



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

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

(11)



1-0027907

(51)⁷ C12N 15/82; A01H 1/00; A01H 5/04

(13) B

(21) 1-2014-03356

(22) 05/03/2013

(86) PCT/SE2013/050191 05/03/2013

(87) WO 2013/133753 A1 12/09/2013

(30) 61/607,404 06/03/2012 US

(45) 25/04/2021 397

(43) 25/12/2014 321A

(73) SWETREE TECHNOLOGIES AB (SE)

P.O. Box 4095, S-904 03 Umeå (SE)

(72) ERIKSSON, Maria (SE); TAKATA, Naoki (JP); JOHANSSON, Mikael (SE).

(74) Công ty Cổ phần Sở hữu công nghiệp INVESTIP (INVESTIP)

(54) PHƯƠNG PHÁP SẢN XUẤT THỰC VẬT ĐƯỢC BIẾN ĐỔI GEN VÀ THỰC VẬT BIẾN ĐỔI GEN CÓ CÁC ĐẶC TÍNH SINH TRƯỞNG ĐƯỢC CẢI THIỆN

(57) Sáng chế đề cập đến phương pháp sản xuất thực vật được biến đổi gen có các đặc tính sinh trưởng được cải thiện so với thực vật kiểu dại không được biến đổi gen tương ứng, phương pháp này bao gồm việc làm giảm hoặc làm mất lượng hoặc hoạt tính của polypeptit EBI1 hoặc EBI2 trong tế bào thực vật, thực vật hoặc một phần của nó.

Lĩnh vực kỹ thuật được đề cập

Sáng chế đề cập đến phương pháp sản xuất thực vật được biến đổi gen có các đặc tính sinh trưởng được cải thiện so với thực vật kiểu dại không được biến đổi gen tương ứng, phương pháp này bao gồm việc làm giảm hoặc làm mất lượng hoặc hoạt tính của polypeptit EBI1 hoặc EBI2 trong tế bào thực vật, thực vật hoặc một phần của nó.

Tình trạng kỹ thuật của sáng chế

Các thực vật sử dụng tín hiệu sáng-tối và khoảng nhịp thời gian 24 giờ (tuần hoàn ngày) để định hướng chúng trong môi trường cục bộ của chúng và đồng bộ hóa sự trao đổi chất của chúng theo đó. Nhịp tuần hoàn ngày của cây hoa cải mô hình (*Arabidopsis thaliana*) được tạo nên từ hàng loạt vòng phản hồi tương tác phức tạp mà nhờ đó các protein điều tiết sự biểu hiện của chúng qua ngày và đêm. Thức dậy sớm (early bird-ebi) là đột biến tuần hoàn ngày mà làm cho nhịp này chạy nhanh: các thực vật ebi có giai đoạn tuần hoàn ngày ngắn, pha biểu hiện nhịp sinh học sớm, và sớm nở hoa.

Gen chịu trách nhiệm về phenotyp ebi-1, AtNFXL-2, là nhân tố phiên mã móng tay kẽm, thể tương đồng của protein NF-X1 người. Ở người, NF-X1 gắn kết với X-box được phát hiện trong gen MHC lớp II. Cây hoa cải có hai thể tương đồng NF-X1, AtNFXL-1 và AtNFXL-2, mà được cho rằng tác động đối kháng để điều tiết các gen liên quan đến áp lực chịu mặn, ngập úng và khô hạn, với các gen cảm ứng áp lực hoạt hóa AtNFXL-1 và ngăn chặn AtNFXL-2. AtNFXL-1 cũng được gợi ý là chất điều tiết âm tính của các gen liên quan đến sự bảo vệ và áp lực nhiệt độ. Theo đó, phenotyp nhịp của thể đột biến AtNFXL-2 tạo ra liên kết hấp dẫn giữa các đáp ứng áp lực nhịp và sống và không sống. Liên kết này được ám chỉ trong việc cân nhắc gần đây và trong việc nhận diện vai trò có thể đối với protein GI nhịp trong sự dung nạp áp lực lạnh.

Phenotyp tuần hoàn ngày của thể đột biến *ebi-1* được mô tả đặc điểm bởi Johansson, M. và các đồng tác giả. (2011) Partners in Time: EARLY BIRD Associates with ZEITLUPE and Regulates the Speed of the Arabidopsis Clock. *Plant Physiol.* 155(4): 2108–2122.

Cây dương (*Populus*) có hai gen EBI1: EBI1a (SEQ ID NO: 1) và EBI1b (SEQ ID NO: 3) cũng như hai gen EBI2: EBI2a (SEQ ID NO: 6) và EBI2b (SEQ ID NO: 8). Xem tương tự trong Johansson và các đồng tác giả. (2011), Bảng bổ sung I và Hình vẽ bổ sung 1.

Sự tạo ra thực vật của sinh khối gia tăng, cụ thể là trong nông nghiệp và lâm nghiệp có tầm quan trọng lớn đối với thực phẩm và là nguồn tái tạo năng lượng và các vật liệu làm thỏa mãn nhu cầu về quần thể gia tăng và làm vùng trung nhận CO₂ để làm tăng mức độ các khí nhà kính. Hiện nay, việc trồng rừng lớn nhất dựa trên việc trồng các rừng phương bắc nơi mà cây được tiếp xúc với sự thay đổi mùa lớn về độ dài ngày và nhiệt độ dẫn đến các mùa sinh trưởng khá ngắn. Để làm tăng năng suất của rừng này và các rừng khác, cần thiết phải thu được dòng mầm mà phát triển mạnh ở các cấp tính trạng theo chiều ngang mở rộng và tạo ra số lượng sinh khối lớn trong thời gian trồng lớn nhất.

Mô tả vắn tắt các hình vẽ

Fig.1A minh họa sự biểu hiện hằng ngày của EBI1 của cây dương từ sự sao chép sinh học PCR trong thời gian thực tế 1. Trục Y là sự biểu hiện liên quan (PttEBI1a/Ptt18S)

Fig.1B minh họa sự biểu hiện hằng ngày được cảm ứng bằng ánh sáng của EBI2 của cây dương từ sự sao chép sinh học PCR trong thời gian thực tế 1. Trục Y là sự biểu hiện liên quan (PttEBI2a/Ptt18S).

Fig.1C minh họa sự biểu hiện hằng ngày được cảm ứng bằng ánh sáng của EBI1 của cây dương từ sự sao chép sinh học PCR trong thời gian thực tế 2. Trục Y là sự biểu hiện liên quan (PttEBI1a/Ptt18S)

Fig.1D minh họa sự biểu hiện được cảm ứng bằng ánh sáng của EBI2 của cây dương từ sự sao chép sinh học PCR trong thời gian thực tế 2. Trục Y là sự biểu hiện liên quan (PttEBI2a/Ptt18S).

Fig.1E minh họa sự biểu hiện hằng ngày của EBI1 của cây dương. Hai trục Y là mức biểu hiện lần lượt của EBI1a và EBI1b. Dữ liệu LDHH thu được từ cơ sở dữ liệu hằng ngày [<http://diurnal.cgrb.oregonstate.edu/>]*

Fig.1F minh họa sự biểu hiện hằng ngày của EBI2a của cây dương. Hai trục Y là mức biểu hiện lần lượt của EBI2a và EBI2b. Dữ liệu LDHH là từ cơ sở dữ liệu hằng ngày.

Trong các hình vẽ từ Fig.1A đến 1F, trục X là thời gian tính theo giờ. Lấy mẫu trong khi nhiệt độ không đổi và chu kỳ sáng và tối được biểu thị lần lượt bởi thanh màu trắng và màu xám.

Fig.1G minh họa sự biểu hiện của EBI1 trong các mô cây dương khác nhau (dữ liệu từ Poplar eFP Browser at <http://bar.utoronto.ca/>).

Fig.1H minh họa sự biểu hiện của EBI2 trong các mô cây dương khác nhau (Poplar eFP Browser).

Trong các hình vẽ từ Fig.1G đến 1H, các mô là lá trưởng thành (M); lá non (L); rễ (R); cây con trồng trong tối bị úa (S); cây con trồng trong tối, bị úa, tiếp xúc với ánh sáng trong 3 giờ (S3); cây con trồng trong sáng liên tục (CS); hoa đuôi sóc cái (FC); hoa đuôi sóc đực (MC) và chất gỗ (X). Trục Y là mức biểu hiện.

Fig.2 thể hiện sự sinh trưởng kéo dài và tỏa tròn trong cây dương chuyển gen trong đó EBI1 (Fig.2A) và EBI2 (Fig.2B), được tách xuống bởi ARN can thiệp. T89 dùng để chỉ cây kiểu dại. Trục Y bên trái là độ cao tính theo cm. Trục Y bên phải là đường kính tính theo mm. Trục X là thời gian tính theo ngày.

Fig.3 minh họa tỉ lệ (thể đột biến/trọng lượng) của sự biểu hiện EBI1 (Fig.3A) và EBI2 (Fig.3B) của cây dương trong các cây chuyển gen, trong đó EBI1 và EBI2, lần lượt được tách xuống bởi ARN can thiệp.

Fig.4 thể hiện mẫu sinh trưởng theo mùa (tỉ lệ đặt chồi ở trục Y, 3= sinh trưởng hoạt tính, 0= ngủ đông) trong các cây dương chuyển gen, trong đó EBI1 (Fig.4A) và EBI2 (Fig.4B), được tách xuống bởi ARN can thiệp. Trục X là thời gian tính theo ngày trong các ngày ngắn.

Mô tả chi tiết sáng chế

Bắt ngờ phát hiện ra rằng các cây có các mức độ thức dậy sớm 1 (EARLY BIRD1-EBI1) và thức dậy sớm 2 (EARLY BIRD2-EBI2) giảm sinh trưởng phiên mã tốt hơn so với các cây kiểu đại. Phenotyp sinh trưởng tỉ lệ nghịch đảo với mức phiên mã được thể hiện (sinh trưởng càng hơn nếu phiên mã càng ít) chỉ ra rằng tác dụng là do sự điều tiết giảm của các phiên mã đích. Gợi ý rằng các gen EBI là hữu dụng làm đích cho sự điều tiết giảm để thu được sự sinh trưởng tăng và tạo ra nhiều sinh khối rừng cây hơn.

Do đó, theo một khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp sản xuất thực vật được biến đổi gen có các đặc tính sinh trưởng được cải thiện so với thực vật kiểu đại không được biến đổi gen tương ứng, phương pháp này bao gồm:

- (a) làm giảm hoặc làm mất lượng hoặc hoạt tính của polypeptit EBI1 hoặc EBI2 trong tế bào thực vật, thực vật hoặc một phần của nó; và
- (b) tạo ra và/hoặc chọn lọc thực vật được biến đổi gen có các đặc tính sinh trưởng được cải thiện so với thực vật kiểu đại không được biến đổi gen tương ứng và sinh trưởng trong các điều kiện mà cho phép sự phát triển của thực vật.

Thuật ngữ “các đặc tính sinh trưởng được cải thiện” nên được hiểu là sự sinh trưởng sơ cấp, bao gồm sự dài của thân và rễ, cũng như sự sinh trưởng thứ cấp của thực vật, bao gồm việc tạo ra mô thứ cấp, “gỗ”, từ tầng phát sinh gỗ và sự tăng về chu vi của thân và rễ. Một cách theo dõi sự sinh trưởng có thể là bằng cách đo độ cao và đường kính của thân và tùy ý tính thể tích của thân và so sánh nó với quần thể kiểu đại hoặc với các cây mẹ đối chứng của thực vật được ưa thích.

Trong một khía cạnh bổ sung, phương pháp theo sáng chế bao gồm các bước bổ sung như sau:

- (c) tự thụ phấn hoặc lai thực vật được biến đổi gen lần lượt với chính nó hoặc thực vật khác, để tạo ra hạt; và
- (d) sinh trưởng thực vật đời con từ hạt này, trong đó thực vật đời con có các đặc tính sinh trưởng được cải thiện.

Tốt hơn là, polypeptit EBI1 này bao gồm miền có ít nhất khoảng 161 axit amin, miền này ít nhất là giống 75%, như giống 80%, 85%, 90%, 95% hoặc 100%, với trình tự axit amin được thể hiện như là SEQ ID NO: 5. Tốt hơn nữa là, polypeptit EBI1 này có trình tự axit amin mà ít nhất là giống 75%, như 80%, 85%, 90%, 95% hoặc 100%, với trình tự được thể hiện như là SEQ ID NO: 2 (EBI1a) hoặc SEQ ID NO: 4 (EBI1b).

Tốt hơn là, polypeptit EBI2 này bao gồm miền có ít nhất khoảng 191 axit amin, miền này ít nhất là giống 75%, như 80%, 85%, 90%, 95% hoặc 100%, với trình tự axit amin được thể hiện như là SEQ ID NO: 10. Tốt hơn nữa là, polypeptit EBI2 này có trình tự axit amin mà ít nhất là giống 75%, như 80%, 85%, 90%, 95% hoặc 100%, với trình tự được thể hiện như là SEQ ID NO: 7 (EBI2a) hoặc SEQ ID NO: 9 (EBI2b).

Trong một khía cạnh khác, sáng chế đề xuất phương pháp như được mô tả trên đây, bao gồm làm giảm hoặc làm mất sự biểu hiện của ít nhất một phân tử axit nucleic, trong đó phân tử này được chọn từ: (a) phân tử axit nucleic ghi mã polypeptit EBI1 hoặc polypeptit EBI2; và (b) phân tử axit nucleic có trình tự axit nucleic được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 1 (EBI1a), SEQ ID NO: 3 (EBI1b), SEQ ID NO: 6 (EBI2a); và SEQ ID NO: 8 (EBI2b).

Tương ứng với sáng chế, phương pháp bao gồm bước biến nạp thêm các tế bào tái tạo được của thực vật với cấu tạo axit nucleic hoặc cấu tạo ADN tái tổ hợp và tái tạo thực vật chuyển gen từ tế bào được biến nạp này. Khi đưa cấu tạo ADN nêu trên hoặc vector vào tế bào thực vật, một số sự xem xét phải được tính đến, là đã được biết rõ đối với các chuyên gia trong lĩnh vực kỹ thuật chuyên ngành. Axit nucleic được thêm vào nên được tập hợp trong cấu tạo mà chứa các thành phần điều tiết hữu hiệu mà điều khiển sự phiên mã, như được mô tả trên đây. Cần phải có sẵn phương pháp vận chuyển cấu tạo này vào tế bào. Một khi cấu tạo này nằm trong tế bào, sự hợp nhất vào chất nhiễm sắc nội sinh có thể xảy ra hoặc không xảy ra.

Các kỹ thuật biến nạp, đã được biết rõ đối với người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này, có thể được sử dụng để đưa các cấu tạo ADN và vector vào các tế bào thực vật để tạo ra các thực vật chuyển gen, cụ thể là các cây chuyển gen, có các đặc tính sinh trưởng được cải thiện.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này biết rõ rằng nhiều tế bào vật chủ khác nhau có thể được sử dụng như là các thể nhận cho các cấu tạo ADN và vectơ theo sáng chế. Các ví dụ không giới hạn về các tế bào vật chủ bao gồm các tế bào trong mô phôi thai, mô thể sản typ I, II, và III, các trụ dưới lá mầm, mô phân sinh, mô rễ, các mô cho sự biểu hiện trong libe, các tán lá, cuống lá và các giống thân.

Như được liệt kê trên đây, sự biến nạp *Agrobacterium* là một phương pháp được sử dụng rộng rãi bởi các người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này để biến nạp các loài cây, cụ thể là các loài gỗ cứng như cây dương. Việc tạo ra các thực vật chuyển gen ổn định, phi nhiễu là thường lệ trong lĩnh vực kỹ thuật chuyên ngành. Các phương pháp khác, như bắn vi gen hoặc bắn hạt, xung điện, vi tiêm, kênh dẫn ADN trực tiếp, kênh dẫn ADN qua trung gian liposom, hoặc phương pháp xoáy có thể được sử dụng nếu việc biến nạp *Agrobacterium* là không hiệu quả hoặc không hữu hiệu, ví dụ, trong một số loài cây hạt trần.

Theo một cách khác, tổ hợp của các kỹ thuật khác nhau có thể được sử dụng để tăng cường hiệu quả của quy trình phiên mã, ví dụ, bắn các vi hạt được phủ *Agrobacterium* hoặc bắn vi gen để cảm ứng cuộn sau đó là kết hợp gieo trồng với *Agrobacterium*.

Nên hiểu rằng, lựa chọn cụ thể về công nghệ phiên mã sẽ được xác định bằng hiệu quả của nó để biến nạp một số loài thực vật cũng như kinh nghiệm và sự ưu tiên của chuyên gia thực hiện sáng chế phương pháp luận lựa chọn cụ thể. Sẽ là rõ ràng với một chuyên gia rằng lựa chọn cụ thể về hệ biến nạp để đưa axit nucleic vào các tế bào thực vật là không cần thiết hoặc giới hạn của sáng chế, cũng không là lựa chọn về kỹ thuật để tái tạo thực vật.

Theo sự biến nạp, các thực vật chuyển gen tốt hơn là được chọn bằng cách sử dụng máy đánh dấu chọn lọc trội được kết hợp vào vectơ biến nạp. Cụ thể là, máy đánh dấu này sẽ tạo tính chống kháng sinh hoặc thuốc diệt cỏ trên các thực vật được biến nạp và việc chọn lọc các thể biến nạp có thể được hoàn thành bằng cách tiếp xúc các thực vật vào nồng độ kháng sinh hoặc thuốc diệt cỏ thích hợp. Máy đánh dấu chọn lọc mới sử dụng dạng D của axit amin và dựa trên thực tế là các thực vật chỉ có

thể dung nạp dạng L tạo ra hệ chọn lọc nhanh, hiệu quả và thân thiện với môi trường. Dấu hiệu ưa thích về hệ chọn lọc này là nó có thể chọn lọc và chọn lọc ngược.

Tiếp theo, thực vật có thể được tái tạo, ví dụ, từ các tế bào đơn, mô thể sần hoặc các tán lá, như là tiêu chuẩn trong lĩnh vực kỹ thuật chuyên ngành. Hầu hết thực vật bất kỳ có thể được tái tạo hoàn toàn từ tế bào, mô và cơ quan của thực vật. Sau khi các thực vật được biến nạp được chọn lọc và sinh trưởng đến khi trưởng thành, các thực vật này thể hiện phenotyp các đặc tính sinh trưởng được thay thế được nhận diện. Ngoài ra, để xác nhận rằng phenotyp này là do các thay đổi về mức biểu hiện hoặc hoạt tính của polypeptit hoặc polynucleotit được bộc lộ ở đây có thể được xác định bằng cách phân tích sự biểu hiện mARN bằng cách sử dụng các thử nghiệm tách Bắc, RT-PCR hoặc dàn siêu nhỏ, hoặc sự biểu hiện protein bằng cách sử dụng các thử nghiệm miễn dịch hoặc thử nghiệm Tây hoặc thử nghiệm dịch chuyển gel.

Do đó, trong một khía cạnh khác phương pháp theo sáng chế bao gồm ít nhất một bước được chọn từ:

- (a) đưa phân tử axit nucleic ghi mã trình tự axit ribonucleic vào ít nhất một tế bào thực vật, mà có thể tạo ra phân tử axit ribonucleic sợi đôi, nhờ đó mảnh có ít nhất 17 nucleotit (như 18, 19, 20 hoặc 21 nucleotit) của phân tử axit ribonucleic sợi đôi này có trình tự axit nucleic có mức độ tương đồng về trình tự ít nhất là 50% (ví dụ 60%, 70%, 80%, 90%, hoặc 95%) so với trình tự axit nucleic của phân tử axit nucleic EBI (tức là EBI1a, EBI1b, EBI2a, hoặc EBI2b);
- (b) đưa ARNi hoặc phân tử axit nucleic đối nghĩa vào ít nhất một tế bào thực vật, nhờ đó ARNi hoặc phân tử axit nucleic đối nghĩa bao gồm mảnh có ít nhất 17 nucleotit (như 18, 19, 20 hoặc 21 nucleotit) có trình tự axit nucleic có mức độ tương đồng về trình tự ít nhất 50% (ví dụ 60%, 70%, 80%, 90%, hoặc 95%) so với trình tự axit nucleic của phân tử axit nucleic EBI;
- (c) đưa cấu tạo axit nucleic có thể tái tổ hợp với và loại bỏ, làm bất hoạt, hoặc làm giảm hoạt tính của gen nội sinh bao gồm phân tử axit nucleic EBI vào ít nhất một tế bào thực vật; và

(d) đưa vào hoặc phát hiện đột biến không cân trong gen nội sinh bao gồm phân tử axit nucleic EBI.

Trong một khía cạnh khác, sáng chế đề xuất phương pháp trong đó làm giảm hoặc làm mất lượng hoặc hoạt tính của polypeptit EBI1 hoặc polypeptit EBI2 gây ra bởi bất kỳ trong số các yếu tố sau:

- (a) đột biến tự nhiên hoặc được cảm ứng trong gen nội sinh của tế bào thực vật, thực vật hoặc một phần của nó;
- (b) sự bất hoạt T-ADN của gen nội sinh;
- (c) gây đột biến gen trực tiếp điểm hoặc nhân giống trực tiếp của gen nội sinh,

trong đó gen nội sinh này bao gồm phân tử axit nucleic EBI.

Trong một khía cạnh được ưu tiên, phương pháp theo sáng chế bao gồm:

- (a) cung cấp vectơ bao gồm: (i) phân tử axit nucleic để đưa vào ít nhất một tế bào thực vật; (ii) phân tử axit nucleic bên sườn bao gồm một hoặc nhiều thành phần điều tiết được hợp nhất vào phân tử axit nucleic, trong đó thành phần điều tiết kiểm soát sự biểu hiện của phân tử axit nucleic này; và
- (b) biến nạp ít nhất một tế bào của thực vật này với vectơ để tạo ra thực vật được biến nạp có các đặc tính sinh trưởng được cải thiện so với thực vật kiểu dại không được biến nạp tương ứng.

Trong một khía cạnh khác, sáng chế đề xuất thực vật được biến đổi gen, cụ thể là chuyển gen, được tạo ra bằng phương pháp như được mô tả trên đây. Tương ứng với sáng chế, thực vật chuyển gen có thể là thực vật lâu năm mà tốt hơn là thực vật lấy gỗ hoặc loài lấy gỗ. Trong một phương án hữu dụng, thực vật lấy gỗ là cây gỗ cứng mà có thể được chọn từ nhóm bao gồm cây keo, cây bạch đàn, cây trăn, cây dẻ, cây gụ, cây óc chó, cây sồi, cây tần bì, cây liễu, cây mại châu, cây bạch dương, cây hạt dẻ, cây dương, cây dương tía, cây thích, cây tiêu huyền, cây bạch quả, cây cọ và cây lấy nhựa ngọt. Các thực vật gỗ cứng từ họ *Salicaceae*, như cây liễu, cây dương và cây dương lá rung bao gồm các biến thể của nó, được ưa thích một cách cụ thể, như là hai nhóm này bao gồm loài cây hoặc cây bụi lấy gỗ sinh trưởng nhanh mà được sinh trưởng đặc hiệu để tạo ra gỗ xây dựng và nhiên liệu sinh học.

Trong các phương án khác, thực vật lấy gỗ là cây lá kim mà có thể được chọn từ nhóm bao gồm cây bách, cây linh sam dograt, cây linh sam, cây củ tùng, cây độc cần, cây tuyết tùng, cây bách xù, cây thông rụng lá, cây thông, cây gỗ đỏ, cây vân sam và cây thủy tùng. Trong các phương án hữu dụng, thực vật lấy gỗ là thực vật có quả mà có thể được chọn từ nhóm bao gồm táo, mận, lê, chuối, cam, kiwi, chanh, anh đào, dứa và sung. Các thực vật lấy gỗ khác mà có thể là hữu dụng trong phương pháp này có thể cũng được chọn từ nhóm bao gồm cây bông, cây tre và cây cao su. Các thực vật khác, mà có thể là hữu dụng là cỏ sinh trưởng để tạo ra sinh khối, ví dụ, cỏ voi và cỏ may.

Sáng chế mở rộng phạm vi đến các tế bào thực vật bất kỳ trong số các thực vật chuyển gen nêu trên thu được bằng các phương pháp được mô tả ở đây, và đến các bộ phận của thực vật, bao gồm các bộ phận thu hoạch được của thực vật, hạt và chồi mầm của nó, và mô cấy của thực vật hoặc mô thực vật. Sáng chế cũng bao hàm thực vật, một phần của nó, tế bào thực vật hoặc đời con thực vật bao gồm cấu tạo ADN theo sáng chế. Sáng chế còn mở rộng phạm vi để bao hàm đời con của tế bào được biến nạp hoặc chuyển nhiễm sơ cấp, mô, cơ quan hoặc toàn bộ thực vật mà được tạo ra bằng phương pháp bất kỳ trong số các phương pháp nêu trên, yêu cầu duy nhất là đời con có cùng (các) đặc tính genotyp và/hoặc phenotyp như đời con được tạo ra từ cây mẹ bằng các phương pháp theo sáng chế.

Do đó, sáng chế đề xuất thực vật được biến đổi gen có các đặc tính sinh trưởng được cải thiện so với thực vật kiểu dại không được biến đổi gen tương ứng, trong đó thực vật này có lượng hoặc hoạt tính của polypeptit EBI1 hoặc EBI2 được làm giảm, và trong đó hệ gen của thực vật này bao gồm sự biến đổi gen được chọn từ bất kỳ trong số các yếu tố sau:

- i) đột biến không câm trong gen nội sinh bao gồm phân tử axit nucleic ghi mã polypeptit EBI1 hoặc EBI2;
- ii) gen chuyển được thêm vào hệ gen này, gen chuyển bao gồm phân tử axit nucleic ghi mã trình tự axit ribonucleic, mà có thể tạo ra phân tử axit ribonucleic sợi đôi, nhờ đó mảnh có ít nhất 17 nucleotit của phân tử axit ribonucleic sợi đôi này có tính tương đồng ít nhất là 50% với phân tử axit nucleic ghi mã polypeptit EBI1 hoặc EBI2;

iii) đột biến trong gen nội sinh bao gồm phân tử axit nucleic ghi mã polypeptit EBI1 hoặc EBI2, được cảm ứng bằng cách đưa cấu tạo axit nucleic có thể tái tổ hợp với và loại bỏ, làm bất hoạt, hoặc làm giảm hoạt tính của gen nội sinh vào ít nhất một tế bào thực vật,

trong đó polypeptit EBI1 này có trình tự axit amin có mức độ tương đồng về trình tự ít nhất là 80% so với trình tự axit amin được chọn trong số SEQ ID NO: 2, 4 và 5, hoặc trong đó polypeptit EBI2 này có trình tự axit amin có mức độ tương đồng về trình tự ít nhất là 80% so với trình tự axit amin được chọn trong số SEQ ID NO: 7, 9 và 10.

Trong một phương án khác, sáng chế đề xuất việc sử dụng các gen EBI1 và EBI2 để nhận diện các thực vật có sự sinh trưởng tăng so với kiểu dại.

Trong một phương án khác, sáng chế đề xuất việc sử dụng các gen EBI1 và EBI2 và polypeptit để nhận diện các chất hữu dụng trong việc ức chế hoạt tính EBI1 hoặc EBI2, theo đó hữu dụng để cải thiện sự sinh trưởng của thực vật.

Trong một phương án khác nữa, sáng chế đề xuất việc sử dụng các gen EBI1 và EBI2 làm các gen tiêu biểu trong máy đánh dấu được hỗ trợ lai giống.

Ví dụ thực hiện sáng chế

Ví dụ 1: mô hình biểu hiện của EBI1 và EBI2

EBI1 và EBI2 xuất hiện để có ánh sáng được cảm ứng và sự biểu hiện hằng ngày với mô hình chu kỳ ngày, ví dụ, EBI2, EBI1 cũng ít rõ ràng hơn, khi được thử nghiệm mỗi bốn giờ trong 48 giờ trong chế độ độ dài ngày 18 giờ sáng/ 6 giờ tối (18°C/18°C) bắt đầu từ 3 giờ trước khi bình minh (Fig.1, hàng 1 và 2; Mỗi sao chép sinh học PCR trong thời gian thực tế 1 và 2, chứa lá được lấy mẫu ở 7-9 đọt từ bốn cây độc lập ở mỗi điểm thời gian) và trong một ngày đêm (Fig.1, hàng 3; <http://diurnal.cgrb.oregonstate.edu/>).

Như được thể hiện trên Fig.1, hàng 4, EBI1 và EBI2 được biểu hiện trong các mô khác nhau như được phát hiện trong Poplar eFP Browser (<http://bar.utoronto.ca/efppop/cgi-bin/efpWeb.cgi>).

Ví dụ 2: sự chuẩn bị và sự sinh trưởng của các thực vật chuyển gen

Khuếch đại các vùng tạo ARNi từ *Populus tremula* x *tremuloides* cADN bằng PCR sử dụng platin pfx ADN polymeraza (Invitrogen, Carlsbad, CA, USA) theo sơ tay sản xuất với các thiết lập cơ bản sau:

PttEBI2

Xuôi: 5'-CACCGCGGCCGCCCCATCTCGTGTGATTGGC-3' (SEQ ID NO: 11);

Ngược: 5'-CTTCCACGAAGTTCCTTCAGAG-3' (SEQ ID NO: 12);

PttEBI1

Xuôi: 5'-CACCGCGGCCGCGGACTTGGACTTCTTCCT-3' (SEQ ID NO: 13);

Ngược: 5'-GATTCGTGGATGTCTTCTTCTGTG-3' (SEQ ID NO: 14).

Sử dụng các cấu tạo EBI1 để điều tiết giảm EPI1a và EPI1b, và sử dụng các cấu tạo EBI2 để điều tiết giảm EBI2a và EBI2b.

Tách dòng các sản phẩm PCR trong vectơ pENTR™/SD/D-TOPO® (Invitrogen, Carlsbad, CA, USA). Để loại bỏ vùng tạo không hữu hiệu từ vectơ pENTR™/SD/D-TOPO®, phân loại các vectơ này bằng *NotI* và tự thất. Đưa các vectơ vào vào tạo trình tự dideoxy-nucleotit và sử dụng trong phản ứng LR-Gateway (Invitrogen, Carlsbad, CA, USA) với vectơ đích, pANDA35HK. Tiếp theo, sử dụng sự biến nạp qua trung gian *Agrobacterium* để biến nạp cây dương lá rung lai, *Populus tremula* L. x *P. tremuloides* Mich. Biến nạp dòng vô tính T89 và tái tạo theo phương pháp đã được biết trong lĩnh vực kỹ thuật này.

Trồng dòng cây dương chuyển gen cùng với các cây đối chứng hoang dại của chúng, trong buồng sinh trưởng trong chu kỳ sáng là 18 giờ và nhiệt độ là 18°C/18°C (ngày/đêm). Làm màu mỡ các thực vật này hằng tuần bằng Weibulls Rika S NPK 7-1-5 được pha loãng từ 1 đến 100 (nồng độ cuối cùng NO₃, 55g/l; NH₄, 29g/l; P, 12g/l; K, 56g/l; Mg 7,2g/l; S, 7,2g/l; B, 0,18g/l; Cu, 0,02g/l; Fe, 0,84g/l; Mn, 0,42g/l; Mo, 0,03g/l; Zn, 0,13g/L). Đo độ cao và đường kính và sử dụng để phân tích sự sinh trưởng.

Việc tách EBI1 và EBI2 ra dẫn đến việc các cây chuyển gen gia tăng về cả độ dài cũng như sinh trưởng tỏa tròn so với T89 kiểu dại (Fig.2 và Bảng I).

Như được thể hiện trên Bảng I, một số cây chuyển gen EBI1 thể hiện chỉ số sinh trưởng khối lượng tăng 25-28% và độ cao tăng 5-13%. Một số cây chuyển gen EBI2 thể hiện chỉ số sinh trưởng khối lượng 15-36% và độ cao tăng 6-14%.

Bảng I

Các tỉ lệ là trung bình của các sao chép dòng chuyển gen chia cho trung bình các trị số trọng lượng.

Chỉ số khối lượng được tính là (đường kính x đường kính x độ cao). Các trị số thử nghiệm t thể hiện trị số p.

Genotyp	Tỉ lệ chỉ số khối lượng	Chỉ số khối lượng thử nghiệm t	Tỉ lệ độ cao	Độ cao thử nghiệm t	Tỉ lệ đường kính	Đường kính thử nghiệm t
ARNiEB11 #1	1,12	0,14875	1,02	0,25863	1,05	0,1909
ARNiEB11 #2	1,12	0,099	1,05	0,0016	1,03	0,31235
ARNiEB11 #3	1,25	0,01158	1,13	0,00015	1,05	0,17114
ARNiEB11 #4	1,28	0,01273	1,11	0,00427	1,07	0,06444
ARNiEBI2 #10	0,95	0,50156	0,93	0,0123	1,01	0,70251
ARNiEBI2 #11	1,01	0,95361	1,00	0,86388	1,00	1,0000
ARNiEBI2 #5	0,98	0,81686	1,02	0,51223	0,98	0,62944
ARNiEBI2 #6	1,36	0,00414	1,14	0,00024	1,09	0,03644
ARNiEBI2 #7	1,00	0,99839	1,05	0,20109	0,97	0,5426
ARNiEBI2 #8	1,15	0,17487	1,06	0,01953	1,04	0,36861

Mức biểu hiện gen ăn nhập tốt với phenotyp được quan sát (Fig.3). Không quan sát thấy có tác dụng tiêu cực về mô hình sinh trưởng theo mùa, ví dụ, sự đặt chồi (Fig.4)

YÊU CẦU BẢO HỘ

1. Phương pháp sản xuất thực vật được biến đổi gen có các đặc tính sinh trưởng được cải thiện so với thực vật kiểu đại không được biến đổi gen tương ứng, trong đó phương pháp này bao gồm các bước:

a. làm giảm hoặc làm mất lượng hoặc hoạt tính của polypeptit EBI1 hoặc EBI2 trong tế bào thực vật, thực vật hoặc một phần của nó; và

b. tạo ra và/hoặc chọn lọc thực vật được biến đổi gen có các đặc tính sinh trưởng được cải thiện so với thực vật kiểu đại không được biến đổi gen tương ứng và sinh trưởng trong các điều kiện mà cho phép sự phát triển của thực vật.

2. Phương pháp theo điểm 1, các bước của phương pháp này còn bao gồm:

c. tự thụ phấn hoặc lai thực vật được biến đổi gen với lần lượt chính nó hoặc thực vật khác, để tạo ra hạt; và

d. sinh trưởng thực vật đời con từ hạt này, trong đó thực vật đời con này có các đặc tính sinh trưởng được cải thiện.

3. Phương pháp theo điểm 1 hoặc 2, trong đó polypeptit này là polypeptit EBI1 bao gồm miền có ít nhất khoảng 161 axit amin, miền này ít nhất là giống 80% với trình tự axit amin được thể hiện như là SEQ ID NO: 5.

4. Phương pháp theo điểm 3, trong đó polypeptit EBI1 này có trình tự axit amin có mức độ tương đồng về trình tự ít nhất là 80% so với trình tự axit amin được chọn từ SEQ ID NO: 2 và 4.

5. Phương pháp theo điểm 4, trong đó polypeptit EBI1 này có trình tự axit amin được chọn từ SEQ ID NO: 2 và 4.

6. Phương pháp theo điểm 1 hoặc 2, trong đó polypeptit này là polypeptit EBI2 bao gồm miền có ít nhất khoảng 191 axit amin, miền này giống ít nhất là 80% với trình tự axit amin được thể hiện như là SEQ ID NO: 10.

7. Phương pháp theo điểm 6, trong đó kiểu phụ này là polypeptit EBI2 và trong đó trình tự axit amin của polypeptit có mức độ tương đồng về trình tự ít nhất là 80% so với trình tự axit amin được chọn từ SEQ ID NO: 7 và 9.

8. Phương pháp theo điểm 7, trong đó polypeptit EBI2 này có trình tự axit amin được chọn từ SEQ ID NO: 7 và 9.

9. Phương pháp theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 1 đến 8, bao gồm việc làm giảm hoặc làm mất sự biểu hiện của ít nhất một phân tử axit nucleic, trong đó phân tử này được chọn từ:

- a. phân tử axit nucleic ghi mã polypeptit EBI1 hoặc polypeptit EBI2; và
- b. phân tử axit nucleic có trình tự axit nucleic được chọn từ nhóm bao gồm SEQ ID NO: 1, 3, 6 và 8.

10. Phương pháp theo điểm 9, trong đó phương pháp này bao gồm ít nhất một bước được chọn trong số:

- a. đưa phân tử axit nucleic ghi mã trình tự axit ribonucleic vào ít nhất một tế bào thực vật, mà có thể tạo ra phân tử axit ribonucleic sợi đôi, nhờ đó mảnh có ít nhất 17 nucleotit của phân tử axit ribonucleic sợi đôi này có trình tự axit nucleic có mức độ tương đồng về trình tự ít nhất là 50% so với trình tự axit nucleic như được mô tả trong điểm 9;

- b. đưa ARNi hoặc phân tử axit nucleic đối nghĩa vào ít nhất một tế bào thực vật, nhờ đó ARNi hoặc phân tử axit nucleic đối nghĩa này bao gồm mảnh có ít nhất 17 nucleotit có trình tự axit nucleic có mức độ tương đồng về trình tự ít nhất là 50% so với trình tự axit nucleic như được mô tả trong điểm 9;

- c. đưa cấu tạo axit nucleic có thể tái tổ hợp với và loại bỏ, làm bất hoạt, hoặc làm giảm hoạt tính của gen nội sinh bao gồm phân tử axit nucleic như được mô tả trong điểm 9 vào ít nhất một tế bào thực vật; và

- d. đưa vào hoặc phát hiện đột biến không cam trong gen nội sinh bao gồm phân tử axit nucleic như được mô tả trong điểm 9.

11. Phương pháp theo điểm 9, trong đó việc làm giảm hoặc làm mất lượng hoặc hoạt tính của polypeptit EBI1 hoặc polypeptit EBI2 gây ra bởi yếu tố bất kỳ trong số các yếu tố sau:

- a. đột biến tự nhiên hoặc được cảm ứng trong gen nội sinh của tế bào thực vật, thực vật hoặc một phần của nó;

- b. sự bất hoạt T-ADN của gen nội sinh;

c. sự đột biến gen trực tiếp điểm hoặc nhân giống trực tiếp của gen nội sinh, trong đó gen nội sinh này bao gồm phân tử axit nucleic như được mô tả trong điểm 9.

12. Phương pháp theo điểm 9 hoặc 10, phương pháp này bao gồm:

a. tạo ra vector bao gồm: (i) phân tử axit nucleic để đưa vào ít nhất một tế bào thực vật; (ii) phân tử axit nucleic bên sườn bao gồm một hoặc nhiều thành phần điều tiết được hợp nhất vào phân tử axit nucleic này, trong đó các thành phần điều tiết này kiểm soát sự biểu hiện của phân tử axit nucleic; và

b. biến nạp ít nhất một tế bào của thực vật này với vector để tạo ra thực vật được biến nạp có các đặc tính sinh trưởng được cải thiện so với thực vật kiểu dại không được biến nạp tương ứng.

13. Phương pháp theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 1 đến 12, trong đó thực vật là thực vật lấy gỗ lâu năm.

14. Phương pháp theo điểm 13, trong đó thực vật là cây gỗ cứng được chọn từ nhóm bao gồm cây keo, cây bạch đàn, cây trăn, cây dẻ, cây gụ, cây óc chó, cây sồi, cây tần bì, cây liễu, cây mại châu, cây bạch dương, cây hạt dẻ, cây dương, cây dương tía, cây dương lá rung, cây thích, cây tiêu huyền, cây bạch quả, cây cọ và cây lấy nhựa ngọt.

15. Thực vật được biến đổi gen được tạo ra bởi phương pháp theo điểm bất kỳ trong số các điểm từ 1 đến 14.

16. Thực vật được biến đổi gen có các đặc tính sinh trưởng được cải thiện so với thực vật kiểu dại không được biến đổi gen tương ứng, trong đó thực vật này có lượng hoặc hoạt tính của polypeptit EBI1 hoặc EBI2 được làm giảm, và trong đó hệ gen của thực vật này bao gồm sự biến đổi gen được chọn từ yếu tố bất kỳ trong số:

i) đột biến không câm trong gen nội sinh bao gồm phân tử axit nucleic ghi mã polypeptit EBI1 hoặc EBI2;

ii) gen chuyển được thêm vào hệ gen này, gen chuyển này bao gồm phân tử axit nucleic ghi mã trình tự axit ribonucleic, mà có thể tạo ra phân tử axit ribonucleic sợi đôi, nhờ đó mảnh có ít nhất 17 nucleotit của phân tử axit ribonucleic sợi đôi này có tính tương đồng ít nhất là 50% với phân tử axit nucleic ghi mã polypeptit EBI1 hoặc EBI2;

iii) đột biến trong gen nội sinh bao gồm phân tử axit nucleic ghi mã polypeptit EBI1 hoặc EBI2, được cảm ứng bằng cách đưa cấu tạo axit nucleic mà có thể tái tổ hợp với và loại bỏ, làm bất hoạt, hoặc làm giảm hoạt tính của gen nội sinh vào ít nhất một tế bào thực vật,

trong đó polypeptit EBI1 này có mức độ tương đồng về trình tự axit amin ít nhất 80% so với trình tự axit amin được chọn từ trong số SEQ ID NO: 2, 4 và 5, hoặc trong đó polypeptit EBI2 này có mức độ tương đồng về trình tự axit amin ít nhất 80% so với trình tự được chọn từ trong số SEQ ID NO: 7, 9 và 10.

Danh mục trình tự

<110> SWETREE TECHNOLOGIES AB

<120> PHƯƠNG PHÁP SẢN XUẤT THỰC VẬT LẤY GỖ ĐƯỢC BIẾN ĐỔI GEN VÀ THỰC VẬT LẤY GỖ BIẾN ĐỔI GEN CÓ CÁC ĐẶC TÍNH SINH TRƯỞNG ĐƯỢC CẢI THIẾN

<130> P41201461

<160> 14

<170> PatentIn phiên bản 3.5

<210> 1

<211> 2709

<212> ADN

<213> Populus trichocarpa

<220>

<221> CDS

<222> (37)..(2706)

<400> 1

```

cagccaaatc aaaccaccca ccccgaaat cggaaa atg tcc tcc gcc ctt ggc      54
                                   Met Ser Ser Ala Leu Gly
                                   1      5

tac cac cat cac cac cac cta caa caa gaa caa caa caa caa caa cag      102
Tyr His His His His His Leu Gln Gln Glu Gln Gln Gln Gln Gln Gln
                                   10      15      20

aaa ccc ttc tcc gac tcc gat tcc tac tcc gac tcc gac tcc gac acc      150
Lys Pro Phe Ser Asp Ser Asp Ser Tyr Ser Asp Ser Asp Ser Asp Thr
                                   25      30      35

acc aac agc caa aac caa cac tcc gca gat ctc aca aac tca atc ttc      198
Thr Asn Ser Gln Asn Gln His Ser Ala Asp Leu Thr Asn Ser Ile Phe
                                   40      45      50

aaa tcc tac ttc gaa cac gcc aac cac caa tcc tta caa cca acg caa      246
Lys Ser Tyr Phe Glu His Ala Asn His Gln Ser Leu Gln Pro Thr Gln
                                   55      60      65      70

cac gac cta acc aaa atc aaa tcc ttc cta acc tcc tcc tcc tct ggc      294
His Asp Leu Thr Lys Ile Lys Ser Phe Leu Thr Ser Ser Ser Ser Gly
                                   75      80      85

gct cta tca tgt ctc atc tgt ctc gaa cgc atc aaa acc tcc gat ccg      342
Ala Leu Ser Cys Leu Ile Cys Leu Glu Arg Ile Lys Thr Ser Asp Pro
                                   90      95      100

acc tgg tct tgc act tct ctc tgc tac gcc gtt ttc cac ctt atc tgt      390
Thr Trp Ser Cys Thr Ser Leu Cys Tyr Ala Val Phe His Leu Ile Cys
                                   105      110      115

atc caa tcc tgg gct cgc caa gcc tcc gat ctc tcc gct ctt cga gcc      438
Ile Gln Ser Trp Ala Arg Gln Ala Ser Asp Leu Ser Ala Leu Arg Ala
                                   120      125      130

tcc acg cgc ctc cct atc tcc tct gat aaa gcc gct gaa tcc tcc acc      486
Ser Thr Arg Leu Pro Ile Ser Ser Asp Lys Ala Ala Glu Ser Ser Thr
                                   135      140      145      150

```

tgg aat tgc cct aaa tgc cgc tct gat tat tct aga tct aaa atc ccc	534
Trp Asn Cys Pro Lys Cys Arg Ser Asp Tyr Ser Arg Ser Lys Ile Pro	
155 160 165	
aga aat tac ctc tgt ttc tgt ggc aaa gtc gaa aat cca cca aat gat	582
Arg Asn Tyr Leu Cys Phe Cys Gly Lys Val Glu Asn Pro Pro Asn Asp	
170 175 180	
cct tgg att tta tcc cat tct tgc ggt gaa atc tgt aac cgt cag ttg	630
Pro Trp Ile Leu Ser His Ser Cys Gly Glu Ile Cys Asn Arg Gln Leu	
185 190 195	
aag aat aac tgc ggt cat tgc tgt ttg tta ctt tgc cat ccc ggt ccc	678
Lys Asn Asn Cys Gly His Cys Cys Leu Leu Leu Cys His Pro Gly Pro	
200 205 210	
tgc cca tct tgc ccg aaa ctt gtc aaa gcg aca tgt ttt tgc ggc aaa	726
Cys Pro Ser Cys Pro Lys Leu Val Lys Ala Thr Cys Phe Cys Gly Lys	
215 220 225 230	
acg acg gat gtt aag cgt tgc ggt tac aaa tta ttt tct tgt aac aat	774
Thr Thr Asp Val Lys Arg Cys Gly Tyr Lys Leu Phe Ser Cys Asn Asn	
235 240 245	
att tgt aaa aaa tca tta gat tgc ggg att cat agc tgt aaa caa att	822
Ile Cys Lys Lys Ser Leu Asp Cys Gly Ile His Ser Cys Lys Gln Ile	
250 255 260	
tgt cac gat gga ccc tgc ccg ccg tgt aat gcc cgc ggg gtt tat aaa	870
Cys His Asp Gly Pro Cys Pro Pro Cys Asn Ala Arg Gly Val Tyr Lys	
265 270 275	
tgt tca tgt gga agg aaa gtt gag gag agg gag tgt tgt gag aga gaa	918
Cys Ser Cys Gly Arg Lys Val Glu Glu Arg Glu Cys Cys Glu Arg Glu	
280 285 290	
ttt aga tgt gag aat ccc tgt gag aaa ttg tta gcc tgc gga aaa cat	966
Phe Arg Cys Glu Asn Pro Cys Glu Lys Leu Leu Ala Cys Gly Lys His	
295 300 305 310	
gtg tgt gag agg ggg tgc cat ttt ggg gag tgt gga gat tgt cct ctt	1014
Val Cys Glu Arg Gly Cys His Phe Gly Glu Cys Gly Asp Cys Pro Leu	
315 320 325	
caa ggg aag aga gca tgt cca tgc ggg aag aga ctc tat gaa gga atg	1062
Gln Gly Lys Arg Ala Cys Pro Cys Gly Lys Arg Leu Tyr Glu Gly Met	
330 335 340	
gct tgt gat att gtt gtg ccg ctt tgt ggt ggt acc tgt gat aaa atg	1110
Ala Cys Asp Ile Val Val Pro Leu Cys Gly Gly Thr Cys Asp Lys Met	
345 350 355	
ttg agt tgt ggt ttc cat agg tgc cac gag aga tgt cat cga ggg cct	1158
Leu Ser Cys Gly Phe His Arg Cys His Glu Arg Cys His Arg Gly Pro	
360 365 370	
tgc att gag act tgt cga att gtt gtc acc aag ttg tgt agg tgt ggg	1206
Cys Ile Glu Thr Cys Arg Ile Val Val Thr Lys Leu Cys Arg Cys Gly	
375 380 385 390	
ggg atg aag aaa gag gtt cct tgc tat caa gat ttg gca tgt gag agg	1254
Gly Met Lys Lys Glu Val Pro Cys Tyr Gln Asp Leu Ala Cys Glu Arg	

395	400	405	
aag tgt caa aga atg aga gat tgt gga cga cat gct tgt aaa cgt cgc Lys Cys Gln Arg Met Arg Asp Cys Gly Arg His Ala Cys Lys Arg Arg 410 415 420			1302
tgc tgt gat ggg gac tgt ccg cca tgt gga gag att tgc ggc aag agg Cys Cys Asp Gly Asp Cys Pro Pro Cys Gly Glu Ile Cys Gly Lys Arg 425 430 435			1350
ctt cgg tgt aag aat cac aag tgt cct gcc ccg tgt cat cga ggt gcc Leu Arg Cys Lys Asn His Lys Cys Pro Ala Pro Cys His Arg Gly Ala 440 445 450			1398
tgt tct cct tgt cct gta atg ttt aca att tca tgt gct tgt gga gag Cys Ser Pro Cys Pro Val Met Phe Thr Ile Ser Cys Ala Cys Gly Glu 455 460 465 470			1446
act cat ttt gag gtt ccc tgt ggc act gag aaa gac caa aag cct cca Thr His Phe Glu Val Pro Cys Gly Thr Glu Lys Asp Gln Lys Pro Pro 475 480 485			1494
aaa tgt cgt aaa tca tgt gga ata tct cct tta tgc cga cat gga tca Lys Cys Arg Lys Ser Cys Gly Ile Ser Pro Leu Cys Arg His Gly Ser 490 495 500			1542
gat tct aag cca cac aaa tgc cat tat ggg gca tgc cct cct tgt cga Asp Ser Lys Pro His Lys Cys His Tyr Gly Ala Cys Pro Pro Cys Arg 505 510 515			1590
ttg ctt tgt gat gaa gaa tac cca tgc agc cat aag tgc aaa tta agg Leu Leu Cys Asp Glu Glu Tyr Pro Cys Ser His Lys Cys Lys Leu Arg 520 525 530			1638
tgc cac ggc ccc aga cca cct cct aat cca gat ttc aca ttg agg cca Cys His Gly Pro Arg Pro Pro Pro Asn Pro Asp Phe Thr Leu Arg Pro 535 540 545 550			1686
aag aaa aag aaa cca aat cat cag agt gaa agt aca cca gga acc cca Lys Lys Lys Lys Pro Asn His Gln Ser Glu Ser Thr Pro Gly Thr Pro 555 560 565			1734
tgc cct cct tgc cct gaa ctt gtt tgg agg cca tgt ctt ggc cag cac Cys Pro Pro Cys Pro Glu Leu Val Trp Arg Pro Cys Leu Gly Gln His 570 575 580			1782
att gga gca gag aga atg atg gtc tgc tca aac aga acc caa ttt tcc Ile Gly Ala Glu Arg Met Met Val Cys Ser Asn Arg Thr Gln Phe Ser 585 590 595			1830
tgt gaa aat ctg tgt ggg agc cct ctt tct tgt ggc aat cat tat tgt Cys Glu Asn Leu Cys Gly Ser Pro Leu Ser Cys Gly Asn His Tyr Cys 600 605 610			1878
aca aaa act tgc cat gca ctg aag agc cag tct tca act tca ttg gtt Thr Lys Thr Cys His Ala Leu Lys Ser Gln Ser Ser Thr Ser Leu Val 615 620 625 630			1926
caa cat aaa aga agc gag tct tgt gaa gag tgt cat ctt cct tgt gaa Gln His Lys Arg Ser Glu Ser Cys Glu Glu Cys His Leu Pro Cys Glu 635 640 645			1974
aag gaa cgg aaa cct gct tgt cga cat tct tgc cct cta cca tgt cat			2022

Lys	Glu	Arg	Lys	Pro	Ala	Cys	Arg	His	Ser	Cys	Pro	Leu	Pro	Cys	His		
			650					655					660				
cct	ggg	gac	tgc	cct	cct	tgc	aaa	gtt	ctt	gtg	aaa	cga	tct	tgt	tat		2070
Pro	Gly	Asp	Cys	Pro	Pro	Cys	Lys	Val	Leu	Val	Lys	Arg	Ser	Cys	Tyr		
		665					670					675					
tgt	ggt	tct	atg	gtc	cac	gtt	ttt	gag	tgc	ata	tat	tac	aat	aac	ttg		2118
Cys	Gly	Ser	Met	Val	His	Val	Phe	Glu	Cys	Ile	Tyr	Tyr	Asn	Asn	Leu		
	680					685					690						
tca	gaa	aag	gag	caa	atg	gct	gct	cgt	tca	tgt	ggt	gga	tct	tgc	cat		2166
Ser	Glu	Lys	Glu	Gln	Met	Ala	Ala	Arg	Ser	Cys	Gly	Gly	Ser	Cys	His		
	695				700					705					710		
agg	aaa	ttg	cct	aat	tgt	aca	cat	tta	tgt	ccc	aag	aca	tgt	cat	cca		2214
Arg	Lys	Leu	Pro	Asn	Cys	Thr	His	Leu	Cys	Pro	Lys	Thr	Cys	His	Pro		
				715				720						725			
ggt	caa	tgc	cca	tca	cct	gac	aag	tgc	gcc	aaa	aag	gtc	act	gtt	cgt		2262
Gly	Gln	Cys	Pro	Ser	Pro	Asp	Lys	Cys	Ala	Lys	Lys	Val	Thr	Val	Arg		
			730					735					740				
tgt	caa	tgc	caa	acc	ttg	aaa	aag	gag	atg	cca	tgt	caa	gag	gtt	caa		2310
Cys	Gln	Cys	Gln	Thr	Leu	Lys	Lys	Glu	Met	Pro	Cys	Gln	Glu	Val	Gln		
		745				750						755					
gca	gcc	tat	cac	aaa	gca	ggt	tcc	gat	ccc	aaa	gat	ata	tct	aaa	agt		2358
Ala	Ala	Tyr	His	Lys	Ala	Gly	Ser	Asp	Pro	Lys	Asp	Ile	Ser	Lys	Ser		
	760					765					770						
cat	ttt	gga	ctt	gga	ctt	ctt	cct	tgc	aat	tct	ggt	tgc	aag	agt	aaa		2406
His	Phe	Gly	Leu	Gly	Leu	Leu	Pro	Cys	Asn	Ser	Gly	Cys	Lys	Ser	Lys		
	775				780					785					790		
gca	cag	gtt	gtg	gat	cag	gaa	ttg	cat	ttg	cgt	aaa	tcc	aaa	gac	ctg		2454
Ala	Gln	Val	Val	Asp	Gln	Glu	Leu	His	Leu	Arg	Lys	Ser	Lys	Asp	Leu		
				795					800					805			
gag	gag	aag	gtt	cca	gcc	act	gaa	att	cat	cca	ccg	aag	cgc	cga	aaa		2502
Glu	Glu	Lys	Val	Pro	Ala	Thr	Glu	Ile	His	Pro	Pro	Lys	Arg	Arg	Lys		
			810					815					820				
cgg	cgt	gaa	cat	tta	caa	gaa	aca	aag	aag	acc	tca	caa	ctg	cag	aaa		2550
Arg	Arg	Glu	His	Leu	Gln	Glu	Thr	Lys	Lys	Thr	Ser	Gln	Leu	Gln	Lys		
		825					830					835					
att	gct	gcc	acc	atg	aag	tgg	ctt	ctt	gta	ata	gtc	acc	ctt	atg	gtg		2598
Ile	Ala	Ala	Thr	Met	Lys	Trp	Leu	Leu	Val	Ile	Val	Thr	Leu	Met	Val		
	840					845					850						
act	atg	gtg	gca	got	gca	tat	ttc	ggt	tac	aaa	ggt	ctc	att	tgg	ctc		2646
Thr	Met	Val	Ala	Ala	Ala	Tyr	Phe	Gly	Tyr	Lys	Gly	Leu	Ile	Trp	Leu		
	855				860					865					870		
tcc	gat	tgg	atg	aat	gaa	gtt	gaa	gag	caa	caa	aga	cac	aga	aga	aga		2694
Ser	Asp	Trp	Met	Asn	Glu	Val	Glu	Glu	Gln	Gln	Arg	His	Arg	Arg	Arg		
				875					880					885			
cat	cca	cga	atc	taa													2709
His	Pro	Arg	Ile														
			890														

<210> 2
 <211> 890
 <212> PRT
 <213> Populus trichocarpa

<400> 2

Met Ser Ser Ala Leu Gly Tyr His His His His His Leu Gln Gln Glu
 1 5 10 15

Gln Gln Gln Gln Gln Gln Lys Pro Phe Ser Asp Ser Asp Ser Tyr Ser
 20 25 30

Asp Ser Asp Ser Asp Thr Thr Asn Ser Gln Asn Gln His Ser Ala Asp
 35 40 45

Leu Thr Asn Ser Ile Phe Lys Ser Tyr Phe Glu His Ala Asn His Gln
 50 55 60

Ser Leu Gln Pro Thr Gln His Asp Leu Thr Lys Ile Lys Ser Phe Leu
 65 70 75 80

Thr Ser Ser Ser Ser Gly Ala Leu Ser Cys Leu Ile Cys Leu Glu Arg
 85 90 95

Ile Lys Thr Ser Asp Pro Thr Trp Ser Cys Thr Ser Leu Cys Tyr Ala
 100 105 110

Val Phe His Leu Ile Cys Ile Gln Ser Trp Ala Arg Gln Ala Ser Asp
 115 120 125

Leu Ser Ala Leu Arg Ala Ser Thr Arg Leu Pro Ile Ser Ser Asp Lys
 130 135 140

Ala Ala Glu Ser Ser Thr Trp Asn Cys Pro Lys Cys Arg Ser Asp Tyr
 145 150 155 160

Ser Arg Ser Lys Ile Pro Arg Asn Tyr Leu Cys Phe Cys Gly Lys Val
 165 170 175

Glu Asn Pro Pro Asn Asp Pro Trp Ile Leu Ser His Ser Cys Gly Glu
 180 185 190

Ile Cys Asn Arg Gln Leu Lys Asn Asn Cys Gly His Cys Cys Leu Leu
 195 200 205

Leu Cys His Pro Gly Pro Cys Pro Ser Cys Pro Lys Leu Val Lys Ala
 210 215 220

Thr Cys Phe Cys Gly Lys Thr Thr Asp Val Lys Arg Cys Gly Tyr Lys
 225 230 235 240

Leu Phe Ser Cys Asn Asn Ile Cys Lys Lys Ser Leu Asp Cys Gly Ile
 245 250 255

His Ser Cys Lys Gln Ile Cys His Asp Gly Pro Cys Pro Pro Cys Asn
 260 265 270

Ala Arg Gly Val Tyr Lys Cys Ser Cys Gly Arg Lys Val Glu Glu Arg
 275 280 285

Glu Cys Cys Glu Arg Glu Phe Arg Cys Glu Asn Pro Cys Glu Lys Leu
 290 295 300

Leu Ala Cys Gly Lys His Val Cys Glu Arg Gly Cys His Phe Gly Glu
 305 310 315 320

Cys Gly Asp Cys Pro Leu Gln Gly Lys Arg Ala Cys Pro Cys Gly Lys
 325 330 335

Arg Leu Tyr Glu Gly Met Ala Cys Asp Ile Val Val Pro Leu Cys Gly
 340 345 350

Gly Thr Cys Asp Lys Met Leu Ser Cys Gly Phe His Arg Cys His Glu
 355 360 365

Arg Cys His Arg Gly Pro Cys Ile Glu Thr Cys Arg Ile Val Val Thr
 370 375 380

Lys Leu Cys Arg Cys Gly Gly Met Lys Lys Glu Val Pro Cys Tyr Gln
 385 390 395 400

Asp Leu Ala Cys Glu Arg Lys Cys Gln Arg Met Arg Asp Cys Gly Arg
 405 410 415

His Ala Cys Lys Arg Arg Cys Cys Asp Gly Asp Cys Pro Pro Cys Gly
 420 425 430

Glu Ile Cys Gly Lys Arg Leu Arg Cys Lys Asn His Lys Cys Pro Ala
 435 440 445

Pro Cys His Arg Gly Ala Cys Ser Pro Cys Pro Val Met Phe Thr Ile
 450 455 460

Ser Cys Ala Cys Gly Glu Thr His Phe Glu Val Pro Cys Gly Thr Glu
 465 470 475 480

Lys Asp Gln Lys Pro Pro Lys Cys Arg Lys Ser Cys Gly Ile Ser Pro
 485 490 495

Leu Cys Arg His Gly Ser Asp Ser Lys Pro His Lys Cys His Tyr Gly
 500 505 510

Ala Cys Pro Pro Cys Arg Leu Leu Cys Asp Glu Glu Tyr Pro Cys Ser
 515 520 525

His Lys Cys Lys Leu Arg Cys His Gly Pro Arg Pro Pro Pro Asn Pro
 530 535 540

Asp Phe Thr Leu Arg Pro Lys Lys Lys Lys Pro Asn His Gln Ser Glu
 545 550 555 560

Ser Thr Pro Gly Thr Pro Cys Pro Pro Cys Pro Glu Leu Val Trp Arg
 565 570 575

Pro Cys Leu Gly Gln His Ile Gly Ala Glu Arg Met Met Val Cys Ser
 580 585 590

Asn Arg Thr Gln Phe Ser Cys Glu Asn Leu Cys Gly Ser Pro Leu Ser
 595 600 605

Cys Gly Asn His Tyr Cys Thr Lys Thr Cys His Ala Leu Lys Ser Gln
 610 615 620

Ser Ser Thr Ser Leu Val Gln His Lys Arg Ser Glu Ser Cys Glu Glu
 625 630 635 640

Cys His Leu Pro Cys Glu Lys Glu Arg Lys Pro Ala Cys Arg His Ser
 645 650 655

Cys Pro Leu Pro Cys His Pro Gly Asp Cys Pro Pro Cys Lys Val Leu
 660 665 670

Val Lys Arg Ser Cys Tyr Cys Gly Ser Met Val His Val Phe Glu Cys
 675 680 685

Ile Tyr Tyr Asn Asn Leu Ser Glu Lys Glu Gln Met Ala Ala Arg Ser
 690 695 700

Cys Gly Gly Ser Cys His Arg Lys Leu Pro Asn Cys Thr His Leu Cys
 705 710 715 720

Pro Lys Thr Cys His Pro Gly Gln Cys Pro Ser Pro Asp Lys Cys Ala

725

730

735

Lys Lys Val Thr Val Arg Cys Gln Cys Gln Thr Leu Lys Lys Glu Met
740 745 750

Pro Cys Gln Glu Val Gln Ala Ala Tyr His Lys Ala Gly Ser Asp Pro
755 760 765

Lys Asp Ile Ser Lys Ser His Phe Gly Leu Gly Leu Leu Pro Cys Asn
770 775 780

Ser Gly Cys Lys Ser Lys Ala Gln Val Val Asp Gln Glu Leu His Leu
785 790 795 800

Arg Lys Ser Lys Asp Leu Glu Glu Lys Val Pro Ala Thr Glu Ile His
805 810 815

Pro Pro Lys Arg Arg Lys Arg Arg Glu His Leu Gln Glu Thr Lys Lys
820 825 830

Thr Ser Gln Leu Gln Lys Ile Ala Ala Thr Met Lys Trp Leu Leu Val
835 840 845

Ile Val Thr Leu Met Val Thr Met Val Ala Ala Ala Tyr Phe Gly Tyr
850 855 860

Lys Gly Leu Ile Trp Leu Ser Asp Trp Met Asn Glu Val Glu Glu Gln
865 870 875 880

Gln Arg His Arg Arg Arg His Pro Arg Ile
885 890

<210> 3
<211> 1692
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1689)

<400> 3
atg ctc acg tgg ata aca cgt gac ttc att acc ccg ccc ctt gtt cgt 48
Met Leu Thr Trp Ile Thr Arg Asp Phe Ile Thr Pro Pro Leu Val Arg
1 5 10 15
tct tca atg cca gcc gaa cca aac ccc act cca gtt cca ctg ctc cag 96
Ser Ser Met Pro Ala Glu Pro Asn Pro Thr Pro Val Pro Leu Leu Gln
20 25 30
agt cca gct ccc caa att ctg aaa tgt cct ctg ccc aca gcc acc atc 144

Ser	Pro	Ala	Pro	Gln	Ile	Leu	Lys	Cys	Pro	Leu	Pro	Thr	Ala	Thr	Ile		
		35					40					45					
aac	acc	gac	agc	tgt	tct	ccg	aat	ccg	tca	cca	cca	ctc	tgc	aga	tct	192	
Asn	Thr	Asp	Ser	Cys	Ser	Pro	Asn	Pro	Ser	Pro	Pro	Leu	Cys	Arg	Ser		
	50					55				60							
cac	aaa	ctc	aat	ttt	caa	atc	cta	tca	tgt	ctc	att	tct	ctc	gaa	gca	240	
His	Lys	Leu	Asn	Phe	Gln	Ile	Leu	Ser	Cys	Leu	Ile	Ser	Leu	Glu	Ala		
65					70					75				80			
tca	aac	cat	ccg	atc	caa	cct	ggg	ctt	cca	ctt	ctc	tat	gct	gcg	ccg	288	
Ser	Asn	His	Pro	Ile	Gln	Pro	Gly	Leu	Pro	Leu	Leu	Tyr	Ala	Ala	Pro		
				85					90					95			
ttt	tcg	acc	tta	tct	ggg	atc	gaa	tcc	tgg	acc	cgc	caa	tcc	tcc	gat	336	
Phe	Ser	Thr	Leu	Ser	Gly	Ile	Glu	Ser	Trp	Thr	Arg	Gln	Ser	Ser	Asp		
			100					105					110				
ctc	tcc	gct	ctt	cga	gcc	tcc	acg	cgc	ctc	cct	gcc	tcc	ccc	gat	aaa	384	
Leu	Ser	Ala	Leu	Arg	Ala	Ser	Thr	Arg	Leu	Pro	Ala	Ser	Pro	Asp	Lys		
		115					120					125					
gcc	gcc	gaa	tca	tcc	acc	tgc	atc	tgc	cct	aaa	tgc	cgc	tct	gaa	tat	432	
Ala	Ala	Glu	Ser	Ser	Thr	Cys	Ile	Cys	Pro	Lys	Cys	Arg	Ser	Glu	Tyr		
		130				135					140						
tcc	ata	tct	caa	att	cca	aga	agt	tac	ctc	tgt	ttc	tgt	ggc	aaa	gtg	480	
Ser	Ile	Ser	Gln	Ile	Pro	Arg	Ser	Tyr	Leu	Cys	Phe	Cys	Gly	Lys	Val		
145					150					155				160			
gaa	aat	cca	cca	cat	gat	aat	ccc	cgg	att	tta	act	cac	tct	tgc	tgc	528	
Glu	Asn	Pro	Pro	His	Asp	Asn	Pro	Arg	Ile	Leu	Thr	His	Ser	Cys	Cys		
				165					170					175			
gaa	atc	tgt	tac	cga	ccg	ttg	aag	aat	aac	tgt	ggg	tat	ttc	tgt	ttg	576	
Glu	Ile	Cys	Tyr	Arg	Pro	Leu	Lys	Asn	Asn	Cys	Gly	Tyr	Phe	Cys	Leu		
			180					185					190				
ttg	cta	tgc	cat	ccc	gtt	cct	tcc	cat	ctt	gcc	cga	aac	ttg	tca	aaa	624	
Leu	Leu	Cys	His	Pro	Val	Pro	Ser	His	Leu	Ala	Arg	Asn	Leu	Ser	Lys		
		195				200						205					
cga	cat	gtt	ttt	gtg	gca	aaa	cga	tgg	atg	tta	agc	tgc	agt	tac	aaa	672	
Arg	His	Val	Phe	Val	Ala	Lys	Arg	Trp	Met	Leu	Ser	Cys	Ser	Tyr	Lys		
		210				215					220						
ttg	ttt	tcc	tgt	aac	aat	gtc	tgt	aat	aaa	tca	ttg	gat	tgt	ggg	att	720	
Leu	Phe	Ser	Cys	Asn	Asn	Val	Cys	Asn	Lys	Ser	Leu	Asp	Cys	Gly	Ile		
225					230					235				240			
cat	aat	tgt	aag	caa	atc	tgc	cat	gat	gga	act	tgc	cta	ctg	tgt	aat	768	
His	Asn	Cys	Lys	Gln	Ile	Cys	His	Asp	Gly	Thr	Cys	Leu	Leu	Cys	Asn		
				245					250					255			
ggc	cgc	ggg	gtt	tat	aaa	tgt	tta	tgt	gga	agg	gaa	gtc	gag	gag	agg	816	
Gly	Arg	Gly	Val	Tyr	Lys	Cys	Leu	Cys	Gly	Arg	Glu	Val	Glu	Glu	Arg		
			260					265					270				
gga	gtg	tta	gag	gtt	gcc	gtt	ttg	ggg	atg	aga	gtt	tat	gaa	gga	ttg	864	
Gly	Val	Leu	Glu	Val	Ala	Val	Leu	Gly	Met	Arg	Val	Tyr	Glu	Gly	Leu		
		275					280					285					

gct tgt gat gtt gtt gtg ccg ctt tgt ggt ggt act tgt gat aaa atg	912
Ala Cys Asp Val Val Val Pro Leu Cys Gly Gly Thr Cys Asp Lys Met	
290 295 300	
ccg agt tgg ggt ttg cat agg ttc cat gag aga tgt cat gga agg cat	960
Pro Ser Trp Gly Leu His Arg Phe His Glu Arg Cys His Gly Arg His	
305 310 315 320	
tgc att gag act tgt cga att gtt gtc atc aag ttg tgt cag tgt ggg	1008
Cys Ile Glu Thr Cys Arg Ile Val Val Ile Lys Leu Cys Gln Cys Gly	
325 330 335	
aag atg aag ata gag att tgt ggc aag agg ctt cag tgt gag aat cat	1056
Lys Met Lys Ile Glu Ile Cys Gly Lys Arg Leu Gln Cys Glu Asn His	
340 345 350	
aaa ggt gcc tgt gct cct tgt act gtc atg ttt aca att tca tgt gca	1104
Lys Gly Ala Cys Ala Pro Cys Thr Val Met Phe Thr Ile Ser Cys Ala	
355 360 365	
tgt gga gat act cac ttt gag gtt caa aat cag aaa gtc aat gaa tgg	1152
Cys Gly Asp Thr His Phe Glu Val Gln Asn Gln Lys Val Asn Glu Trp	
370 375 380	
agt cca cca aat cta tct ctc atg att tta aga ctc ttt agc tct aat	1200
Ser Pro Pro Asn Leu Ser Leu Met Ile Leu Arg Leu Phe Ser Ser Asn	
385 390 395 400	
agg gaa ctg cat gat tgt cca cat tta tgt cac gag aca tgt tgt cca	1248
Arg Glu Leu His Asp Cys Pro His Leu Cys His Glu Thr Cys Cys Pro	
405 410 415	
ggt caa tgc cca tca cct gac aag tgc acc aaa gta tac tgc aaa gca	1296
Gly Gln Cys Pro Ser Pro Asp Lys Cys Thr Lys Val Tyr Cys Lys Ala	
420 425 430	
ggc tct gat ccc aaa gat ata tct gaa aac cat ttt gga cct gaa ctt	1344
Gly Ser Asp Pro Lys Asp Ile Ser Glu Asn His Phe Gly Pro Glu Leu	
435 440 445	
ctt cct tgg aat tat gct tgc aag agt aaa gca cag gtc gtg gat cag	1392
Leu Pro Trp Asn Tyr Ala Cys Lys Ser Lys Ala Gln Val Val Asp Gln	
450 455 460	
gaa ttg cat ttg tgt aaa tcc aaa gat ttg gag gaa aag gtt cca gct	1440
Glu Leu His Leu Cys Lys Ser Lys Asp Leu Glu Glu Lys Val Pro Ala	
465 470 475 480	
act aaa aat cat gta cct aag cac caa aat cgg cgt gaa cga ctg caa	1488
Thr Lys Asn His Val Pro Lys His Gln Asn Arg Arg Glu Arg Leu Gln	
485 490 495	
gag caa aga aga cct cac aaa tgc ggg tat gtt act ctt ctg aag caa	1536
Glu Gln Arg Arg Pro His Lys Cys Gly Tyr Val Thr Leu Leu Lys Gln	
500 505 510	
aga cca aca gaa gat gct gcc act atg agg tgg ctt ttt cta atg gtc	1584
Arg Pro Thr Glu Asp Ala Ala Thr Met Arg Trp Leu Phe Leu Met Val	
515 520 525	
acc ctt gtg gtg act ctg gtg gca gca gca tat ttt ggt tac aaa ggt	1632
Thr Leu Val Val Thr Leu Val Ala Ala Ala Tyr Phe Gly Tyr Lys Gly	
530 535 540	

ctc atg tgg ctc tct gat tgg atg gat gaa gtt gaa gag caa cga gac 1680
 Leu Met Trp Leu Ser Asp Trp Met Asp Glu Val Glu Glu Gln Arg Asp
 545 550 555 560

aga gaa cca tga 1692
 Arg Glu Pro

<210> 4
 <211> 563
 <212> PRT
 <213> Populus trichocarpa

<400> 4

Met Leu Thr Trp Ile Thr Arg Asp Phe Ile Thr Pro Pro Leu Val Arg
 1 5 10 15

Ser Ser Met Pro Ala Glu Pro Asn Pro Thr Pro Val Pro Leu Leu Gln
 20 25 30

Ser Pro Ala Pro Gln Ile Leu Lys Cys Pro Leu Pro Thr Ala Thr Ile
 35 40 45

Asn Thr Asp Ser Cys Ser Pro Asn Pro Ser Pro Pro Leu Cys Arg Ser
 50 55 60

His Lys Leu Asn Phe Gln Ile Leu Ser Cys Leu Ile Ser Leu Glu Ala
 65 70 75 80

Ser Asn His Pro Ile Gln Pro Gly Leu Pro Leu Leu Tyr Ala Ala Pro
 85 90 95

Phe Ser Thr Leu Ser Gly Ile Glu Ser Trp Thr Arg Gln Ser Ser Asp
 100 105 110

Leu Ser Ala Leu Arg Ala Ser Thr Arg Leu Pro Ala Ser Pro Asp Lys
 115 120 125

Ala Ala Glu Ser Ser Thr Cys Ile Cys Pro Lys Cys Arg Ser Glu Tyr
 130 135 140

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

Glu Asn Pro Pro His Asp Asn Pro Arg Ile Leu Thr His Ser Cys Cys
 165 170 175

Glu Ile Cys Tyr Arg Pro Leu Lys Asn Asn Cys Gly Tyr Phe Cys Leu
 180 185 190

Leu Leu Cys His Pro Val Pro Ser His Leu Ala Arg Asn Leu Ser Lys
 195 200 205
 Arg His Val Phe Val Ala Lys Arg Trp Met Leu Ser Cys Ser Tyr Lys
 210 215 220
 Leu Phe Ser Cys Asn Asn Val Cys Asn Lys Ser Leu Asp Cys Gly Ile
 225 230 235 240
 His Asn Cys Lys Gln Ile Cys His Asp Gly Thr Cys Leu Leu Cys Asn
 245 250 255
 Gly Arg Gly Val Tyr Lys Cys Leu Cys Gly Arg Glu Val Glu Glu Arg
 260 265 270
 Gly Val Leu Glu Val Ala Val Leu Gly Met Arg Val Tyr Glu Gly Leu
 275 280 285
 Ala Cys Asp Val Val Val Pro Leu Cys Gly Gly Thr Cys Asp Lys Met
 290 295 300
 Pro Ser Trp Gly Leu His Arg Phe His Glu Arg Cys His Gly Arg His
 305 310 315 320
 Cys Ile Glu Thr Cys Arg Ile Val Val Ile Lys Leu Cys Gln Cys Gly
 325 330 335
 Lys Met Lys Ile Glu Ile Cys Gly Lys Arg Leu Gln Cys Glu Asn His
 340 345 350
 Lys Gly Ala Cys Ala Pro Cys Thr Val Met Phe Thr Ile Ser Cys Ala
 355 360 365
 Cys Gly Asp Thr His Phe Glu Val Gln Asn Gln Lys Val Asn Glu Trp
 370 375 380
 Ser Pro Pro Asn Leu Ser Leu Met Ile Leu Arg Leu Phe Ser Ser Asn
 385 390 395 400
 Arg Glu Leu His Asp Cys Pro His Leu Cys His Glu Thr Cys Cys Pro
 405 410 415
 Gly Gln Cys Pro Ser Pro Asp Lys Cys Thr Lys Val Tyr Cys Lys Ala
 420 425 430
 Gly Ser Asp Pro Lys Asp Ile Ser Glu Asn His Phe Gly Pro Glu Leu

435 440 445
 Leu Pro Trp Asn Tyr Ala Cys Lys Ser Lys Ala Gln Val Val Asp Gln
 450 455 460
 Glu Leu His Leu Cys Lys Ser Lys Asp Leu Glu Glu Lys Val Pro Ala
 465 470 475 480
 Thr Lys Asn His Val Pro Lys His Gln Asn Arg Arg Glu Arg Leu Gln
 485 490 495
 Glu Gln Arg Arg Pro His Lys Cys Gly Tyr Val Thr Leu Leu Lys Gln
 500 505 510
 Arg Pro Thr Glu Asp Ala Ala Thr Met Arg Trp Leu Phe Leu Met Val
 515 520 525
 Thr Leu Val Val Thr Leu Val Ala Ala Ala Tyr Phe Gly Tyr Lys Gly
 530 535 540
 Leu Met Trp Leu Ser Asp Trp Met Asp Glu Val Glu Glu Gln Arg Asp
 545 550 555 560
 Arg Glu Pro
 <210> 5
 <211> 161
 <212> PRT
 <213> Populus trichocarpa
 <400> 5
 Lys Val Glu Asn Pro Pro Asn Asp Pro Trp Ile Leu Ser His Ser Cys
 1 5 10 15
 Gly Glu Ile Cys Asn Arg Gln Leu Lys Asn Asn Cys Gly His Cys Cys
 20 25 30
 Leu Leu Leu Cys His Pro Gly Pro Cys Pro Ser Cys Pro Lys Leu Val
 35 40 45
 Lys Ala Thr Cys Phe Cys Gly Lys Thr Thr Asp Val Lys Arg Cys Gly
 50 55 60
 Tyr Lys Leu Phe Ser Cys Asn Asn Ile Cys Lys Lys Ser Leu Asp Cys
 65 70 75 80
 Gly Ile His Ser Cys Lys Gln Ile Cys His Asp Gly Pro Cys Pro Pro

85

90

95

Cys Asn Ala Arg Gly Val Tyr Lys Cys Ser Cys Gly Arg Lys Val Glu
100 105 110

Glu Arg Glu Cys Cys Glu Arg Glu Phe Arg Cys Glu Asn Pro Cys Glu
115 120 125

Lys Leu Leu Ala Cys Gly Lys His Val Cys Glu Arg Gly Cys His Phe
130 135 140

Gly Glu Cys Gly Asp Cys Pro Leu Gln Gly Lys Arg Ala Cys Pro Cys
145 150 155 160

Gly

<210> 6
<211> 3798
<212> ADN
<213> Populus trichocarpa

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(3336)

<400> 6
atg agc ttc cag ccc aga aat gac ggg gga gat aat aat aat ggt agc 48
Met Ser Phe Gln Pro Arg Asn Asp Gly Gly Asp Asn Asn Asn Gly Ser
1 5 10 15
agg tcc aga ttc ccg acc cga caa acg tgg gtt ccc aga gga tct aat 96
Arg Ser Arg Phe Pro Thr Arg Gln Thr Trp Val Pro Arg Gly Ser Asn
20 25 30
cct tct ctt cca ctg aat ggg gat gta aac cca aac cca aac cca aac 144
Pro Ser Leu Pro Leu Asn Gly Asp Val Asn Pro Asn Pro Asn Pro Asn
35 40 45
cca aac cca aac cca cct tcg agt ttc agc tct aga aac aat gga aat 192
Pro Asn Pro Asn Pro Pro Ser Ser Phe Ser Ser Arg Asn Asn Gly Asn
50 55 60
ggg ggg cat tct agc cat ggg act gga gta gct gat tat agg tat aag 240
Gly Gly His Ser Ser His Gly Thr Gly Val Ala Asp Tyr Arg Tyr Lys
65 70 75 80
ggg ggt gtg aat gca cct aga ggt ggt caa atg ggt cgg ggg aag gag 288
Gly Gly Val Asn Ala Pro Arg Gly Gly Gln Met Gly Arg Gly Lys Glu
85 90 95
agg ggg gtg gag act cgg gaa gtg aag gac ccg aat ttg ccg caa ctt 336
Arg Gly Val Glu Thr Arg Glu Val Lys Asp Pro Asn Leu Pro Gln Leu
100 105 110
gcg caa gaa att cag gag aag ctt ttg aag agt acg gtt gag tgt atg 384

Ala	Gln	Glu	Ile	Gln	Glu	Lys	Leu	Leu	Lys	Ser	Thr	Val	Glu	Cys	Met		
		115					120					125					
att	tgt	tat	gat	atg	gtt	cgg	agg	tct	gcg	cct	gtt	tgg	tct	tgt	tcg		432
Ile	Cys	Tyr	Asp	Met	Val	Arg	Arg	Ser	Ala	Pro	Val	Trp	Ser	Cys	Ser		
	130					135					140						
agt	tgt	ttc	tcg	att	ttt	cac	ttg	aat	tgt	atc	aag	aaa	tgg	gct	cgt		480
Ser	Cys	Phe	Ser	Ile	Phe	His	Leu	Asn	Cys	Ile	Lys	Lys	Trp	Ala	Arg		
	145				150					155					160		
gcg	ccg	acg	tct	gtt	gat	ttg	att	gcg	gag	aag	aat	caa	ggg	ttt	aat		528
Ala	Pro	Thr	Ser	Val	Asp	Leu	Ile	Ala	Glu	Lys	Asn	Gln	Gly	Phe	Asn		
				165					170					175			
tgg	cgg	tgt	ccg	gga	tgt	caa	tct	gtg	cag	ctt	acg	tcg	ttg	aag	gat		576
Trp	Arg	Cys	Pro	Gly	Cys	Gln	Ser	Val	Gln	Leu	Thr	Ser	Leu	Lys	Asp		
			180					185					190				
att	cgg	tat	gtt	tgc	ttt	tgt	ggg	aag	agg	acg	gat	ccg	cct	tcg	gat		624
Ile	Arg	Tyr	Val	Cys	Phe	Cys	Gly	Lys	Arg	Thr	Asp	Pro	Pro	Ser	Asp		
	195						200					205					
ttg	tat	ttg	acc	ccg	cat	tca	tgt	ggg	gaa	ccg	tgt	gga	aaa	cag	ctt		672
Leu	Tyr	Leu	Thr	Pro	His	Ser	Cys	Gly	Glu	Pro	Cys	Gly	Lys	Gln	Leu		
	210					215					220						
gag	aag	gag	gtt	cct	ggg	gct	gat	ggg	agt	agg	gag	ggg	ctt	tgt	ccg		720
Glu	Lys	Glu	Val	Pro	Gly	Ala	Asp	Gly	Ser	Arg	Glu	Gly	Leu	Cys	Pro		
	225				230					235				240			
cac	aat	tgt	gtc	ttg	cag	tgt	cac	cct	ggg	cca	tgt	cct	cct	tgt	aag		768
His	Asn	Cys	Val	Leu	Gln	Cys	His	Pro	Gly	Pro	Cys	Pro	Pro	Cys	Lys		
			245						250					255			
gcc	ttt	gct	cca	cca	agt	ctg	tgt	cct	tgt	ggg	aag	aaa	aga	atc	aca		816
Ala	Phe	Ala	Pro	Pro	Ser	Leu	Cys	Pro	Cys	Gly	Lys	Lys	Arg	Ile	Thr		
			260					265					270				
aca	aga	tgt	gct	gat	cgg	aag	tcc	gtt	ctt	acc	tgt	ggg	caa	cga	tgt		864
Thr	Arg	Cys	Ala	Asp	Arg	Lys	Ser	Val	Leu	Thr	Cys	Gly	Gln	Arg	Cys		
		275					280					285					
gat	aag	ctt	ctg	gaa	tgt	tgg	cgt	cat	cga	tgt	gag	cag	att	tgc	cat		912
Asp	Lys	Leu	Leu	Glu	Cys	Trp	Arg	His	Arg	Cys	Glu	Gln	Ile	Cys	His		
	290					295					300						
gtt	ggg	ccc	tgc	aat	cct	tgt	cag	gta	ttg	att	aat	gct	tca	tgt	ttc		960
Val	Gly	Pro	Cys	Asn	Pro	Cys	Gln	Val	Leu	Ile	Asn	Ala	Ser	Cys	Phe		
	305				310					315				320			
tgc	aag	aag	aac	acg	gag	gtt	gtt	cta	tgt	ggg	gat	atg	gca	gtg	aag		1008
Cys	Lys	Lys	Asn	Thr	Glu	Val	Val	Leu	Cys	Gly	Asp	Met	Ala	Val	Lys		
				325					330					335			
gga	gaa	gtg	aaa	gct	gaa	gat	ggg	gtt	ttt	tct	tgc	aac	tca	aca	tgt		1056
Gly	Glu	Val	Lys	Ala	Glu	Asp	Gly	Val	Phe	Ser	Cys	Asn	Ser	Thr	Cys		
			340					345					350				
gga	aag	gtt	ctg	ggg	tgt	gga	aat	cat	att	tgt	ggg	gaa	act	tgt	cat		1104
Gly	Lys	Val	Leu	Gly	Cys	Gly	Asn	His	Ile	Cys	Gly	Glu	Thr	Cys	His		
		355					360					365					

cca ggt gat tgc ggg gat tgt gag ttt atg cct ggc agg gtc aag tca	1152
Pro Gly Asp Cys Gly Asp Cys Glu Phe Met Pro Gly Arg Val Lys Ser	
370 375 380	
tgc tat tgt gga aaa aca agt ttg cag gag gaa aga aat agt tgt ttg	1200
Cys Tyr Cys Gly Lys Thr Ser Leu Gln Glu Glu Arg Asn Ser Cys Leu	
385 390 395 400	
gat cca att cca acg tgt gca caa ata tgt ggc aaa tcc ctt cct tgc	1248
Asp Pro Ile Pro Thr Cys Ala Gln Ile Cys Gly Lys Ser Leu Pro Cys	
405 410 415	
ggg atg cac caa tgt aaa gag gtg tgc cat tca ggc gat tgt gct cct	1296
Gly Met His Gln Cys Lys Glu Val Cys His Ser Gly Asp Cys Ala Pro	
420 425 430	
tgt ttg gtt tct gtc acc caa aaa tgc cgc tgc gga tca acc tcc cga	1344
Cys Leu Val Ser Val Thr Gln Lys Cys Arg Cys Gly Ser Thr Ser Arg	
435 440 445	
act gtg gag tgt tac aaa act act tca gag aat gaa aaa ttc ctg tgt	1392
Thr Val Glu Cys Tyr Lys Thr Thr Ser Glu Asn Glu Lys Phe Leu Cys	
450 455 460	
gac aag cct tgt ggt cga aag aag aac tgt gga agg cat agg tgc agc	1440
Asp Lys Pro Cys Gly Arg Lys Lys Asn Cys Gly Arg His Arg Cys Ser	
465 470 475 480	
gag cga tgc tgc cct ctt tcc aac tct aac aat cag ttc tct ggg gat	1488
Glu Arg Cys Cys Pro Leu Ser Asn Ser Asn Asn Gln Phe Ser Gly Asp	
485 490 495	
tgg gat cca cat ttt tgt caa atg gct tgt ggg aag aag tta agg tgt	1536
Trp Asp Pro His Phe Cys Gln Met Ala Cys Gly Lys Lys Leu Arg Cys	
500 505 510	
gga caa cac tct tgt gaa tca ctg tgt cac agt ggc cat tgt cct cct	1584
Gly Gln His Ser Cys Glu Ser Leu Cys His Ser Gly His Cys Pro Pro	
515 520 525	
tgt ctt gaa aca att ttc act gat ttg aca tgt gca tgt ggg aga act	1632
Cys Leu Glu Thr Ile Phe Thr Asp Leu Thr Cys Ala Cys Gly Arg Thr	
530 535 540	
tcc atc cct cct cca ttg ccg tgc ggc acg cct ccc cct tca tgt cag	1680
Ser Ile Pro Pro Pro Leu Pro Cys Gly Thr Pro Pro Pro Ser Cys Gln	
545 550 555 560	
ctc cca tgc tca gtt cct cag cca tgt ggc cat cca gct tct cat agc	1728
Leu Pro Cys Ser Val Pro Gln Pro Cys Gly His Pro Ala Ser His Ser	
565 570 575	
tgc cac ttc gga gac tgc cca cct tgt tcg gtg cct gta gct aaa gag	1776
Cys His Phe Gly Asp Cys Pro Pro Cys Ser Val Pro Val Ala Lys Glu	
580 585 590	
tgt gtt ggt ggg cat gtg att ctg ggg aac ata ccc tgc ggg tca agg	1824
Cys Val Gly Gly His Val Ile Leu Gly Asn Ile Pro Cys Gly Ser Arg	
595 600 605	
gat atc aga tgc aac aaa ctc tgt ggg aag acc agg caa tgt ggt ttg	1872
Asp Ile Arg Cys Asn Lys Leu Cys Gly Lys Thr Arg Gln Cys Gly Leu	
610 615 620	

cat gca tgt gga aga act tgt cat tca ccg cct tgt gat acc tct cct His Ala Cys Gly Arg Thr Cys His Ser Pro Pro Cys Asp Thr Ser Pro 625 630 635 640	1920
gga act gaa act ggc tca aga gct tct tgt ggg cag aca tgc ggt gcc Gly Thr Glu Thr Gly Ser Arg Ala Ser Cys Gly Gln Thr Cys Gly Ala 645 650 655	1968
cct agg aga gat tgc cgg cat act tgc act gca ctt tgt cat cct tat Pro Arg Arg Asp Cys Arg His Thr Cys Thr Ala Leu Cys His Pro Tyr 660 665 670	2016
gct cct tgt cct gat gtc aga tgt gag ttc cct gtc aca att act tgc Ala Pro Cys Pro Asp Val Arg Cys Glu Phe Pro Val Thr Ile Thr Cys 675 680 685	2064
tct tgc ggc agg atg aca gca tct gtt cct tgt gat gct gga ggg agc Ser Cys Gly Arg Met Thr Ala Ser Val Pro Cys Asp Ala Gly Gly Ser 690 695 700	2112
aat ggt ggt tat aat gat act att tta gaa gca tcc att ctc cac aag Asn Gly Gly Tyr Asn Asp Thr Ile Leu Glu Ala Ser Ile Leu His Lys 705 710 715 720	2160
ttg cca gcg cct ctt caa cca gtg gaa tca tct gga aag aag att cct Leu Pro Ala Pro Leu Gln Pro Val Glu Ser Ser Gly Lys Lys Ile Pro 725 730 735	2208
ctt ggc cag aga aag ttt atg tgt gat gat gaa tgt gcc aag ttt gag Leu Gly Gln Arg Lys Phe Met Cys Asp Asp Glu Cys Ala Lys Phe Glu 740 745 750	2256
cgg aaa agg gtt ctt gca gat gct ttt gat atc aac cct cca aat ttg Arg Lys Arg Val Leu Ala Asp Ala Phe Asp Ile Asn Pro Pro Asn Leu 755 760 765	2304
gaa gct ctt cat ttt ggt gag aat tct tcc gtg aca gag ttg att ggt Glu Ala Leu His Phe Gly Glu Asn Ser Ser Val Thr Glu Leu Ile Gly 770 775 780	2352
gat ctg tac agg cgc gat cca aaa tgg gtg ctt gct gtg gag gag agg Asp Leu Tyr Arg Arg Asp Pro Lys Trp Val Leu Ala Val Glu Glu Arg 785 790 795 800	2400
tgc aaa tat ttg gtt ctt agc aag agc aga gga acc aca agt ggt ctt Cys Lys Tyr Leu Val Leu Ser Lys Ser Arg Gly Thr Thr Ser Gly Leu 805 810 815	2448
aag att cat gtt ttc tgc cca atg ctg aag gat aaa aga gat gca gtt Lys Ile His Val Phe Cys Pro Met Leu Lys Asp Lys Arg Asp Ala Val 820 825 830	2496
agg cta att gct gag agg tgg aag gtt gca att tat tct gct ggt tgg Arg Leu Ile Ala Glu Arg Trp Lys Val Ala Ile Tyr Ser Ala Gly Trp 835 840 845	2544
gag cca aag cgt ttt att gta atc cat gct aca cca aaa tcc aaa acc Glu Pro Lys Arg Phe Ile Val Ile His Ala Thr Pro Lys Ser Lys Thr 850 855 860	2592
cca tct cgt gtg att ggc att aag ggt acg aca act tta agt gcc tcc Pro Ser Arg Val Ile Gly Ile Lys Gly Thr Thr Thr Leu Ser Ala Ser	2640

865	870	875	880	
cat cca cca gtt ttt gat gct ctc gta gac atg gat ccc agg ctt gtt				2688
His Pro Pro Val Phe Asp Ala Leu Val Asp Met Asp Pro Arg Leu Val	885	890	895	
gtt tct ttt cta gat ttg ccg agg gag gcg gat ata agc tca ctg gtc				2736
Val Ser Phe Leu Asp Leu Pro Arg Glu Ala Asp Ile Ser Ser Leu Val	900	905	910	
ctt agg ttt ggt ggg gaa tgc gaa cta gtt tgg ttg aat gat aag aat				2784
Leu Arg Phe Gly Gly Glu Cys Glu Leu Val Trp Leu Asn Asp Lys Asn	915	920	925	
gcc ctg gct gta ttc aat gat cct gct cga gca gca acc gct atg agg				2832
Ala Leu Ala Val Phe Asn Asp Pro Ala Arg Ala Ala Thr Ala Met Arg	930	935	940	
agg ttg gat cat gga tca gta tat tat gga gct gcg gtg gtt cct caa				2880
Arg Leu Asp His Gly Ser Val Tyr Tyr Gly Ala Ala Val Val Pro Gln	945	950	955	960
aat agc ggt gca tcc atg gga tca cca gct acc aat gcc tgg gga acg				2928
Asn Ser Gly Ala Ser Met Gly Ser Pro Ala Thr Asn Ala Trp Gly Thr	965	970	975	
gca ggc act gca aag gaa ggg acg atc aca gct ctg aag gga act tcg				2976
Ala Gly Thr Ala Lys Glu Gly Thr Ile Thr Ala Leu Lys Gly Thr Ser	980	985	990	
tgg aag aaa gct gta gtg cag gag tct ggt tgg agg gaa gat tca tgg				3024
Trp Lys Lys Ala Val Val Gln Glu Ser Gly Trp Arg Glu Asp Ser Trp	995	1000	1005	
ggt gat gaa gag tgg tct ggt ggt ggt tct gca gat gtt cag gct				3069
Gly Asp Glu Glu Trp Ser Gly Gly Gly Ser Ala Asp Val Gln Ala	1010	1015	1020	
tct gca tgg aaa ggg aaa gaa cat cca atc tcc act tca att aac				3114
Ser Ala Trp Lys Gly Lys Glu His Pro Ile Ser Thr Ser Ile Asn	1025	1030	1035	
cga tgg agt gta ctg gac tcc gat aag gct gac agt tca tct gct				3159
Arg Trp Ser Val Leu Asp Ser Asp Lys Ala Asp Ser Ser Ser Ala	1040	1045	1050	
gcc tct gtc agg atc gag gat cct gca aaa cga gtt gca gaa att				3204
Ala Ser Val Arg Ile Glu Asp Pro Ala Lys Arg Val Ala Glu Ile	1055	1060	1065	
ctt tcc agt tca ggt ttg gaa tca aat gta agc act tcg aat ata				3249
Leu Ser Ser Ser Gly Leu Glu Ser Asn Val Ser Thr Ser Asn Ile	1070	1075	1080	
tca gtg caa act gcg atg caa cct gga ggg gtt tca agt gaa gaa				3294
Ser Val Gln Thr Ala Met Gln Pro Gly Gly Val Ser Ser Glu Glu	1085	1090	1095	
gat tta tct gag gtg gtg gat gac tgg gag aag gcc tat gat				3336
Asp Leu Ser Glu Val Val Asp Asp Trp Glu Lys Ala Tyr Asp	1100	1105	1110	
tgagaacatg cgtgtggagt catctgattt tttgaacatg cttccagggt atcttttgggt				3396

```

ctatacctat ttcactttaa acatttttggc gtttgcagga gtattttacc cgttattttt 3456
atgaaaagct atatcatcca cccctattga tgcttgatgg tgggtgtttc ttcttcttcc 3516
tttcttcttt tttttttccg gctctctact tgaaatccca ttaatttcgg cggagactgg 3576
agagagcata catcttttgct gtatgggaga atacttgta ctgtagaact ttgtcaaaga 3636
atctaggaaa aaaacatcgc ggcctcgtca gcgggttttg ttgatataatt ttcgagaaaag 3696
gcattctatg tgtacagaga aaaactgaga tttcgctact tttgattcca atgaaatc 3756
tgctctattt tggcatgaca ggtgtttctt cgttttcttt tc 3798

```

```

<210> 7
<211> 1112
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

```

```

<400> 7

```

```

Met Ser Phe Gln Pro Arg Asn Asp Gly Gly Asp Asn Asn Asn Gly Ser
1          5          10          15

```

```

Arg Ser Arg Phe Pro Thr Arg Gln Thr Trp Val Pro Arg Gly Ser Asn
          20          25          30

```

```

Pro Ser Leu Pro Leu Asn Gly Asp Val Asn Pro Asn Pro Asn Pro Asn
          35          40          45

```

```

Pro Asn Pro Asn Pro Pro Ser Ser Phe Ser Ser Arg Asn Asn Gly Asn
          50          55          60

```

```

Gly Gly His Ser Ser His Gly Thr Gly Val Ala Asp Tyr Arg Tyr Lys
65          70          75          80

```

```

Gly Gly Val Asn Ala Pro Arg Gly Gly Gln Met Gly Arg Gly Lys Glu
          85          90          95

```

```

Arg Gly Val Glu Thr Arg Glu Val Lys Asp Pro Asn Leu Pro Gln Leu
          100          105          110

```

```

Ala Gln Glu Ile Gln Glu Lys Leu Leu Lys Ser Thr Val Glu Cys Met
          115          120          125

```

```

Ile Cys Tyr Asp Met Val Arg Arg Ser Ala Pro Val Trp Ser Cys Ser
          130          135          140

```

```

Ser Cys Phe Ser Ile Phe His Leu Asn Cys Ile Lys Lys Trp Ala Arg
          145          150          155          160

```

27907

Ala Pro Thr Ser Val Asp Leu Ile Ala Glu Lys Asn Gln Gly Phe Asn
165 170 175

Trp Arg Cys Pro Gly Cys Gln Ser Val Gln Leu Thr Ser Leu Lys Asp
180 185 190

Ile Arg Tyr Val Cys Phe Cys Gly Lys Arg Thr Asp Pro Pro Ser Asp
195 200 205

Leu Tyr Leu Thr Pro His Ser Cys Gly Glu Pro Cys Gly Lys Gln Leu
210 215 220

Glu Lys Glu Val Pro Gly Ala Asp Gly Ser Arg Glu Gly Leu Cys Pro
225 230 235 240

His Asn Cys Val Leu Gln Cys His Pro Gly Pro Cys Pro Pro Cys Lys
245 250 255

Ala Phe Ala Pro Pro Ser Leu Cys Pro Cys Gly Lys Lys Arg Ile Thr
260 265 270

Thr Arg Cys Ala Asp Arg Lys Ser Val Leu Thr Cys Gly Gln Arg Cys
275 280 285

Asp Lys Leu Leu Glu Cys Trp Arg His Arg Cys Glu Gln Ile Cys His
290 295 300

Val Gly Pro Cys Asn Pro Cys Gln Val Leu Ile Asn Ala Ser Cys Phe
305 310 315 320

Cys Lys Lys Asn Thr Glu Val Val Leu Cys Gly Asp Met Ala Val Lys
325 330 335

Gly Glu Val Lys Ala Glu Asp Gly Val Phe Ser Cys Asn Ser Thr Cys
340 345 350

Gly Lys Val Leu Gly Cys Gly Asn His Ile Cys Gly Glu Thr Cys His
355 360 365

Pro Gly Asp Cys Gly Asp Cys Glu Phe Met Pro Gly Arg Val Lys Ser
370 375 380

Cys Tyr Cys Gly Lys Thr Ser Leu Gln Glu Glu Arg Asn Ser Cys Leu
385 390 395 400

Asp Pro Ile Pro Thr Cys Ala Gln Ile Cys Gly Lys Ser Leu Pro Cys
405 410 415

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

Ala Pro Cys Pro Asp Val Arg Cys Glu Phe Pro Val Thr Ile Thr Cys
675 680 685

Ser Cys Gly Arg Met Thr Ala Ser Val Pro Cys Asp Ala Gly Gly Ser
690 695 700

Asn Gly Gly Tyr Asn Asp Thr Ile Leu Glu Ala Ser Ile Leu His Lys
705 710 715 720

Leu Pro Ala Pro Leu Gln Pro Val Glu Ser Ser Gly Lys Lys Ile Pro
725 730 735

Leu Gly Gln Arg Lys Phe Met Cys Asp Asp Glu Cys Ala Lys Phe Glu
740 745 750

Arg Lys Arg Val Leu Ala Asp Ala Phe Asp Ile Asn Pro Pro Asn Leu
755 760 765

Glu Ala Leu His Phe Gly Glu Asn Ser Ser Val Thr Glu Leu Ile Gly
770 775 780

Asp Leu Tyr Arg Arg Asp Pro Lys Trp Val Leu Ala Val Glu Glu Arg
785 790 795 800

Cys Lys Tyr Leu Val Leu Ser Lys Ser Arg Gly Thr Thr Ser Gly Leu
805 810 815

Lys Ile His Val Phe Cys Pro Met Leu Lys Asp Lys Arg Asp Ala Val
820 825 830

Arg Leu Ile Ala Glu Arg Trp Lys Val Ala Ile Tyr Ser Ala Gly Trp
835 840 845

Glu Pro Lys Arg Phe Ile Val Ile His Ala Thr Pro Lys Ser Lys Thr
850 855 860

Pro Ser Arg Val Ile Gly Ile Lys Gly Thr Thr Thr Leu Ser Ala Ser
865 870 875 880

His Pro Pro Val Phe Asp Ala Leu Val Asp Met Asp Pro Arg Leu Val
885 890 895

Val Ser Phe Leu Asp Leu Pro Arg Glu Ala Asp Ile Ser Ser Leu Val
900 905 910

Leu Arg Phe Gly Gly Glu Cys Glu Leu Val Trp Leu Asn Asp Lys Asn

915

920

925

Ala Leu Ala Val Phe Asn Asp Pro Ala Arg Ala Ala Thr Ala Met Arg
 930 935 940

Arg Leu Asp His Gly Ser Val Tyr Tyr Gly Ala Ala Val Val Pro Gln
 945 950 955 960

Asn Ser Gly Ala Ser Met Gly Ser Pro Ala Thr Asn Ala Trp Gly Thr
 965 970 975

Ala Gly Thr Ala Lys Glu Gly Thr Ile Thr Ala Leu Lys Gly Thr Ser
 980 985 990

Trp Lys Lys Ala Val Val Gln Glu Ser Gly Trp Arg Glu Asp Ser Trp
 995 1000 1005

Gly Asp Glu Glu Trp Ser Gly Gly Gly Ser Ala Asp Val Gln Ala
 1010 1015 1020

Ser Ala Trp Lys Gly Lys Glu His Pro Ile Ser Thr Ser Ile Asn
 1025 1030 1035

Arg Trp Ser Val Leu Asp Ser Asp Lys Ala Asp Ser Ser Ser Ala
 1040 1045 1050

Ala Ser Val Arg Ile Glu Asp Pro Ala Lys Arg Val Ala Glu Ile
 1055 1060 1065

Leu Ser Ser Ser Gly Leu Glu Ser Asn Val Ser Thr Ser Asn Ile
 1070 1075 1080

Ser Val Gln Thr Ala Met Gln Pro Gly Gly Val Ser Ser Glu Glu
 1085 1090 1095

Asp Leu Ser Glu Val Val Asp Asp Trp Glu Lys Ala Tyr Asp
 1100 1105 1110

<210> 8
 <211> 3324
 <212> ADN
 <213> Populus trichocarpa

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(3321)

<400> 8
 atg agc ttt caa ccc cga aat gat cga aga gac aac aac aac aac agg

48

Met	Ser	Phe	Gln	Pro	Arg	Asn	Asp	Arg	Arg	Asp	Asn	Asn	Asn	Asn	Arg	
1				5					10					15		
tcg	tct	aga	ttt	ccc	acc	cag	aag	tgg	gtt	ccg	aga	gga	gct	aat	tct	96
Ser	Ser	Arg	Phe	Pro	Thr	Gln	Lys	Trp	Val	Pro	Arg	Gly	Ala	Asn	Ser	
			20					25					30			
agt	cct	gcg	gtt	gat	gca	aac	acc	aaa	ccg	cct	tcg	agt	tcc	aac	tct	144
Ser	Pro	Ala	Val	Asp	Ala	Asn	Thr	Lys	Pro	Pro	Ser	Ser	Ser	Asn	Ser	
		35					40					45				
aga	tgc	aat	gga	aat	ggg	ggg	ggg	ggt	gct	gct	cat	ggg	tgg	tca	gga	192
Arg	Cys	Asn	Gly	Asn	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Ala	His	Gly	Trp	Ser	Gly	
	50					55					60					
aca	gca	cat	cat	agg	tat	aat	aaa	ggg	ggg	atg	gct	gtg	aat	gca	cct	240
Thr	Ala	His	His	Arg	Tyr	Asn	Lys	Gly	Gly	Met	Ala	Val	Asn	Ala	Pro	
65					70					75					80	
aga	ggg	ctt	gtg	ggg	cgg	cct	agg	aag	ggg	ata	gag	agg	agt	gag	aag	288
Arg	Gly	Leu	Val	Gly	Arg	Pro	Arg	Lys	Gly	Ile	Glu	Arg	Ser	Glu	Lys	
				85					90					95		
act	cgg	gaa	ttg	aat	gac	ccg	aat	ttg	ccg	cag	ctt	gca	caa	gat	att	336
Thr	Arg	Glu	Leu	Asn	Asp	Pro	Asn	Leu	Pro	Gln	Leu	Ala	Gln	Asp	Ile	
			100					105					110			
cag	gag	aag	ctt	gtg	aag	agt	acg	gtt	gag	tgt	atg	att	tgt	tat	gat	384
Gln	Glu	Lys	Leu	Val	Lys	Ser	Thr	Val	Glu	Cys	Met	Ile	Cys	Tyr	Asp	
		115					120					125				
atg	gtt	cgg	agg	tct	gtg	cct	att	tgg	tct	tgt	tcg	agt	tgt	ttc	tcg	432
Met	Val	Arg	Arg	Ser	Val	Pro	Ile	Trp	Ser	Cys	Ser	Ser	Cys	Phe	Ser	
	130					135					140					
att	ttt	cat	ttg	aat	tgt	atc	aag	aaa	tgg	gct	cgt	gcc	ccg	act	tct	480
Ile	Phe	His	Leu	Asn	Cys	Ile	Lys	Lys	Trp	Ala	Arg	Ala	Pro	Thr	Ser	
145					150					155					160	
gtt	gat	ttg	att	gcg	gag	aag	aat	caa	ggg	ttt	aat	tgg	cgg	tgt	ccg	528
Val	Asp	Leu	Ile	Ala	Glu	Lys	Asn	Gln	Gly	Phe	Asn	Trp	Arg	Cys	Pro	
				165					170					175		
gga	tgt	caa	tct	gtg	cag	ctt	acg	acg	ttg	aat	gat	att	cgg	tat	gtt	576
Gly	Cys	Gln	Ser	Val	Gln	Leu	Thr	Thr	Leu	Asn	Asp	Ile	Arg	Tyr	Val	
			180					185					190			
tgc	ttt	tgt	ggg	aag	agg	agg	gat	cca	cct	tcg	gat	ttg	tat	ttg	act	624
Cys	Phe	Cys	Gly	Lys	Arg	Arg	Asp	Pro	Pro	Ser	Asp	Leu	Tyr	Leu	Thr	
		195					200					205				
cct	cat	tcg	tgt	gga	gaa	cct	tgt	gga	aag	cca	ctt	gag	aag	gag	gct	672
Pro	His	Ser	Cys	Gly	Glu	Pro	Cys	Gly	Lys	Pro	Leu	Glu	Lys	Glu	Ala	
		210				215					220					
cct	ggg	gct	gat	ggg	agt	aag	gag	gat	ctt	tgc	cct	cat	aat	tgt	gtc	720
Pro	Gly	Ala	Asp	Gly	Ser	Lys	Glu	Asp	Leu	Cys	Pro	His	Asn	Cys	Val	
225					230					235					240	
ttg	cag	tgt	cac	cct	ggg	cca	tgt	cct	cct	tgc	aag	gcc	ttt	gct	cca	768
Leu	Gln	Cys	His	Pro	Gly	Pro	Cys	Pro	Pro	Cys	Lys	Ala	Phe	Ala	Pro	
				245					250					255		

cca cgc ctg tgt cct tgt ggg aag aaa ata atc aca aca aga tgt gct	816
Pro Arg Leu Cys Pro Cys Gly Lys Lys Ile Ile Thr Thr Arg Cys Ala	
260 265 270	
gat cgg atg tct gtt gtt acc tgt gga cac cca tgt gat aag ctt ctt	864
Asp Arg Met Ser Val Val Thr Cys Gly His Pro Cys Asp Lys Leu Leu	
275 280 285	
gaa tgt tgg cgt cat cga tgt gag cgg att tgc cat gtt ggt ccc tgc	912
Glu Cys Trp Arg His Arg Cys Glu Arg Ile Cys His Val Gly Pro Cys	
290 295 300	
gat tct tgt cag gtg ttg gtc aat gct tca tgt ttc tgc aag aaa aag	960
Asp Ser Cys Gln Val Leu Val Asn Ala Ser Cys Phe Cys Lys Lys Lys	
305 310 315 320	
acg gag gtt gtt ctg tgt ggt gac atg gca gtg aag gga gaa gtg aaa	1008
Thr Glu Val Val Leu Cys Gly Asp Met Ala Val Lys Gly Glu Val Lys	
325 330 335	
gct gaa gat ggt gtt ttt tct tgc aat tct aca tgt gga aag atg ctg	1056
Ala Glu Asp Gly Val Phe Ser Cys Asn Ser Thr Cys Gly Lys Met Leu	
340 345 350	
ggt tgt gga aac cat atg tgt gat gaa act tgt cat cca ggt ctt tgt	1104
Gly Cys Gly Asn His Met Cys Asp Glu Thr Cys His Pro Gly Leu Cys	
355 360 365	
ggc gat tgt gag tta atg cct gcc agg gtc agg tct tgc tat tgt gga	1152
Gly Asp Cys Glu Leu Met Pro Ala Arg Val Arg Ser Cys Tyr Cys Gly	
370 375 380	
aaa aca agt ttg cag gag gaa aga aag agt tgt ttg gat cca att cca	1200
Lys Thr Ser Leu Gln Glu Glu Arg Lys Ser Cys Leu Asp Pro Ile Pro	
385 390 395 400	
aca tgt aca caa ata tgc ggc aaa tca ctt cct tgc ggg atg cac caa	1248
Thr Cys Thr Gln Ile Cys Gly Lys Ser Leu Pro Cys Gly Met His Gln	
405 410 415	
tgt aaa ggg gtg tgc cat tct ggg gat tgc gca cct tgt ttg gtt tct	1296
Cys Lys Gly Val Cys His Ser Gly Asp Cys Ala Pro Cys Leu Val Ser	
420 425 430	
gta acc caa aaa tgc cgt tgt gga tca acc tct caa att gtg gag tgt	1344
Val Thr Gln Lys Cys Arg Cys Gly Ser Thr Ser Gln Ile Val Glu Cys	
435 440 445	
tac aaa att act tca gag aat gaa aaa ttc ttg tgt gag aag cct tgt	1392
Tyr Lys Ile Thr Ser Glu Asn Glu Lys Phe Leu Cys Glu Lys Pro Cys	
450 455 460	
ggt cga aag aag aac tgt gga agg cac agg tgt agc gag cga tgc tgc	1440
Gly Arg Lys Lys Asn Cys Gly Arg His Arg Cys Ser Glu Arg Cys Cys	
465 470 475 480	
cct ctt tcc aac act aac aat cag ttc tct ggt gat tgg gat ccg cac	1488
Pro Leu Ser Asn Thr Asn Asn Gln Phe Ser Gly Asp Trp Asp Pro His	
485 490 495	
ttt tgt caa atg gcc tgt ggg aag aag tta agg tgt gga cag cat tct	1536
Phe Cys Gln Met Ala Cys Gly Lys Lys Leu Arg Cys Gly Gln His Ser	
500 505 510	

tgt gat gat ctt tgt cac agt ggc cat tgt cct cct tgt ctt gaa aca Cys Asp Asp Leu Cys His Ser Gly His Cys Pro Pro Cys Leu Glu Thr 515 520 525	1584
att ttc act gat ttg aca tgt ggc tgt agg aga act tcc atc cct cct Ile Phe Thr Asp Leu Thr Cys Ala Cys Arg Arg Thr Ser Ile Pro Pro 530 535 540	1632
cca ttg cct tgt ggt aca cct ccc cct tca tgt cag ctc cca tgc tca Pro Leu Pro Cys Gly Thr Pro Pro Pro Ser Cys Gln Leu Pro Cys Ser 545 550 555 560	1680
gtc cct cag cct tgt ggc cat cca gct tct cat agc tgt cac ttc gga Val Pro Gln Pro Cys Gly His Pro Ala Ser His Ser Cys His Phe Gly 565 570 575	1728
gac tgc cca tct tgt ttg gtg cct gta gct aag gag tgt gtt ggt ggg Asp Cys Pro Ser Cys Leu Val Pro Val Ala Lys Glu Cys Val Gly Gly 580 585 590	1776
cat gtg att ctc ggg aac ata ccc tgt ggg tca agg gat atc aga tgc His Val Ile Leu Gly Asn Ile Pro Cys Gly Ser Arg Asp Ile Arg Cys 595 600 605	1824
aac aaa cta tgt ggt aag aca agg caa tgt ggt ctg cat gca tgt gga Asn Lys Leu Cys Gly Lys Thr Arg Gln Cys Gly Leu His Ala Cys Gly 610 615 620	1872
aga act tgt cat tca ctg cct tgt gat acc tca tct gga aac gaa act Arg Thr Cys His Ser Leu Pro Cys Asp Thr Ser Ser Gly Asn Glu Thr 625 630 635 640	1920
ggc acg aga gct tct tgt ggg cag aca tgt ggt gcc cct aag aga gat Gly Thr Arg Ala Ser Cys Gly Gln Thr Cys Gly Ala Pro Lys Arg Asp 645 650 655	1968
tgc agg cat act tgc act gca ctt tgt cat cct cat gct cct tgt cct Cys Arg His Thr Cys Thr Ala Leu Cys His Pro His Ala Pro Cys Pro 660 665 670	2016
gat gtc aga tgt gag ttc ctt gtc aca att agt tgc tct tgt ggc agg Asp Val Arg Cys Glu Phe Leu Val Thr Ile Ser Cys Ser Cys Gly Arg 675 680 685	2064
atg aca gca tct gtt cct tgt gat gct ggg ggg agc aat ggt gct tat Met Thr Ala Ser Val Pro Cys Asp Ala Gly Gly Ser Asn Gly Ala Tyr 690 695 700	2112
aat gac act gtt tta gaa gct tcc att ctc cac aag ttg cca gca tct Asn Asp Thr Val Leu Glu Ala Ser Ile Leu His Lys Leu Pro Ala Ser 705 710 715 720	2160
ctt caa cca gtg gaa tca act gga aag aag att cct ctt ggc caa aga Leu Gln Pro Val Glu Ser Thr Gly Lys Lys Ile Pro Leu Gly Gln Arg 725 730 735	2208
aag ctt atg tgt gat gat gaa tgt gcc aag ttg gag agg aaa agg gtt Lys Leu Met Cys Asp Asp Glu Cys Ala Lys Leu Glu Arg Lys Arg Val 740 745 750	2256
ctt gct gat gct ttt gat atc acc cct cct aat ctg gaa gct ctt cat Leu Ala Asp Ala Phe Asp Ile Thr Pro Pro Asn Leu Glu Ala Leu His	2304

755	760	765	
ttt ggt gag aat tct gca gtg aca gag ttg att ggt gat ctg tac agg Phe Gly Glu Asn Ser Ala Val Thr Glu Leu Ile Gly Asp Leu Tyr Arg 770 775 780			2352
cgt gat cca aag tgg gtg ctt gct gtg gag gaa agg tgc aaa tat ttg Arg Asp Pro Lys Trp Val Leu Ala Val Glu Glu Arg Cys Lys Tyr Leu 785 790 795 800			2400
gtt ctt ggc aag agc aga gga acc act agt ggt ctt aag att cat gtt Val Leu Gly Lys Ser Arg Gly Thr Thr Ser Gly Leu Lys Ile His Val 805 810 815			2448
ttt tgc cct atg ctg aag gat aaa agg gat gca gtt agt ctg att gct Phe Cys Pro Met Leu Lys Asp Lys Arg Asp Ala Val Ser Leu Ile Ala 820 825 830			2496
gag agg tgg aag ctt gca att tat tct gct ggt tgg gaa cca aag cgt Glu Arg Trp Lys Leu Ala Ile Tyr Ser Ala Gly Trp Glu Pro Lys Arg 835 840 845			2544
ttt ttt gta gtt cat gct aca tcc aaa tcc aaa cct cca cct cgt gtg Phe Phe Val Val His Ala Thr Ser Lys Ser Lys Pro Pro Pro Arg Val 850 855 860			2592
att ggg att aag ggt acg aca act tta agt tcc cat cca cca gtt ttt Ile Gly Ile Lys Gly Thr Thr Thr Leu Ser Ser His Pro Pro Val Phe 865 870 875 880			2640
gat gtt ctt gta gac atg gat ccc agg ctt gtt gta tct ttt cta gat Asp Val Leu Val Asp Met Asp Pro Arg Leu Val Val Ser Phe Leu Asp 885 890 895			2688
ttg ccg agg gag gca gat ata agt tca ctg gtc ctt agg ttt ggt ggg Leu Pro Arg Glu Ala Asp Ile Ser Ser Leu Val Leu Arg Phe Gly Gly 900 905 910			2736
gaa tgt gaa tta gtt tgg ttg aat gat aag aat gca ctg gct gta ttc Glu Cys Glu Leu Val Trp Leu Asn Asp Lys Asn Ala Leu Ala Val Phe 915 920 925			2784
aat gat cct gct cga gca gct act gct atg aga agg ctg gat cat gga Asn Asp Pro Ala Arg Ala Ala Thr Ala Met Arg Arg Leu Asp His Gly 930 935 940			2832
tca tta tat cat gga gca tct gtg gtt cct caa aat act ggt gca tct Ser Leu Tyr His Gly Ala Ser Val Val Pro Gln Asn Thr Gly Ala Ser 945 950 955 960			2880
gtg gca tca cca gct aat aat gcc tgg gca gtg gca ggg act gca atg Val Ala Ser Pro Ala Asn Asn Ala Trp Ala Val Ala Gly Thr Ala Met 965 970 975			2928
gaa gga aca gtt gca gct ttg aag gga act tcg tgg aag aaa gct gta Glu Gly Thr Val Ala Ala Leu Lys Gly Thr Ser Trp Lys Lys Ala Val 980 985 990			2976
gtg cag gag act ggt tgt aag aaa tat tca tgg agt ggt gaa gag tgg Val Gln Glu Thr Gly Cys Lys Lys Tyr Ser Trp Ser Gly Glu Glu Trp 995 1000 1005			3024
tct gat ggt ggt tct gca gat gtt cag gct tct gca tgg aaa ggg			3069

Ser Asp Gly Gly Ser Ala Asp Val Gln Ala Ser Ala Trp Lys Gly
 1010 1015 1020
 aaa gaa gct cca att gtg gct tcg att aac cga tgg agt gtc cta 3114
 Lys Glu Ala Pro Ile Val Ala Ser Ile Asn Arg Trp Ser Val Leu
 1025 1030 1035
 gac tct gag aag gct gac agt tca tct gct gcc tct gtc aag atg 3159
 Asp Ser Glu Lys Ala Asp Ser Ser Ser Ala Ala Ser Val Lys Met
 1040 1045 1050
 gaa gat ccc gca aaa caa gtt gca gga agc ctt tcc agt tca ggt 3204
 Glu Asp Pro Ala Lys Gln Val Ala Gly Ser Leu Ser Ser Ser Gly
 1055 1060 1065
 ttg gaa tca aat gca agc act tcc agt gca tca agg cag cct gca 3249
 Leu Glu Ser Asn Ala Ser Thr Ser Ser Ala Ser Arg Gln Pro Ala
 1070 1075 1080
 atg caa tct gga gga gtt tca aga gaa gaa gat tta tct gtg gtg 3294
 Met Gln Ser Gly Gly Val Ser Arg Glu Glu Asp Leu Ser Val Val
 1085 1090 1095
 gtg gat gat tgg gag aag gct tat gat tga 3324
 Val Asp Asp Trp Glu Lys Ala Tyr Asp
 1100 1105

<210> 9
 <211> 1107
 <212> PRT
 <213> Populus trichocarpa

<400> 9

Met Ser Phe Gln Pro Arg Asn Asp Arg Arg Asp Asn Asn Asn Asn Arg
 1 5 10 15

Ser Ser Arg Phe Pro Thr Gln Lys Trp Val Pro Arg Gly Ala Asn Ser
 20 25 30

Ser Pro Ala Val Asp Ala Asn Thr Lys Pro Pro Ser Ser Ser Asn Ser
 35 40 45

Arg Cys Asn Gly Asn Gly Gly Gly Gly Ala Ala His Gly Trp Ser Gly
 50 55 60

Thr Ala His His Arg Tyr Asn Lys Gly Gly Met Ala Val Asn Ala Pro
 65 70 75 80

Arg Gly Leu Val Gly Arg Pro Arg Lys Gly Ile Glu Arg Ser Glu Lys
 85 90 95

Thr Arg Glu Leu Asn Asp Pro Asn Leu Pro Gln Leu Ala Gln Asp Ile
 100 105 110

27907

Gln Glu Lys Leu Val Lys Ser Thr Val Glu Cys Met Ile Cys Tyr Asp
 115 120 125

Met Val Arg Arg Ser Val Pro Ile Trp Ser Cys Ser Ser Cys Phe Ser
 130 135 140

Ile Phe His Leu Asn Cys Ile Lys Lys Trp Ala Arg Ala Pro Thr Ser
 145 150 155 160

Val Asp Leu Ile Ala Glu Lys Asn Gln Gly Phe Asn Trp Arg Cys Pro
 165 170 175

Gly Cys Gln Ser Val Gln Leu Thr Thr Leu Asn Asp Ile Arg Tyr Val
 180 185 190

Cys Phe Cys Gly Lys Arg Arg Asp Pro Pro Ser Asp Leu Tyr Leu Thr
 195 200 205

Pro His Ser Cys Gly Glu Pro Cys Gly Lys Pro Leu Glu Lys Glu Ala
 210 215 220

Pro Gly Ala Asp Gly Ser Lys Glu Asp Leu Cys Pro His Asn Cys Val
 225 230 235 240

Leu Gln Cys His Pro Gly Pro Cys Pro Pro Cys Lys Ala Phe Ala Pro
 245 250 255

Pro Arg Leu Cys Pro Cys Gly Lys Lys Ile Ile Thr Thr Arg Cys Ala
 260 265 270

Asp Arg Met Ser Val Val Thr Cys Gly His Pro Cys Asp Lys Leu Leu
 275 280 285

Glu Cys Trp Arg His Arg Cys Glu Arg Ile Cys His Val Gly Pro Cys
 290 295 300

Asp Ser Cys Gln Val Leu Val Asn Ala Ser Cys Phe Cys Lys Lys Lys
 305 310 315 320

Thr Glu Val Val Leu Cys Gly Asp Met Ala Val Lys Gly Glu Val Lys
 325 330 335

Ala Glu Asp Gly Val Phe Ser Cys Asn Ser Thr Cys Gly Lys Met Leu
 340 345 350

Gly Cys Gly Asn His Met Cys Asp Glu Thr Cys His Pro Gly Leu Cys
 355 360 365

Gly Asp Cys Glu Leu Met Pro Ala Arg Val Arg Ser Cys Tyr Cys Gly
 370 375 380

Lys Thr Ser Leu Gln Glu Glu Arg Lys Ser Cys Leu Asp Pro Ile Pro
 385 390 395 400

Thr Cys Thr Gln Ile Cys Gly Lys Ser Leu Pro Cys Gly Met His Gln
 405 410 415

Cys Lys Gly Val Cys His Ser Gly Asp Cys Ala Pro Cys Leu Val Ser
 420 425 430

Val Thr Gln Lys Cys Arg Cys Gly Ser Thr Ser Gln Ile Val Glu Cys
 435 440 445

Tyr Lys Ile Thr Ser Glu Asn Glu Lys Phe Leu Cys Glu Lys Pro Cys
 450 455 460

Gly Arg Lys Lys Asn Cys Gly Arg His Arg Cys Ser Glu Arg Cys Cys
 465 470 475 480

Pro Leu Ser Asn Thr Asn Asn Gln Phe Ser Gly Asp Trp Asp Pro His
 485 490 495

Phe Cys Gln Met Ala Cys Gly Lys Lys Leu Arg Cys Gly Gln His Ser
 500 505 510

Cys Asp Asp Leu Cys His Ser Gly His Cys Pro Pro Cys Leu Glu Thr
 515 520 525

Ile Phe Thr Asp Leu Thr Cys Ala Cys Arg Arg Thr Ser Ile Pro Pro
 530 535 540

Pro Leu Pro Cys Gly Thr Pro Pro Pro Ser Cys Gln Leu Pro Cys Ser
 545 550 555 560

Val Pro Gln Pro Cys Gly His Pro Ala Ser His Ser Cys His Phe Gly
 565 570 575

Asp Cys Pro Ser Cys Leu Val Pro Val Ala Lys Glu Cys Val Gly Gly
 580 585 590

His Val Ile Leu Gly Asn Ile Pro Cys Gly Ser Arg Asp Ile Arg Cys
 595 600 605

Asn Lys Leu Cys Gly Lys Thr Arg Gln Cys Gly Leu His Ala Cys Gly
 610 615 620

Arg Thr Cys His Ser Leu Pro Cys Asp Thr Ser Ser Gly Asn Glu Thr
625 630 635 640

Gly Thr Arg Ala Ser Cys Gly Gln Thr Cys Gly Ala Pro Lys Arg Asp
645 650 655

Cys Arg His Thr Cys Thr Ala Leu Cys His Pro His Ala Pro Cys Pro
660 665 670

Asp Val Arg Cys Glu Phe Leu Val Thr Ile Ser Cys Ser Cys Gly Arg
675 680 685

Met Thr Ala Ser Val Pro Cys Asp Ala Gly Gly Ser Asn Gly Ala Tyr
690 695 700

Asn Asp Thr Val Leu Glu Ala Ser Ile Leu His Lys Leu Pro Ala Ser
705 710 715 720

Leu Gln Pro Val Glu Ser Thr Gly Lys Lys Ile Pro Leu Gly Gln Arg
725 730 735

Lys Leu Met Cys Asp Asp Glu Cys Ala Lys Leu Glu Arg Lys Arg Val
740 745 750

Leu Ala Asp Ala Phe Asp Ile Thr Pro Pro Asn Leu Glu Ala Leu His
755 760 765

Phe Gly Glu Asn Ser Ala Val Thr Glu Leu Ile Gly Asp Leu Tyr Arg
770 775 780

Arg Asp Pro Lys Trp Val Leu Ala Val Glu Glu Arg Cys Lys Tyr Leu
785 790 795 800

Val Leu Gly Lys Ser Arg Gly Thr Thr Ser Gly Leu Lys Ile His Val
805 810 815

Phe Cys Pro Met Leu Lys Asp Lys Arg Asp Ala Val Ser Leu Ile Ala
820 825 830

Glu Arg Trp Lys Leu Ala Ile Tyr Ser Ala Gly Trp Glu Pro Lys Arg
835 840 845

Phe Phe Val Val His Ala Thr Ser Lys Ser Lys Pro Pro Pro Arg Val
850 855 860

Ile Gly Ile Lys Gly Thr Thr Thr Leu Ser Ser His Pro Pro Val Phe

865		870		875		880
Asp Val Leu Val	Asp Met Asp Pro Arg Leu Val Val Ser Phe Leu Asp					
	885		890			895
Leu Pro Arg Glu Ala Asp Ile Ser Ser Leu Val Leu Arg Phe Gly Gly						
	900		905			910
Glu Cys Glu Leu Val Trp Leu Asn Asp Lys Asn Ala Leu Ala Val Phe						
	915		920			925
Asn Asp Pro Ala Arg Ala Ala Thr Ala Met Arg Arg Leu Asp His Gly						
	930		935			940
Ser Leu Tyr His Gly Ala Ser Val Val Pro Gln Asn Thr Gly Ala Ser						
	945		950			955
						960
Val Ala Ser Pro Ala Asn Asn Ala Trp Ala Val Ala Gly Thr Ala Met						
			965			970
						975
Glu Gly Thr Val Ala Ala Leu Lys Gly Thr Ser Trp Lys Lys Ala Val						
			980			985
						990
Val Gln Glu Thr Gly Cys Lys Lys Tyr Ser Trp Ser Gly Glu Glu Trp						
			995			1000
						1005
Ser Asp Gly Gly Ser Ala Asp Val Gln Ala Ser Ala Trp Lys Gly						
	1010		1015			1020
Lys Glu Ala Pro Ile Val Ala Ser Ile Asn Arg Trp Ser Val Leu						
	1025		1030			1035
Asp Ser Glu Lys Ala Asp Ser Ser Ser Ala Ala Ser Val Lys Met						
	1040		1045			1050
Glu Asp Pro Ala Lys Gln Val Ala Gly Ser Leu Ser Ser Ser Gly						
	1055		1060			1065
Leu Glu Ser Asn Ala Ser Thr Ser Ser Ala Ser Arg Gln Pro Ala						
	1070		1075			1080
Met Gln Ser Gly Gly Val Ser Arg Glu Glu Asp Leu Ser Val Val						
	1085		1090			1095
Val Asp Asp Trp Glu Lys Ala Tyr Asp						
	1100		1105			

<210> 10
 <211> 191
 <212> PRT
 <213> Populus trichocarpa

<400> 10

Pro Pro Asn Leu Glu Ala Leu His Phe Gly Glu Asn Ser Ser Val Thr
 1 5 10 15

Glu Leu Ile Gly Asp Leu Tyr Arg Arg Asp Pro Lys Trp Val Leu Ala
 20 25 30

Val Glu Glu Arg Cys Lys Tyr Leu Val Leu Ser Lys Ser Arg Gly Thr
 35 40 45

Thr Ser Gly Leu Lys Ile His Val Phe Cys Pro Met Leu Lys Asp Lys
 50 55 60

Arg Asp Ala Val Arg Leu Ile Ala Glu Arg Trp Lys Val Ala Ile Tyr
 65 70 75 80

Ser Ala Gly Trp Glu Pro Lys Arg Phe Ile Val Ile His Ala Thr Pro
 85 90 95

Lys Ser Lys Thr Pro Ser Arg Val Ile Gly Ile Lys Gly Thr Thr Thr
 100 105 110

Leu Ser Ala Ser His Pro Pro Val Phe Asp Ala Leu Val Asp Met Asp
 115 120 125

Pro Arg Leu Val Val Ser Phe Leu Asp Leu Pro Arg Glu Ala Asp Ile
 130 135 140

Ser Ser Leu Val Leu Arg Phe Gly Gly Glu Cys Glu Leu Val Trp Leu
 145 150 155 160

Asn Asp Lys Asn Ala Leu Ala Val Phe Asn Asp Pro Ala Arg Ala Ala
 165 170 175

Thr Ala Met Arg Arg Leu Asp His Gly Ser Val Tyr Tyr Gly Ala
 180 185 190

<210> 11
 <211> 30
 <212> ADN
 <213> Nhân tạo

<220>
 <223> PCR cơ bản

<400> 11
 caccgcggcc gcccatctcg tgtgattggc 30

<210> 12
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Nhân tạo

<220>
 <223> PCR cơ bản

<400> 12
 cttccacgaa gttcccttca gag 23

<210> 13
 <211> 30
 <212> ADN
 <213> Nhân tạo

<220>
 <223> PCR cơ bản

<400> 13
 caccgcggcc gcggacttgg acttcttcc 30

<210> 14
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Nhân tạo

<220>
 <223> PCR cơ bản

<400> 14
 gattcgtgga tgtcttcttc tgtg 24

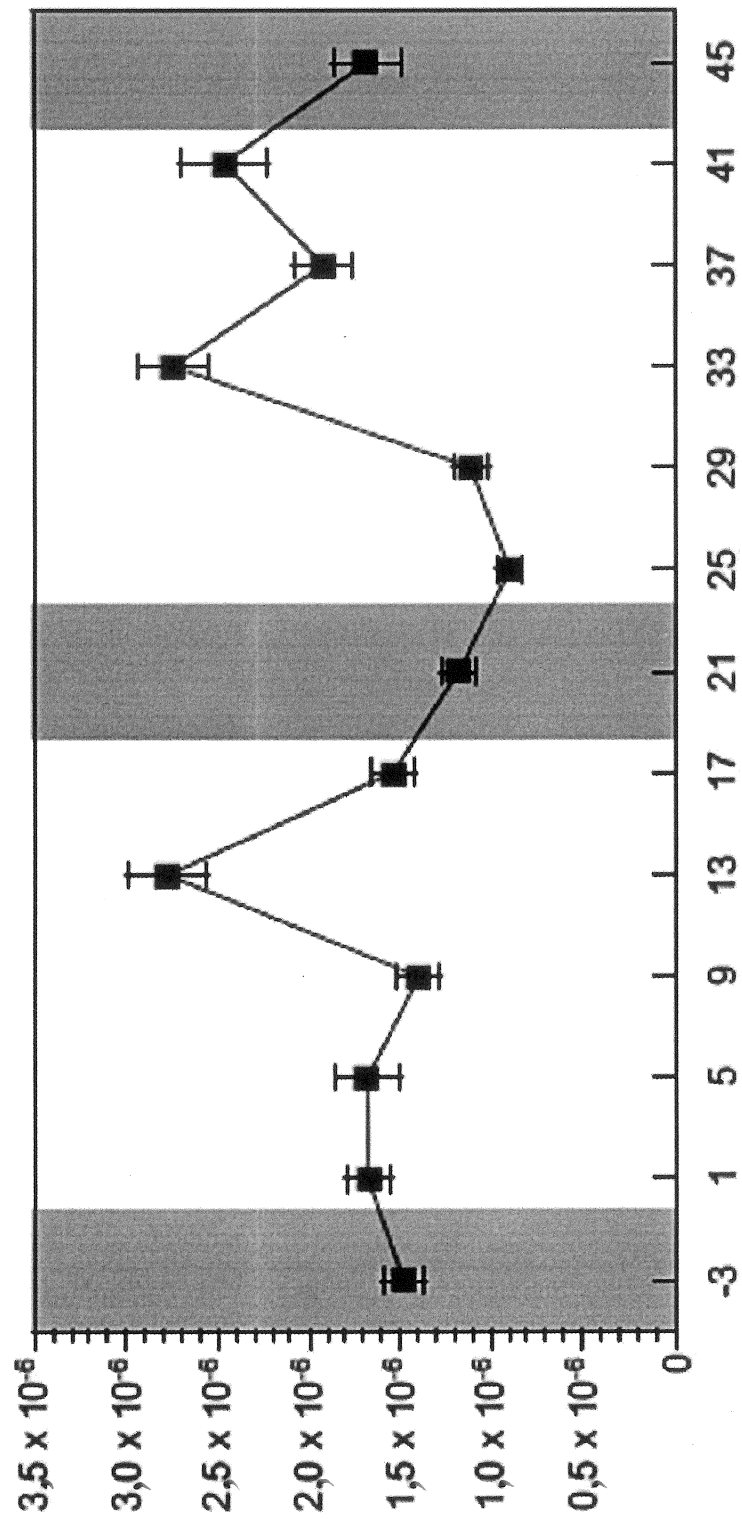


Fig. 1A

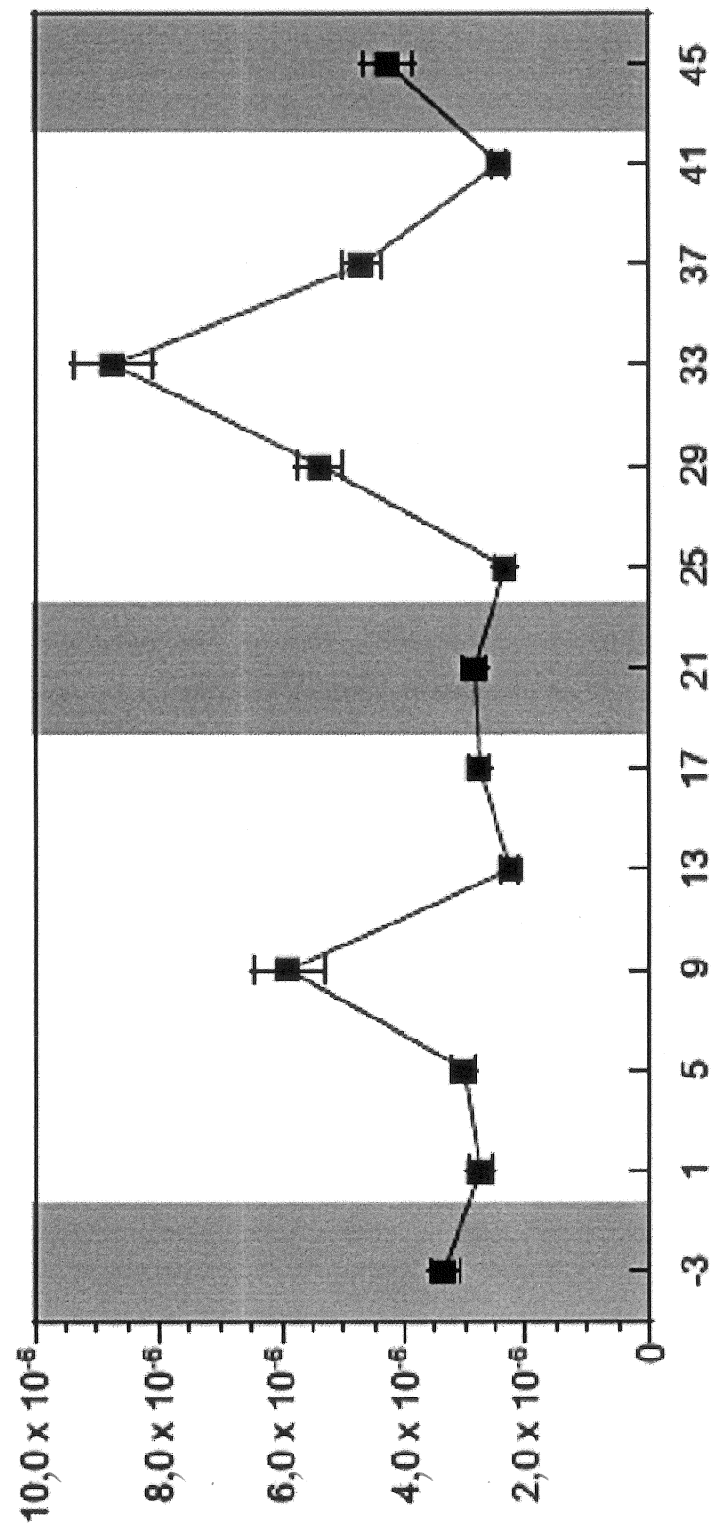


Fig. 1B

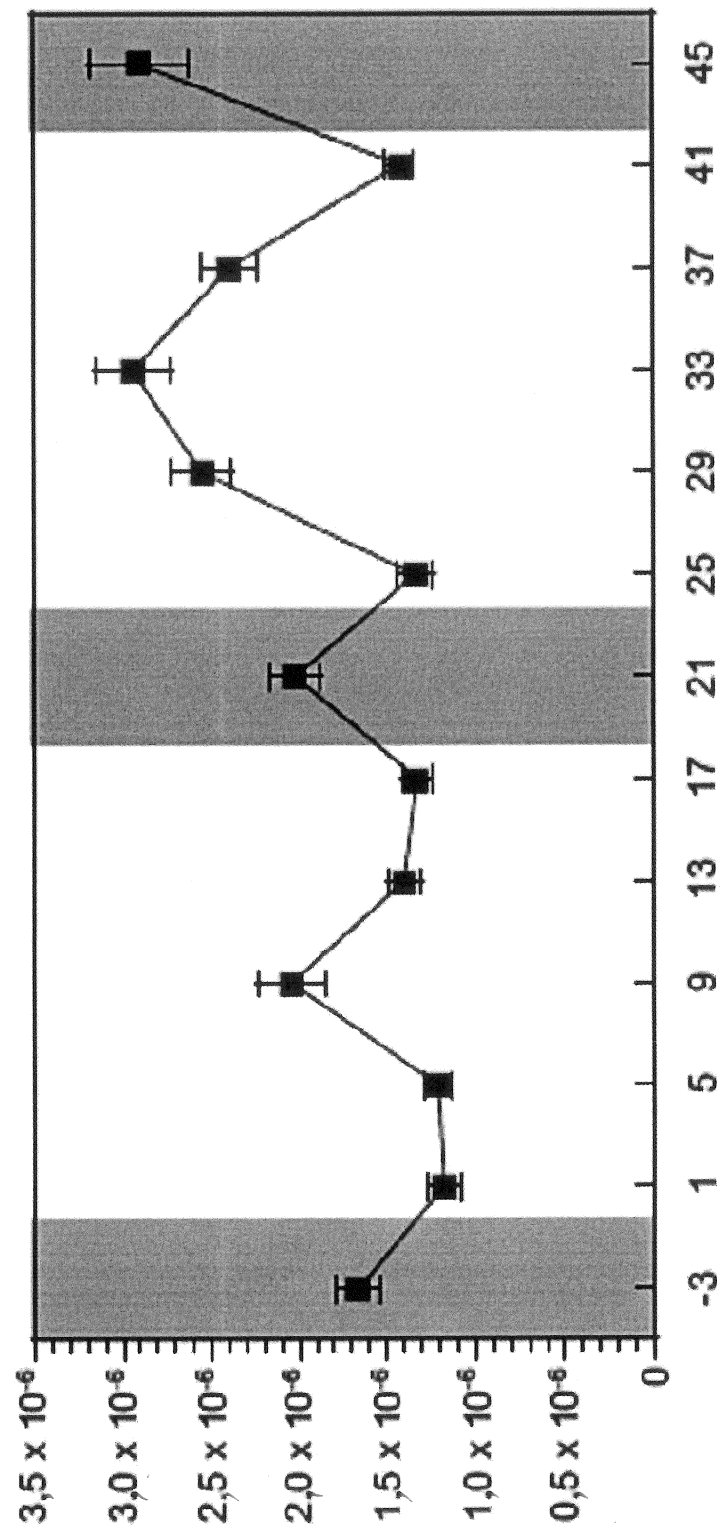


Fig. 1C

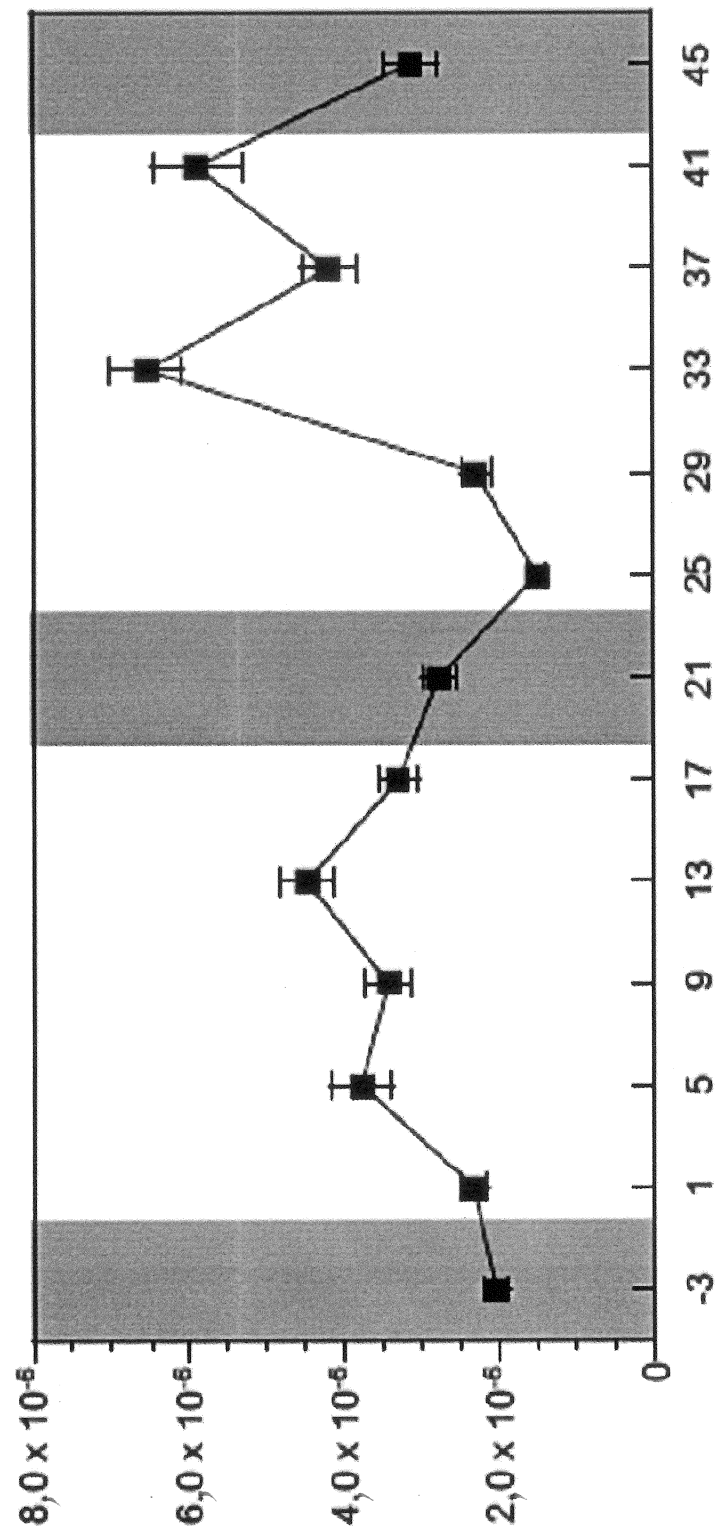


Fig. 1D

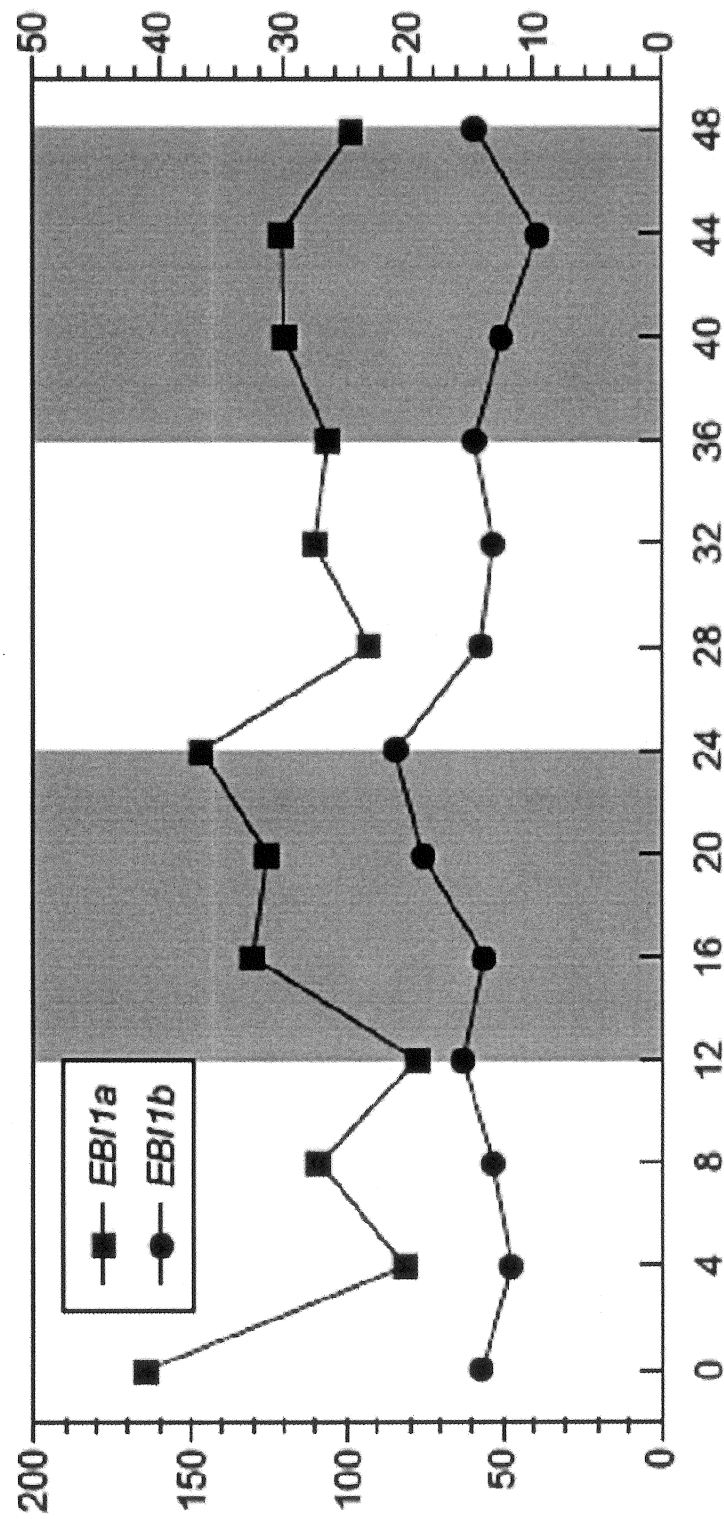


Fig. 1E

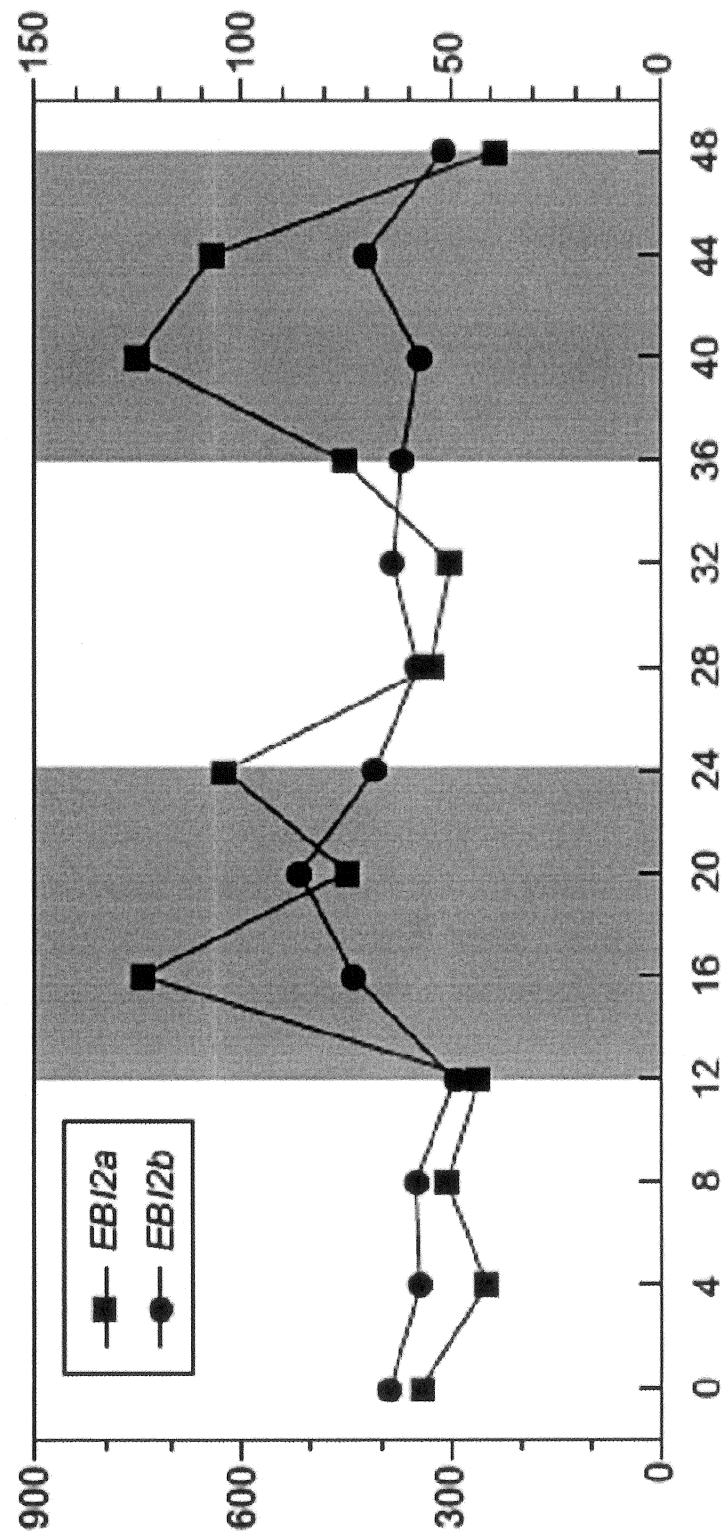


Fig. 1F

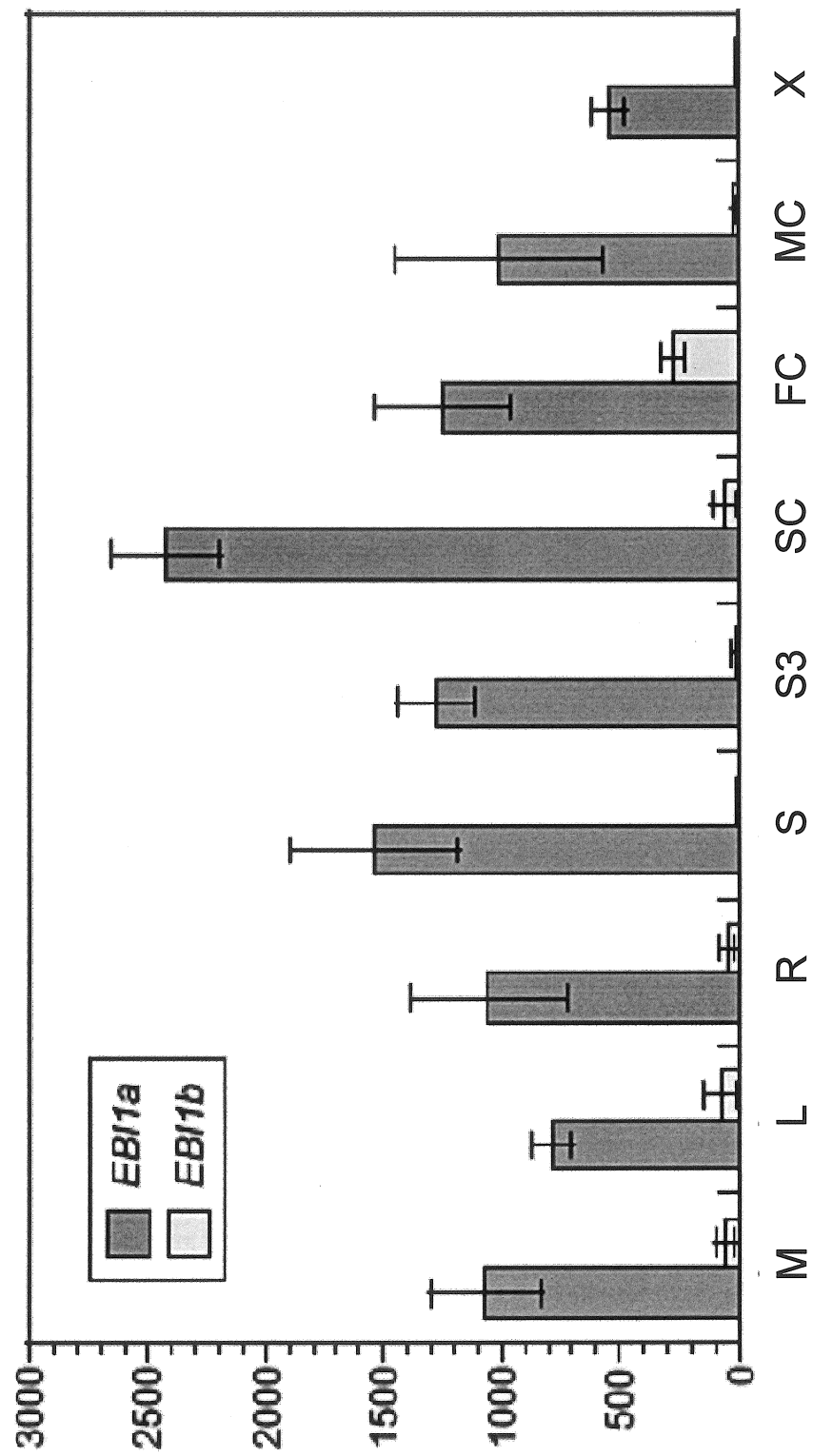


Fig. 1G

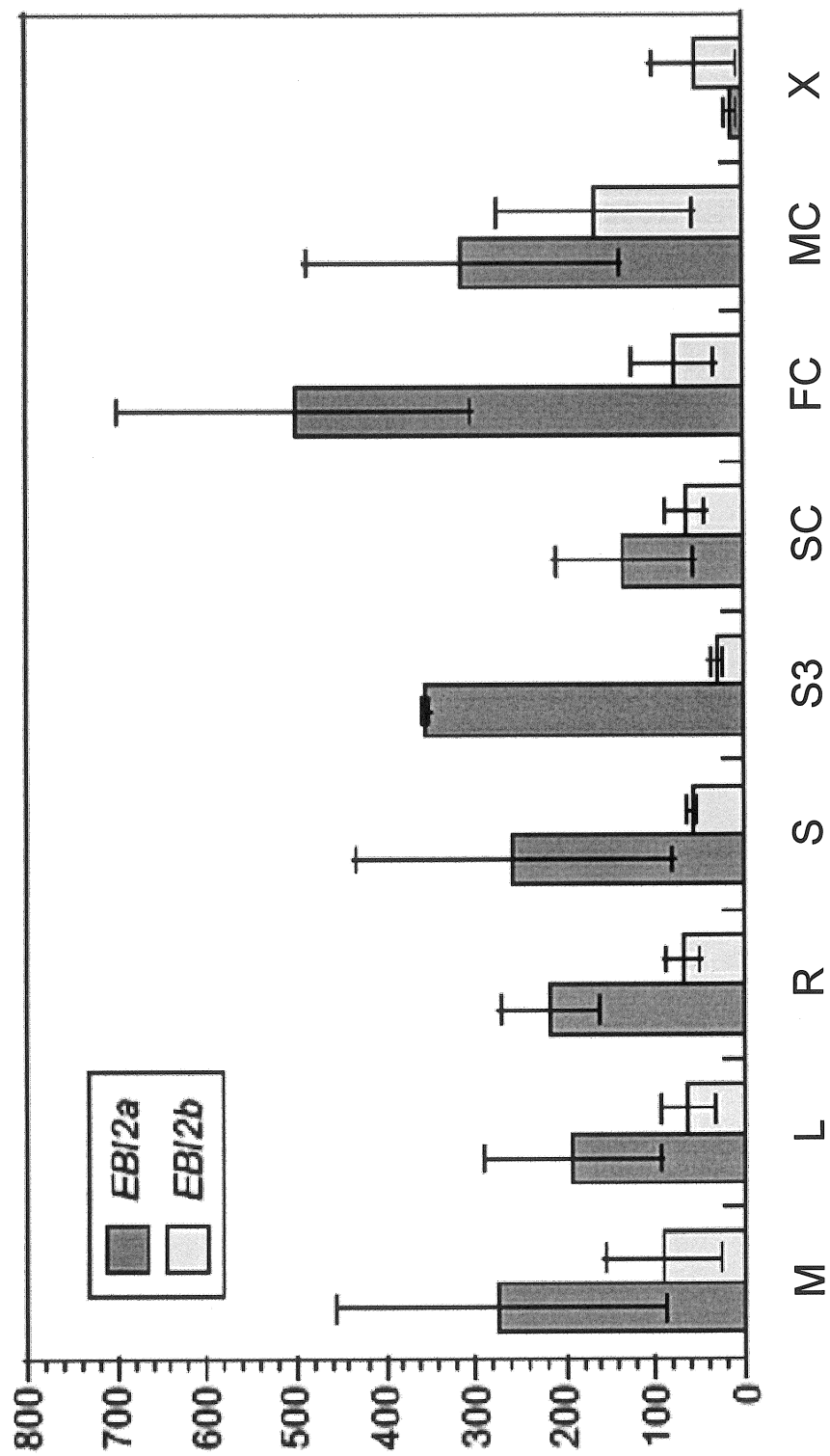


Fig. 1H

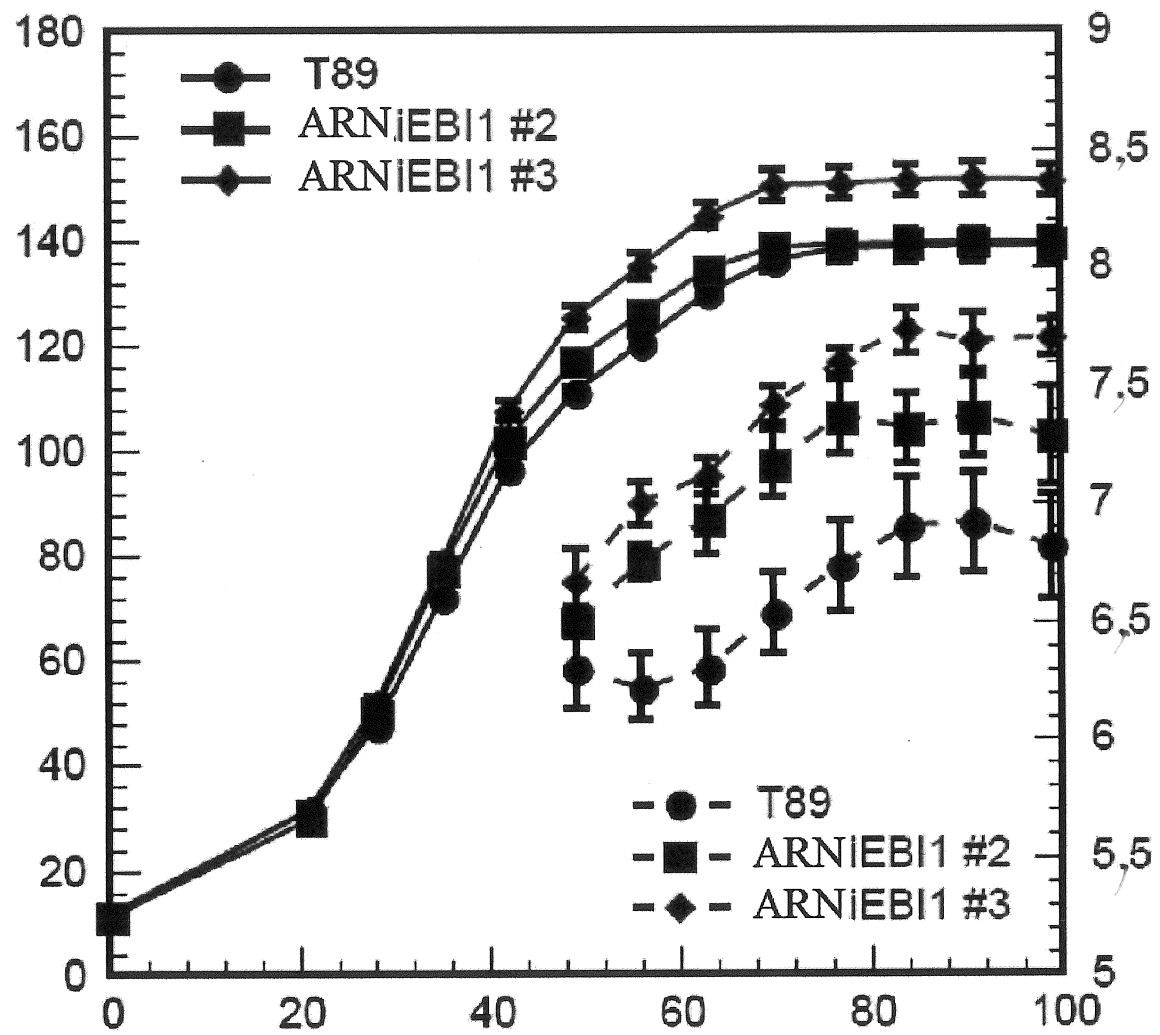


Fig. 2A

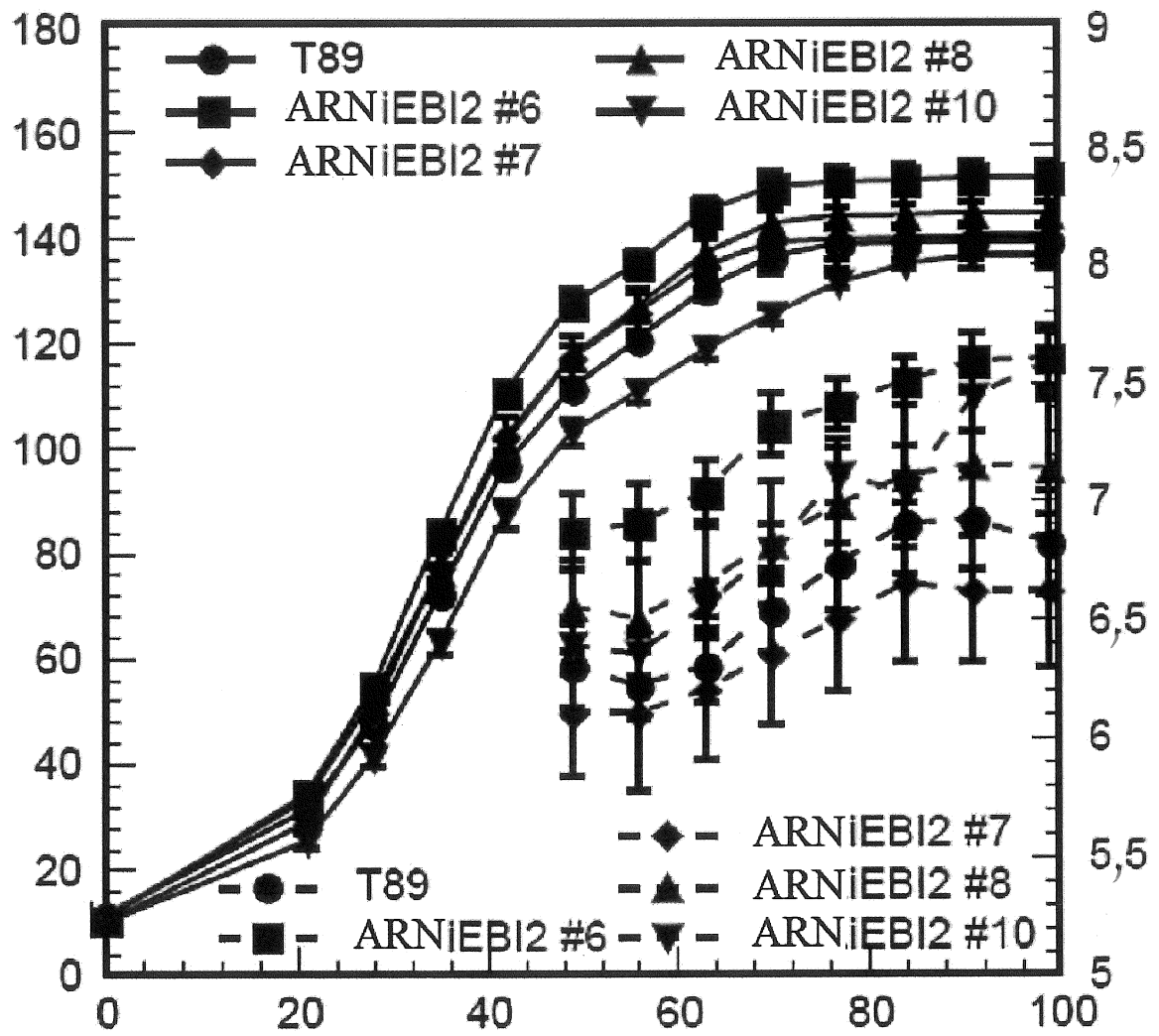


Fig. 2B

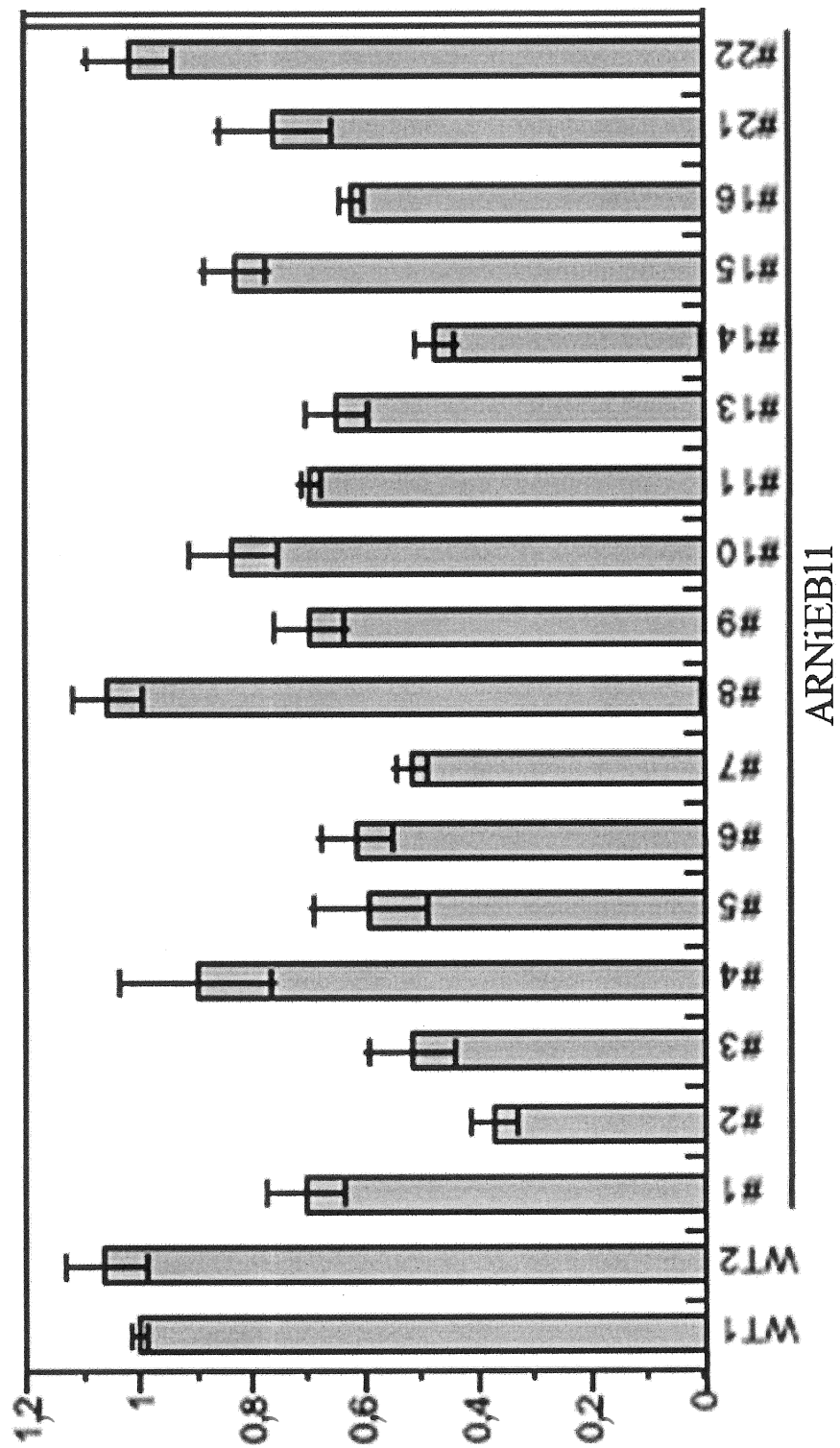


Fig. 3A

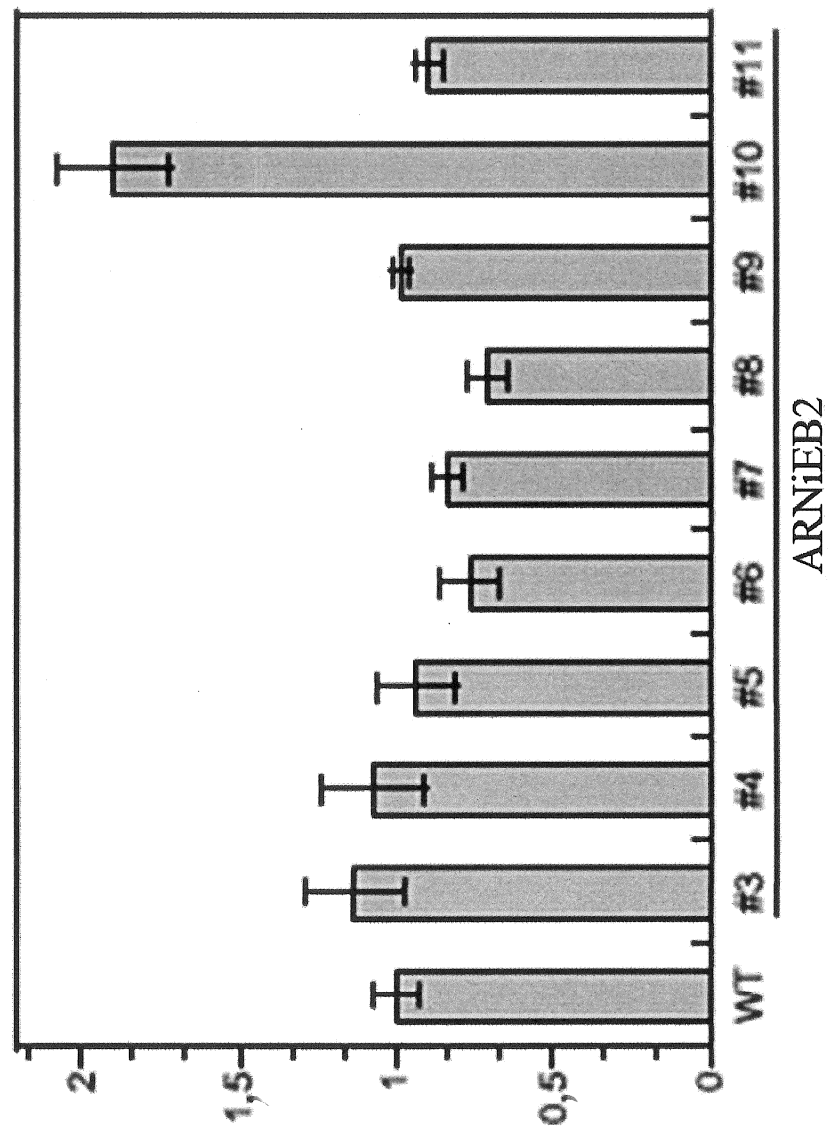


Fig. 3B

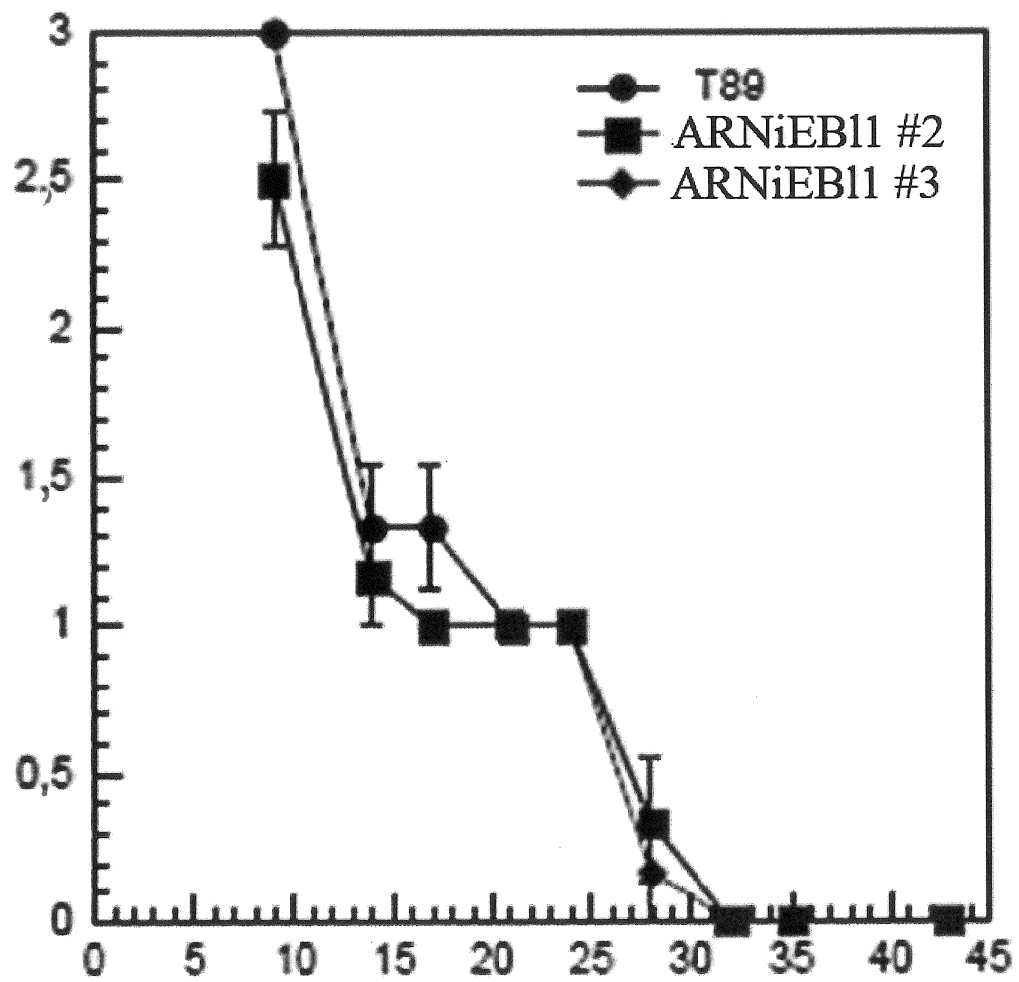


Fig. 4A

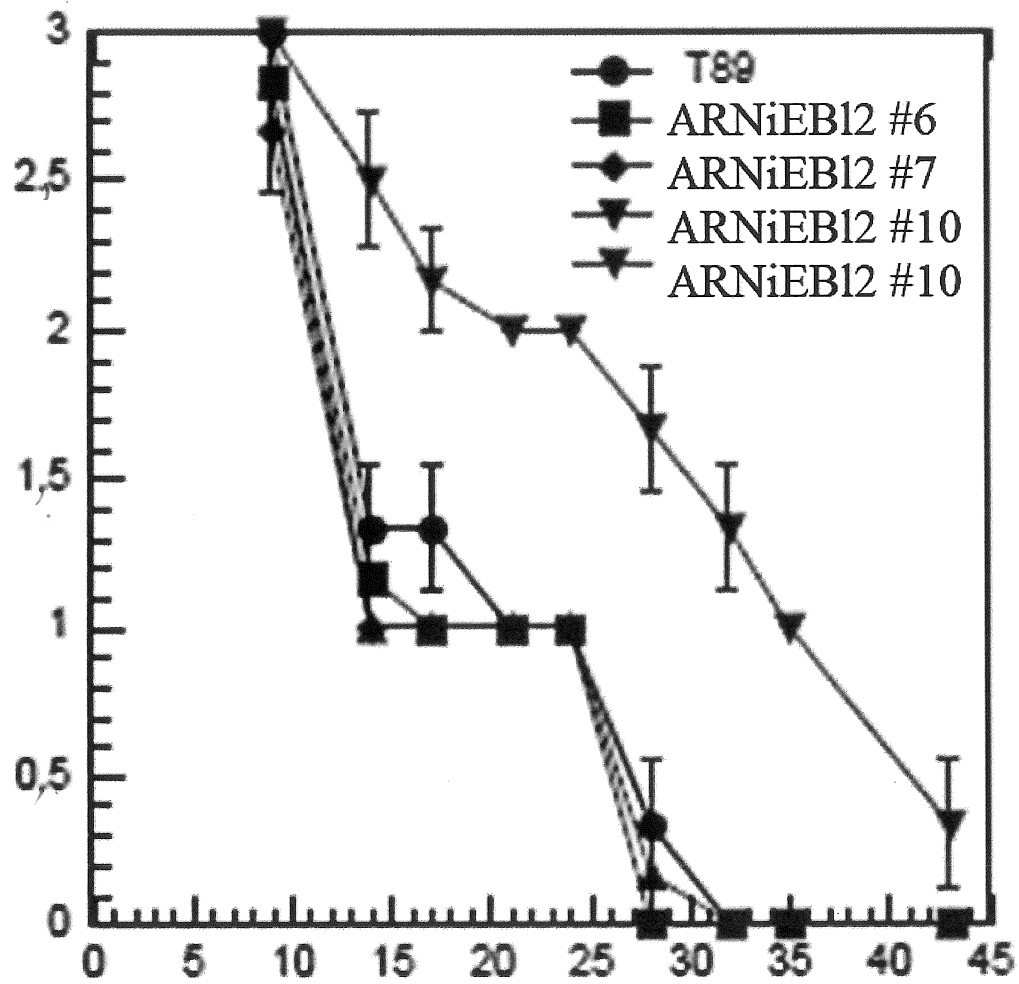


Fig. 4B