Phe	Thr	Gly	Ile	
1115					1120					1125					
Pro	Asn	Leu	Glu	Ser	Leu	Ile	Leu	Glu	Gly	Cys	Ala	Ser	Leu	Ser	
1130					1135					1140					
Glu	Val	His	Pro	Ser	Phe	Gly	Arg	His	Lys	Lys	Leu	Gln	Leu	Val	
1145					1150					1155					
Asn	Leu	Val	Asn	Cys	Tyr	Ser	Leu	Arg	Ile	Leu	Pro	Ser	Asn	Leu	
1160					1165					1170					
Glu	Met	Glu	Ser	Leu	Glu	Val	Cys	Thr	Leu	Ser	Ser	Cys	Ser	Lys	
1175					1180					1185					
Leu	Asp	Lys	Phe	Pro	Asp	Ile	Val	Gly	Asn	Ile	Asn	Cys	Leu	Arg	
1190					1195					1200					
Glu	Leu	Arg	Leu	Asp	Gly	Thr	Ala	Ile	Ala	Lys	Leu	Ser	Ser	Ser	
1205					1210					1215					
Phe	His	Cys	Leu	Ala	Gly	Leu	Val	Leu	Leu	Ser	Met	Asn	Asn	Cys	
1220					1225					1230					
Lys	Asn	Leu	Glu	Ser	Ile	Pro	Ser	Ser	Ile	Arg	Gly	Leu	Lys	Ser	
1235					1240					1245					
Leu	Lys	Arg	Leu	Asp	Val	Ser	Asp	Cys	Ser	Glu	Leu	Lys	Asn	Ile	
1250					1255					1260					
Pro	Glu	Asn	Leu	Gly	Glu	Val	Glu	Ser	Leu	Glu	Glu	Phe	Asp	Ala	
1265					1270					1275					
Ser	Gly	Thr	Ser	Ile	Arg	Gln	Pro	Pro	Thr	Ser	Phe	Phe	Leu	Leu	
1280					1285					1290					
Lys	Asn	Leu	Lys	Val	Leu	Ser	Phe	Lys	Gly	Cys	Lys	Arg	Ile	Ala	
1295					1300					1305					
Val	Asn	Leu	Thr	Asp	Gln	Ile	Leu	Pro	Ser	Leu	Ser	Gly	Leu	Cys	
1310					1315					1320					
Ser	Leu	Glu	Glu	Leu	Asp	Leu	Cys	Ala	Cys	Asn	Leu	Gly	Glu	Gly	
1325					1330					1335					

Ala Val	Pro Glu Asp Ile Gly	Cys Leu Ser Ser Leu	Arg Ser Leu
1340	1345	1350	
Asn Leu	Ser Arg Asn Asn Phe	Ile Ser Leu Pro Lys	Ser Ile Asn
1355	1360	1365	
Gln Leu	Ser Arg Leu Glu Lys	Leu Ala Leu Lys Asp	Cys Val Met
1370	1375	1380	
Leu Glu	Ser Leu Pro Glu Val	Pro Leu Lys Val Gln	Lys Val Lys
1385	1390	1395	
Leu Asp	Gly Cys Leu Lys Leu	Lys Glu Ile Pro Asp	Pro Ile Lys
1400	1405	1410	
Leu Cys	Ser Leu Lys Arg Ser	Glu Phe Lys Cys Leu	Asn Cys Trp
1415	1420	1425	
Glu Leu	Tyr Met His Asn Gly	Gln Asn Asn Met Gly	Leu Asn Met
1430	1435	1440	
Leu Glu	Lys Tyr Leu Gln Gly	Ser Ser Pro Arg Pro	Gly Phe Gly
1445	1450	1455	
Ile Ala	Val Pro Gly Asn Glu	Ile Pro Gly Trp Phe	Thr His Gln
1460	1465	1470	
Ser Lys	Glu Ser Ser Ile Arg	Val Gln Met Pro Ser	Asn Tyr Leu
1475	1480	1485	
Asp Gly	Asp Asp Asn Gly Trp	Met Gly Phe Ala Ala	Cys Ala Ala
1490	1495	1500	
Phe Ser	Thr Tyr Glu Leu Lys	Glu Arg Glu Asn Glu	Ser Ser Ser
1505	1510	1515	
Glu Leu	Glu Leu Ser Phe His	Ser Tyr Asp Gln Gly	Val Lys Val
1520	1525	1530	
Glu Asn	Cys Gly Val Arg Met	Val Asn Ser Gly His	Leu Ile Val
1535	1540	1545	
Ala Ser	Lys Glu Ala Ala Ser	Ser Tyr Thr Pro Ser	Trp Gln Ser
1550	1555	1560	
Pro Thr	Gly His Leu Ile Ile	Ala Ser Lys Glu Ala	Ala Ser Ser
1565	1570	1575	
Tyr Ile	Asp Ser Leu Ala Asn	Ser Ser Ser Tyr Ser	Gln Trp Met
1580	1585	1590	
His Asp	Val Phe Phe Ser Phe	Arg Gly Lys His Asn	Ser Asn Asn
1595	1600	1605	
Phe Thr	His Leu His Thr Ala	Leu Phe Gln Arg Gly	Ile Ile Arg
1610	1615	1620	
Tyr Lys	Arg Gln Ile Lys Tyr	Leu Lys Lys Ile Glu	Ser Ser Leu
1625	1630	1635	
Val Ser	Asp Ile Lys Glu Ser	Gly Leu Ser Ile Ile	Ile Phe Ala
1640	1645	1650	
Arg Asp	Tyr Val Ser Thr Leu	Gly Phe Gly Gly Phe	Val Lys Ile
1655	1660	1665	
Asp Glu	Phe Met Lys Lys Met	Lys Ser Asp Thr Val	Phe Pro Val
1670	1675	1680	
Ser Thr	Val Ser Tyr Asn Val	Glu Gln Ser Arg Val	Asp Glu Gln

1685	1690	1695
Thr Glu Ser Tyr Thr Ile Val	Phe Asp Lys Asp Glu	Glu Asp Phe
1700	1705	1710
Ser Glu Asp Lys Glu Lys Val	Gln Arg Trp Met Asp	Ile Leu Thr
1715	1720	1725
Glu Val Ala Ile Ser Ser Gly	Ser Glu Ser Ser Lys	Arg
1730	1735	1740

<210> 43

<211> 896

<212> PRT

<213> Populus tricocarpa

<400> 43

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

Val	Tyr	Glu	Asn	Leu	Arg	Arg	Lys	Arg	Tyr	Leu	Val	Val	Leu	Asp	Asp	260	265	270
Ile	Trp	Ser	Thr	Asn	Ala	Trp	Asp	Cys	Leu	Lys	Lys	Ala	Phe	Pro	Val	275	280	285
Asp	Arg	Ser	Asn	Gly	Ser	Arg	Leu	Leu	Leu	Thr	Thr	Arg	Asn	Lys	Asn	290	295	300
Val	Ala	Leu	His	Val	Asp	Pro	Gln	Thr	Thr	Pro	Tyr	Asp	Leu	Gly	Phe	305	310	315
Leu	Ser	Lys	Gln	Asn	Ser	Trp	Glu	Leu	Phe	Cys	Lys	Lys	Thr	Phe	Ile	325	330	335
Asp	Gly	Arg	Asp	Thr	Ser	Cys	Ser	Pro	Ile	Leu	Glu	Glu	Ile	Gly	Arg	340	345	350
Glu	Ile	Val	Glu	Arg	Cys	Ala	Gly	Leu	Pro	Leu	Ala	Ile	Ile	Val	Ile	355	360	365
Gly	Gly	Leu	Leu	Ser	Arg	Lys	Lys	Arg	Leu	Asn	Glu	Trp	Glu	Arg	Ile	370	375	380
Leu	Asn	Asn	Met	Asp	Ser	His	Phe	Ala	Arg	His	Pro	Asn	Gly	Val	Ala	385	390	395
Ala	Ile	Leu	Ala	Leu	Ser	Tyr	Asn	Asp	Leu	Pro	Tyr	Tyr	Leu	Lys	Ser	405	410	415
Cys	Phe	Leu	Tyr	Leu	Gly	Leu	Phe	Pro	Glu	Asp	Cys	Thr	Ile	Gln	Ala	420	425	430
His	Lys	Leu	Phe	Arg	Leu	Trp	Val	Ala	Glu	Gly	Leu	Ile	Pro	His	Gln	435	440	445
Glu	Leu	Arg	Gly	Glu	Asp	Val	Ala	Glu	Asp	Tyr	Leu	Asn	Glu	Leu	Ile	450	455	460
Glu	Arg	Asn	Met	Val	Gln	Met	Glu	Gly	Met	Ser	Val	Asn	Gly	Arg	Val	465	470	475
Lys	Gln	Cys	Arg	Leu	His	Asp	Leu	Leu	Arg	Asp	Leu	Ser	Ile	Ser	Lys	485	490	495
Ala	Lys	Thr	Glu	Asn	Phe	Leu	Gln	Ile	Pro	Gly	Asn	Glu	Asn	Ile	Pro	500	505	510
Ser	Leu	Thr	Arg	Cys	Arg	Arg	His	Pro	Ile	Tyr	Ser	Asp	Ser	His	Leu	515	520	525
Ser	Cys	Val	Glu	Arg	Leu	Ser	Pro	His	Leu	Arg	Ser	Leu	Leu	Phe	Phe	530	535	540
Arg	Val	Val	Ser	Arg	Val	Arg	Tyr	Arg	Tyr	Phe	Ile	Gly	Arg	Asn	Val	545	550	555
Tyr	Gly	Phe	Cys	Glu	Leu	Ser	Gly	Ala	Lys	Phe	Asp	Tyr	Ile	Thr	Arg	565	570	575
Asn	Phe	Asn	Leu	Leu	Arg	Ile	Leu	Glu	Leu	Glu	Gly	Ile	Ser	Cys	Ser	580	585	590
Ser	Ile	Pro	Ser	Thr	Ile	Gly	Glu	Leu	Ile	His	Leu	Ser	Tyr	Leu	Gly	595	600	605
Leu	Lys	Glu	Thr	Asn	Ile	Arg	Val	Leu	Pro	Ser	Thr	Leu	Gly	Ser	Leu	610	615	620
Cys	Asn	Leu	Gln	Thr	Leu	Asp	Ile	Ala	Gly	Asn	Leu	His	Leu	Arg	Ile			

```

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

```

<210> 44

<211> 1340

<212> PRT

<213> Populus tricarpha

<400> 44

```

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

```

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

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

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

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

<210> 45

<211> 880

<212> PRT

<213> Populus tricocarpa

<400> 45

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

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

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

<210> 46

<211> 1417

<212> PRT

<213> Populus tricarpa

<400> 46

```

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

```

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

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

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

1415

<210> 47

<211> 1043

<212> PRT

<213> Populus tricarpa

<400> 47

```

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

```

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

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

<210> 48

<211> 877

<212> PRT

<213> Ricinus communis

<400> 48

```

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

```

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

```

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

```

<210> 49

<211> 1002

<212> PRT

<213> *Corchorus olitorius*

<400> 49

```

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

```

```

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

```

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

Tyr Ser Ser Glu Glu Ala Met Val Met Leu Asn Val Ala Leu Leu Cys
 900 905 910
 Thr Asn Ala Ala Pro Thr Leu Arg Pro Thr Met Ser Gln Val Val Ser
 915 920 925
 Met Leu Glu Gly Gln Thr Ser Val Gln Asp Ile Leu Ser Asp Pro Gly
 930 935 940
 Phe Ser Ser Met Asn Ser Lys Phe Lys Ala Leu Val Asn His Phe Trp
 945 950 955 960
 Gln Asn Pro Ser Gln Thr Met Ser Leu Ser Ser Asn Gly Pro Asn Thr
 965 970 975
 Asp Ser Ser Ser Ser Asn Ile Glu Asp Ile Glu Glu Asn Ser His Leu
 980 985 990
 Leu Arg Val Ser Ser Ile Gln Ser Glu Ala
 995 1000

<210> 50

<211> 1014

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 50

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

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

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

Ser Asp Pro Ser Phe Ser Thr Val Asn Pro Lys Leu Lys Ala Leu Arg
 965 970 975
 Asn His Phe Trp Gln Asn Glu Leu Ser Arg Ser Leu Ser Phe Ser Thr
 980 985 990
 Ser Gly Pro Arg Thr Ala Ser Ala Asn Ser Leu Val Asp Ala Glu Glu
 995 1000 1005
 Lys Thr Gly Leu Leu Asp
 1010

<210> 51

<211> 2037

<212> PRT

<213> Ricinus communis

<400> 51

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

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

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

His Val	Gln Glu Gln Arg Val	Gln Met Arg Asp Glu	Glu Ala Ile
1010	1015	1020	
Glu Gly	Ala Phe Gln Ala Asn	Thr Lys Glu Arg Ser	Ser Gly Tyr
1025	1030	1035	
Leu Gln	Arg Lys Lys Ser Phe	Lys Phe Thr Lys Gly	Lys Thr Glu
1040	1045	1050	
Met Ser	Ser Arg Lys Gln Asn	Tyr Ser Pro Cys Ser	His Cys Lys
1055	1060	1065	
Arg Thr	Asn His Ala Glu Lys	Asp Cys Trp Tyr Lys	Asp Lys Pro
1070	1075	1080	
Ser Phe	Lys Cys Thr Phe Cys	Asn Asn Leu Gly His	Ser Glu Lys
1085	1090	1095	
Tyr Cys	Arg Ala Lys Lys Lys	Gln Ser Gln Gln His	Ile His Gln
1100	1105	1110	
Asn Ala	Asn Val Ser Glu Lys	Glu Lys Glu Asp Asp	Glu His Leu
1115	1120	1125	
Phe Met	Ala Ser Gln Val Ile	Ser Ser His Glu Gln	Asn Ile Trp
1130	1135	1140	
Leu Ile	Asp Ser Gly Cys Thr	Ser Tyr Met Thr Lys	His Leu Ala
1145	1150	1155	
Ile Phe	Ser Ser Ile Asp Lys	Ser Ile Gln Pro Lys	Val Lys Leu
1160	1165	1170	
Gly Asn	Gly Asp Val Val Gln	Ala Lys Gly Arg Gly	Thr Ile Ala
1175	1180	1185	
Val Ser	Thr Lys Arg Gly Tyr	Arg Ile Tyr Asn Leu	Ser Ala Ala
1190	1195	1200	
Lys Val	Gln Ile Ser Ile Asp	Val His Phe Asn Glu	Asn Ser Cys
1205	1210	1215	
Trp Lys	Trp Asp Leu Lys Glu	Val Asp Arg Thr Thr	Thr Ala Ala
1220	1225	1230	
Leu Glu	Pro Ala Val Gly Gly	Thr Gly Asp Gln Ser	Asp Ile Glu
1235	1240	1245	
Gly Thr	Ser Asp Thr Ser Ile	Leu Lys Val Arg Pro	Leu Ser Asp
1250	1255	1260	
Val Tyr	Glu Arg Cys Asn Pro	Val Tyr Ala Lys Pro	Thr Ser Tyr
1265	1270	1275	
Thr Glu	Ala Ala Arg Phe Pro	Ala Trp Ile Asp Ala	Ile Lys Ser
1280	1285	1290	
Glu Ile	Asp Ser Ile Glu Arg	Asn Gly Thr Trp Lys	Leu Thr Glu
1295	1300	1305	
Leu Pro	Gln Asn Lys Lys Glu	Ile Gly Val Lys Trp	Val Phe Lys
1310	1315	1320	
Thr Lys	Phe Asn Pro Asp Gly	Ser Ile Phe Arg His	Lys Ala Arg
1325	1330	1335	
Leu Val	Val Lys Gly Phe Ala	Gln Val Ala Gly Val	Asp Tyr Asp
1340	1345	1350	
Asp Thr	Phe Ala Pro Val Ala	Arg His Asp Thr Ile	Arg Leu Leu

1355	1360	1365
Leu Ala Leu Ala Gly Gln Lys	Lys Trp Lys Val Tyr	His Leu Asp
1370	1375	1380
Val Lys Phe Ala Phe Leu Asn	Gly Ile Leu Leu Glu	Glu Ile Tyr
1385	1390	1395
Val Gln Gln Pro Glu Gly Phe	Val Val Thr Ser His	Glu His Lys
1400	1405	1410
Val Tyr Lys Leu His Lys Ala	Leu Tyr Gly Leu Lys	Gln Ala Pro
1415	1420	1425
Arg Ala Trp Tyr Asn Arg Ile	Asp Thr Tyr Leu Ile	Gln Leu Gly
1430	1435	1440
Phe Lys Arg Ser Glu Asn Glu	Val Thr Leu Tyr Leu	Lys Gln Asp
1445	1450	1455
Gln Asp Gly Leu Gln Leu Val	Ile Ser Leu Tyr Val	Asp Asp Met
1460	1465	1470
Leu Val Thr Gly Ser Asn Val	Lys Leu Leu Ala Glu	Phe Lys Arg
1475	1480	1485
Glu Met Gln Asp Val Phe Glu	Met Ser Asp Leu Gly	Ile Ile Asn
1490	1495	1500
Tyr Phe Leu Gly Met Glu Ile	His Gln Cys Ser Ser	Gly Ile Phe
1505	1510	1515
Ile Ser Gln Arg Lys Tyr Ala	Val Asp Ile Leu Lys	Arg Phe Lys
1520	1525	1530
Leu Glu Ser Cys Lys Glu Val	Thr Thr Leu Met Ala	Gln Asn Glu
1535	1540	1545
Lys Ile Ser Lys Asn Asp Gly	Glu Lys Leu Glu Glu	Pro Ser Ala
1550	1555	1560
Tyr Arg Ser Leu Val Gly Ser	Leu Leu Tyr Leu Thr	Ala Thr Lys
1565	1570	1575
Pro Asp Leu Met Phe Leu Ala	Gly Leu Leu Ser Arg	Phe Met Ser
1580	1585	1590
Ser Pro Ser Asn Phe His Met	Gly Val Ala Lys Arg	Val Leu Lys
1595	1600	1605
Tyr Ile Arg Gly Thr Thr Asn	Leu Gly Ile Leu Tyr	Ser Lys Ser
1610	1615	1620
Gly Gly Val Asn Leu Ser Gly	Tyr Ala Asp Ser Asp	Trp Ala Gly
1625	1630	1635
Ser Val Asp Asp Met Lys Ser	Thr Phe Gly Tyr Val	Phe Thr Ile
1640	1645	1650
Gly Ser Gly Thr Ile Cys Trp	Asn Ala Lys Lys Gln	Glu Val Val
1655	1660	1665
Ala Gln Ser Thr Ala Glu Ala	Glu Tyr Ile Phe Leu	Ala Ala Ala
1670	1675	1680
Ala Asn Gln Ala Ile Trp Leu	Asn Lys Leu Leu Ala	Lys Asn Lys
1685	1690	1695
Val His Gln Leu Ser Phe Ile	Val Ile Thr Phe Ala	Met Leu Leu
1700	1705	1710

Ser	Ala	Val	Ala	Phe	Glu	Ser	Glu	Ile	Arg	Ser	Phe	Leu	Gly	Leu
1715						1720					1725			
Ala	Gly	Tyr	Tyr	Arg	Arg	Phe	Val	Glu	Asn	Phe	Ser	Arg	Ile	Ser
1730						1735					1740			
Ala	Pro	Leu	Thr	Lys	Leu	Thr	Gln	Lys	Asn	Val	Lys	Phe	Gln	Trp
1745						1750					1755			
Ser	Glu	Ala	Cys	Glu	Lys	Ser	Phe	Leu	Glu	Leu	Lys	Glu	Arg	Leu
1760						1765					1770			
Thr	Thr	Ala	Pro	Val	Leu	Ala	Val	Pro	Ser	Gly	Ser	Gly	Gly	Tyr
1775						1780					1785			
Thr	Val	Tyr	Cys	Asp	Ala	Ser	Arg	Val	Gly	Leu	Gly	Cys	Val	Leu
1790						1795					1800			
Met	Gln	His	Gly	Lys	Val	Ile	Ala	Tyr	Ala	Ser	Arg	Gln	Leu	Lys
1805						1810					1815			
Lys	His	Glu	Gln	Asn	Tyr	Pro	Thr	His	Asp	Leu	Glu	Met	Thr	Ala
1820						1825					1830			
Val	Ile	Phe	Ala	Leu	Lys	Ile	Trp	Arg	His	Tyr	Leu	Tyr	Gly	Glu
1835						1840					1845			
Thr	Cys	Glu	Ile	Phe	Thr	Asp	His	Lys	Ser	Leu	Lys	Tyr	Ile	Phe
1850						1855					1860			
Gln	Gln	Arg	Asp	Leu	Asn	Leu	Arg	Gln	Arg	Arg	Trp	Met	Glu	Leu
1865						1870					1875			
Leu	Lys	Asp	Tyr	Asp	Cys	Thr	Ile	His	Tyr	His	Pro	Gly	Lys	Ala
1880						1885					1890			
Asn	Val	Val	Ala	Asp	Ala	Leu	Ser	Arg	Lys	Ser	Ser	Gly	Ser	Leu
1895						1900					1905			
Ala	His	Ile	Gln	Glu	Val	Arg	Arg	Pro	Leu	Ile	Arg	Glu	Leu	His
1910						1915					1920			
Glu	Leu	Val	Asp	Glu	Gly	Val	Arg	Phe	Asp	Leu	Ser	Glu	Ala	Gly
1925						1930					1935			
Ala	Met	Ile	Ala	His	Phe	Gln	Val	Lys	Ser	Asp	Leu	Phe	Asp	Lys
1940						1945					1950			
Ile	Lys	Ala	Ala	Gln	Lys	Lys	Asp	Asp	Ser	Leu	Leu	Arg	Ile	Arg
1955						1960					1965			
Asn	Glu	Val	Glu	Gln	Gly	Lys	Ala	Ala	Gly	Phe	Val	Ile	Gly	Asp
1970						1975					1980			
Asp	Asp	Val	Leu	Arg	Tyr	Lys	Asp	Arg	Leu	Cys	Val	Pro	Asp	Val
1985						1990					1995			
Asp	Asp	Leu	Arg	Arg	Glu	Leu	Met	Val	Glu	Ala	His	Gln	Thr	Val
2000						2005					2010			
Tyr	Thr	Val	His	Pro	Gly	Ser	Thr	Lys	Met	Tyr	Lys	Asp	Leu	Lys
2015						2020					2025			
Val	Phe	Asp	Leu	Ser	Glu	Gly	Lys	Gly						
2030						2035								

<210> 52

<211> 999

<212> PRT

<213> Ricinus communis

<400> 52

```

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

```

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

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

<210> 53

<211> 1005

<212> PRT

<213> Populus tricarpa

<400> 53

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

```

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

```

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

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

<210> 54

<211> 1308

<212> PRT

<213> Ricinus communis

<400> 54

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

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

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

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

1205	1210	1215
Val Cys Leu Thr Ile Ser Asn	Leu Gln Asn Leu Gln	Ser Leu Asn
1220	1225	1230
Phe Lys Gly Leu Gln Asp Leu	Thr Phe Leu Ile Glu	Leu Asp Ile
1235	1240	1245
Leu Asp Cys Pro Lys Leu Glu	Ser Ile Pro Glu Glu	Gly Leu Pro
1250	1255	1260
Thr Ser Leu Ser Ser Leu Ile	Ile Tyr Asn Cys Pro	Ser Leu Lys
1265	1270	1275
Gln Arg Cys Lys Gln Glu Lys	Gly Glu Asp Trp Pro	Lys Ile Ser
1280	1285	1290
His Ile Arg His Ile Glu Ile	Asp Gly Asp Thr Met	Asn Lys Cys
1295	1300	1305

<210> 55

<211> 848

<212> PRT

<213> Ricinus communis

<400> 55

Met Val Asp Ala Val Val Thr Val Phe Leu Glu Arg Leu Leu Asn Thr		
1	5	10
Leu Val Glu Glu Gly Arg Val Val Asn Glu Phe Arg Asp Arg Phe Glu		
	20	30
Asn Leu Gln Lys Glu Leu Glu Leu Met Gln Ser Val Leu Lys Asp Ala		
	35	45
Asp Lys Arg Lys Arg Lys Asp Gly Thr Leu His Thr Ile Met Gly Asn		
	50	60
Leu Arg Glu Leu Ile Tyr Glu Ala Glu Asp Ile Leu Ala Asp Cys Gln		
65	70	80
Leu Gln Ser Arg Glu Asp Asp Arg Leu Ser Asn Gly Trp Leu Thr Cys		
	85	95
Ile His Pro Pro Asn Leu His Phe Gln Tyr Lys Thr Gly Lys Arg Leu		
	100	110
Arg Glu Ile Asn Glu Lys Ile Thr Lys Ile Lys Gln Asp Ile Ser Tyr		
	115	125
Leu Asp Leu Ser Asn Ser Asn Gln Met Gly Arg Arg Asp Ala His Asn		
	130	140
Asp Gln Met Ser Arg Trp Ser Ser Pro Val Tyr Asp His Thr Gln Val		
145	150	160
Val Gly Leu Glu Gly Asp Thr Gln Lys Ile Lys Asn Trp Leu Phe Glu		
	165	175
Ala Asp Asp Gly Ile Leu Ala Ile Gly Val Val Gly Met Gly Gly Leu		
	180	190
Gly Lys Thr Thr Ile Ala Gln Lys Val Phe Asn Asp Arg Glu Ile Asp		
	195	205
Asp His Phe Glu Arg Arg Met Trp Ile Ser Val Ser Gln Thr Leu Asp		

210		215		220
Glu Val Gln Ile Met Arg Ser Met Leu Arg Asn Leu Gly Asp Ala Ser				
225		230		240
Ile Gly Asp Asn Gln Gly Glu Leu Leu Lys Lys Ile Asn Gln Tyr Leu				
	245		250	255
Leu Gly Lys Arg Phe Leu Ile Val Met Asp Asp Val Trp Gly Leu Asp				
	260		265	270
Val Asn Trp Trp Arg Arg Ile Tyr Glu Gly Leu Pro Lys Gly Asn Gly				
	275		280	285
Ser Ser Ile Ile Ile Thr Thr Arg Ile Glu Glu Val Ala Arg Lys Met				
	290		295	300
Gly Val Thr Glu Val Arg Ile His Arg Pro Lys Phe Leu Ser Lys Asp				
305		310		320
Asp Ser Trp Leu Leu Phe Arg Lys Ile Ala Phe Ala Ala Thr Gly Gly				
	325		330	335
Glu Cys Arg His Pro Glu Leu Glu Asn Val Gly Thr Glu Ile Val Gln				
	340		345	350
Lys Cys Lys Gly Leu Pro Leu Ala Ile Lys Ala Ile Gly Gly Leu Leu				
	355		360	365
Leu Tyr Lys Ser His Tyr His Glu Trp Arg Gln Ile Ala Gly Asn Phe				
	370		375	380
Arg Asp Glu Leu Ala Glu Asn Asp Asp Ser Val Met Ala Ser Leu Gln				
385		390		400
Leu Ser Tyr Asp Glu Leu Pro Pro Tyr Leu Lys Ser Cys Phe Leu Ser				
	405		410	415
Phe Ser Leu Tyr Pro Glu Asp Cys Val Ile Lys Lys Glu Gln Leu Val				
	420		425	430
His Trp Trp Ile Gly Glu Gly Phe Val Pro Leu Arg Ile Gly Arg Ser				
	435		440	445
Ser Thr Glu Ala Gly Glu Gly Cys Phe Ser Gly Leu Thr Asn Arg Cys				
	450		455	460
Leu Val Glu Val Val Asp Lys Thr Tyr Asn Gly Thr Ile Ala Thr Cys				
465		470		480
Lys Ile His Asp Met Val Arg Asp Leu Val Ile Lys Met Ala Gly Asp				
	485		490	495
Asp Ala Phe Phe Lys Leu Asn Gly Ile Gly Cys Arg His Leu Ala Ile				
	500		505	510
Cys Ser Asn Met Asp Gln Lys Lys Leu Thr Ala Asn Gln Lys Leu Arg				
	515		520	525
Ala Leu Leu Ser Thr Thr Lys Thr Gly Glu Val Asn Arg Ile Val Ser				
	530		535	540
Ser Ile Ala Asn Lys Phe Ser Glu Cys Lys Tyr Leu Arg Val Leu Asp				
545		550		560
Leu Cys Lys Ser Ile Phe Glu Val Pro Leu Thr Asn Leu Leu Tyr Gln				
	565		570	575
Ile Gly Asp Leu Gln His Leu Thr Tyr Leu Ser Leu Ser Asn Thr His				
	580		585	590

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