(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) **1-0029752**

(51)[7] **C12N 15/82**; C12N 5/04; A01H 5/00; A01H 5/10

(13) **B**

(21) 1-2016-04003
(22) 22/04/2015
(86) PCT/EP2015/058633 22/04/2015
(87) WO 2015/162143 29/10/2015
(30) 61/982,893 23/04/2014 US; 61/982,894 23/04/2014 US; 61/982,895 23/04/2014 US; 61/982,896 23/04/2014 US; 61/982,897 23/04/2014 US; 61/982,904 23/04/2014 US; 61/982,899 23/04/2014 US; 61/982,900 23/04/2014 US; 61/982,901 23/04/2014 US; 61/982,903 23/04/2014 US; 61/982,898 23/04/2014 US
(45) 25/10/2021 403
(43) 27/02/2017 347A
(73) BASF SE (DE)
67056 Ludwigshafen, Germany
(72) TRESCH, Stefan (DE); SCHACHTSCHABEL, Doreen (DE); SISAY, Mihiret Tekeste (DE); LERCHL, Jens (DE); MAJOR, Julia (DE); VOGT, Florian (DE); CALO, Frederick (FR); PAULIK, Jill Marie (US).
(74) Công ty Luật TNHH T&G (TGVN)

(54) PHƯƠNG PHÁP PHÒNG TRỪ CỎ DẠI Ở VỊ TRÍ CÂY TRỒNG SINH TRƯỞNG

(57) Sáng chế đề cập đến phương pháp phòng trừ cỏ dại ở vị trí cây trồng sinh trưởng và cây trồng và bộ phận của cây trồng chứa polynucleotit mã hóa polypeptit xenluloza syntaza (CESA) kiểu dại hoặc đột biến, việc biểu hiện của polynucleotit đã nêu tạo cho cây trồng và bộ phận của cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA, như các azin.

Lĩnh vực kỹ thuật được đề cập

Nhìn chung, sáng chế đề cập đến phương pháp tạo cho cây khả năng dung nạp ở cấp độ nông nghiệp đối với thuốc diệt cỏ. Cụ thể là, sáng chế đề cập đến cây trồng có tính dung nạp tăng đối với thuốc diệt cỏ, cụ thể hơn là thuốc diệt cỏ làm ức chế enzym xenluloza syntaza (CESA), còn được biết là chất ức chế sinh tổng hợp xenluloza (CBI). Đặc biệt hơn là, sáng chế đề cập đến phương pháp và cây trồng thu được bằng cách gây đột biến và lai chéo và biến nạp mà có tính dung nạp tăng đối với thuốc diệt cỏ, cụ thể là các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Tình trạng kỹ thuật của sáng chế

Vách tế bào cây trồng là cấu trúc phức hợp gồm có các polysacarit có phân tử lượng cao, các protein, và các lignin. Trong số các polysacarit của vách, xenluloza, là vi sợi glucan liên kết với β-1,4 được liên kết bằng hydro, là thành phần vách đóng vai trò chính và là tiền chất chủ chốt dùng cho các ứng dụng công nghiệp. Xenluloza được tổng hợp bằng phức hợp xenluloza syntaza (CESA) dạng multime lớn (E.C.2.4.1.12), đánh dấu dọc theo các vi ống vỏ não ở màng huyết tương. Thành phần đã biết duy nhất của phức hợp này là protein xenluloza syntaza. Các nghiên cứu gần đây đã xác định được các đối tượng tương tác thử nghiệm kèm theo đối với CESA và cho thấy rằng các mô hình di trú của phức hợp CESA phụ thuộc vào trạng thái phosphoryl hóa (để tham khảo, xem Endler and Persson, Molecular Plant, 2011, Volume 4, Number 2, Pages 199–211, và các tài liệu tham khảo có trong đó). Ví dụ, gen xenluloza syntaza ở cây bông, gọi là *CESA1* và *CESA2*, được xác định trong tập hợp các trình tự có thẻ trình tự được biểu hiện (EST) dựa trên độ tương đồng trình tự yếu đối với gen của xenluloza syntaza từ vi khuẩn (Richmond and Somerville. Plant Physiology, 2000, Vol. 124, 495-498; và các tài liệu tham khảo có trong đó). Ngoài ra, các gen này được biểu hiện ở mức độ cao trong sợi bông khi bắt đầu quá trình tổng hợp vách thứ phát và phần đã được tinh chế của một trong số các protein tương ứng cho thấy là liên kết với UDP-Glc, là cơ chất được đề xuất để sinh tổng hợp xenluloza. Kết luận cho rằng gen *CESA* của cây bông là xenluloza syntaza được ủng hộ bởi các kết quả thu được với hai thể đột biến Arabidopsis thiếu hụt xenluloza, *rsw1* và *irx3* (Richmond and Somerville. Plant Physiology, Vol.

124, 2000, 495-498; và các tài liệu tham khảo có trong đó). Các gen tương ứng với locus *RSW1* và *IRX3* cho thấy độ tương đồng trình tự ở mức độ cao đối với gen *CESA* của cây bông và được coi là gen trực giao. Mười gen *CESA* độ dài đầy đủ được tạo trình tự từ Arabidopsis, và có một trình tự nghiên cứu hệ gen có thể dùng để chỉ một thành viên của họ bổ sung. Các nghiên cứu cơ sở dữ liệu lặp lại sử dụng Arabidopsis Rsw1 (AtCESA1) và trình tự polypeptit CESA của cây bông làm trình tự nghi vấn ban đầu bộc lộ một siêu họ lớn gồm ít nhất là 41 gen giống *CESA* trong Arabidopsis. Dựa trên các trình tự protein được dự báo, các gen này được chia nhóm thành bảy họ phân biệt rõ ràng (Richmond and Somerville. Plant Physiology, Vol. 124, 2000, 495-498; và các tài liệu tham khảo có trong đó): họ *CESA*, bao gồm *RSW1 và IRX3* (*AtCESA7*), và sáu họ gồm các gen liên quan về mặt cấu trúc chưa biết chức năng được ký hiệu là gen "giống xenluloza syntaza" (*CslA*, *CslB*, *CslC*, *CslD*, *CslE*, và *CslG*).

WO 2013/142968 mô tả các alen xenluloza syntaza (CESA) được xác định bằng các cây trồng gây đột biến gen và sàng lọc các cây trồng nêu trên bằng chất ức chế sinh tổng hợp xenluloza (CBI). Các CBI được sử dụng trong WO 2013/142968 bao gồm dichlobenil, chlorthiamid, isoxaben, flupoxam, và quinclorac, cụ thể là các thể đột biến isoxaben hoặc flupoxam (tên là fpx1-1 đến fxp1-3 [CESA3], fxp2-1 đến fxp2-3 [CESA1] và ixr1-1 đến ixr1-7 [CESA3], ixr2-1 đến ixr2-2 [CESA6] của các enzym kiểu dại CESA của Arabidopsis)

Các tác giả sáng chế bây giờ đã bất ngờ phát hiện ra rằng sự biểu hiện quá mức của các dạng xenluloza syntaza đột biến được bộc lộ trong WO 2013/142968 tạo cho cây khả năng dung nạp/kháng đối với các lớp cụ thể của các thuốc diệt cỏ ức chế CESA (chất ức chế sinh tổng hợp xenluloza; CBI) khi so với các cây trồng hoặc tế bào cây trồng không được biến đổi và/hoặc không bị đột biến, một cách tương ứng. Đặc biệt hơn là, các tác giả sáng chế đã phát hiện ra rằng sự biểu hiện CESA đem lại tính dung nạp/tính kháng đối với các azin. Đặc biệt hơn là, các tác giả sáng chế đã phát hiện ra rằng sự biến đổi của phần đầu tận C của các protein CESA đem lại tính dung nạp/tính kháng đối với các azin.

Vấn đề của sáng chế có thể được cho là điều kiện cho các đặc điểm mới bằng cách xác định polypeptit đích, việc thao tác thủ công của chúng mang lại cho cây trồng tính dung nạp thuốc diệt cỏ.

Ba chiến lược chính sẵn có để mang lại cho cây trồng tính dung nạp thuốc diệt cỏ, tức là (1) giải độc thuốc diệt cỏ này bằng enzym biến nạp thuốc diệt cỏ, hoặc chất chuyển hóa có hoạt tính của nó, thành các sản phẩm không độc, như, ví dụ, enzym để dung nạp bromoxynil hoặc basta (EP242236, EP337899); (2) gây đột biến enzym đích thành enzym chức năng ít nhạy đối với thuốc diệt cỏ hơn, hoặc ít nhạy đối với chất chuyển hóa có hoạt tính của nó hơn, như, ví dụ, enzym để dung nạp glyphosat (EP293356, Padgette S. R. et al., J.Biol. Chem., 266, 33, 1991); hoặc (3) biểu hiện quá mức enzym nhạy để tạo ra đủ số lượng enzym đích trong cây trồng so với thuốc diệt cỏ, theo các hằng số động học của enzym này, để có đủ enzym chức năng sẵn có để dùng bất kể sự có mặt chất ức chế của nó.

Vấn đề này được giải quyết bằng đối tượng của sáng chế.

Bản chất kỹ thuật của sáng chế

Do vậy, theo một khía cạnh, sáng chế đề xuất cây trồng và bộ phận của cây trồng bao gồm polynucleotit mã hóa polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến, sự biểu hiện của polynucleotit đã nêu tạo cho cây trồng và bộ phận của cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo một số khía cạnh khác, sáng chế đề xuất hạt giống có khả năng nảy mầm thành cây bao gồm, trong ít nhất một số trong các tế bào của nó, một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo một khía cạnh, sáng chế đề xuất tế bào cây trồng có khả năng tái tạo ra cây trồng bao gồm, trong ít nhất một số trong các tế bào của nó, một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA, trong đó tế bào cây trồng này bao gồm polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu.

Theo một khía cạnh khác nữa, sáng chế đề xuất tế bào cây trồng bao gồm một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có khả năng hoạt động trong

tế bào, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo các khía cạnh khác, sáng chế đề xuất sản phẩm từ thực vật được tạo ra từ cây trồng và bộ phận của cây trồng bao gồm, trong ít nhất một số trong các tế bào của nó, một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo một số khía cạnh khác, sáng chế đề xuất thế hệ sau hoặc cây trồng thế hệ sau thu được từ cây trồng bao gồm, trong ít nhất một số trong các tế bào của nó, một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, trong đó thế hệ sau hoặc cây trồng thế hệ sau này bao gồm, trong ít nhất một số trong các tế bào của nó, polynucleotit tái tổ hợp được liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này đem lại cho thế hệ sau hoặc cây trồng thế hệ sau khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo các khía cạnh khác, sáng chế đề xuất phương pháp phòng trừ cỏ dại tại vị trí cây trồng sinh trưởng, phương pháp này bao gồm bước: (a) áp dụng chế phẩm thuốc diệt cỏ chứa các thuốc diệt cỏ ức chế CESA cho vị trí này; và (b) gieo hạt giống ở vị trí này, trong đó hạt giống này có khả năng tạo ra cây trồng chứa, trong ít nhất một số trong các tế bào của nó, một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo một số khía cạnh khác, sáng chế đề xuất phương pháp phòng trừ cỏ dại ở vị trí cây trồng sinh trưởng, phương pháp này bao gồm: áp dụng chế phẩm thuốc diệt cỏ chứa các thuốc diệt cỏ ức chế CESA cho vị trí này; trong đó vị trí đã nêu là: (a) vị trí

chứa: cây trồng hoặc hạt giống có khả năng tạo ra cây trồng đã nêu; hoặc (b) sau bước áp dụng nêu trên, vị trí được tạo ra cần phải chứa cây trồng hoặc hạt giống; trong đó cây trồng hoặc hạt giống chứa, trong ít nhất một số trong các tế bào của nó, một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo một khía cạnh, bước (a) diễn ra trước, sau hoặc đồng thời với bước (b).

Theo các khía cạnh khác, sáng chế đề xuất phương pháp tạo ra cây trồng có khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA, phương pháp này bao gồm bước tái tạo cây trồng từ tế bào cây trồng đã được biến nạp bằng một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo một khía cạnh, sáng chế đề xuất phương pháp sản xuất cây trồng thế hệ sau có khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA, phương pháp này bao gồm: lai cây trồng có khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA thế hệ thứ nhất với cây trồng thế hệ thứ hai để tạo ra cây trồng thế hệ sau có khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA, trong đó cây trồng thế hệ thứ nhất và cây trồng thế hệ sau bao gồm ít nhất một số trong số các tế bào của chúng, một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Ngoài ra, sáng chế đề cập đến phương pháp nhận diện thuốc diệt cỏ ức chế CESA bằng cách sử dụng CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế được mã hóa bởi axit nucleic mà bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, hoặc 77, hoặc biến thể, thể tương đồng, thể tương đồng para hoặc thể tương đồng ortho của nó.

Phương pháp nêu trên bao gồm các bước:

a) tạo ra tế bào hoặc cây trồng chuyển gen bao gồm axit nucleic mã hóa CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế, trong đó CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế này được biểu hiện;

b) áp dụng thuốc diệt cỏ ức chế CESA cho tế bào hoặc cây trồng chuyển gen của a) và cho tế bào hoặc cây trồng đối chứng cùng loại;

c) xác định mức độ sinh trưởng hoặc khả năng sống được của tế bào hoặc cây trồng chuyển gen và tế bào hoặc cây trồng đối chứng sau khi sử dụng hợp chất thử nghiệm nêu trên, và

d) lựa chọn các hợp chất thử nghiệm đem lại mức độ sinh trưởng giảm cho tế bào hoặc cây trồng đối chứng khi so với mức độ sinh trưởng của tế bào hoặc cây trồng chuyển gen.

Mục đích khác nữa đề cập đến phương pháp nhận diện trình tự nucleotit mã hóa CESA kiểu dại hoặc đột biến kháng hoặc dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA, phương pháp này bao gồm:

a) tạo ra thư viện của axit nucleic mã hóa CESA kiểu dại hoặc đột biến,

b) sàng lọc quần thể các axit nucleic mã hóa CESA kiểu dại hoặc đột biến thu được bằng cách biểu hiện từng axit nucleic nêu trên trong tế bào hoặc cây trồng và xử lý tế bào hoặc cây trồng nêu trên bằng thuốc diệt cỏ ức chế CESA,

c) so sánh mức độ dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA được tạo ra bởi quần thể của axit nucleic mã hóa CESA kiểu dại hoặc đột biến nêu trên với mức độ dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA được tạo ra bởi axit nucleic mã hóa CESA đối chứng,

d) chọn lọc ít nhất một axit nucleic mã hóa CESA kiểu dại hoặc đột biến mà tạo ra mức dung nạp tăng lên một cách đáng kể đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA khi so với thuốc diệt cỏ được tạo ra bởi axit nucleic mã hóa CESA đối chứng.

Theo một phương án được ưu tiên, axit nucleic mã hóa CESA kiểu dại hoặc đột biến được chọn lọc trong bước d) tạo ra khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA cao hơn ít nhất 2 lần khi so với khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA được tạo ra bởi axit nucleic mã hóa CESA đối chứng.

Khả năng kháng hoặc dung nạp có thể được xác định bằng cách tạo ra cây trồng chuyển gen bao gồm trình tự axit nucleic của thư viện trong bước a) và so sánh cây trồng

chuyển gen nêu trên với cây trồng đối chứng

Mục đích khác nữa đề cập đến phương pháp nhận diện cây trồng hoặc tảo chứa axit nucleic mã hóa CESA kiểu dại hoặc đột biến mà kháng hoặc dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA, phương pháp này bao gồm:

a) xác định lượng hữu hiệu thuốc diệt cỏ ức chế CESA trong môi trường nuôi cấy tế bào cây trồng hoặc tảo lục.

b) xử lý các tế bào cây trồng hoặc tảo lục nêu trên bằng tác nhân gây đột biến,

c) cho quần thể tế bào bị đột biến gen nêu trên tiếp xúc với một lượng hữu hiệu của thuốc diệt cỏ ức chế CESA, được xác định trong mục a),

d) lựa chọn ít nhất một tế bào sống sót trong các điều kiện thử nghiệm này,

e) khuếch đại PCR và tạo trình tự các gen CESA từ các tế bào được chọn lựa trong d) và so sánh các trình tự này với các trình tự gen CESA kiểu dại, một cách tương ứng.

Theo một phương án được ưu tiên, tác nhân gây đột biến là etylmetansulfonat.

Một mục đích khác đề cập đến axit nucleic được phân lập, được tạo ra bằng cách tái tổ hợp, và/hoặc được tổng hợp hóa học mã hóa CESA kiểu dại hoặc đột biến, axit nucleic này bao gồm trình tự của SEQ ID NO: 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, hoặc 77, hoặc biến thể của nó, như được xác định dưới đây.

Theo một phương án được ưu tiên, axit nucleic có thể được xác định bằng phương pháp như được xác định ở trên.

Một mục đích khác đề cập đến polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được phân lập, được tạo ra bằng cách tái tổ hợp, và/hoặc được tổng hợp hóa học, polypeptit này bao gồm trình tự được nêu trong SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64, biến thể, dẫn xuất, thể tương đồng ortho, thể tương đồng para hoặc thể tương đồng của nó, như được xác định dưới đây.

Theo các khía cạnh khác nữa, sáng chế đề xuất cây trồng và bộ phận của cây trồng bao gồm, trong ít nhất một số trong các tế bào của nó, một polynucleotit liên kết có điều

khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA, trong đó cây trồng hoặc bộ phận của cây trồng còn có đặc điểm dung nạp thuốc diệt cỏ thế hệ thứ hai hoặc thế hệ thứ ba.

Theo một phương án khác nữa, sáng chế đề cập đến tế bào cây trồng được biến nạp bằng và biểu hiện axit nucleic CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế hoặc cây trồng đã được gây đột biến để thu được cây trồng biểu hiện, tốt hơn là biểu hiện quá mức axit nucleic CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế, trong đó sự biểu hiện của axit nucleic trong tế bào cây trồng nêu trên làm tăng khả năng kháng và khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA khi so với loại tế bào cây trồng kiểu dại.

Theo một phương án khác, sáng chế đề cập đến cây trồng bao gồm tế bào cây trồng theo sáng chế, trong đó sự biểu hiện của axit nucleic trong cây trồng làm cho khả năng kháng của cây trồng đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA tăng lên khi so với loại cây trồng kiểu dại.

Cây trồng theo sáng chế có thể là cây trồng chuyển gen hoặc không chuyển gen.

Tốt hơn là, sự biểu hiện của axit nucleic theo sáng chế trong cây trồng làm cho khả năng kháng của cây trồng đối với các thuốc diệt cỏ ức chế CESA tăng lên khi so với loại cây trồng kiểu dại. Theo một phương án khác, sáng chế đề cập đến hạt giống được tạo ra bằng cây chuyển gen bao gồm tế bào cây trồng theo sáng chế, trong đó hạt giống này nhân giống thuần để làm tăng khả năng kháng đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA khi so với loại hạt giống kiểu dại.

Theo một phương án khác, sáng chế đề cập đến phương pháp sản xuất tế bào cây trồng chuyển gen có khả năng kháng tăng đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA khi so với loại tế bào cây trồng kiểu dại bao gồm, việc biến nạp tế bào cây trồng bằng catxet biểu hiện bao gồm một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit.

Theo một phương án khác, sáng chế đề cập đến phương pháp sản xuất cây trồng chuyển gen bao gồm, (a) bước biến nạp tế bào cây trồng bằng catxet biểu hiện bao gồm

một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, và (b) bước tạo ra cây trồng có khả năng kháng tăng đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA từ tế bào cây trồng.

Tốt hơn là, catxet biểu hiện còn bao gồm vùng điều tiết sự bắt đầu phiên mã và vùng điều tiết sự bắt đầu dịch mã có chức năng trong cây trồng.

Mô tả vắn tắt các hình vẽ

Fig. 1 A, B, C

Fig. 1 thể hiện các cây phát sinh giống loài của các thể tương đồng xenluloza syntaza trong cây ngô (A), cây đậu tương (B) và cây lúa (C).

Fig. 2 A, B, C

Fig. 2 thể hiện sự sắp thẳng hàng của các thể tương đồng xenluloza syntaza (A), các thể tương đồng arabidopsis CESA1, CESA3 và CESA 6 (B) và các thể tương đồng Arabidopsis CESA1 và CESA3 (C).

Từ khóa đối với danh mục trình tự

Bảng 1

SEQ ID NO Axit amin	Trình tự/Nguồn gốc
1	At_CESA1
2	At_CESA2
3	At_CESA3
4	At_CESA4
5	At_CESA5
6	At_CESA6
7	At_CESA7
8	At_CESA8
9	At_CESA9
10	At_CESA10
11	GRMZM2G027723|GRMZM2G027723_T01
12	GRMZM2G055795|GRMZM2G055795_T01
13	GRMZM2G039454|GRMZM2G039454_T01
14	GRMZM2G025231|GRMZM2G025231_T02

15	GRMZM2G142898|GRMZM2G142898_T01
16	GRMZM2G424832|GRMZM2G424832_T01
17	GRMZM2G177631|GRMZM2G177631_T01
18	GRMZM2G150404|GRMZM2G150404_T01
19	GRMZM2G028353|GRMZM2G028353_T01
20	GRMZM2G018241|GRMZM2G018241_T01
21	GRMZM2G037413|GRMZM2G037413_T01
22	GRMZM2G082580|GRMZM2G082580_T01
23	GRMZM2G112336|GRMZM2G112336_T01
24	GRMZM2G111642|GRMZM2G111642_T01
25	GRMZM2G113137|GRMZM2G113137_T01
26	Glyma02g36720|Glyma02g36720.1
27	Glyma02g08920|Glyma02g08920.1
28	Glyma12g36570|Glyma12g36570.1
29	Glyma12g17730|Glyma12g17730.1
30	Glyma06g06870|Glyma06g06870.1
31	Glyma06g30860|Glyma06g30860.1
32	Glyma06g47420|Glyma06g47420.1
33	Glyma06g30850|Glyma06g30850.1
34	Glyma06g07320|Glyma06g07320.1
35	Glyma04g07220|Glyma04g07220.1
36	Glyma04g06780|Glyma04g06780.1
37	Glyma04g23530|Glyma04g23530.2
38	Glyma08g15380|Glyma08g15380.1
39	Glyma08g12400|Glyma08g12400.1
40	Glyma17g08000|Glyma17g08000.1
41	Glyma13g27250|Glyma13g27250.3
42	Glyma05g29240|Glyma05g29240.2
43	Glyma05g32100|Glyma05g32100.1
44	Glyma15g43040|Glyma15g43040.1
45	Glyma09g15620|Glyma09g15620.2
46	Glyma10g36790|Glyma10g36790.1
47	Glyma16g28080|Glyma16g28080.2
48	Os01g54620.1
49	Os03g59340.1
50	Os03g62090.1
51	Os05g08370.1

52	Os06g02180.1
53	Os06g22980.1
54	Os06g39970.1
55	Os07g10770.1
56	Os07g14850.1
57	Os07g24190.1
58	Os07g24190.2
59	Os07g24190.3
60	Os08g25710.1
61	Os09g25490.1
62	Os10g32980.1
63	Os10g42750.1
64	Os12g36890.1

Mô tả chi tiết sáng chế

Các từ số ít được sử dụng trong bản mô tả dùng để chỉ một hoặc nhiều (tức là, ít nhất một) đối tượng theo ngữ pháp của vật phẩm. Ví dụ, "thành phần" nghĩa là một hoặc nhiều thành phần.

Như được sử dụng trong bản mô tả, từ "chứa," hoặc các biến thể ngữ pháp của từ này sẽ được hiểu là nhằm bao gồm thành phần, số nguyên hoặc bước, hoặc nhóm các thành phần, số nguyên hoặc bước được nêu, nhưng không loại trừ thành phần, số nguyên hoặc bước, hoặc nhóm các thành phần, số nguyên hoặc bước bất kỳ.

Thuật ngữ "kiểm soát thực vật hoặc cỏ dại không mong muốn" cần được hiểu có nghĩa là việc tiêu diệt cỏ dại và/hoặc làm chậm hoặc ức chế sự sinh trưởng bình thường của cỏ dại. Cỏ dại, theo nghĩa rộng nhất, được hiểu có nghĩa là tất cả các thực vật sinh trưởng ở các vị trí mà chúng không được mong muốn. Cỏ dại theo sáng chế bao gồm, ví dụ, cỏ dại hai lá mầm và cỏ dại một lá mầm. Cỏ dại hai lá mầm bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, cỏ dại thuộc các chi: Sinapis, Lepidium, Galium, Stellaria, Matricaria, Anthemis, Galinsoga, Chenopodium, Urtica, Senecio, Amaranthus, Portulaca, Xanthium, Convolvulus, Ipomoea, Polygonum, Sesbania, Ambrosia, Cirsium, Carduus, Sonchus, Solanum, Rorippa, Rotala, Lindernia, Lamium, Veronica, Abutilon, Emex, Datura, Viola, Galeopsis, Papaver, Centaurea, Trifolium, Ranunculus, và Taraxacum. Cỏ dại một lá mầm bao gồm, nhưng không giới hạn ở, cỏ dại thuộc các chi: Echinochloa, Setaria, Panicum, Digitaria, Phleum, Poa, Festuca, Eleusine,

Brachiaria, Lolium, Bromus, Avena, Cyperus, Sorghum, Agropyron, Cynodon, Monochoria, Fimbristyslis, Sagittaria, Eleocharis, Scirpus, Paspalum, Ischaemum, Sphenoclea, Dactyloctenium, Agrostis, Alopecurus, và Apera. Ngoài ra, cỏ dại theo sáng chế, có thể bao gồm, ví dụ, cây trồng thời vụ sinh trưởng ở vị trí không mong muốn. Ví dụ, cây ngô mọc tự nhiên trên cánh đồng chủ yếu trồng cây đậu tương có thể bị coi là cỏ dại, nếu cây ngô này không được mong muốn trên cánh đồng đậu tương.

Thuật ngữ "cây" được sử dụng theo nghĩa rộng nhất của nó vì nó đi kèm với nguyên liệu hữu cơ và được dự định bao gồm các sinh vật nhân chuẩn là thành viên của giới thực vật, các ví dụ về chúng bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, các cây có mạch, rau, hạt, hoa, cây gỗ, cây thảo dược, cây bụi, thảm cỏ, cây nho, cây dương xỉ, rêu, nấm và tảo, v.v., cũng như các dòng vô tính, mầm cây, và các bộ phận của cây được dùng để nhân giống vô tính (ví dụ, cành giâm, trồng bằng cành giâm, cành non, thân rễ, thân ở dưới đất, lùm cây, vòng hoa, thân hành, hành, thân củ, thân rễ, cây/mô được tạo ra trong môi trường nuôi cấy mô, v.v..). Thuật ngữ "cây" còn bao gồm toàn bộ cây, thế hệ sau và giống cây và các bộ phận của cây, bao gồm hạt giống, cành non, gốc, lá, rễ (bao gồm thân củ), hoa, hoa nhỏ, quả, cuống nhỏ, cuống, nhị hoa, bao phấn, đầu nhụy, vòi nhụy, bầy nhụy, cánh hoa, đài hoa, lá noãn, chóp rễ, đỉnh rễ, lông rễ, lông lá, lông hạt, hạt phấn, tiểu bào tử, lá mầm, trụ dưới lá mầm, trụ trên lá mầm, xylem, Libe, nhu mô, nội nhũ, tế bào kèm, tế bào bảo vệ, và các cơ quan đã biết khác bất kỳ, các mô và các tế bào của cây, và các mô và các cơ quan, trong đó mỗi bộ phận nêu trên bao gồm gen/axit nucleic đang quan tâm. Thuật ngữ "cây" còn bao gồm các tế bào cây trồng, môi trường nuôi cấy thể huyền phù, mô thể chai, phôi, vùng mô phân sinh, thể giao tử, thể bào tử, phấn hoa và các tiểu bào tử, một lần nữa, trong đó mỗi bộ phận nêu trên bao gồm gen/axit nucleic đang quan tâm.

Cây đặc biệt hữu ích trong phương pháp theo sáng chế bao gồm tất cả các cây thuộc siêu họ Viridiplantae, cụ thể là cây một lá mầm và cây hai lá mầm bao gồm cỏ hô hoặc đậu cho súc vật, cây cảnh, cây làm thức ăn, cây gỗ hoặc cây bụi được chọn từ danh sách bao gồm *Acer* spp., *Actinidia* spp., *Abelmoschus* spp., *Agave sisalana*, *Agropyron* spp., *Agrostis stolonifera*, *Allium* spp., *Amaranthus* spp., *Ammophila arenaria*, *Ananas comosus*, *Annona* spp., *Apium graveolens*, *Arachis* spp, *Artocarpus* spp., *Asparagus officinalis*, *Avena* spp. (chẳng hạn *Avena sativa*, *Avena fatua*, *Avena byzantina*, *Avena fatua var. sativa*, *Avena hybrida*), *Averrhoa carambola*, *Bambusa* sp., *Benincasa*

hispida, *Bertholletia excelsea*, *Beta vulgaris*, *Brassica* spp. (chẳng hạn *Brassica napus*, *Brassica rapa* ssp. [canola, oilseed rape, turnip rape]), *Cadaba farinosa*, *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Cannabis sativa*, *Capsicum* spp., *Carex elata*, *Carica papaya*, *Carissa macrocarpa*, *Carya* spp., *Carthamus tinctorius*, *Castanea* spp., *Ceiba pentandra*, *Cichorium endivia*, *Cinnamomum* spp., *Citrullus lanatus*, *Citrus* spp., *Cocos* spp., *Coffea* spp., *Colocasia esculenta*, *Cola* spp., *Corchorus* sp., *Coriandrum sativum*, *Corylus* spp., *Crataegus* spp., *Crocus sativus*, *Cucurbita* spp., *Cucumis* spp., *Cynara* spp., *Daucus carota*, *Desmodium* spp., *Dimocarpus longan*, *Dioscorea* spp., *Diospyros* spp., *Echinochloa* spp., Elaeis (chẳng hạn *Elaeis guineensis*, *Elaeis oleifera*), *Eleusine coracana*, *Eragrostis tef*, *Erianthus* sp., *Eriobotrya japonica*, *Eucalyptus* sp., *Eugenia uniflora*, *Fagopyrum* spp., *Fagus* spp., *Festuca arundinacea*, *Ficus carica*, *Fortunella* spp., *Fragaria* spp., *Ginkgo biloba*, *Glycine* spp. (chẳng hạn *Glycine max*, *Soja hispida* hoặc *Soja max*), *Gossypium hirsutum*, *Helianthus* spp. (chẳng hạn *Helianthus annuus*), *Hemerocallis fulva*, *Hibiscus* spp., *Hordeum* spp. (chẳng hạn *Hordeum vulgare*), *Ipomoea batatas*, *Juglans* spp., *Lactuca sativa*, *Lathyrus* spp., *Lens culinaris*, *Linum usitatissimum*, *Litchi chinensis*, *Lotus* spp., *Luffa acutangula*, *Lupinus* spp., *Luzula sylvatica*, *Lycopersicon* spp. (chẳng hạn *Lycopersicon esculentum*, *Lycopersicon lycopersicum*, *Lycopersicon pyriforme*), *Macrotyloma* spp., *Malus* spp., *Malpighia emarginata*, *Mammea americana*, *Mangifera indica*, *Manihot* spp., *Manilkara zapota*, *Medicago sativa*, *Melilotus* spp., *Mentha* spp., *Miscanthus sinensis*, *Momordica* spp., *Morus nigra*, *Musa* spp., *Nicotiana* spp., *Olea* spp., *Opuntia* spp., *Ornithopus* spp., *Oryza* spp. (chẳng hạn *Oryza sativa*, *Oryza latifolia*), *Panicum miliaceum*, *Panicum virgatum*, *Passiflora edulis*, *Pastinaca sativa*, *Pennisetum* sp., *Persea* spp., *Petroselinum crispum*, *Phalaris arundinacea*, *Phaseolus* spp., *Phleum pratense*, *Phoenix* spp., *Phragmites australis*, *Physalis* spp., *Pinus* spp., *Pistacia vera*, *Pisum* spp., *Poa* spp., *Populus* spp., *Prosopis* spp., *Prunus* spp., *Psidium* spp., *Punica granatum*, *Pyrus communis*, *Quercus* spp., *Raphanus sativus*, *Rheum rhabarbarum*, *Ribes* spp., *Ricinus communis*, *Rubus* spp., *Saccharum* spp., *Salix* sp., *Sambucus* spp., *Secale cereale*, *Sesamum* spp., *Sinapis* sp., *Solanum* spp. (chẳng hạn *Solanum tuberosum*, *Solanum integrifolium* hoặc *Solanum lycopersicum*), *Sorghum bicolor*, *Spinacia* spp., *Syzygium* spp., *Tagetes* spp., *Tamarindus indica*, *Theobroma cacao*, *Trifolium* spp., *Tripsacum dactyloides*, *Triticosecale rimpaui*, *Triticum* spp. (chẳng hạn *Triticum*

aestivum, *Triticum durum*, *Triticum turgidum*, *Triticum hybernum*, *Triticum macha*, *Triticum sativum*, *Triticum monococcum* hoặc *Triticum vulgare*), *Tropaeolum minus*, *Tropaeolum majus*, *Vaccinium* spp., *Vicia* spp., *Vigna* spp., *Viola odorata*, *Vitis* spp., *Zea mays*, *Zizania palustris*, *Ziziphus* spp., cây rau dền, cây atisô, cây măng tây, cây bông cải xanh, cây cải Bruxen, cây cải bắp, cây cải canola, cây cà rốt, cây súp lơ, cây cần tây, cây cải bắp xanh, cây lanh, cây cải xoăn, cây đậu lăng, cây cải hạt dầu, cây mướp tây, cây hành, cây khoai tây, cây lúa, cây đậu tương, cây dâu tây, cây củ cải đường, cây mía, cây hướng dương, cây cà chua, cây bí, cây chè và tảo, trong số các cây khác. Theo phương án được ưu tiên của sáng chế, cây nêu trên là cây trồng thời vụ. Các ví dụ về cây trồng thời vụ không kể những cây khác bao gồm cây đậu tương, cây hướng dương, cây cải canola, cây cỏ linh lăng, cây cải hạt dầu, cây bông, cây cà chua, cây khoai tây hoặc cây thuốc lá. Tốt hơn nữa là, cây nêu trên là cây một lá mầm, như cây mía. Tốt hơn nữa là, cây nêu trên là cây ngũ cốc, như cây lúa, cây ngô, cây lúa mỳ, cây lúa mạch, cây kê, cây lúa mạch đen, cây lúa miến hoặc cây yến mạch.

Nói chung, thuật ngữ "thuốc diệt cỏ" được sử dụng trong bản mô tả có nghĩa là thành phần hoạt tính mà tiêu diệt, kiểm soát hoặc theo cách khác là làm thay đổi sự sinh trưởng của cây theo hướng bất lợi. Lượng hoặc nồng độ được ưu tiên của thuốc diệt cỏ là "lượng hữu hiệu" hoặc "nồng độ hữu hiệu." Thuật ngữ "lượng hữu hiệu" và "nồng độ hữu hiệu" là lượng và nồng độ, một cách tương ứng, đủ để tiêu diệt hoặc ức chế sự sinh trưởng của cây, mô cây, tế bào cây, hoặc tế bào chủ kiểu dại, tương tự, nhưng lượng này không tiêu diệt hoặc ức chế đến mức khắc nghiệt sự sinh trưởng của cây, mô cây, tế bào cây, và tế bào chủ kháng thuốc diệt cỏ theo sáng chế. Thông thường, lượng hữu hiệu của thuốc diệt cỏ là lượng thường được sử dụng trong các hệ sản xuất nông nghiệp để tiêu diệt cỏ dại đang quan tâm. Lượng như vậy là đã biết đối với chuyên gia trong lĩnh vực kỹ thuật này. Hoạt tính diệt cỏ được biểu hiện bởi thuốc diệt cỏ hữu ích cho sáng chế khi chúng được cấp trực tiếp cho cây hoặc vị trí của cây vào giai đoạn sinh trưởng bất kỳ hoặc trước khi trồng hoặc nảy mầm. Tác dụng quan sát được phụ thuộc vào loài cây cần được kiểm soát, giai đoạn sinh trưởng của cây, các thông số ứng dụng về sự pha loãng và cỡ giọt phun, cỡ hạt của các thành phần rắn, các điều kiện môi trường tại thời điểm sử dụng, hợp chất cụ thể được sử dụng, các chất phụ trợ và chất mang cụ thể được sử dụng, loại đất trồng, và các thông số tương tự, cũng như lượng hóa chất được cấp. Các yếu tố này và các yếu tố khác có thể được điều chỉnh như đã biết trong tình trạng

kỹ thuật để thúc đẩy hoạt tính diệt cỏ chọn lọc và không chọn lọc. Nói chung, tốt hơn nếu cấp thuốc diệt cỏ sau khi nảy mầm cho thực vật không mong muốn tương đối chưa trưởng thành để đạt được sự kiểm soát cỏ dại tối đa.

Thuật ngữ cây "dung nạp thuốc diệt cỏ" hoặc "kháng thuốc diệt cỏ" có nghĩa là cây có tính dung nạp hoặc có tính kháng đối với ít nhất một thuốc diệt cỏ ở mức mà thường sẽ tiêu diệt, hoặc ức chế sự sinh trưởng của, cây bình thường hoặc cây kiểu dại. Mức độ thuốc diệt cỏ thường ức chế sự sinh trưởng của cây trồng không có tính dung nạp là đã được biết hoặc được xác định dễ dàng bởi người có trình độ trung bình trong lĩnh vực. Các ví dụ bao gồm các lượng được khuyến nghị để sử dụng bởi nhà sản xuất. Tỷ lệ tối đa là một ví dụ về lượng thuốc diệt cỏ thường sẽ ức chế sự sinh trưởng của cây trồng không có tính dung nạp. Đối với sáng chế, thuật ngữ "dung nạp thuốc diệt cỏ" và "kháng thuốc diệt cỏ" được sử dụng thay thế lẫn nhau và được dự định là có nghĩa tương đương và phạm vi tương đương. Tương tự, thuật ngữ "khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ" và "khả năng kháng thuốc diệt cỏ" được sử dụng thay thế lẫn nhau và được dự định là có nghĩa tương đương và phạm vi tương đương. Tương tự, thuật ngữ "tính dung nạp" và "tính kháng" được sử dụng thay thế lẫn nhau và được dự định là có nghĩa tương đương và phạm vi tương đương. Như được sử dụng trong bản mô tả, liên quan đến chế phẩm thuốc diệt cỏ hữu ích theo các phương án thực hiện khác nhau, các thuật ngữ như thuốc diệt cỏ ức chế CESA, và thuật ngữ tương tự, đề cập đến các thành phần có hoạt tính diệt cỏ nông dụng (A.I.) được biết trong lĩnh vực. Tương tự, các thuật ngữ như thuốc diệt nấm, thuốc diệt giun tròn, thuốc diệt loài gây hại, và các thuốc tương tự, dùng để chỉ các thành phần có hoạt tính nông dụng khác được biết trong lĩnh vực.

Khi được sử dụng liên quan đến enzym đột biến hoặc polypeptit cụ thể, các thuật ngữ như tính dung nạp thuốc diệt cỏ và khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ dùng để chỉ khả năng của enzym hoặc polypeptit này trong việc thực hiện hoạt tính sinh lý của nó khi có mặt một lượng thuốc diệt cỏ A.I. thường sẽ bất hoạt hoặc ức chế hoạt tính của loại enzym hoặc polypeptit kiểu dại (không đột biến) nêu trên. Ví dụ, cụ thể khi được sử dụng liên quan đến enzym CESA, đặc biệt là nó liên quan đến khả năng dung nạp chất ức chế CESA. Thuật ngữ "protein CESA kiểu dại hoặc đột biến có tính dung nạp thuốc diệt cỏ" hoặc "protein CESA kiểu dại hoặc đột biến có tính kháng thuốc diệt cỏ", dự định rằng protein CESA thể hiện hoạt tính CESA cao hơn, so với hoạt tính CESA của protein CESA kiểu dại, khi có mặt ít nhất một thuốc diệt cỏ đã biết là ảnh hưởng

đến hoạt tính CESA và ở nồng độ hoặc mức độ thuốc diệt cỏ được biết là ức chế hoạt tính CESA của protein CESA kiểu dại. Ngoài ra, hoạt tính CESA của protein CESA kiểu dại hoặc đột biến có tính dung nạp thuốc diệt cỏ hoặc tính kháng thuốc diệt cỏ trong bản mô tả này có thể được gọi là hoạt tính CESA có "tính dung nạp thuốc diệt cỏ" hoặc "tính kháng thuốc diệt cỏ".

Như được sử dụng trong bản mô tả, "tái tổ hợp," khi đề cập đến axit nucleic hoặc polypeptit, chỉ ra rằng nguyên liệu này đã được biến đổi do ứng dụng kỹ thuật tái tổ hợp ở người, như bằng cách giới hạn và nối polynucleotit, bằng cách kéo dài chồng lặp polynucleotit, hoặc bằng cách xen vào và biến đổi gen. Khung đọc mở trình tự gen là tái tổ hợp nếu trình tự nucleotit đã được loại bỏ khỏi phần viết tự nhiên của nó và được tách dòng thành loại bất kỳ của vectơ axit nucleic nhân tạo. Thuật ngữ tái tổ hợp cũng có thể đề cập đến sinh vật có nguyên liệu tái tổ hợp, chẳng hạn, cây trồng mà bao gồm axit nucleic tái tổ hợp có thể được xem là cây trồng tái tổ hợp.

Thuật ngữ "cây chuyển gen" đề cập đến cây trồng bao gồm polynucleotit dị loài. Tốt hơn là, polynucleotit dị loài này được kết hợp ổn định trong hệ gen sao cho polynucleotit này phải qua sự phát sinh liên tiếp. Polynucleotit dị loài này có thể được hợp nhất vào hệ gen một mình hoặc dưới dạng một phần của catxet biểu hiện tái tổ hợp. "Chuyển gen" được sử dụng ở đây dùng để chỉ tế bào, dòng tế bào, thể chai, mô, bộ phận của cây hoặc cây bất kỳ, kiểu di truyền của chúng cũng thay đổi do sự có mặt của axit nucleic dị loài bao gồm các sinh vật chuyển gen hoặc tế bào chuyển gen ban đầu được thay đổi, cũng như các sinh vật hoặc tế bào chuyển gen được tạo ra do lai chéo hoặc nhân giống vô tính từ sinh vật chuyển gen hoặc tế bào chuyển gen ban đầu. Theo một số phương án, sinh vật "tái tổ hợp" là sinh vật "chuyển gen". Thuật ngữ "chuyển gen" như được sử dụng trong bản mô tả không được dự định bao gồm việc thay đổi hệ gen (nhiễm sắc thể hoặc ngoài nhiễm sắc thể) bằng phương pháp lai giống cây thông thường (chẳng hạn, lai chéo) hoặc do các sự kiện có trong tự nhiên như, chẳng hạn, tự thụ phấn, thụ phấn chéo ngẫu nhiên, nhiễm virut không tái tổ hợp, biến nạp vi khuẩn không tái tổ hợp, chuyển vị không tái tổ hợp, hoặc đột biến tự phát.

Như được sử dụng trong bản mô tả, "bị đột biến gen" đề cập đến sinh vật hoặc ADN của nó có (các) thay đổi trong trình tự sinh phân tử của vật liệu di truyền tự nhiên của nó so với trình tự của vật liệu di truyền của sinh vật hoặc ADN kiểu dại tương ứng, trong đó (các) thay đổi ở vật liệu di truyền được cảm ứng và/hoặc chọn lọc nhờ tác động

của con người. Các ví dụ về tác động của con người có thể được sử dụng để tạo ra sinh vật hoặc ADN bị đột biến gen bao gồm, nhưng không giới hạn ở, như được minh họa đối với khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ: nuôi cấy mô của các tế bào cây trồng (chẳng hạn, thể chai) và chọn lọc chúng với thuốc diệt cỏ (chẳng hạn, các thuốc diệt cỏ ức chế CESA), xử lý các tế bào cây trồng này bằng chất gây đột biến hóa học như EMS và chọn lọc tiếp đó với (các) thuốc diệt cỏ; hoặc xử lý các tế bào cây trồng bằng tia x và chọn lọc sau đó với (các) thuốc diệt cỏ. Phương pháp bất kỳ đã biết trong lĩnh vực này có thể được sử dụng để cảm ứng đột biến. Các phương pháp cảm ứng đột biến có thể cảm ứng các đột biến ở vị trí ngẫu nhiên trong vật liệu di truyền hoặc có thể cảm ứng các đột biến ở vị trí cụ thể trong vật liệu di truyền (tức là, có thể là các kỹ thuật đột biến gen được định hướng), như bằng cách sử dụng kỹ thuật genoplasty.

Như được sử dụng trong bản mô tả, "sinh vật được cải biến di truyền" (GMO) là sinh vật có các đặc tính di truyền chứa (các) thay đổi được tạo ra nhờ nỗ lực của con người gây chuyển nhiễm dẫn đến việc biến nạp sinh vật đích bằng vật liệu di truyền từ một sinh vật khác hoặc sinh vật "ban đầu", hoặc vật liệu tổng hợp hoặc vật liệu cải biến di truyền tự nhiên, hoặc sinh vật là thế hệ sau của nó vẫn giữ được vật liệu di truyền được xen vào. Sinh vật ban đầu này có thể là các loài sinh vật khác nhau (chẳng hạn, cây GMO có thể chứa vật liệu di truyền vi khuẩn) hoặc từ cùng một loài sinh vật (chẳng hạn, cây GMO có thể chứa vật liệu di truyền từ một cây khác). Như được sử dụng trong bản mô tả đối với cây trồng và các sinh vật khác, "tái tổ hợp," "chuyển gen," và "GMO" được coi là các từ đồng nghĩa và chỉ sự có mặt của vật liệu di truyền từ một nguồn khác; ngược lại, "bị đột biến gen" được sử dụng để chỉ cây trồng hoặc sinh vật khác, hoặc ADN của nó, trong đó không có mặt vật liệu chuyển gen như vậy, nhưng trong đó, vật liệu di truyền tự nhiên bắt đầu đột biến sao cho khác với sinh vật hoặc ADN kiểu dại tương ứng.

Như được sử dụng trong bản mô tả, "kiểu dại" hoặc "cây trồng kiểu dại tương ứng" có nghĩa là dạng điển hình của sinh vật hoặc vật liệu di truyền của nó, do nó thường xuất hiện, như khác với, chẳng hạn, các dạng bị đột biến gen và/hoặc tái tổ hợp. Tương tự, thuật ngữ “tế bào đối chứng” hoặc "cây trồng, mô cây trồng, tế bào cây trồng hoặc tế bào chủ kiểu dại, tương tự" nhằm chỉ cây trồng, mô cây trồng, tế bào cây trồng, hoặc tế bào chủ, một cách tương ứng, thiếu đặc tính kháng thuốc diệt cỏ và/hoặc polynucleotit cụ thể theo sáng chế được bộc lộ ở đây. Do đó, sử dụng thuật ngữ "kiểu dại" không

nhằm ám chỉ rằng cây trồng, mô cây trồng, tế bào cây trồng, hoặc tế bào chủ khác thiếu ADN tái tổ hợp trong hệ gen của nó, và/hoặc không có các đặc tính kháng thuốc diệt cỏ khác với các đặc tính được bộc lộ ở đây.

Như được sử dụng trong bản mô tả, "cây trồng thế hệ sau" đề cập đến cây trồng thế hệ bất kỳ. Theo một số phương án, cây trồng thế hệ sau là cây trồng thế hệ thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, hoặc thứ mười.

Như được sử dụng trong bản mô tả, "thế hệ sau" đề cập đến cây trồng thế hệ thứ nhất.

Thuật ngữ "hạt giống" bao gồm các loại hạt giống thuộc tất cả các loại, như, ví dụ, các hạt giống thuần, hạt thóc, quả bế, trái cây, củ, cây con và các dạng tương tự. Trong ngữ cảnh của loài Brassica và Sinapis, "hạt giống" đề cập đến (các) hạt giống thuần trừ khi có quy định khác. Ví dụ, hạt giống này có thể là hạt giống của cây chuyển gen hoặc cây thu được bằng các phương pháp lai truyền thống. Các ví dụ về các phương pháp lai truyền thống có thể bao gồm lai chéo, tự thụ phấn, lai ngược, cứu phôi, lai cùng giống, lai khác giống, lai cùng dòng, chọn lọc, nhân giống vô tính, và các kỹ thuật truyền thống khác như được biết trong lĩnh vực.

Mặc dù được lấy làm ví dụ có tham khảo các cây hoặc loài cây cụ thể và các thể lai của chúng, theo các phương án khác nhau, các phương pháp được mô tả sử dụng các thuốc diệt cỏ ức chế CESA có thể được sử dụng với các loài cây có bán trên thị trường. Dòng cây trồng có tính dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA được mô tả là hữu ích ở đây có thể được sử dụng trong phương pháp kiểm soát cỏ dại trực tiếp hoặc gián tiếp, tức là ở dạng cây trồng để xử lý bằng thuốc diệt cỏ hoặc ở dạng các dòng cho có đặc điểm dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA để phát triển, như bằng cách lai cây trồng truyền thống, để tạo ra các cây trồng giống tốt và/hoặc cây trồng lai khác chứa đặc điểm hoặc các đặc điểm này. Tất cả các cây trồng giống tốt hoặc cây trồng lai thu được này, chứa đặc điểm hoặc các đặc điểm dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA tổ tiên có thể được đề cập đến ở đây là thế hệ sau hoặc cây trồng thế hệ sau của (các) dòng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA tổ tiên. Các cây trồng thu được này có thể được nêu là giữ được "(các) đặc tính dung nạp thuốc diệt cỏ" của cây trồng tổ tiên, tức là có nghĩa là chúng có và biểu hiện các thành phần phân tử di truyền tổ tiên chịu trách nhiệm về đặc điểm này.

Theo một khía cạnh, sáng chế đề xuất cây trồng và bộ phận của cây trồng bao gồm polynucleotit mã hóa polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến, sự biểu hiện của polynucleotit đã nêu tạo cho cây trồng và bộ phận của cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo một phương án được ưu tiên, cây trồng đã được tạo ra trước đây theo quy trình bao gồm bước tạo ra cây trồng theo phương pháp tái tổ hợp bằng cách đưa vào và biểu hiện quá mức sự chuyển gen CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế, như được mô tả chi tiết hơn sau đây.

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, cây trồng đã được tạo ra trước đây theo quy trình bao gồm việc gây đột biến gen tại chỗ tế bào cây trồng hoặc hạt giống, để thu được tế bào cây trồng hoặc cây trồng mà biểu hiện CESA kiểu dại hoặc đột biến.

Theo một phương án khác nữa, polynucleotit này mã hóa polypeptit polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến bao gồm trình tự axit nucleic được nêu trong SEQ ID NO: 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, hoặc 77, hoặc biến thể hoặc dẫn xuất của nó.

Theo các phương án khác, polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến để sử dụng theo sáng chế là biến thể chức năng có, khi so sánh trên toàn bộ chiều dài của biến thể, ít nhất khoảng 80%, theo cách minh họa, ít nhất khoảng 80%, 90%, 95%, 98%, 99% hoặc nhiều hơn trình tự axit amin giống hệt với SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64.

Theo một phương án khác nữa, polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến để sử dụng theo sáng chế là phân mảnh chức năng của polypeptit có trình tự axit amin được nêu trong SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64.

Được ghi nhận rằng phân tử polynucleotit CESA và polypeptit CESA theo sáng chế bao gồm các phân tử polynucleotit và polypeptit bao gồm nucleotit hoặc trình tự axit amin đủ giống hệt với trình tự nucleotit được nêu trong SEQ ID No: 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, hoặc 77, hoặc với các trình tự axit amin được nêu trong

SEQ ID Nos: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64. Thuật ngữ "đủ giống hệt" được sử dụng ở đây dùng để chỉ trình tự axit amin hoặc nucleotit thứ nhất mà chứa số lượng đủ hoặc số lượng tối thiểu các gốc axit amin giống hệt nhau hoặc tương đương (chẳng hạn, có mạch bên tương tự) hoặc các nucleotit với trình tự axit amin hoặc nucleotit thứ hai sao cho trình tự axit amin hoặc nucleotit thứ nhất và thứ hai có miền cấu trúc chung và/hoặc hoạt tính chức năng chung.

Nhìn chung, "độ tương đồng trình tự" đề cập đến phạm vi mà hai ADN hoặc trình tự axit amin được sắp thẳng hàng một cách tối ưu là không thay đổi xuyên suốt cửa sổ sắp thẳng hàng các thành phần, chẳng hạn, nucleotit hoặc axit amin. "Phân đoạn tương đồng" cho các đoạn được sắp xếp của trình tự thử nghiệm và trình tự đối chiếu là số thành phần giống hệt được chia sẻ bởi tổng số lượng thành phần chia cho hai trình tự được sắp thẳng hàng trong đoạn trình tự đối chiếu, tức là, toàn bộ trình tự đối chiếu hoặc phần nhỏ hơn được xác định của trình tự đối chiếu. "Phần trăm tương đồng" là phân đoạn tương đồng 100 lần. Việc sắp thẳng hàng tối ưu các trình tự để sắp thẳng hàng cửa sổ so sánh là đã biết rõ đối với chuyên gia trong lĩnh vực này và có thể được thực hiện bằng các công cụ như giải thuật tương đồng khu vực của Smith và Waterman, giải thuật sắp thẳng hàng tương đồng của Needleman và Wunsch, phương pháp nghiên cứu độ tương đồng của Pearson và Lipman, và tốt hơn là hệ thống thực hiện các giải thuật này bằng máy tính như GAP, BESTFIT, FASTA, và TFASTA sẵn có là một phần của GCG. Wisconsin Package. (Accelrys Inc. Burlington, Mass.)

Polynucleotit và oligonucleotit

Thuật ngữ "polynucleotit được phân lập", bao gồm ADN, ARN, hoặc hỗn hợp của các ADN và ARN này, dải đơn hoặc dải kép, theo hướng có nghĩa hoặc đối nghĩa hoặc tổ hợp hợp của cả hai dải này, dsARN hoặc theo cách khác, có nghĩa là polynucleotit ít nhất là được tách một phần ra khỏi trình tự polynucleotit có liên quan hoặc liên kết ở trạng thái tự nhiên của nó với trình tự này. Tốt hơn là, polynucleotit được phân lập này có ít nhất là 60% giải phóng, tốt hơn là ít nhất là 75% giải phóng, và tốt nhất là ít nhất là 90% giải phóng khỏi các thành phần khác mà chúng có liên quan về mặt tự nhiên với polynucleotit này. Vì người có trình độ trung bình trong lĩnh vực sẽ nhận biết được rằng, polynucleotit được phân lập có thể là polynucleotit ngoại sinh có mặt trong, ví dụ, sinh

vật chuyển gen không tự nhiên bao gồm polynucleotit này. Ngoài ra, thuật ngữ "(các) polynucleotit", "(các) trình tự axit nucleic", "(các) trình tự nucleotit", "(các) axit nucleic", "phân tử axit nucleic" được sử dụng thay thế lẫn nhau ở đây và dùng để chỉ nucleotit, hoặc ribonucleotit hoặc deoxyribonucleotit hoặc tổ hợp của cả hai chất này, ở dạng polyme không phân nhánh có chiều dài bất kỳ.

Thuật ngữ "axit nucleic CESA đột biến" đề cập đến axit nucleic CESA có trình tự bị đột biến từ axit nucleic CESA kiểu dại và tạo cho cây trồng tính dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA tăng mà trong đó nó được biểu hiện. Ngoài ra, thuật ngữ "xenluloza syntaza bị đột biến (CESA đột biến)" đề cập đến sự thay thế axit amin các trình tự ban đầu kiểu dại của SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64, hoặc biến thể, dẫn xuất, thể tương đồng, thể ortho, hoặc thể para của nó, với axit amin khác. Cụm từ "axit amin đột biến" sẽ được sử dụng dưới đây để chỉ axit amin được thay thế bằng một axit amin khác, từ đó kỹ hiệu vị trí đột biến trong trình tự ban đầu của protein.

Theo một phương án được ưu tiên, trình tự nucleotit CESA mã hóa CESA đột biến bao gồm trình tự của SEQ ID NO: 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, hoặc 77, hoặc biến thể hoặc dẫn xuất của nó

Ngoài ra, sẽ được hiểu bởi người có trình độ trung bình trong lĩnh vực này rằng trình tự nucleotit CESA bao gồm các thể tương đồng, các thể para và các thể ortho của SEQ ID NO: 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, hoặc 77, như được xác định dưới đây.

Thuật ngữ "biến thể" liên quan đến trình tự (chẳng hạn, trình tự polypeptit hoặc axit nucleic như – ví dụ – trình tự nucleotit điều hòa sự phiên mã theo sáng chế) được dự định có nghĩa là trình tự gần như tương tự nhau. Đối với trình tự nucleotit bao gồm khung đọc mở, các biến thể bao gồm các trình tự mà, do sự thoái hóa của mã gen, mã hóa trình tự axit amin giống hệt của protein tự nhiên. Các biến thể alen có trong tự nhiên như các biến thể này có thể được nhận biết bằng cách sử dụng các kỹ thuật sinh học phân tử đã được biết rõ, như, ví dụ, phản ứng chuỗi polymeraza (PCR) và các kỹ thuật lai. trình tự nucleotit biến thể cũng bao gồm trình tự nucleotit có nguồn gốc tổng hợp,

như các trình tự được tạo ra, ví dụ, bằng cách sử dụng kỹ thuật đột biến gen định hướng điểm và đối với các khung đọc mở, mã hóa protein tự nhiên bao gồm trình tự của SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64, cũng như các trình tự mã hóa polypeptit có các thay thế axit amin so với protein tự nhiên, chẳng hạn CESA đột biến theo sáng chế như được bộc lộ ở đây. Nhìn chung, biến thể trình tự nucleotit theo sáng chế có "độ tương đồng trình tự" nucleotit ít nhất là 30, 40, 50, 60, đến 70%, chẳng hạn, tốt hơn là 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, đến 79%, nhìn chung ít nhất là 80%, chẳng hạn, 81%-84%, ít nhất là 85%, chẳng hạn, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, đến 98% và 99% so với trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, hoặc 77 % tương đồng của polynucleotit được xác định bằng kỹ thuật phân tích GAP (Needleman và Wunsch, 1970) (chương trình GCG) với điểm phạt tạo khoảng trống=5, và điểm phạt mở rộng khoảng trống=0,3. Trừ khi có quy định khác, trình tự nghi vấn có độ dài ít nhất là 45 nucleotit, và kỹ thuật phân tích GAP sắp thẳng hàng hai trình tự trên vùng có ít nhất là 45 nucleotit. Tốt hơn là, trình tự nghi vấn có độ dài ít nhất là 150 nucleotit, và kỹ thuật phân tích GAP sắp thẳng hàng hai trình tự trên vùng có ít nhất là 150 nucleotit. Tốt hơn nữa là, trình tự nghi vấn có độ dài ít nhất là 300 nucleotit và kỹ thuật phân tích GAP sắp thẳng hàng hai trình tự trên vùng có ít nhất là 300 nucleotit. Thậm chí tốt hơn nữa là, kỹ thuật phân tích GAP sắp thẳng hàng hai trình tự trên toàn bộ độ dài của chúng.

Polypeptit

Cụm từ "polypeptit hầu như được tinh chế" hoặc polypeptit "được tinh chế" có nghĩa là được tách khỏi một hoặc nhiều lipit, axit nucleic, polypeptit khác, hoặc phân tử tạp chất khác mà kết hợp với polypeptit này trong trạng thái tự nhiên của nó. Được ưu tiên là polypeptit hầu như được tinh chế giải phóng ít nhất là 60%, tốt hơn nữa là giải phóng ít nhất là 75%, và tốt hơn nữa là giải phóng ít nhất là 90% khỏi các thành phần khác mà kết hợp tự nhiên với nó. Như sẽ được hiểu rõ bởi người có trình độ trung bình, polypeptit được tinh chế có thể là polypeptit được sản xuất bằng cách tái tổ hợp. Thuật ngữ "polypeptit" và "protein" nhìn chung được sử dụng thay thế lẫn nhau và dùng để chỉ chuỗi polypeptit đơn có thể hoặc không thể được cải biến bằng cách bổ sung nhóm không phải axit amin. Sẽ hiểu được rằng chuỗi polypeptit này có thể kết hợp với

polypeptit khác hoặc các protein hoặc các phân tử khác như đồng yếu tố. Thuật ngữ "protein" và "polypeptit" như được sử dụng trong bản mô tả còn bao gồm biến thể, thể đột biến, cải biến, dạng tương tự và/hoặc dẫn xuất của polypeptit theo sáng chế như được mô tả ở đây.

% tương đồng của polypeptit được xác định bằng kỹ thuật phân tích GAP (Needleman và Wunsch, 1970) (Chương trình GCG) có điểm phạt tạo khoảng trống=5, và điểm phạt mở rộng khoảng trống=0,3. Trình tự nghi vấn có độ dài ít nhất là 25 axit amin, và kỹ thuật phân tích GAP sắp thẳng hàng hai trình tự trên vùng có ít nhất là 25 axit amin. Tốt hơn nữa là, trình tự nghi vấn có độ dài ít nhất là 50 axit amin, và kỹ thuật phân tích GAP sắp thẳng hàng hai trình tự trên vùng có ít nhất là 50 axit amin. Tốt hơn nữa là, trình tự nghi vấn có độ dài ít nhất là 100 axit amin và kỹ thuật phân tích GAP sắp thẳng hàng hai trình tự trên vùng có ít nhất là 100 axit amin. Thậm chí tốt hơn nữa là, trình tự nghi vấn có độ dài ít nhất là 250 axit amin và kỹ thuật phân tích GAP sắp thẳng hàng hai trình tự trên vùng có ít nhất là 250 axit amin. Thậm chí tốt hơn nữa là, kỹ thuật phân tích GAP sắp thẳng hàng hai trình tự trên toàn bộ độ dài của chúng.

Đối với polypeptit được xác định, sẽ hiểu được rằng số % tương đồng cao hơn so với các số nêu trên sẽ bao gồm các phương án được ưu tiên. Do đó, khi áp dụng, theo số % tương đồng tối thiểu, được ưu tiên là polypeptit CESA theo sáng chế bao gồm trình tự axit amin ít nhất là 40%, tốt hơn nữa là ít nhất là 45%, tốt hơn nữa là ít nhất là 50%, tốt hơn nữa là ít nhất là 55%, tốt hơn nữa là ít nhất là 60%, tốt hơn nữa là ít nhất là 65%, tốt hơn nữa là ít nhất là 70%, tốt hơn nữa là ít nhất là 75%, tốt hơn nữa là ít nhất là 80%, tốt hơn nữa là ít nhất là 85%, tốt hơn nữa là ít nhất là 90%, tốt hơn nữa là ít nhất là 91%, tốt hơn nữa là ít nhất là 92%, tốt hơn nữa là ít nhất là 93%, tốt hơn nữa là ít nhất là 94%, tốt hơn nữa là ít nhất là 95%, tốt hơn nữa là ít nhất là 96%, tốt hơn nữa là ít nhất là 97%, tốt hơn nữa là ít nhất là 98%, tốt hơn nữa là ít nhất là 99%, tốt hơn nữa là ít nhất là 99.1%, tốt hơn nữa là ít nhất là 99,2%, tốt hơn nữa là ít nhất là 99,3%, tốt hơn nữa là ít nhất là 99.4%, tốt hơn nữa là ít nhất là 99,5%, tốt hơn nữa là ít nhất là 99.6%, tốt hơn nữa là ít nhất là 99,7%, tốt hơn nữa là ít nhất là 99,8%, và thậm chí tốt hơn nữa là ít nhất là 99,9% giống hệt với SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64.

Thuật ngữ polypeptit "biến thể" được dự định là polypeptit có nguồn gốc từ protein của SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64, bằng cách làm khuyết (còn gọi là cắt cụt) hoặc thêm một hoặc nhiều axit amin vào đầu tận cùng N và/hoặc đầu tận cùng C của protein tự nhiên; làm khuyết hoặc thêm một hoặc nhiều axit amin ở một hoặc nhiều vị trí trong protein tự nhiên; hoặc thay thế một hoặc nhiều axit amin ở một hoặc nhiều vị trí trong protein tự nhiên. Các biến thể này có thể có nguồn gốc từ, ví dụ, hiện tượng đa hình di truyền hoặc từ thao tác thủ công của người. Các phương pháp để thao tác thủ công như vậy thường đã biết trong lĩnh vực này.

"Dẫn xuất" của protein bao gồm peptit, oligopeptit, polypeptit, protein và enzym có thay thế, làm khuyết và/hoặc xen axit amin vào so với protein không được cải biến đang quan tâm và có hoạt tính sinh học và chức năng tương tự như protein không được cải biến mà chúng thu được từ đó. Do đó, biến thể chức năng và các phân đoạn polypeptit CESA, và phân tử axit nucleic mã hóa chúng, cũng nằm trong phạm vi của sáng chế, và trừ khi được mô tả cụ thể khác đi, bất kể nguồn gốc của polypeptit này và bất kể liệu nó có trong tự nhiên hay không. Các thử nghiệm khác nhau về chức năng của polypeptit CESA có thể được sử dụng. Ví dụ, biến thể chức năng hoặc phân đoạn polypeptit CESA có thể được thử nghiệm để xác định khả năng của nó trong việc đem lại khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA. Bằng cách minh họa, khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA có thể được xác định là độ trơ đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA đủ để tạo ra mức độ dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA tăng xác định được trong cây trồng và bộ phận của cây trồng bao gồm polynucleotit tái tổ hợp mã hóa biến thể hoặc phân đoạn polypeptit CESA, trong đó cây trồng hoặc bộ phận của cây trồng biểu hiện biến thể hoặc phân đoạn ở tối đa khoảng 0,5%, theo cách minh họa, khoảng 0,05 đến khoảng 0,5%, khoảng 0,1 đến khoảng 0,4%, và khoảng 0,2 đến khoảng 0,3%, tổng protein tế bào so với cây trồng đối chứng được xử lý tương tự mà không biểu hiện biến thể hoặc phân đoạn này.

Theo một phương án được ưu tiên, polypeptit CESA đột biến này là biến thể chức năng hoặc phân đoạn xenluloza syntaza có trình tự axit amin được nêu trong SEQ ID NO: 1 hoặc 3, trong đó biến thể chức năng hoặc phân đoạn có ít nhất khoảng 80% trình tự axit amin giống hệt với SEQ ID NO:1 hoặc 3.

Theo các phương án khác, biến thể chức năng hoặc phân đoạn còn có khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA được định nghĩa là độ trơ đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA đủ để tạo ra mức độ dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA tăng xác định được ở cây trồng và bộ phận của cây trồng bao gồm polynucleotit tái tổ hợp mã hóa biến thể hoặc phân đoạn này, trong đó cây trồng hoặc bộ phận của cây trồng biểu hiện biến thể hoặc phân đoạn này ở tối đa khoảng 0,5% tổng protein tế bào so với cây trồng đối chứng được xử lý tương tự không biểu hiện biến thể hoặc phân đoạn này.

"Thể tương đồng" của protein bao gồm peptit, oligopeptit, polypeptit, protein và enzym có thay thế, làm khuyết và/hoặc xen axit amin vào so với protein không được cải biến đang quan tâm và có hoạt tính sinh học và chức năng tương tự như protein không được cải biến mà chúng thu được từ đó.

Ngoài ra, một trong số người có trình độ trung bình trong lĩnh vực này cũng hiểu rằng, các thay đổi có thể được đưa vào bằng cách gây đột biến các trình tự nucleotit theo sáng chế, từ đó dẫn đến các thay đổi trong trình tự axit amin của các protein được mã hóa mà không làm thay đổi hoạt tính sinh học của các protein. Do đó, ví dụ, phân tử polynucleotit được phân lập mã hóa polypeptit CESA đột biến có trình tự axit amin khác với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64, có thể được tạo ra bằng cách đưa một hoặc nhiều thay thế, thêm hoặc làm khuyết nucleotit vào trình tự nucleotit tương ứng, sao cho một hoặc nhiều thay thế, thêm hoặc làm khuyết axit amin được đưa vào protein được mã hóa. Các đột biến có thể được đưa vào bằng các kỹ thuật chuẩn, như đột biến gen định hướng điểm và đột biến gen qua trung gian PCR. Các biến thể trình tự nucleotit này cũng được bao gồm trong sáng chế. Ví dụ, tốt hơn là, thay thế axit amin bảo toàn có thể được thực hiện ở một hoặc nhiều gốc axit amin không thiết yếu được dự báo ưu tiên. Gốc axit amin "không thiết yếu" là gốc có thể được thay đổi từ trình tự kiểu dại của protein mà không làm thay đổi hoạt tính sinh học, trong khi đó gốc axit amin "thiết yếu" được yêu cầu cho hoạt tính sinh học.

Việc làm khuyết đề cập đến việc loại bỏ một hoặc nhiều axit amin khỏi protein.

Việc xen vào liên quan đến một hoặc nhiều gốc axit amin được đưa vào vị trí được

xác định trước trong protein. Việc xen vào này có thể bao gồm việc dung hợp đầu tận cùng N và/hoặc đầu tận cùng C cũng như việc xen vào bên trong trình tự của một hoặc nhiều axit amin. Nhìn chung, việc xen vào trong trình tự axit amin sẽ nhỏ hơn so với việc dung hợp đầu tận cùng N hoặc đầu tận cùng C, theo thứ tự khoảng 1 đến 10 gốc. Các ví dụ về protein hoặc peptit dung hợp đầu tận cùng N hoặc đầu tận cùng C bao gồm miền gắn kết hoặc miền hoạt hóa của chất hoạt hóa phiên mã như được sử dụng trong hệ hai thể lai của nấm men, protein phủ thực bào, thẻ (histidin)-6, thẻ glutathion S-transferaza, protein A, protein liên kết maltoza, dihydrofolat reductaza, Tag•100 epitop, c-myc epitop, FLAG®-epitop, lacZ, CMP (peptit liên kết calmodulin), HA epitop, protein C epitop và VSV epitop.

Việc thay thế đề cập đến sự thay các axit amin của protein bằng các axit amin khác có tính chất tương tự (như tính kị nước, tính ưa nước, tính kháng nguyên, xu hướng hình thành hoặc phá vỡ cấu trúc xoắn α hoặc cấu trúc tấm β tương tự). Thay thế axit amin thường là thay thế các gốc đơn lẻ, nhưng cũng có thể được thay thế theo cụm phụ thuộc vào các ràng buộc chức năng đặt trên polypeptit và có thể nằm trong khoảng từ 1 đến 10 axit amin; việc xen vào thường là theo thứ tự khoảng 1 đến 10 gốc axit amin. Việc thay thế bảo toàn axit amin là thay thế trong đó gốc axit amin được thay thế bằng gốc axit amin có chuỗi bên tương tự. Các họ gốc axit amin có chuỗi bên tương tự được định nghĩa trong lĩnh vực này. Các họ này bao gồm các axit amin có chuỗi bên bazơ (chẳng hạn, lysin, arginin, histidin), chuỗi bên axit (chẳng hạn, axit aspartic, axit glutamic), chuỗi bên phân cực không tích điện (chẳng hạn, glyxin, asparagin, glutamin, serin, threonin, tyrosin, xystein), chuỗi bên không phân cực (chẳng hạn, alanin, valin, leuxin, isoleuxin, Prolin, phenylalanin, methionin, tryptophan), chuỗi bên phân nhánh beta (chẳng hạn, threonin, valin, isoleuxin) và chuỗi bên thơm (chẳng hạn, tyrosin, phenylalanin, tryptophan, histidin). Các thay thế này không được thực hiện cho các gốc axit amin được bảo toàn, hoặc các gốc axit amin có trong mô-típ bảo toàn. Các bảng thay thế bảo toàn là đã biết rõ trong lĩnh vực này (xem, ví dụ, Creighton (1984) Proteins. W.H. Freeman and Company (Eds).

Việc thay thế, làm khuyết và/hoặc xen axit amin vào có thể dễ được thực hiện bằng cách sử dụng các kỹ thuật tổng hợp peptit đã được biết rõ trong lĩnh vực này, như tổng hợp peptit pha rắn và các dạng tương tự, hoặc bằng thao tác ADN tái tổ hợp thủ công. Các phương pháp để thao tác thủ công các trình tự ADN để tạo ra biến thể thay thế, xen

vào hoặc làm khuyết của protein là đã được biết rõ trong lĩnh vực này. Ví dụ, các kỹ thuật để tạo ra đột biến thay thế ở vị trí được xác định trước trong ADN là đã được biết rõ đối với chuyên gia trong lĩnh vực này và bao gồm đột biến gen M13, đột biến gen T7-Gen in vitro (USB, Cleveland, OH), đột biến gen định hướng vị trí QuickChange (Stratagene, San Diego, CA), đột biến gen định hướng vị trí qua trung gian PCR hoặc các phương pháp đột biến gen định hướng điểm khác.

"Dẫn xuất" còn bao gồm peptit, oligopeptit, polypeptit có thể, so với trình tự axit amin của dạng protein có trong tự nhiên, như protein đang quan tâm, bao gồm các thay thế của các axit amin bằng gốc axit amin không có trong tự nhiên, hoặc thêm gốc axit amin không có trong tự nhiên. "Dẫn xuất" của protein còn bao gồm peptit, oligopeptit, polypeptit bao gồm các gốc axit min được thay đổi (được glycosyl hóa, được axyl hóa, được prenyl hóa, được phosphoryl hóa, được myristoyl hóa, được sulphat hóa v.v.) có trong tự nhiên hoặc gốc axit amin được thay đổi không tự nhiên so với trình tự axit amin của dạng polypeptit có trong tự nhiên. Dẫn xuất còn có thể bao gồm một hoặc nhiều phần tử thế không phải axit amin hoặc biến thể thêm so với trình tự axit amin mà nó thu được từ đó, ví dụ, phân tử báo cáo hoặc phối tử khác, được liên kết đồng hóa trị hoặc không đồng hóa trị với trình tự axit amin, như phân tử báo cáo được liên kết để tạo điều kiện cho việc phát hiện ra nó, và các gốc axit amin không có trong tự nhiên so với trình tự axit amin của protein có trong tự nhiên. Ngoài ra, "dẫn xuất" còn bao gồm các thể dung hợp của dạng protein có trong tự nhiên với peptit gắn thẻ như FLAG, HIS6 hoặc thioredoxin (để xem thêm về peptit gắn thẻ, xem Terpe, Appl. Microbiol. Biotechnol. 60, 523-533, 2003).

"Các thể ortho" và "các thể para" bao gồm khái niệm tiến triển được sử dụng để mô tả mối quan hệ di truyền của các gen. Các thể para là gen thuộc cùng một loài được tạo ra bằng cách nhân bản gen tổ tiên; hoặc cá thể ortho là gen từ các sinh vật khác nhau được tạo ra bằng cách hình thành loài, và cũng có nguồn gốc từ gen tổ tiên chung. Danh sách giới hạn các ví dụ về các thể ortho này được thể hiện trong Bảng 1. Sẽ được hiểu bởi người có trình độ trung bình trong lĩnh vực này rằng trình tự của SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64, như được liệt kê trong Bảng 1 tượng trưng cho các thể ortho và các thể para đối với SEQ ID NO:1.

Đã được biết rõ trong lĩnh vực này là các thể para và các thể ortho có thể chia sẻ các miền khác nhau mang các gốc axit amin thích hợp ở các vị trí cho trước, như túi liên kết cho các cơ chất cụ thể hoặc motif liên kết để tương tác với các protein khác.

Thuật ngữ "miền" đề cập đến tập hợp các axit amin được bảo toàn ở các vị trí cụ thể dọc theo sự sắp xếp thẳng trình tự của các protein tiến hóa liên quan. Trong khi các axit amin ở các vị trí khác có thể thay đổi giữa các thể tương đồng, các axit amin được bảo toàn ở mức độ cao ở các vị trí cụ thể chỉ các axit amin gần như thiết yếu trong cấu trúc, độ ổn định hoặc chức năng của protein. Được nhận biết bằng mức độ bảo toàn cao của chúng trong trình tự được sắp thẳng hàng của họ các thể tương đồng protein, chúng có thể được sử dụng làm chất nhận biết để xác định nếu polypeptit đang quan tâm bất kỳ thuộc họ polypeptit được nhận biết trước đó.

Thuật ngữ "motif" hoặc "trình tự liên ứng" đề cập đến vùng được bảo toàn ngắn trong trình tự của các protein tiến triển liên quan. Motif là các phần được bảo toàn thường xuyên ở mức độ cao của miền, nhưng còn có thể bao gồm phần duy nhất của miền, hoặc được đặt bên ngoài vùng được bảo toàn (nếu tất cả các axit amin của motif này nằm bên ngoài miền được xác định).

Theo một phương án được ưu tiên, polypeptit CESA hữu ích đối với sáng chế, bao gồm một hoặc nhiều các motif sau:

i) Motif 1a:

[V/I][A/V]G[V/I/F][S/T][Y/D/N/A]A[V/I/L][N/S/G][S/N]G[Y/F/E][Q/D/G/E/H][S/A]WG[P/A]L[F/M/L]G[K/R][L/V][F/L]F (SEQ ID NO: 78).

Tốt hơn nếu motif đã nêu là:

[V/I]AG[V/I]S[Y/D/N]A[V/I][N/S][S/N]G[Y/F][Q/D]SWGPL[F/M/L]G[K/R]L[F/L]F (motif 1b; SEQ ID NO: 79).

Tốt hơn nữa nếu motif đã nêu là:

VAG[V/I]SYA[V/I]NSGYQSWGPL[F/M]GKL[F/L]F (motif 1c; SEQ ID NO:80)

ii) Motif 2a:

[V/L/I]W[S/A][V/A/I]LL[A/S]S[I/F/V][F/L][S/T][L/V][L/M/V/I]WV[R/K][I/V][N/D]PF (SEQ ID NO: 81)

Tốt hơn nếu motif đã nêu là:

VW[S/A][V/A/I]LL[A/S]S[I/F][F/L][S/T][L/V][L/M]WV[R/K][I/V][N/D]PF (motif 2b; SEQ ID NO: 82);

Tốt hơn nữa nếu motif đã nêu là:

VW[S/A][V/A/I]LLASIFSL[L/M]WV[R/K]I[N/D]PF (motif 2c; SEQ ID NO: 83)

Các motif 1a-c, 2a-c, nêu trên thu được bằng cách sử dụng giải thuật ClustalW để tạo ra sự sắp thẳng hàng trình tự xenluloza syntaza (Fig. 2 A – C) (Larkin et al., Bioinformatics 23:21 (2007) 2947 - 2948 pp. 28-36,). Các motif này chủ yếu thu được dựa trên việc sắp thẳng hàng trình tự; vùng được bảo toàn ở mức độ cao được nhận biết là chứa vị trí đột biến mang lại khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ azin. Các gốc trong dấu ngoặc vuông tượng trưng cho các gốc thay thế.

Theo một phương án được ưu tiên, polypeptit CESA như được áp dụng ở đây bao gồm, ít nhất là 1, ít nhất là 2, được chọn từ nhóm bao gồm các motif 1a, 2a, như nêu trên. Theo cách khác hoặc ngoài ra, theo một phương án được ưu tiên khác nữa, polypeptit CESA như được áp dụng ở đây bao gồm ít nhất là 1, ít nhất là 2, các motif được chọn từ nhóm bao gồm các motif 1b, 2b, như nêu trên. Theo cách khác hoặc ngoài ra, theo một phương án được ưu tiên khác nữa, polypeptit CESA như được áp dụng ở đây bao gồm ít nhất là 1, ít nhất là 2, các motif được chọn từ nhóm bao gồm các motif 1c, 2c, như nêu trên.

Ngoài ra hoặc theo cách khác, thể tương đồng của protein CESA có, theo thứ tự ưu tiên tăng dần, ít nhất là 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, hoặc 99% tổng thể trình tự giống hệt với axit amin được tượng trưng bởi SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35,

36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64, với điều kiện protein tương đồng này bao gồm một hoặc nhiều mô-típ bảo toàn bất kỳ trong số motif bảo toàn 1 và/hoặc 2 như được nêu sơ lược trên đây. Độ tương đồng trình tự tổng thể được xác định bằng cách sử dụng giải thuật sắp thẳng hàng toàn bộ, như giải thuật Needleman Wunsch trong chương trình GAP (GCG Wisconsin Package, Accelrys), tốt hơn là có các thông số mặc định và tốt hơn là có các trình tự của protein trưởng thành (tức là không tính đến tín hiệu tiết ra hoặc peptit chuyển tiếp). So với độ tương đồng trình tự tổng thể, độ tương đồng trình tự này thường cao hơn chỉ khi vùng được bảo toàn hoặc các motif được bảo toàn được xem xét. Tốt hơn là các motif trong polypeptit CESA có, theo thứ tự ưu tiên tăng dần, ít nhất là 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, hoặc 99% trình tự giống hệt với một hoặc nhiều motif bất kỳ được tượng trưng bởi SEQ ID NO: 78, 79, 80, 81, 82, và 83 (Các motif 1a, 1b, 1c, 2a, 2b, 2c).

Các cơ sở dữ liệu chuyên sâu có để nhận biết các miền, ví dụ, SMART (Schultz et al. (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95, 5857-5864; Letunic et al. (2002) Axit nucleic Res 30, 242-244), InterPro (Mulder et al., (2003) Nucl. Acids. Res. 31, 315-318), Prosite (Bucher and Bairoch (1994), cú pháp profin được tạo ra cho các motif của trình tự sinh phân tử và chức năng của nó trong dịch trình tự tự động. (In) ISMB-94; Proceedings 2nd International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology. Altman R., Brutlag D., Karp P., Lathrop R., Searls D., Eds., pp53-61, AAAI Press, Menlo Park; Hulo et al., Nucl. Acids. Res. 32:D134-D137, (2004)), hoặc Pfam (Bateman et al., Nucleic Acids Research 30(1): 276-280 (2002)). Bộ dụng cụ để phân tích trình tự protein in silico là sẵn có trên hệ thống ExPASy proteomics (Swiss Institute of Bioinformatics (Gasteiger et al., ExPASy: the proteomics server for in-depth protein knowledge and analysis, Nucleic Acids Res. 31:3784-3788(2003)). Các miền hoặc các motif cũng có thể được nhận biết bằng cách sử dụng các kỹ thuật thông thường, như bằng cách sắp thẳng hàng trình tự.

Phương pháp để sắp thẳng hàng các trình tự để so sánh là đã được biết rõ trong lĩnh vực này, các phương pháp này bao gồm GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA và TFASTA. GAP sử dụng giải thuật của Needleman và Wunsch ((1970) J Mol Biol 48: 443-453) để tìm ra sự sắp thẳng hàng toàn bộ (tức là kéo dài toàn bộ trình tự) của hai

trình tự mà tối đa hóa số lượng ghép cặp và tối thiểu hóa số lượng khoảng trống. Giải thuật BLAST (Altschul et al. (1990) J Mol Biol 215: 403-10) tính phần trăm tương đồng trình tự và thực hiện việc phân tích thống kê độ tương đồng giữa hai trình tự. Phần mềm để thực hiện phân tích BLAST được công bố sẵn thông qua trung tâm thông tin công nghệ sinh học quốc gia (NCBI). Thể tương đồng có thể dễ được nhận biết bằng cách sử dụng, ví dụ, giải thuật sắp thẳng hàng nhiều trình tự ClustalW (phiên bản 1.83), với thông số sắp thẳng hàng từng cặp mặc định, và phương pháp ghi điểm theo phần trăm (Xem Fig. 1). Tổng phần trăm độ tương đồng và đồng nhất cũng có thể được xác định bằng cách sử dụng một trong số phương pháp có sẵn trong gói phần mềm MatGAT (Campanella et al., BMC Bioinformatics. 2003 Jul 10;4:29. MatGAT: ứng dụng tạo ra ma trận độ tương đồng/độ đồng nhất bằng cách sử dụng trình tự protein hoặc trình tự ADN). Việc sửa đổi nhỏ bằng tay có thể được thực hiện để tối ưu hóa việc sắp thẳng hàng giữa các mô-típ bảo toàn, như sẽ rõ ràng đối với người có trình độ trung bình trong lĩnh vực này. Ngoài ra, thay vì sử dụng trình tự độ dài đầy đủ để nhận biết các thể tương đồng, các miền đặc hiệu cũng có thể được sử dụng. Các giá trị tương đồng trình tự có thể được xác định trên toàn bộ trình tự axit nucleic hoặc trình tự axit amin hoặc trên các miền hoặc (các) mô-típ bảo toàn được chọn, bằng cách sử dụng các chương trình nêu trên sử dụng các thông số mặc định. Để sắp thẳng hàng cục bộ, giải thuật Smith-Waterman đặc biệt hữu ích (Smith TF, Waterman MS (1981) J. Mol. Biol 147(1);195-7).

Các protein theo sáng chế có thể được thay đổi theo các cách khác nhau bao gồm thay thế, làm khuyết, cắt cụt, và xen axit amin vào. Các phương pháp để thao tác như vậy thường đã biết trong lĩnh vực này. Ví dụ, biến thể trình tự axit amin có thể được xây dựng bằng các đột biến trong ADN. Các phương pháp gây đột biến gen và thay đổi trình tự nucleotitlà đã được biết rõ trong lĩnh vực này. Xem, ví dụ, Kunkel (1985) PNAS, 82:488-492; Kunkel et al. (1987) Methods in Enzymol. 154:367-382; US 4,873,192; Walker and Gaastra, eds. (1983) Techniques in Molecular Biology (MacMillan Publishing Company, New York) và các tài liệu tham khảo được trích dẫn trong đó. Hướng dẫn để thay thế axit amin thích hợp mà không làm ảnh hưởng đến hoạt tính sinh học của protein đang quan tâm có thể được tìm thấy trong mô hình trong Dayhoff et al. (1978) Atlas of Protein Sequence and Structure (Natl. Biomed. Res. Found., Washington, D. C), được kết hợp ở đây để tham khảo. Thay thế bảo toàn, như trao đổi

một axit amin với một axit amin khác có các tính chất tương tự, có thể được ưu tiên.

Theo cách khác, biến thể trình tự nucleotit có thể được tạo ra bằng cách đưa vào các đột biến một cách ngẫu nhiên dọc theo tất cả hoặc một phần của trình tự mã hóa, như bằng cách đột biến gen bão hòa, và thể đột biến thu được có thể được sàng lọc để nhận biết thể đột biến mã hóa các protein mà giữ được hoạt tính. Ví dụ, sau khi đột biến gen, protein được mã hóa có thể được biểu hiện bằng cách tái tổ hợp, và hoạt tính của protein có thể được xác định bằng cách sử dụng các kỹ thuật thử nghiệm chuẩn.

Các tác giả sáng chế đã phát hiện ra rằng, bằng cách thay thế một hoặc nhiều gốc axit amin chủ chốt của CESA enzym của SEQ ID NO: 1 hoặc 3, chẳng hạn bằng cách sử dụng một trong số các phương pháp nêu trên để gây đột biến axit nucleic mã hóa CESA, khả năng dung nạp hoặc kháng đối với các thuốc diệt cỏ ức chế CESA cụ thể, gọi chung là azin, và được mô tả chi tiết hơn dưới đây, có thể là tăng lên đáng kể. Các thay thế được ưu tiên của CESA đột biến là các thay thế làm tăng khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ của cây trồng, nhưng vẫn để cho hoạt tính sinh học của hoạt tính xenluloza syntaza gần như không bị ảnh hưởng.

Do vậy, mục đích khác nữa của sáng chế đề cập đến polypeptit CESA, bao gồm trình tự của SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64, biến thể, dẫn xuất, thể tương đồng ortho, thể tương đồng para hoặc thể tương đồng của nó, các gốc axit amin chủ chốt của chúng được thế bằng axit amin bất kỳ khác.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này sẽ hiểu rằng các axit amin được đặt ở phạm vi gần với các vị trí của các axit amin nêu dưới đây cũng có thể được thay thế. Do đó, theo một phương án khác nữa, biến thể của SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64, biến thể, dẫn xuất, thể tương đồng ortho, thể tương đồng para hoặc thể tương đồng của nó bao gồm CESA đột biến, trong đó axit amin ±3, ±2 hoặc ±1 vị trí axit amin từ axit amin chủ chốt được thay thế bằng axit amin khác.

Dựa trên các kỹ thuật đã được biết rõ trong lĩnh vực này, mô hình trình tự đặc trưng

cao có thể được phát triển, bằng cách đó các ứng viên CESA đột biến khác có hoạt tính mong đợi có thể được tìm kiếm.

Việc tìm kiếm các ứng viên CESA đột biến khác bằng cách áp dụng mô hình trình tự thích hợp cũng được bao gồm trong sáng chế. Sẽ được hiểu bởi người có trình độ trung bình là mô hình trình tự hiện có không bị giới hạn bởi khoảng cách chính xác giữa hai gốc axit amin liền kề của mô hình này. Mỗi khoảng cách giữa hai gốc liền kề trong mô hình nêu trên có thể, ví dụ, thay đổi độc lập với nhau lên đến tối đa ±10, ± 5, ±3, ±2 hoặc ±1 vị trí axit amin mà hầu như không làm ảnh hưởng đến hoạt tính mong muốn.

Ngoài ra, bằng cách áp dụng phương pháp đột biến gen định hướng vị trí, đặc biệt là đột biến gen bão hòa (xem chẳng hạn Schenk et al., Biospektrum 03/2006, trang 277-279) đột biến gen định hướng điểm dựa trên PCR (chẳng hạn bộ kit đột biến gen định hướng, Stratagene, California, USA hoặc GeneArt Mutagenesis Service, ThermoFisher Scientific Inc., Massachusetts, USA) hoặc đột biến gen hệ thống (GeneArt systematic mutagenesis Service, ThermoFisher Scientific Inc., Massachusetts, USA), các tác giả sáng chế đã nhận biết và tạo ra các thay thế axit amin đặc hiệu và các tổ hợp của chúng, mà - khi được đưa vào cây trồng bằng cách biến nạp và biểu hiện axit nucleic mã hóa CESA đột biến tương ứng – mang lại cho cây trồng nêu trên khả năng kháng hoặc dung nạp thuốc diệt cỏ tăng đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Do đó, theo một phương án được ưu tiên, biến thể hoặc dẫn xuất của polypeptit CESA đề cập đến polypeptit CESA đột biến bao gồm một hoặc nhiều các motif sau:

i) Motif 1a:

[V/I] [A/V]G [V/I/F] [S/T] [Y/D/N/A]A [V/I/L] [N/S/G] [S/N]G [Y/F/E] [Q/D/G/E/H] [S/A]WG [P/A]L [F/M/L]G [K/R] [L/V] [F/L]F (SEQ ID NO: 78).

Tốt hơn nếu motif đã nêu là:

[V/I]AG [V/I]S [Y/D/N]A [V/I] [N/S] [S/N]G [Y/F] [Q/D]SWGPL [F/M/L]G [K/R]L [F/L]F (motif 1b; SEQ ID NO: 79).

Tốt hơn nữa nếu motif đã nêu là:

VAG [V/I]SYA [V/I]NSGYQSWGPL [F/M]GKL [F/L]F (motif 1c; SEQ ID NO:80);

trong đó axit amin ở vị trí 5, 16, 17, và/hoặc 20 trong motif đã nêu được thay thế

bằng axit amin khác bất kỳ.

ii) Motif 2a:

[V/L/I]W [S/A] [V/A/I]LL [A/S]S [I/F/V] [F/L][S/T] [L/V] [L/M/V/I]WV [R/K] [I/V] [N/D]PF (SEQ ID NO: 81)

Tốt hơn nếu motif đã nêu là:

VW [S/A] [V/A/I]LL [A/S]S [I/F] [F/L][S/T][L/V] [L/M]WV [R/K] [I/V] [N/D]PF (motif 2b; SEQ ID NO: 82);

Tốt hơn nữa nếu motif đã nêu là:

VW [S/A] [V/A/I]LLASIFSL [L/M]WV [R/K]I [N/D]PF (motif 2c; SEQ ID NO: 83)

trong đó axit amin ở vị trí 8, và/hoặc 11 trong motif đã nêu được thay thế bằng axit amin khác bất kỳ

Theo một phương án được ưu tiên hơn, axit amin tương ứng với vị trí 5 của motif 1a, 1b, hoặc 1c là:

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Thr,Asn,Gln,Cys,Gly,Pro,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp;

và/hoặc

axit amin tương ứng với vị trí 16 của motif 1a, 1b, hoặc 1c là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Ser,Thr,Asn,Gln,Cys,Pro,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp,

và/hoặc

axit amin tương ứng với vị trí 17 của motif 1a, 1b, hoặc 1c là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Ser,Thr,Asn,Gln,Cys,Gly,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp,

và/hoặc

axit amin tương ứng với vị trí 20 của motif 1a, 1b, hoặc 1c là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Ser,Thr,Asn,Gln,Cys,Pro,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp,

Theo một phương án khác được ưu tiên hơn, axit amin tương ứng với vị trí 8 của motif 2a, 2b, hoặc 2c là:

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Thr,Asn,Gln,Cys,Gly,Pro,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp;

và/hoặc

axit amin tương ứng với vị trí 11 của motif 2a, 2b, hoặc 2c là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Thr,Asn,Gln,Cys,Gly,Pro,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp,

Theo một phương án được ưu tiên đặc biệt,

axit amin tương ứng với vị trí 5 của motif 1a, 1b, hoặc 1c là Phe,

và/hoặc

axit amin tương ứng với vị trí 16 của motif 1a, 1b, hoặc 1c là Asp,

và/hoặc

axit amin tương ứng với vị trí 17 của motif 1a, 1b, hoặc 1c là Leu,

và/hoặc

axit amin tương ứng với vị trí 20 của motif 1a, 1b, hoặc 1c là

Arg.

Theo một phương án khác được ưu tiên hơn,

axit amin tương ứng với vị trí 8 của motif 2a, 2b, hoặc 2c là Phe,

và/hoặc

axit amin tương ứng với vị trí 11 của motif 2a, 2b, hoặc 2c là Leu,

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, biến thể hoặc dẫn xuất của polypeptit CESA đề cập đến polypeptit CESA bao gồm SEQ ID NO: 1, thể ortho, thể para, hoặc thể tương đồng của nó, trong đó trình tự axit amin khác với trình tự axit amin kiểu dại của polypeptit CESA ở một hoặc nhiều vị trí tương ứng với các vị trí sau của SEQ ID NO:1:

998, 1009, 1010, 1013, 1052, 1055.

Các ví dụ về sự khác nhau ở các vị trí axit amin này bao gồm, nhưng không giới hạn ở, một hoặc nhiều khác nhau sau:

axit amin tại hoặc tương ứng với vị trí 998 khác với serin;

axit amin tại hoặc tương ứng với vị trí 1009 khác với glyxin;

axit amin tại hoặc tương ứng với vị trí 1010 khác với Prolin;

axit amin tại hoặc tương ứng với vị trí 1013 khác với glyxin,

axit amin tại hoặc tương ứng với vị trí 1052 khác với serin,

axit amin tại hoặc tương ứng với vị trí 1055 khác với serin,

Theo một số phương án, enzym CESA đột biến bao gồm SEQ ID NO: 1, thể ortho, thể para, hoặc thể tương đồng của nó, bao gồm một hoặc nhiều enzym sau:

axit amin tương ứng với vị trí 998 của SEQ ID NO:1 là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Thr,Asn,Gln,Cys,Gly,Pro,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp;

axit amin tương ứng với vị trí 1009 của SEQ ID NO:1 là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Ser,Thr,Asn,Gln,Cys,Pro,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp,

axit amin tương ứng với vị trí 1010 của SEQ ID NO:1 là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Ser,Thr,Asn,Gln,Cys,Gly,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp,

axit amin tương ứng với vị trí 1013 của SEQ ID NO:1 là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Ser,Thr,Asn,Gln,Cys,Pro,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp,

axit amin tương ứng với vị trí 1052 của SEQ ID NO:1 là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Thr,Asn,Gln,Cys,Gly,Pro,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp,

axit amin tương ứng với vị trí 1055 của SEQ ID NO:1 là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Thr,Asn,Gln,Cys,Gly,Pro,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr,

hoặc Trp.

Theo một phương án được ưu tiên, axit amin tương ứng với vị trí 1009 của SEQ ID NO: 1 là Asp.

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, axit amin tương ứng với vị trí 1010 của SEQ ID NO: 1 là Leu.

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, axit amin tương ứng với vị trí 1013 của SEQ ID NO: 1 là Arg.

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, axit amin tương ứng với vị trí 983 của SEQ ID NO: 3 là Phe.

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, axit amin tương ứng với vị trí 1037 của SEQ ID NO: 3 là Phe.

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, axit amin tương ứng với vị trí 1040 của SEQ ID NO: 3 là Leu.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này sẽ nhận biết được các vùng và các motif được bảo toàn được chia sẻ giữa các thể tương đồng, các thể ortho và các thể para được mã hóa bởi SEQ ID NO: 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, hoặc 77, như được nêu trong Bảng 1. Đã nhận biết được các vùng bảo toàn này có thể là motif liên kết thích hợp, các axit amin tương ứng với các axit amin được liệt kê dưới đây trong Bảng 2, có thể được chọn để thay thế bằng axit amin khác, ví dụ, bằng các axit amin được bảo toàn, tốt hơn là bằng cách thay thế axit amin được mô tả trên đây sử dụng SEQ ID NO:1 để đối chiếu.

Bảng 2 nêu tổng quát các vị trí trong các thể ortho và thể tương đồng đối với SEQ ID NO:1, tức là các vị trí tương ứng trong SEQ ID NO: 1 đến 64.

Bảng 2

ID	Pos 1	Pos 2	Pos 3	Pos 4	Pos 5	Pos 6
1	S998	**G1009**	**P1010**	**G1013**	S1052	S1055
2	S1001	G1012	P1013	G1016	S1055	T1058
3	**S983**	G994	P995	G998	**S1037**	**S1040**
4	S967	G978	P979	G982	S1021	S1024
5	S987	G998	P999	G1002	S1041	T1044

6	S1002	G1013	P1014	G1017	S1056	T1059
7	S944	G955	P956	G959	S998	S1001
8	S901	G912	P913	G916	S955	S958
9	S1005	G1016	P1017	G1020	S1059	T1062
10	S985	G996	P997	G1000	S1039	S1042
11	S991	G1002	P1003	G1006	S1045	S1048
12	S900	G911	P912	G915	S954	S957
13	S991	G1002	P1003	G1006	S1045	S1048
14	S1003	G1014	P1015	G1018	S1057	S1060
15	S974	G985	P986	G989	S1028	S1031
16	S995	G1006	P1007	G1010	S1049	S1052
17	S1011	G1022	P1023	G1026	S1065	S1068
18	S514	G525	P526	G529	S568	S571
19	S1000	G1011	P1012	G1015	S1054	S1057
20	S997	G1008	P1009	G1012	S1051	S1054
21	S900	G911	P912	G915	S954	S957
22	-	-	-	-	-	-
23	S992	G1003	P1004	G1007	S1046	S1049
24	S994	G1005	P1006	G1009	S1048	S1051
25	S1006	G1017	P1018	G1021	S1060	S1063
26	S951	G962	P963	G966	S1005	S1008
27	S996	G1007	P1008	G1011	S1050	T1053
28	S997	G1008	P1009	G1012	S1051	S1054
29	T891	G902	A903	G906	S945	S948
30	S891	G902	P903	G906	S945	S948
31	S957	G968	P969	G972	S1011	S1014
32	S884	G895	P896	G899	S938	S941
33	T908	G919	A920	G923	S962	S965
34	S1002	G1013	P1014	G1017	S1056	S1059
35	S1002	G1013	P1014	G1017	S1056	S1059
36	S892	G903	P904	G907	S946	S949
37	S957	G968	P969	G972	S1011	S1014
38	S1013	G1024	P1025	G1028	S1067	T1070
39	S905	G916	P917	G920	S959	S962
40	S951	G962	P963	G966	S1005	S1008
41	S998	G1009	P1010	G1013	S1052	S1055
42	S874	G885	P886	G889	S928	S931

43	S1013	G1024	P1025	G1028	S1067	T1070
44	S991	G1002	P1003	G1006	S1045	S1048
45	S992	G1003	P1004	G1007	S1046	S1049
46	S1013	G1024	P1025	G1028	S1067	S1070
47	S996	G1007	P1008	G1011	S1050	T1053
48	S906	G917	P918	G921	S960	S963
49	S991	G1002	P1003	G1006	S1045	S1048
50	S1009	G1020	P1021	G1024	S1063	S1066
51	S993	G1004	P1005	G1008	S1047	S1050
52	S1091	S1102	K1103	G1106	I1145	S1148
53	S935	S946	K947	G950	I989	S992
54	A778	G790	A791	A794	S834	S837
55	S999	G1010	P1011	G1014	S1053	S1056
56	S1009	G1020	P1021	G1024	S1063	S1066
57	S1010	G1021	P1022	G1025	S1064	S1067
58	S754	G765	P766	G769	S808	S811
59	S883	G894	P895	G898	S937	S940
60	A1033	G1044	K1045	G1048	I1087	S1090
61	S973	G984	P985	G988	S1027	S1030
62	S981	G992	P993	G996	S1035	S1038
63	S1046	S1057	K1058	G1061	I1100	S1103
64	A1134	S1145	K1146	G1149	M1188	S1191

Mục đích khác nữa đề cập đến phương pháp nhận diện trình tự nucleotit mã hóa CESA đột biến kháng hoặc dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA, phương pháp này bao gồm:

a) tạo ra thư viện của axit nucleic mã hóa CESA đột biến,

b) sàng lọc quần thể chứa axit nucleic mã hóa CESA đột biến thu được bằng cách biểu hiện từng axit nucleic nêu trên trong tế bào hoặc cây trồng và xử lý tế bào hoặc cây trồng này bằng thuốc diệt cỏ ức chế CESA,

c) so sánh mức độ dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA được tạo ra bởi quần thể các axit nucleic mã hóa CESA đột biến nêu trên với mức độ dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA được tạo ra bởi axit nucleic mã hóa CESA đối chứng,

d) chọn lọc ít nhất một axit nucleic mã hóa CESA đột biến mà tạo ra mức dung

nạp tăng lên một cách đáng kể đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA khi so với thuốc diệt cỏ được tạo ra bởi axit nucleic mã hóa CESA đối chứng.

Theo một phương án được ưu tiên, axit nucleic mã hóa CESA đột biến được chọn trong bước d) tạo ra mức độ kháng hoặc dung nạp của tế bào hoặc cây trồng đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA cao gấp ít nhất là 2 lần khi so với thuốc diệt cỏ được tạo ra bởi axit nucleic mã hóa CESA đối chứng.

Theo một phương án được ưu tiên khác, axit nucleic mã hóa CESA đột biến được chọn trong bước d) tạo ra mức độ kháng hoặc dung nạp của tế bào hoặc cây trồng đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA cao gấp ít nhất là 2 lần, ít nhất là 5 lần, ít nhất là 10 lần, ít nhất là 20 lần, ít nhất là 50 lần, ít nhất là 100 lần, ít nhất là 500 lần, khi so với thuốc diệt cỏ được tạo ra bởi axit nucleic mã hóa CESA đối chứng.

Khả năng kháng hoặc dung nạp có thể được xác định bằng cách tạo ra cây trồng chuyển gen hoặc tế bào chủ, tốt hơn là tế bào cây trồng, bao gồm trình tự axit nucleic của thư viện của bước a) và so sánh cây chuyển gen này với cây trồng đối chứng hoặc tế bào chủ đối cưhngs, tốt hơn là tế bào cây trồng.

Mục đích khác nữa đề cập đến phương pháp nhận diện cây trồng hoặc tảo chứa axit nucleic bao gồm trình tự nucleotit mã hóa CESA kiểu dại hoặc đột biến mà kháng hoặc dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA, phương pháp này bao gồm:

a) xác định lượng hữu hiệu thuốc diệt cỏ ức chế CESA trong môi trường nuôi cấy tế bào cây trồng hoặc tảo lục mà dẫn đến sự chết các tế bào này.

b) xử lý các tế bào cây trồng hoặc tảo lục đã nêu bằng tác nhân gây đột biến,

c) cho quần thể tế bào bị đột biến gen nêu trên tiếp xúc với một lượng hữu hiệu của thuốc diệt cỏ ức chế CESA, được xác định trong a),

d) lựa chọn ít nhất một tế bào sống sót trong các điều kiện thử nghiệm này,

e) khuếch đại PCR và tạo trình tự các gen CESA từ các tế bào được chọn trong d) và so sánh các trình tự này với các trình tự gen CESA kiểu dại, một cách tương ứng

Theo một phương án được ưu tiên, tác nhân gây bột biến gen nêu trên là etylmetansulfonat (EMS).

Nhiều phương pháp đã được biết rõ đối với người có trình độ trung bình sẵn có để

thu được ứng viên axit nucleic thích hợp để nhận biết trình tự nucleotit mã hóa CESA kiểu dại hoặc đột biến từ các loài sinh vật ban đầu có thể có khác nhau bao gồm vi trùng, cây trồng, nấm, tảo, hỗn hợp môi trường nuôi cấy v.v. cũng như nguồn môi trường của ADN như đất. Các phương pháp này bao gồm, không kể các phương pháp khác, điều chế ADN bổ trợ hoặc xây dựng thư viện ADN hệ gen, sử dụng mồi oligonucleotit thoái hóa thích hợp, sử dụng đầu dò dựa trên các trình tự đa biết hoặc các thử nghiệm bổ sung (ví dụ, để sinh trưởng trên tyrosin) cũng như sử dụng đột biến gen và dịch chuyển để tạo ra trình tự mã hóa CESA đột biến được tái tổ hợp hoặc kiểu dại được dịch chuyển.

Axit nucleic bao gồm trình tự ứng viên và trình tự mã hóa CESA đối chứng có thể được biểu hiện trong nấm men, trong chủng vi khuẩn chủ, trong tảo hoặc trong cây trồng cấp cao hơn như cây thuốc lá hoặc Arabidopsis và các mức độ dung nạp vốn có tương đối của trình tự mã hóa CESA được sàng lọc theo phenotyp của chỉ thị nhìn thấy của chủng hoặc cây trồng được biến nạp khi có mặt các nồng độ khác nhau của thuốc diệt cỏ ức chế CESA được chọn. Các đáp ứng liều lượng và thay đổi tương đối trong đáp ứng liều lượng liên quan đến các phenotyp của chỉ thị này (tạo ra sự hoại tử, sự ức chế sinh trưởng, tác dụng diệt cỏ v.v.) được biểu hiện một cách thuận lợi theo, ví dụ, giá trị GR50 (nồng độ giảm 50% sinh trưởng) hoặc MIC (nồng độ ức chế tối thiểu) trong đó việc tăng các giá trị này tương ứng với tăng mức độ dung nạp vốn có của CESA được biểu hiện. Ví dụ, trong hệ thử nghiệm tương đối nhanh dựa trên sự biến nạp của Arabidopsis như được mô tả trong phần Ví dụ (Ví dụ 7), mỗi trình tự kiểu dại hoặc trình tự mã hóa CESA đột biến có thể được biểu hiện, ví dụ, dưới dạng trình tự ADN dưới sự kiểm soát biểu hiện của trình tự khởi đầu thích hợp và cây T1 có thể được chọn để dung nạp chênh lệch với các thuốc diệt cỏ ức chế CESA được chọn, đo bằng mức độ sinh trưởng.

Theo một phương án khác nữa, ứng viên axit nucleic được biến nạp thành vật liệu cây trồng để tạo ra cây trồng chuyển gen, được tái tạo thành cây trồng thụ phấn bình thường về mặt hình thái mà sau đó được đo mức độ dung nạp chênh lệch đối với các thuốc diệt cỏ ức chế CESA được chọn như được mô tả trong phần Ví dụ sau đây. Nhiều phương pháp thích hợp để biến nạp bằng cách sử dụng chỉ thị chọn lọc thích hợp như kanamyxin, vectơ hai nhánh như từ vi khuẩn Agrobacterium và tái tạo cây trồng như, ví dụ, từ tán lá cây thuốc lá là đã được biết rõ trong lĩnh vực này. Tùy ý, quần thể cây trồng đối chứng gần như đã được biến nạp bằng axit nucleic biểu hiện CESA đối chứng. Theo

cách khác, cây hai lá mầm không được biến nạp như Arabidopsis hoặc cây thuốc lá có thể được sử dụng làm đối chứng do nó, trong trường hợp bất kỳ, biểu hiện CESA nội sinh của chính nó. Giá trị trung bình, và phân bố, của các mức dung nạp thuốc diệt cỏ trong phạm vi các sự kiện biến nạp cây trồng sơ cấp hoặc thế hệ sau của chúng đối với các thuốc diệt cỏ ức chế CESA được mô tả trên đây được đánh giá theo cách thông thường dựa trên sự phá hủy cây trồng, triệu chứng mất màu mô phân sinh v.v. ở khoảng nồng độ khác nhau của thuốc diệt cỏ. Các dữ liệu này có thể được biểu hiện theo, ví dụ, giá trị GR50 có nguồn gốc từ đường cong liều lượng/đáp ứng có "liều lượng" được vẽ trên trục x và "phần trăm tiêu diệt", "tác dụng diệt cỏ", "số lượng cây xanh nảy mầm" v.v. được vẽ trên trục y, trong đó giá trị GR50 tăng tương ứng với mức độ dung nạp vốn có của CESA được biểu hiện tăng. Thuốc diệt cỏ có thể được áp dụng một cách thích hợp trước nảy mầm hoặc sau nảy mầm.

Mục đích khác nữa của sáng chế đề cập đến axit nucleic được phân lập và hoặc được sản xuất bằng cách tái tổ hợp và/hoặc tổng hợp mã hóa CESA đột biến như được bộc lộ trên đây, trong đó axit nucleic bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, hoặc 77, hoặc biến thể hoặc dẫn xuất của nó.

Theo một phương án, axit nucleic có thể nhận biết được bằng phương pháp như được xác định ở trên.

Đối với các mục đích theo sáng chế, "tái tổ hợp" có nghĩa là, ví dụ, về trình tự axit nucleic, catxet biểu hiện (= cấu trúc gen, cấu trúc axit nucleic) hoặc vectơ chứa trình tự axit nucleic theo sáng chế hoặc sinh vật được biến nạp bằng trình tự axit nucleic, catxet biểu hiện hoặc vectơ theo sáng chế nêu trên, tất cả các cấu trúc này được tạo ra bằng phương pháp thiết kế di truyền, trong đó:

(a) trình tự axit nucleic bao gồm trình tự của SEQ ID NO: 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, hoặc 77, hoặc thể tương đồng của nó, hoặc các dẫn xuất của nó hoặc các phần của nó; hoặc

(b) trình tự đối chứng di truyền được liên kết chức năng với trình tự axit nucleic được mô tả trong (a), ví dụ, trình tự đối chứng di truyền 3' và/hoặc 5' như trình tự khởi đầu hoặc gen kết thúc, hoặc

(c) (a) và (b);

đều không được tìm thấy trong môi trường di truyền tự nhiên của chúng hoặc đã được cải biến bằng các phương pháp thiết kế di truyền, trong đó cải biến này có thể là,

ví dụ, thay thế, thêm, làm khuyết, đảo ngược hoặc xen vào một hoặc nhiều gốc nucleotit.

"Môi trường di truyền tự nhiên" có nghĩa là vị trí của hệ gen hoặc nhiễm sắc thể tự nhiên trong sinh vật gốc hoặc bên trong sinh vật chủ hoặc có mặt trong thư viện hệ gen. Trong trường hợp thư viện hệ gen, môi trường di truyền tự nhiên của trình tự axit nucleic tốt hơn là giữ được ít nhất một phần. Môi trường quanh trình tự axit nucleic ít nhất là ở một phía và có độ dài trình tự ít nhất là 50 bp, tốt hơn là ít nhất là 500 bp, đặc biệt tốt hơn là ít nhất là 1000 bp, đặc biệt tốt hơn nhất ít nhất là 5000 bp. Catxet biểu hiện có trong tự nhiên – ví dụ tổ hợp có trong tự nhiên của trình tự khởi đầu tự nhiên của trình tự axit nucleic theo sáng chế với gen tương ứng – chuyển thành catxet biểu hiện chuyển gen khi gen tương ứng được cải biến bằng phương pháp tổng hợp không tự nhiên ("nhân tạo") như ví dụ đột biến. Các phương pháp thích hợp được mô tả trong, ví dụ, US 5,565,350 hoặc WO 00/15815

Theo một phương án được ưu tiên, CESA đột biến bị mã hóa là biến thể của SEQ ID NO: 1, mà bao gồm một hoặc nhiều trong số các biến thể dưới đây:

axit amin tương ứng với vị trí 998 của SEQ ID NO:1 là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Thr,Asn,Gln,Cys,Gly,Pro,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp;

axit amin tương ứng với vị trí 1009 của SEQ ID NO:1 là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Ser,Thr,Asn,Gln,Cys,Pro,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp,

axit amin tương ứng với vị trí 1010 của SEQ ID NO:1 là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Ser,Thr,Asn,Gln,Cys,Gly,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp,

axit amin tương ứng với vị trí 1013 của SEQ ID NO:1 là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Ser,Thr,Asn,Gln,Cys,Pro,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp,

axit amin tương ứng với vị trí 1052 của SEQ ID NO:1 là

Arg,His,Lys,Asp,Glu,Thr,Asn,Gln,Cys,Gly,Pro,Ala,Val,Leu,Ile,Met,Phe,Tyr, hoặc Trp,

axit amin tương ứng với vị trí 1055 của SEQ ID NO:1 là

Arg, His, Lys, Asp, Glu, Thr, Asn, Gln, Cys, Gly, Pro, Ala, Val, Leu, Ile, Met, Phe, Tyr, hoặc Trp.

Theo một phương án được ưu tiên, axit amin tương ứng với vị trí 1009 của SEQ ID NO: 1 là Asp.

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, axit amin tương ứng với vị trí 1010 của SEQ ID NO: 1 là Leu.

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, axit amin tương ứng với vị trí 1013 của SEQ ID NO: 1 là Arg.

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, axit amin tương ứng với vị trí 983 của SEQ ID NO: 3 là Phe.

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, axit amin tương ứng với vị trí 1037 của SEQ ID NO: 3 là Phe.

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, axit amin tương ứng với vị trí 1040 của SEQ ID NO: 3 là Leu.

Theo các khía cạnh khác, sáng chế bao gồm thế hệ sau hoặc cây trồng thế hệ sau của cây trồng có tính dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế cũng như các hạt giống thu được từ các cây trồng có tính dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế và các tế bào thu được từ cây trồng có tính dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế.

Theo một số phương án, sáng chế đề xuất thế hệ sau hoặc cây trồng thế hệ sau thu được từ cây trồng bao gồm, trong ít nhất một số trong các tế bào của nó, một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, trong đó thế hệ sau hoặc cây trồng thế hệ sau này bao gồm, trong ít nhất một số trong các tế bào của nó, polynucleotit tái tổ hợp được liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này đem lại cho thế hệ sau hoặc cây trồng thế hệ sau khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo một phương án, các hạt giống theo sáng chế tốt hơn là bao gồm các đặc tính

dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA của cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA. Theo các phương án khác, hạt giống có khả năng nảy mầm thành cây trồng bao gồm, trong ít nhất một số trong các tế bào của nó, một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này đem lại cho thế hệ sau hoặc cây trồng thế hệ sau khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo một số phương án, các tế bào cây trồng theo sáng chế có khả năng tái tạo cây trồng và bộ phận của cây trồng. Theo các phương án khác, các tế bào cây trồng không có khả năng tái tạo cây trồng và bộ phận của cây trồng. Các ví dụ về các tế bào không có khả năng tái tạo cây trồng bao gồm, nhưng không giới hạn ở, nội nhũ, bao hạt giống (vỏ hạt & vỏ quả), và chóp rễ.

Theo một phương án khác nữa, sáng chế đề xuất tế bào cây trồng có khả năng tái tạo ra cây trồng bao gồm, trong ít nhất một số trong các tế bào của nó, một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA, trong đó tế bào cây trồng này bao gồm polynucleotit tái tổ hợp liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu.

Theo các phương án khác, sáng chế đề xuất tế bào cây trồng bao gồm một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo một phương án khác nữa, sáng chế đề cập đến tế bào cây trồng được biến đổi bằng axit nucleic mã hóa polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế hoặc tế bào cây trồng đã bị đột biến để thu được cây trồng biểu hiện axit nucleic mã hóa polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế, trong đó sự biểu hiện của axit

nucleic trong tế bào cây trồng làm tăng khả năng kháng và khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA khi so với loại tế bào cây trồng kiểu dại. Tốt hơn là, polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến mã hóa axit nucleic bao gồm trình tự polynucleotit được chọn từ nhóm bao gồm: a) polynucleotit được thể hiện trong SEQ ID NO: 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, hoặc 77, hoặc biến thể hoặc dẫn xuất của nó; b) polynucleotit mã hóa polypeptit như được thể hiện trong SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64, hoặc biến thể hoặc dẫn xuất của nó; c) polynucleotit bao gồm ít nhất là 60 nucleotit liên tiếp của bất kỳ trong số a) hoặc b); và d) polynucleotit bổ sung cho polynucleotit của bất kỳ trong số từ a) đến c).

Theo một số khía cạnh khác, sáng chế đề xuất sản phẩm từ thực vật được tạo ra từ cây trồng có tính dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA của nó. Theo một số phương án, các ví dụ về các sản phẩm từ thực vật bao gồm, không giới hạn, hạt, dầu, và bột xay. Theo một phương án, sản phẩm từ thực vật là hạt cây (chẳng hạn, hạt thích hợp để sử dụng làm thức ăn để chế biến), dầu cây (chẳng hạn, dầu thích hợp để sử dụng làm thực phẩm hoặc diezen sinh học), hoặc bột cây (chẳng hạn, bột xay thích hợp để sử dụng làm thức ăn).

Theo một phương án, sáng chế đề xuất sản phẩm từ thực vật trồn được tạo ra từ cây trồng và bộ phận của cây trồng, trong đó cây trồng hoặc bộ phận của cây trồng này bao gồm, trong ít nhất một số trong các tế bào của nó, một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này tạo cho cây trồng và bộ phận của cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo một phương án khác nữa, sáng chế đề cập đến phương pháp sản xuất tế bào cây trồng chuyển gen có khả năng kháng thuốc diệt cỏ ức chế CESA tăng khi so với loại tế bào cây trồng kiểu dại bao gồm, biến đổi tế bào cây trồng bằng catxet biểu hiện bao gồm một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit.

Theo một phương án khác nữa, sáng chế đề cập đến phương pháp sản xuất cây trồng chuyển gen bao gồm, (a) biến nạp tế bào cây trồng bằng catxet biểu hiện bao gồm một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, và (b) tạo ra cây trồng có khả năng kháng thuốc diệt cỏ ức chế CESA tăng từ tế bào cây trồng.

Theo một số khía cạnh khác, sáng chế đề xuất phương pháp tạo ra cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA. Theo một phương án, phương pháp này bao gồm: tái tạo cây trồng từ tế bào cây trồng đã được biến nạp bằng một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, trình tự khởi đầu này có khả năng biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến này tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Thuật ngữ "biểu hiện" hoặc "biểu hiện gen" có nghĩa là sự phiên mã gen cụ thể hoặc các gen cụ thể hoặc cấu trúc gen cụ thể. Thuật ngữ "biểu hiện" hoặc "biểu hiện gen" cụ thể có nghĩa là sự phiên mã gen hoặc các gen hoặc cấu trúc gen thành ARN cấu trúc (rARN, tARN) hoặc ARN thông tin có hoặc không có sự dịch mã sau đó của ARN thông tin thành protein. Quy trình này bao gồm sự phiên mã của ADN và việc xử lý sản phẩm ARN thông tin tạo ra.

Để thu được hiệu quả mong muốn, tức là các cây trồng có tính dung nạp hoặc tính kháng đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế, sẽ được hiểu rằng ít nhất một axit nucleic "được biểu hiện quá mức" theo các phương pháp và phương tiện đã được người có trình độ trung bình trong lĩnh vực biết rõ.

Thuật ngữ "biểu hiện tăng" hoặc "biểu hiện quá mức" như được sử dụng trong bản mô tả có nghĩa là dạng biểu hiện bất kỳ bổ sung vào mức biểu hiện kiểu dại ban đầu. Phương pháp làm tăng sự biểu hiện của gen hoặc các sản phẩm gen đã được cung cấp rõ bằng tài liệu trong lĩnh vực này và bao gồm, ví dụ, biểu hiện quá mức được điều khiển bởi trình tự khởi đầu thích hợp, sử dụng gen tăng cường phiên mã hoặc gen tăng cường dịch mã. Axit nucleic được phân lập nhằm làm thành phần trình tự khởi đầu hoặc gen tăng cường có thể được đưa vào vị trí thích hợp (thường là ngược dòng) của dạng không khác loại của polynucleotit sao cho để điều hòa tăng sự biểu hiện của axit nucleic mã

hóa polypeptit đang quan tâm. Ví dụ, trình tự khởi đầu nội sinh có thể được thay đổi in vivo bằng cách đột biến, làm khuyết, và/hoặc thay thế (xem, Kmiec, US 5,565,350; Zarling et al., WO9322443), hoặc trình tự khởi đầu được phân lập có thể được đưa vào tế bào cây trồng theo hướng và khoảng cách từ gen theo sáng chế thích hợp để kiểm soát sự biểu hiện của gen. Nếu việc biểu hiện polypeptit được mong đợi, thường mong muốn là bao gồm vùng polyadenyl hóa ở đầu 3' của vùng mã hóa polynucleotit. Vùng polyadenyl hóa có thể có nguồn gốc từ gen tự nhiên, từ loại gen cây trồng khác, hoặc từ T-DNA. Trình tự đầu 3' cần thêm có thể có nguồn gốc từ, ví dụ, gen nopalin syntaza hoặc octopin syntaza, hoặc theo cách khác từ gen cây trồng khác, hoặc ít ưu tiên hơn là từ gen nhân chuẩn khác bất kỳ. Trình tự intron cũng có thể được thêm vào vùng không được dịch mã 5' (UTR) hoặc trình tự mã hóa của trình tự mã hóa một phần để làm tăng lượng thông tin trưởng thành tích tụ trong dịch bào tương. Việc bao gồm intron ghép được trong đơn vị phiên mã trong cả cấu trúc biểu hiện cây trồng và động vật đều cho thấy là làm tăng biểu hiện gen ở cả nồng độ ARN thông tin và protein lên đến 1000 lần (Buchman and Berg (1988) Mol. Cell biol. 8: 4395-4405; Callis et al. (1987) Genes Dev 1:1183-1200). Việc tăng cường intron của sự biểu hiện gen thường lớn nhất khi được đặt gần đầu 5' của đơn vị phiên mã. Việc sử dụng intron cây ngô Adh1-S intron 1, 2, và 6, Bronze-1 intron được biết trong lĩnh vực. Đối với thông tin tổng quát, xem: The Maize Handbook, Chapter 116, Freeling and Walbot, Eds., Springer, N.Y. (1994).

Nếu thích hợp, trình tự axit nucleic có thể được tối ưu hóa để biểu hiện tăng trong cây trồng được biến nạp. Ví dụ, trình tự mã hóa bao gồm codon được ưu tiên của cây trồng để cải thiện sự biểu hiện trong cây trồng có thể được đề xuất. Xem, ví dụ, Campbell and Gowri (1990) Plant Physiol., 92: 1-11 mô tả về việc sử dụng codon được ưu tiên của vật chủ. Các phương pháp cũng được biết trong lĩnh vực để xây dựng gen được ưu tiên trong cây trồng. Xem, ví dụ, US 5,380,831, và US 5,436,391, và Murray et al. (1989) Nucleic Acids Res. 17:477-498, được kết hợp ở đây để tham khảo.

Do đó, axit nucleic CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế được cấp trong catxet biểu hiện để biểu hiện trong cây trồng đang quan tâm. Catxet này bao gồm trình tự điều hòa liên kết có điều khiển với trình tự axit nucleic CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế. Thuật ngữ "thành phần điều hòa" như được sử dụng trong bản mô tả đề cập đến polynucleotit có khả năng điều hòa sự phiên mã của polynucleotit được liên kết có điều khiển. Nó bao gồm, nhưng không giới hạn ở, trình tự khởi đầu, gen tăng cường,

intron, 5' UTR, và 3' UTR. Thuật ngữ "liên kết có điều khiển" nhằm là liên kết chức năng giữa trình tự khởi đầu và trình tự thứ hai, trong đó trình tự trình tự khởi đầu bắt đầu và điều tiết sự phiên mã của trình tự ADN tương ứng với trình tự thứ hai. Nhìn chung, liên kết có điều khiển có nghĩa là trình tự axit nucleic được liên kết là liên tiếp và, trong đó cần phải nối hai vùng mã hóa protein, liên tiếp và trong cùng một khung đọc. Catxet này có thể còn chứa ít nhất một gen bổ sung cần được đồng biến nạp vào sinh vật. Theo cách khác, (các) gen khác có thể được tạo ra trên nhiều catxet biểu hiện.

Catxet biểu hiện này có nhiều vị trí giới hạn để xen trình tự axit nucleic của CESA kiểu dại hoặc đột biến vào dưới sự điều hòa phiên mã của vùng điều hòa. Catxet biểu hiện còn có thể chứa gen chỉ thị chọn lọc được. Catxet biểu hiện theo sáng chế bao gồm, theo chiều phiên mã 5'-3', vùng bắt đầu phiên mã và dịch mã (tức là, trình tự khởi đầu), trình tự axit nucleic mã hóa CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế, và vùng kết thúc phiên mã và dịch mã (tức là, vùng kết thúc) có chức năng trong cây trồng. Trình tự khởi đầu có thể có dạng tự nhiên hoặc dạng tương tự, hoặc ngoại lai hoặc khác loại, đối với cây trồng chủ và/hoặc đối với trình tự axit nucleic của CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế. Ngoài ra, trình tự khởi đầu có thể là trình tự tự nhiên hoặc theo cách khác, trình tự tổng hợp. Trong đó trình tự khởi đầu là "ngoại lai" hoặc "khác loại" đối với cây trồng chủ, dự định rằng trình tự khởi đầu không được tìm thấy trong cây trồng tự nhiên mà trình tự khởi đầu này được đưa vào. Trong đó trình tự khởi đầu là "ngoại lai" hoặc "khác loại" đối với trình tự axit nucleic của CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế, dự định rằng trình tự khởi đầu không phải là trình tự khởi đầu tự nhiên hoặc trình tự khởi đầu có trong tự nhiên dùng cho trình tự axit nucleic CESA kiểu dại hoặc đột biến được liên kết có điều khiển theo sáng chế. Như được sử dụng trong bản mô tả, gen khảm bao gồm trình tự mã hóa liên kết có điều khiển với vùng bắt đầu phiên mã khác loại đối với trình tự mã hóa. Trong khi có thể được ưu tiên là biểu hiện axit nucleic của CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế sử dụng các trình tự khởi đầu khác loại, trình tự trình tự khởi đầu tự nhiên có thể được sử dụng. Các cấu trúc này sẽ làm thay đổi mức độ biểu hiện của protein CESA kiểu dại hoặc đột biến trong cây trồng hoặc tế bào cây trồng. Do đó, kiểu hình của cây trồng hoặc tế bào cây trồng được thay đổi.

Vùng kết thúc có thể là tự nhiên với vùng bắt đầu phiên mã, có thể là tự nhiên với trình tự CESA kiểu dại hoặc đột biến liên kết có điều khiển đang quan tâm, có thể là tự nhiên với cây trồng chủ, hoặc có thể có nguồn gốc từ một nguồn khác (tức là, ngoại lai

hoặc khác loại đối với trình tự khởi đầu, trình tự axit nucleic của CESA kiểu dại hoặc đột biến đang quan tâm, cây trồng chủ, hoặc tổ hợp bất kỳ của chúng). Vùng kết thúc thuận lợi là có sẵn từ Ti-plasmit của A. tumefaciens, như vùng kết thúc octopin syntaza và nopalin syntaza. Xem cả ở Guerineau et al. (1991) MoI. Gen. Genet. 262: 141-144; Proudfoot (1991) Cell 64:671-674; Sanfacon et al. (1991) Genes Dev. 5: 141-149; Mogen et al. (1990) Plant cell 2: 1261-1272; Munroe et al. (1990) Gene 91: 151-158; Ballas t al. (1989) Nucleic Acids Res. 17:7891-7903; và Joshi et al. (1987) Nucleic Acids Res. 15:9627-9639. Nếu thích hợp, (các) gen có thể được tối ưu hóa để biểu hiện tăng trong cây trồng được biến nạp. Tức là, gen này có thể được tổng hợp bằng cách sử dụng codon được ưu tiên của cây trồng để cải thiện biểu hiện. Xem, ví dụ, Campbell and Gowri (1990) Plant Physiol. 92: 1-11 mô tả về việc sử dụng codon được ưu tiên của vật chủ. Các phương pháp này là có sẵn trong lĩnh vực này để tổng hợp gen được ưu tiên trong cây trồng. Xem, ví dụ, US 5,380,831, và US 5,436,391, và Murray et al. (1989) Nucleic Acids Res. 17:477-498, được kết hợp ở đây để tham khảo.

Trong khi các polynucleotit theo sáng chế có thể hữu ích làm gen chỉ thị chọn lọc được để biến nạp cây trồng, catxet biểu hiện theo sáng chế có thể bao gồm một gen chỉ thị chọn lọc được khác để chọn lọc các tế bào được biến nạp. Gen chỉ thị chọn lọc được, bao gồm các gen theo sáng chế, được sử dụng để chọn lọc tế bào hoặc mô được biến nạp. Các gen chỉ thị bao gồm, nhưng không giới hạn ở, các gen mã hóa tính kháng kháng sinh, như các gen mã hóa neomyxin phosphotransferaza II (NEO) và hygromyxin phosphotransferaza (HPT), cũng như các gen mang tính kháng đối với hợp chất diệt cỏ, như glufosinat amoni, bromoxynil, imidazolinon, và 2,4-diclophenoxyaxetat (2,4-D). Thông thường, xem, Yarranton (1992) Curr. Opin. Biotech. 3:506-511; Christophers on et al (1992) Proc. Natl. Acad. ScL USA 89:6314-6318; Yao et al. (1992) Cell 71:63-72; Reznikoff (1992) MoI Microbiol 6:2419-2422; Barkley et al (1980) in The Operon, pp. 177-220; Hu et al (1987) Cell 48:555-566; Brown et al (1987) Cell 49:603-612; Figge et al (1988) Cell 52:713-722; Deuschle et al (1989) Proc. Natl Acad. AcL USA 86:5400-5404; Fuerst et al (1989) Proc. Natl Acad. ScL USA 86:2549-2553; Deuschle et al (1990) Science 248:480-483; Gossen (1993) Ph.D. Thesis, University of Heidelberg; Reines et al (1993) Proc. Natl Acad. ScL USA 90: 1917-1921; Labow et al (1990) MoI Cell Biol 10:3343-3356; Zambretti et al (1992) Proc. Natl Acad. ScL USA 89:3952-3956; Bairn et al (1991) Proc. Natl Acad. ScL USA 88:5072-5076; Wyborski et al

(1991) Nucleic Acids Res. 19:4647-4653; Hillenand-Wissman (1989) Topics MoI Struc. Biol 10: 143- 162; Degenkolb et al (1991) Antimicrob. Agents Chemother. 35: 1591-1595; Kleinschnidt et al (1988) Biochemistry 27: 1094-1104; Bonin (1993) Ph.D. Thesis, University of Heidelberg; Gossen et al (1992) Proc. Natl Acad. ScL USA 89:5547- 5551; Oliva et al (1992) Antimicrob. Agents Chemother. 36:913-919; Hlavka et al (1985) Handbook of Experimental Pharmacology, Vol. 78 (Springer-Verlag, Berlin); Gill et al (1988) Nature 334:721-724. Các tài liệu này được kết hợp ở đây để tham khảo. Danh sách về gen chỉ thị chọn lọc được nêu trên không có nghĩa nhằm giới hạn. Gen chỉ thị chọn lọc được bất kỳ có thể được sử dụng theo sáng chế.

Ngoài ra, cải biến trình tự bổ sung đã biết là tăng cường sự biểu hiện gen trong tế bào chủ. Các cải biến này bao gồm loại bỏ trình tự mã hóa tín hiệu tín hiệu polyadenyl hóa, tín hiệu vị trí ghép exon-intron, lặp lại giống transposon không chính xác, và các trình tự được trưng rõ khác mà có thể gây hại cho việc biểu hiện gen. Mật độ G-C của trình tự có thể được điều chỉnh đến mức độ trung bình cho tế bào chủ được nêu, như được tính bằng cách đối chiếu các gen đã biết được biểu hiện trong tế bào chủ. Tương tự, nếu muốn, các trình tự có thể dễ được cải biến để tránh cấu trúc ARN thông tin thứ cấp dạng vòng kẹp tóc được dự báo. Trình tự nucleotit để tăng cường sự biểu hiện gen còn có thể được sử dụng trong vectơ biểu hiện cây trồng. Các trình tự này bao gồm, ví dụ, intron của gen Adh của cây ngô Adh1-S intron 1, 2, và 6 (Callis et al. Genes and Development 1: 1183-1200, 1987), và trình tự gen dẫn hướng, (trình tự W) từ virut khảm ở cây thuốc lá (TMV), virut đốm vàng ở cây ngô và virut khảm ở cỏ linh lăng (Gallie et al. Nucleic Acids Res. 15:8693-8711, 1987 và Skuzeski et al. Plant Mol. Biol. 15:65-79, 1990). Intron thứ nhất từ vị trí shrunken-1 của cây ngô cho thấy là làm tăng sự biểu hiện của gen trong cấu trúc gen khảm. US 5,424,412 và US 5,593,874 bộc lộ việc sử dụng intron cụ thể trong cấu trúc biểu hiện gen, và Gallie et al. (Plant Physiol. 106:929-939, 1994) cũng cho thấy là intron này hữu ích để điều hòa sự biểu hiện gen trên cơ sở đặc hiệu mô. Để tăng cường thêm hoặc tối ưu hóa sự biểu hiện gen, vectơ biểu hiện trong cây trồng theo sáng chế còn có thể chứa trình tự ADN chứa vùng gắn cơ chất (MAR). Các tế bào cây trồng đã được biến nạp bằng hệ biểu hiện được cải biến, sau đó, có thể có sự biểu hiện quá mức hoặc biểu hiện chủ yếu trình tự nucleotit theo sáng chế.

Sáng chế còn đề xuất vectơ biểu hiện được phân lập tái tổ hợp bao gồm catxet biểu hiện chứa axit nucleic CESA kiểu dại hoặc đột biến như nêu trên, trong đó sự biểu hiện

của vectơ này trong tế bào chủ dẫn đến việc dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA tăng so với loại tế bào chủ kiểu dại. Như được sử dụng trong bản mô tả, thuật ngữ "vectơ" đề cập đến phân tử axit nucleic có khả năng vận chuyển một axit nucleic khác mà nó liên kết với. Một loại vectơ là "plasmit," liên quan đến vòng ADN chuỗi đôi tuần hoàn mà đoạn ADN bổ sung có thể được kết hợp vào. Một loại vectơ khác là vectơ virut, trong đó đoạn ADN bổ sung có thể được kết hợp vào hệ gen virut. Một số vectơ có khả năng sao chép tự định trong tế bào chủ mà chúng được đưa vào (chẳng hạn, vectơ vi khuẩn có nguồn gốc sao chép vi khuẩn và vectơ động vật có vú bổ sung). Các vectơ khác (chẳng hạn, vectơ không phải của động vật có vú bổ sung) được kết hợp vào hệ gen của tế bào chủ khi đưa vào tế bào chủ, và từ đó được sao chép vùng với hệ gen chủ. Hơn nữa, một số vectơ có khả năng định hướng sự biểu hiện của gen mà chúng được liên kết có điều khiển với. Các vectơ này được đề cập đến ở đây là "vectơ biểu hiện." Nhìn chung, vectơ biểu hiện để sử dụng trong kỹ thuật ADN tái tổ hợp thường ở dạng plasmit. Trong bản mô tả, "plasmit" và "vectơ" có thể được sử dụng thay thế lẫn nhau do plasmit là dạng được sử dụng rộng rãi nhất của vectơ. Tuy nhiên, sáng chế được dự định bao gồm các dạng vectơ biểu hiện khác, như vectơ virut (chẳng hạn, retrovirut thiếu hụt sao chép, adenovirut, và virut liên quan đến adeno), có các chức năng tương đương.

Vectơ biểu hiện tái tổ hợp theo sáng chế bao gồm axit nucleic theo sáng chế ở dạng thích hợp để biểu hiện của axit nucleic trong tế bào chủ, có nghĩa là vectơ biểu hiện tái tổ hợp bao gồm một hoặc nhiều trình tự điều hòa, được chọn trên cơ sở tế bào chủ cần được sử dụng để biểu hiện, được liên kết có điều khiển với trình tự axit nucleic cần biểu hiện. Trình tự điều hòa bao gồm các trình tự định hướng sự biểu hiện chủ yếu của trình tự nucleotit trong nhiều loại tế bào chủ và các trình tự định hướng sự biểu hiện của trình tự nucleotit chỉ ở một số tế bào chủ hoặc trong các điều kiện nhất định. Sẽ được hiểu bởi người có trình độ trung bình trong lĩnh vực này là thiết kế của vectơ biểu hiện có thể phụ thuộc vào các yếu tố như chọn lựa tế bào chủ cần biến nạp, mức độ biểu hiện của polypeptit mong muốn, v.v. Vectơ biểu hiện theo sáng chế có thể được đưa vào tế bào chủ để từ đó tạo ra polypeptit hoặc peptit, bao gồm polypeptit hoặc peptit dung hợp, được mã hóa bởi axit nucleic như được mô tả ở đây (chẳng hạn, polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến, polypeptit dung hợp, v.v.)

Vectơ biểu hiện còn có thể chứa trình tự gen dẫn hướng 5' trong cấu trúc biểu hiện. Các trình tự gen dẫn hướng này có thể tác động để tăng cường dịch mã. Gen dẫn hướng

dịch mã được biết trong lĩnh vực và bao gồm: gen dẫn hướng picornavirut, ví dụ, gen dẫn hướng EMCV (vùng không mã hóa 5' của Encephalomyo carditis) (Elroy-Stein et al. (1989) PNAS, 86:6126- 6130); gen dẫn hướng potyvirut, ví dụ, gen dẫn hướng TEV (Virut khắc axit ở cây thuốc lá) (Gallie et al. (1995) Gene 165(2):233-238), gen dẫn hướng MDMV (virut khảm gây lùn ở cây ngô) (Virology 154:9-20), và protein liên kết chuỗi nặng của globulin miễn dịch ở người (BiP) (Macejak et al. (1991) Nature 353:90-94); gen dẫn hướng không được dịch mã từ ARN thông tin của protein vỏ của virut khảm ở cỏ linh lăng (AMV ARN 4) (Jobling et al. (1987) Nature 325:622-625); gen dẫn hướng virut khảm ở cây thuốc lá (TMV) (Gallie et al. (1989) in Molecular Biology of RNA, ed. Cech (Liss, New York), pp. 237-256); và gen dẫn hướng virut đốm vàng ở cây ngô (MCMV) (Lommel et al. (1991) Virology 81:382- 385). Cũng xem ở, Della-Cioppa et al. (1987) Plant Physiol. 84:965-968.

Các phương pháp khác đã biết để tăng cường sự dịch mã còn có thể được sử dụng, ví dụ, intron, và các dạng tương tự. Để xây dựng vectơ biểu hiện, các phân đoạn axit nucleic khác nhau có thể được thao tác thủ công, sao cho để tạo ra trình tự axit nucleic theo hướng thích hợp và, nếu thích hợp, trong khung đọc thích hợp. Về phía đầu này, cjaats biến đổi thích hợp hoặc chất liên kết có thể được sử dụng để nối các phân đoạn axit nucleic hoặc các thao tác thủ công khác có thể được bao gồm để tạo ra các vị trí giới hạn thuận lợi, loại bỏ axit nucleic không cần thiết, loại bỏ các vị trí giới hạn, hoặc thao tác tương tự. Nhằm mục đích này, việc gây đột biến gen in vitro, sửa đoạn mồi, giới hạn, gắn, thay thế lại, chẳng hạn, đồng hoán và dị hoán, có thể được bao gồm.

Một số trình tự khởi đầu có thể được sử dụng để thực hiện sáng chế. Trình tự khởi đầu có thể được chọn lọc dựa trên kết quả mong muốn. Axit nucleic có thể được kết hợp với các trình tự khởi đầu cơ bản, được ưu tiên trong mô, hoặc các trình tự khởi đầu khác để biểu hiện trong cây trồng.

Các trình tự khởi đầu cơ bản bao gồm, ví dụ, trình tự khởi đầu lõi của trình tự khởi đầu Rsyn7 và các trình tự khởi đầu cơ bản khác được bộc lộ trong WO 99/43838 và US 6,072,050; trình tự khởi đầu CaMV 35S lõi (Odell et al. (1985) Nature 313:810-812); actin ở cây lúa (McElroy et al. (1990) Plant Cell 2: 163-171); ubiquitin (Christensen et al. (1989) Plant Mol. Biol. 12:619-632 và Christensen et al. (1992) Plant Mol. Biol. 18:675-689); pEMU (Last et al. (1991) Theor. Appl. Genet. 81:581- 588); MAS (Velten et al. (1984) EMBO J. 3:2723- 2730); trình tự khởi đầu ALS (US 5,659,026), và các

dạng tương tự. Các trình tự khởi đầu cơ bản khác bao gồm, ví dụ, US 5,608,149; US 5,608,144; US 5,604,121; US 5,569,597; US 5,466,785; US 5,399,680; US 5,268,463; US 5,608,142; và US 6,177,611.

Các trình tự khởi đầu được ưu tiên trong mô có thể được sử dụng để hướng đích sự biểu hiện tăng cường trong mô cây trồng cụ thể. Các trình tự khởi đầu được ưu tiên trong mô này bao gồm nhưng không giới hạn ở, trình tự khởi đầu được ưu tiên trong lá, trình tự khởi đầu được ưu tiên trong rễ, trình tự khởi đầu được ưu tiên trong hạt giống, và trình tự khởi đầu được ưu tiên trong thân. Một số ví dụ về trình tự khởi đầu được ưu tiên trong mô được mô tả trong, chẳng hạn, Yamamoto et al. (1997) Plant J. 12(2):255-265; Kawamata et al. (1997) Plant Cell Physiol. 38(7):792-803; Hansen et al. (1997) Mol. Gen Genet. 254(3):337-343; Russell et al. (1997) Transgenic Res. 6(2): 157-168; Rinehart et al. (1996) Plant Physiol. 1 12(3): 1331-1341; Van Camp et al. (1996) Plant Physiol. 112(2):525-535; Canevascini et al. (1996) Plant Physiol. 1 12(2):513- 524; Yamamoto et al. (1994) Plant Cell Physiol. 35(5):773-778; Lam (1994) Results Probl. Cell Differ. 20:181- 196; hoặc ozco ef al. (1993) Plant Mol Biol. 23(6): 1 129-1138; Matsuoka et al. (1993) Voc Natl. Acad. ScL USA 90(20):9586-9590; và Guevara-Garcia et al. (1993) Plant J 4(3):495-505. Trình tự khởi đầu có thể được cải biến, nếu cần, để biểu hiện yếu.

Theo một số phương án, các axit nucleic quan tâm có thể được hướng đích vào lục lạp để biểu hiện. Theo cách này, trong đó axit nucleic quan tâm không được lồng trực tiếp vào lục lạp, ngoài ra vectơ biểu hiện sẽ chứa trình tự hướng dẫn lục lạp bao gồm trình tự nucleotit mã hóa peptit chuyển tiếp lục lạp để định hướng sản phẩm gen đang quan tâm vào lục lạp. Peptit chuyển tiếp này được biết trong lĩnh vực. Đối với trình tự hướng đích lục lạp, "liên kết có điều khiển" có nghĩa là trình tự axit nucleic mã hóa peptit chuyển tiếp (tức là, trình tự hướng đích lục lạp) được liên kết với trình tự mã hóa mong muốn theo sáng chế sao cho hai trình tự liền kề và trong cùng một khung đọc. Xem, ví dụ, Von Heijne et al. (1991) Plant Mol. Biol. Rep. 9: 104-126; Clark et al. (1989) J Biol. Chem. 264:17544-17550; Della-Cioppa et al. (1987) Plant Physiol. 84:965-968; Romer et al. (1993) Biochem. Biophys. Res. Commun. 196: 1414-1421; và Shah et al. (1986) Science 233:478-481. Ví dụ, peptit chuyển tiếp lục lạp đã biết trong lĩnh vực này có thể được dung hợp với trình tự axit amin của polypeptit CESA theo sáng chế bằng cách liên kết có điều khiển trình tự hướng đích lục lạp với đầu 5' của trình tự

nucleotit mã hóa polypeptit CESA.

Các trình tự hướng đích lục lạp được biết trong lĩnh vực và bao gồm đơn vị con nhỏ chứa lục lạp của ribuloza-l,5-bisphosphat carboxylaza (Rubisco) (de Castro Silva Filho et al. (1996) Plant Mol. Biol. 30:769-780; Schnell et al. (1991) J Biol. Chem. 266(5):3335-3342); EPSPS (Archer et al. (1990) J Bioenerg. Biomemb. 22(6):789-810); tryptophan syntaza (Zhao et al. (1995) J Biol. Chem. 270(11):6081-6087); plastoxyanin (Lawrence et al. (1997) J Biol. Chem. 272(33):20357-20363); chorismat syntaza (Schmidt et al. (1993) J Biol. Chem. 268(36):27447-27457); và protein liên kết chất diệp lục a/b hấp thụ ánh sáng (LHBP) (Lamppa et al. (1988) J Biol. Chem. 263: 14996-14999). Xem cả trong Von Heijne et al. (1991) Plant Mol. Biol. Rep. 9: 104- 126; Clark et al. (1989) J Biol. Chem. 264: 17544-17550; Della-Cioppa et al. (1987) Plant Physiol. 84:965-968; Romer et al. (1993) Biochem Biophys. Res. Commun. 196: 1414-1421; và Shah et al. (1986) Science 233:478-481.

Các phương pháp để biến nạp lục lạp được biết trong lĩnh vực. Xem, ví dụ, Svab et al. (1990) Proc. Natl. Acad. ScL USA 87:8526-8530; Svab and Maliga (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:913-917; Svab and Maliga (1993) EMBO J. 12:601-606. Phương pháp này dựa vào việc phân phối bằng súng bắn hạt của ADN chứa chỉ thị chọn lọc được và hướng đích ADN vào hệ gen lạp thể thông qua việc tái tổ hợp đồng nhất. Ngoài ra, việc biến nạp lạp thể có thể được hoàn thành bằng cách hoạt hóa chéo gen chuyển mang lạp thể câm bằng cách biểu hiện được ưu tiên trong mô của ARN polymeraza được mã hóa nhân và được định hướng bằng lạp thê. Hệ này được ghi nhận trong McBride et al. (1994) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91:7301- 7305.

Các axit nucleic quan tâm cần hướng đích đến lục lạp có thể được tối ưu hóa để biểu hiện trong lục lạp để tính đến sự khác nhau trong việc sử dụng codon giữa nhân cây trồng và cơ quan này. Theo cách này, các axit nucleic quan tâm có thể được tổng hợp bằng cách sử dụng codon được ưu tiên trong lục lạp. Xem, ví dụ, US 5,380,831, được kết hợp ở đây để tham khảo.

Các vectơ và phương pháp biến nạp cây trồng khác nhau để biến nạp cây trồng là có sẵn. Xem, ví dụ, An, G. et al. (1986) Plant PysioL, 81:301-305; Fry, J., et al. (1987) Plant Cell Rep. 6:321-325; Block, M. (1988) Theor. Appl. Genet.16: 161 -1 1 A; Hinchee, et al. (1990) Stadler. Genet. Symp.2032\2.203-2\2; Cousins, et al. (1991) Aust.

J. Plant Physiol. 18:481-494; Chee, P. P. and Slightom, J. L. (1992) Gene.11 8:255-260; Christou, et al. (1992) Trends. Biotechnol. 10:239-246; Halluin, et al. (1992) Bio/Technol. 10:309-314; Dhir, et al. (1992) Plant Physiol. 99:81-88; Casas et al. (1993) Proc. Nat. Acad Sd. USA 90: 1 1212-1 1216; Christou, P. (1993) In Vitro Cell. Dev. Biol.-Plant; 29P.119-124; Davies, et al. (1993) Plant Cell Rep. 12: 180-183; Dong, J. A. and Mchughen, A. (1993) Plant ScL 91: 139-148; Franklin, C. I. and Trieu, T. N. (1993) Plant. Physiol. 102: 167; Golovkin, et al. (1993) Plant ScL 90:41-52; Guo Chin ScL Bull. 38:2072-2078; Asano, et al. (1994) Plant Cell Rep. 13; Ayeres N. M. and Park, W. D. (1994) Crit. Rev. Plant. Sci. 13:219-239; Barcelo, et al. (1994) Plant. J. 5:583-592; Becker, et al. (1994) Plant. J. 5:299-307; Borkowska et al. (1994) Acta. Physiol Plant. 16:225-230; Christou, P. (1994) Agro. Food. Ind. Hi Tech. 5: 17-27; Eapen et al. (1994) Plant Cell Rep. 13:582-586; Hartman, et al. (1994) Bio-Technology 12: 919923; Ritala, et al. (1994) Plant. Mol. Biol. 24:317-325; và Wan, Y. C. and Lemaux, P. G. (1994) Plant Physiol. 104:3748.

Theo một số phương án, phương pháp theo sáng chế này bao gồm việc đưa cấu trúc polynucleotit vào cây trồng. Thuật ngữ "đưa" được dự định đưa cấu trúc polynucleotit này vào cây trồng theo cách mà cấu trúc này đi vào được bên trong tế bào của cây trồng. Phương pháp theo sáng chế không phụ thuộc vào phương pháp cụ thể để đưa cấu trúc polynucleotit vào cây trồng, chỉ là cấu trúc polynucleotit đi vào được bên trong của ít nhất một tế bào của cây trồng. Phương pháp đưa cấu trúc polynucleotit vào cây trồng được biết trong lĩnh vực bao gồm, nhưng không giới hạn ở, phương pháp biến nạp ổn định, phương pháp biến nạp tạm thời, và phương pháp qua trung gian virut. Thuật ngữ "đưa vào" hoặc "biến nạp" như được đề cập ở đây còn có nghĩa là sự truyền polynucleotit ngoại sinh vào tế bào chủ, bất kể phương pháp dùng để truyền. Mô cây trồng có khả năng nhân giống vô tính sau đó, bằng cách tạo cơ quan hoặc tạo phôi, có thể đã được biến nạp bằng cấu trúc gen theo sáng chế và toàn bộ cây trồng được tái tạo từ đó. Mô cụ thể được chọn sữ thay đổi phụ thuộc vào hệ nhân giống vô tính sẵn có, và thích hợp nhất cho, các loài cụ thể được biến nạp. Các đích mô được lấy làm ví dụ bao gồm tán lá, phấn hoa, túi phôi, lá mầm, trụ dưới lá mầm, thể giao tử cái, mô thể chai, mô phân sinh hiện có (chẳng hạn, mô phân sinh đỉnh, chồi nách, và mô phân sinh rễ), và mô phân sinh được cảm ứng (chẳng hạn, mô phân sinh lá mầm và mô phân sinh trụ dưới lá mầm). Polynucleotit này có thể được đưa vào tế bào chủ theo cách tạm thời hoặc

ổn định và có thể được duy trì không kết hợp, ví dụ, ở dạng plasmit. Theo cách khác, nó có thể được kết hợp vào hệ gen chủ. Tế bào cây trồng được biến nạp thu được sau đó có thể được sử dụng để tái tạo cây trồng được biến nạp theo cách đã biết đối với người có trình độ trung bình trong lĩnh vực này.

Thuật ngữ "biến nạp ổn định" được dự định là cấu trúc polynucleotit được đưa vào cây trồng kết hợp vào hệ gen của cây trồng và có khả năng được di truyền bởi cây trồng thế hệ sau của chúng. Thuật ngữ "biến nạp tạm thời" được dự định là cấu trúc polynucleotit được đưa vào cây trồng không kết hợp vào hệ gen của cây trồng.

Để biến nạp cây trồng và các tế bào cây trồng, trình tự nucleotit theo sáng chế được xen vào bằng cách sử dụng các kỹ thuật chuẩn vào vectơ bất kỳ đã biết trong lĩnh vực này mà thích hợp để biểu hiện trình tự nucleotit trong cây trồng hoặc tế bào cây trồng. Việc chọn lọc vectơ phụ thuộc vào kỹ thuật biến nạp được ưu tiên và loài cây trồng đích cần biến nạp. Theo một phương án theo sáng chế, trình tự nucleotit mã hóa liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu của cây trồng, chẳng hạn trình tự khởi đầu đã biết trong lĩnh vực này để biểu hiện ở mức độ cao trong tế bào cây trồng, và cấu trúc này sau đó được đưa vào tế bào cây trồng nhạy với các thuốc diệt cỏ ức chế CESA; và cây trồng được biến nạp được tái tạo. Theo một số phương án, cây trồng được biến nạp dung nạp để tiếp xúc với nồng độ thuốc diệt cỏ ức chế CESA tiêu diệt hoặc làm tổn hại đáng kể đến cây trồng được tái tạo từ tế bào không được biến nạp. Phương pháp này có thể được áp dụng vào loài cây hoặc cây trồng bất kỳ.

Phương pháp để cấu tạo vectơ biểu hiện trong cây trồng và đưa axit nucleic ngoại lai vào cây trồng thường là đã biết trong lĩnh vực này. Ví dụ, ADN ngoại lai có thể được đưa vào cây trồng, sử dụng vectơ plasmit cảm ứng khối u (Ti). Các phương pháp khác được sử dụng để phân phối ADN ngoại lai bao gồm sử dụng kỹ thuật biến nạp thể nguyên sinh qua trung gian PEG, điện di, sợi tinh thể vi tiêm, và chuyển gen bằng súng bắn gen hoặc bắn phá vi hạt để định hướng sự hấp thụ ADN. Các phương pháp này được biết trong lĩnh vực. (US 5,405,765 với Vasil et al.; Bilanɛ et al. (1991) Gene 100: 247-250; Scheid et al., (1991) MoL Gen. Genet., 228: 104- 1 12; Guerche et al., (1987) Plant Science 52: 1 1 1 -1 16; Neuhause et al., (1987) Theor. Appl Genet. 75: 30-36; Klein et al., (1987) Nature 327: 70-73; Howell et al., (1980) Science 208: 1265; Horsch et al., (1985) Science 227: 1229-1231; DeBlock et al., (1989) Plant Physiology 91: 694-701; Methods for Plant Molecular Biology (Weissbach and Weissbach, eds.) Academic

Press, Inc. (1988) và Methods in Plant Molecular Biology (Schuler and Zielinski, eds.) Academic Press, Inc. (1989).

Các phương pháp thích hợp khác để đưa trình tự nucleotit vào tế bào cây trồng bao gồm vi tiêm như được mô tả chẳng hạn trong, Crossway et al. (1986) Biotechniques 4:320-334, điện di như được mô tả chẳng hạn trong, Riggs et al. (1986) Proc. Natl. Acad. ScL USA 83:5602- 5606, biến nạp thông qua Agrobacterium như được mô tả chẳng hạn trong, Townsend et al., US 5,563,055, Zhao et al., US 5,981,840, truyền gen trực tiếp như được mô tả trong, chẳng hạn, Paszkowski et al. (1984) EMBO J. 3:2717-2722, và bắn đạn hạt như được mô tả trong, chẳng hạn, US 4,945,050; US 5,879,918; US 5,886,244; và US 5,932,782; Tomes et al. (1995) "Direct DNA Transfer into Intact Plant Cells via Microprojectile Bombardment," in Plant cell, Tissue, and Organ Culture: Fundamental Methods, ed. Gamborg and Phillips (Springer- Verlag, Berlin); McCabe et al. (1988) Biotechnology 6:923-926); và Led transformation (WO 00/28058). Cũng xem, Weissinger et al., (1988) Ann. Rev. Genet. 22:421-477; Sanford et al, (1987) Particulate Science and Technology 5:27-37 (cây hành); Christou et al, (1988) Plant Physiol. 87:671-674 (cây đậu tương); McCabe et al., (1988) Bio/Technology 6:923-926 (cây đậu tương); Finer and McMullen (1991) In Vitro Cell Dev. Biol. 27P: 175-182 (cây đậu tương); Singh et al, (1998) Theor. Appl. Genet. 96:319-324 (cây đậu tương); Datta et al., (1990) Biotechnology 8:736-740 (rice); Klein et al., (1988) PNAS, 85:4305-4309 (cây ngô); Klein et al., (1988) Biotechnology 6:559-563 (cây ngô); US 5,240,855; US 5,322,783; và US 5,324,646; Tomes et al., (1995) "Direct DNA Transfer into Intact Plant Cells via Microprojectile Bombardment," in Plant cell, Tissue, and Organ Culture: Fundamental Methods, ed. Gamborg (Springer- Verlag, Berlin) (cây ngô); Klein et al., (1988) Plant Physiol. 91:440-444 (cây ngô); Fromm et al., (1990) Biotechnology 8:833-839 (cây ngô); Hooykaas-Van Slogteren et al., (1984) Nature (London) 31 1:763-764; Bowen et al, US 5,736,369 (ngũ cốc); Bytebier et al, (1987) PNAS 84:5345- 5349 (Liliaceae); De Wet et al., (1985) in The Experimental Manipulation of Ovule Tissues, ed. Chapman et al, (Longman, New York), pp. 197-209 (phấn hoa); Kaeppler et al., (1990) Plant Cell Reports 9:415-418 and Kaeppler et al., (1992) Theor. Apph Genet. 84:560-566 (sự biến nạp qua trung gian sợi tinh thể); D'Halluin et al., (1992) Plant Cell 4: 1495-1505 (điện di); Li et al., (1993) Plant Cell Reports 12:250- 255 and Christou and Ford (1995) Annals of Botany 75:407-413 (cây lúa); Osjoda et al, (1996) Nature

Biotechnology 14:745-750 (cây ngô thông qua Agrobacterium tumefaciens); mỗi tài liệu được kết hợp ở đây để tham khảo.

Cây chuyển gen, bao gồm cây trồng chuyển gen, tốt hơn là được tạo ra thông qua sự biến nạp qua trung gian Agrobacterium. Phương pháp biến nạp có lợi là biến nạp trong gan bàn chân. Nhằm mục đích này, có thể là, ví dụ, cho phép agrobacteriua tác động đến hạt giống cây hoặc ghép mô phân sinh cây với agrobacteria. Đã chứng minh được đặc biệt có lợi theo sáng chế khi cho phép huyền phù chứa agrobacteria được biến nạp tác động đến cây trồng nguyên sinh hoặc ít nhất là mầm hoa. Cây trồng sau đó tiếp tục sinh trưởng cho đến khi thu được hạt giống của cây được xử lý (Clough and Bent, Plant J. (1998) 16, 735–743). Phương pháp biến nạp qua trung gian Agrobacterium ở cây lúa bao gồm các phương pháp đã được biết rõ để biến nạp cây lúa, như các phương pháp được mô tả trong tài liệu bất kỳ trong số các tài liệu sau: đơn yêu cầu cấp bằng độc quyền sáng chế châu Âu EP 1198985 A1, Aldemita and Hodges (Planta 199: 612-617, 1996); Chan et al. (Plant Mol Biol 22 (3): 491-506, 1993), Hiei et al. (Plant J 6 (2): 271-282, 1994), tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn. Trong trường hợp biến nạp ở cây ngô, phương pháp được ưu tiên là như được mô tả trong Ishida et al. (Nat. Biotechnol 14(6): 745-50, 1996) hoặc Frame et al. (Plant Physiol 129(1): 13-22, 2002), tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn. Các phương pháp này còn được mô tả trong, ví dụ, B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S.D. Kung and R. Wu, Academic Press (1993) 128-143 và trong Potrykus Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991) 205-225). Axit nucleic hoặc cấu trúc cần được biểu hiện tốt hơn là được tách dòng thành vectơ, thích hợp để biến nạp Agrobacterium tumefaciens, ví dụ pBin19 (Bevan et al., Nucl. Acids Res. 12 (1984) 8711). Agrobacteria được biến đổi bằng vectơ này sau đó có thể được sử dụng theo cách đã biết để biến nạp cây trồng, như cây được sử dụng làm mô hình, như Arabidopsis (Arabidopsis thaliana nằm trong phạm vi của sáng chế không được coi là cây trồng), hoặc cây trồng như, ví dụ, cây thuốc lá, ví dụ bằng cách ngâm lá úa hoặc lá đã được chặt trong dung dịch agrobacteria và sau đó nuôi cấy chúng trong môi trường thích hợp. Việc biến nạp cây trông bằng Agrobacterium tumefaciens được mô tả, ví dụ, trong Höfgen and Willmitzer in Nucl. Acid Res. (1988) 16, 9877 hoặc đã biết không kể các tài liệu khác từ F.F. White, Vector for Gene Transfer in Higher Plants; in Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and

Utilization, eds. S.D. Kung and R. Wu, Academic Press, 1993, pp. 15-38.

Một phương pháp biến nạp đã biết đối với người có trình độ trung bình trong lĩnh vực này là ngâm cây đang ra hoa vào dung dịch Agrobacteria, trong đó Agrobacteria chứa axit nucleic CESA, sau đó lai các giao tử được biến nạp. Việc biến nạp cây trồng qua trung gian Agrobacterium có thể được thực hiện bằng cách sử dụng, ví dụ, GV3101(pMP90) (Koncz and Schell, 1986, Mol. Gen. Genet. 204:383-396) hoặc chủng LBA4404 (Clontech) Agrobacterium tumefaciens. Việc biến nạp có thể được thực hiện bằng kỹ thuật biến nạp và tái tạo chuẩn (Deblaere et al., 1994, Nucl. Acids. Res. 13:4777-4788; Gelvin, Stanton B. and Schilperoort, Robert A, Plant Molecular Biology Manual, 2nd Ed. - Dordrecht: Kluwer Academic Publ., 1995. - in Sect., Ringbuc Zentrale Signatur: BT11-P ISBN 0-7923-2731-4; Glick, Bernard R. and Thompson, John E., Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, Boca Raton: CRC Press, 1993 360 S., ISBN 0-8493-5164-2). Ví dụ, hạt nho có thể được biến nạp bằng cách biến nạp lá mầm hoặc trụ dưới lá mầm (Moloney et al., 1989, Plant Cell Report 8:238-242; De Block et al., 1989, Plant Physiol. 91:694-701). Sử dụng kháng sinh cho Agrobacterium và chọn lọc cây trồng phụ thuộc vào vectơ hai nhánh và chủng Agrobacterium được sử dụng để biến nạp. Việc chọn lọc hạt nho thường được thực hiện bằng cách sử dụng kanamyxin làm chỉ thị cây trồng chọn lọc được. Việc truyền gen qua trung gian Agrobacterium đối với cây lanh có thể được thực hiện bằng cách sử dụng, ví dụ, kỹ thuật được mô tả trong Mlynarova et al., 1994, Plant Cell Report 13:282-285. Ngoài ra, sự biến nạp của cây đậu tương có thể được thực hiện bằng cách sử dụng, ví dụ, kỹ thuật được mô tả trong EP 0424 047, US 5,322,783, EP 0397 687, US 5,376,543, hoặc US 5,169,770. Có thể đạt được việc biến nạp cây ngô bằng cách bắn phá hạt, hấp thụ ADN qua trung gian polyetylen glycol, hoặc thông qua kỹ thuật sợi silicon carbua. (Xem, ví dụ, Freeling and Walbot "The maize handbook" Springer Verlag: New York (1993) ISBN 3-540-97826-7). Ví dụ cụ thể về việc biến nạp ở cây ngô được tìm thấy trong US 5,990,387, và ví dụ cụ thể về sự biến nạp cây lúa mỳ có thể được tìm thấy trong đơn PCT Số WO 93/07256.

Theo một số phương án, các polynucleotit theo sáng chế có thể được đưa vào cây trồng bằng cách cho cây trồng tiếp xúc với virut hoặc axit nucleic của virut. Nhìn chung, các phương pháp này bao gồm việc kết hợp cấu trúc polynucleotit theo sáng chế trong phân tử ADN hoặc ARN virut. Được ghi nhận rằng polypeptit theo sáng chế có thể được

tổng hợp từ đầu là một phần của polyprotein virut, sau đó có thể được xử lý bằng cách phân giải protein in vivo hoặc in vitro để tạo ra polypeptit tái tổ hợp mong muốn. Ngoài ra, được ghi nhận rằng trình tự khởi đầu theo sáng chế còn bao gồm trình tự khởi đầu được sử dụng để phiên mã bằng ARN polymeraza của virut. Phương pháp đưa cấu trúc polynucleotit vào cây trồng và biểu hiện protein được mã hóa trong đó, bao gồm phân tử ADN hoặc ARN virut, được biết trong lĩnh vực. Xem, ví dụ, US 5,889,191, US 5,889,190, US 5,866,785, US 5,589,367 và US 5,316,931; được kết hợp ở đây để tham khảo. Các tế bào đã được biến nạp có thể phát triển thành cây trồng theo các cách thông thường. Xem, ví dụ, McCormick et al. (1986) Plant Cell Reports 5:81-84. Các cây trồng này sau đó có thể sinh trưởng, và thụ phấn với cùng chủng được biến nạp hoặc các chủng khác nhau, và thể lai thu được có sự biểu hiện chủ yếu của đặc tính kiểu hình mong muốn được nhận biết. Hai hoặc nhiều thế hệ có thể được cho sinh trưởng để đảm bảo rằng sự biểu hiện của đặc tính kiểu hình mong muốn được duy trì và di truyền ổn định và sau đó các hạt giống được thu hoạch để đảm bảo sự biểu hiện của đặc tính kiểu hình mong muốn cũng đạt được.

Sáng chế có thể được sử dụng để biến nạp loài cây trồng bất kỳ, bao gồm, nhưng không giới hạn ở, cây một lá mầm và cây hai lá mầm. Các ví dụ về loài cây đang quan tâm bao gồm nhưng không giới hạn ở, cây bắp hoặc cây ngô (*Zea mays*), *Brassica* sp. (chẳng hạn, *B. napus*, *B. rapa, B. juncea*), cụ thể là các loài Brassica hữu ích làm nguồn dầu từ hạt, cỏ linh lăng (*Medicago sativa*), cây lúa (*Oryza sativa*), cây lúa mạch đen (*Secale cereale*), cây lúa miến (*sorghum bicolor*, *sorghum vulgare*), cây kê chẳng hạn, cây kê ngọc trai (*Pennisetum glaucum*), cây kê hấu (*Panicum miliaceum*), cây kê đuôi chồn (*Setaria italica*), cây kê ngón tay (*Eleusine coracana*)), cây hướng dương (*Helianthus annu*), cây rum (*Carthamus tinctorius*), cây lúa mỳ (*Triticum aestivum*, T. *Turgidum* ssp. *durum*), cây đậu tương (*Glycine max*), cây thuốc lá (*Nicotiana tabacum*), cây khoai tây (*Solarium tuberosum*), cây đậu phộng (*Arachis hypogaea*), cây bông (*Gossypium barbadense*, *Gossypium hirsutum*), cây khoai lang (*Ipomoea batatus*), cây sắn (*Manihot esculenta*), cây cà phê (*Coffea* spp.), cây dừa (*Cocos nucifera*), cây dứa (*Ananas comosus*), cây cam (*Citrus* spp.), cây cacao (*Theobroma cacao*), cây chè (*Camellia sinensis*), cây chuối (*Musa* spp.), cây lê (*Persea americana*), cây sung (*Ficus casica*), cây ổi (*Psidium guajava*), cây xoài (*Mangifera indica*), cây oliu (*Olea europaea*), cây đu đủ (*Carica papaya*), cây đào lộn hột (*Anacardium occidentale*), cây

mắc-ca (*macadamia integrifolia*), cây hạnh nhân (*Prunus amygdalus*), cây củ cải đường (*Beta vulgaris*), cây mía (*Saccharum* spp.), cây yến mạch, cây đại mạch, cây rau, cây trang trí, và cây lá kim. Tốt hơn là, cây theo sáng chế là cây trồng (ví dụ, cây hướng dương, Brassica sp., cây bông, cây mía, cây củ cải đường, cây đậu tương, cây đậu phộng, cỏ linh lăng, cây rum, cây thuốc lá, cây ngô, cây lúa, cây lúa mỳ, cây lúa mạch đen, cây đại mạch cây tiểu hắc mạch, cây lúa miến, cây kê, v.v.).

Ngoài việc biến nạp các tế bào soma, sau đó phải được tái tạo thành cây nguyên trạng, cũng có thể biến nạp các tế bào của mô phân sinh của cây và đặc biệt là các tế bào phát triển thành giao tử. Trong trường hợp này, giao tử được biến nạp tuân theo sự phát triển tự nhiên của cây, biến đổi thành cây chuyển gen. Do đó, ví dụ, hạt giống của Arabidopsis được xử lý bằng agrobacteria và hạt giống thu được từ cây đang phát triển biến nạp theo tỷ lệ nhất định và từ đó chuyển gen [Feldman, KA and Marks MD (1987). Mol Gen Genet 208:274-289; Feldmann K (1992). In: C Koncz, N-H Chua and J Shell, Eds, Methods in Arabidopsis Research. Word Scientific, Singapore, pp. 274-289]. Các phương pháp thay thế dựa trên việc loại bỏ lặp lại các khóm hoa và ủ vị trí cắt bỏ ở giữa hình hoa thị bằng agrobacteria được biến nạp, từ đó hạt giống được biến nạp có thể gần như thu được ở thời điểm muộn hơn (Chang (1994). Plant J. 5: 551-558; Katavic (1994). Mol Gen Genet, 245: 363-370). Tuy nhiên, phương pháp đặc biệt hữu hiệu là phương pháp thấm lọc chân không với cải biến của nó như phương pháp "ngâm hoa". Trong trường hợp thấm lọc chân không Arabidopsis, cây nguyên trạng trong điều kiện áp suất giảm được xử lý bằng huyền phù chứa agrobacteria [Bechthold, N (1993). C R Acad Sci Paris Life Sci, 316: 1194-1199], trong khi trong trường hợp phương pháp "ngâm hoa", mô hoa đang phát triển được ủ nhanh với huyền phù chứa agrobacteria được xử lý bằng chất hoạt động bề mặt [Clough, SJ and Bent AF (1998) Plant J. 16, 735-743]. Tỷ lệ nhất định của các hạt giống chuyển gen được thu hoạch trong cả hai trường hợp, và các hạt giống này có thể được phân biệt với các hạt giống không chuyển gen bằng cách cho sinh trưởng trong các điều kiện chọn lọc nêu trên. Ngoài ra, sự biến nạp ổn định lạp thể là có ích do lạp thể được di truyền từ cây gốc là cây trồng tốt nhất làm giảm hoặc loại bỏ nguy cơ về dòng gen chuyển qua phấn hoa. Việc biến nạp của hệ gen lục lạp thường đạt được bằng quy trình được biểu hiện sơ lược trong Klaus et al., 2004 [Nature Biotechnology 22 (2), 225-229]. Nói một cách ngắn gọn là, các trình tự cần biến nạp được tách dòng cùng với gen chỉ thị chọn lọc được giữa các trình tự bên sườn đồng

nhất với hệ gen lục lạp. Các trình tự bên sườn đồng nhất định hướng việc kết hợp đặc hiệu vị trí vào plastome. Việc biến nạp lạp thể được mô tả đối với nhiều loài cây khác nhau và tổng quát được nêu trong Bock (2001) Transgennic plastids in basic research and plant biotechnology. J Mol Biol. 2001 Sep 21; 312 (3):425-38 hoặc Maliga, P (2003) Progress towards commercialization of plastid transformation technology. Trends Biotechnol. 21, 20-28. Quy trình công nghệ sinh học khác mới được ghi nhận dưới dạng thể biến nạp lạp thể không có chỉ thị, có thể được tạo ra bằng gen chỉ thị được đồng kết hợp tạm thời (Klaus et al., 2004, Nature Biotechnology 22(2), 225-229). Các tế bào cây trồng được cải biến di truyền có thể được tái tạo theo tất cả các phương pháp mà người có trình độ trung bình thấy quen thuộc. Các phương pháp thích hợp có thể được tìm thấy trong các công bố đơn sáng chế nêu trên bởi S.D. Kung và R. Wu, Potrykus hoặc Höfgen và Willmitzer.

Nhìn chung, sau khi biến nạp, các tế bào cây trồng hoặc nhóm tế bào được chọn lọc đối với việc có mặt của một hoặc nhiều chỉ thị được mã hóa bởi gen biểu hiện được ở cây trồng được truyền cùng với gen đang quan tâm, sau đó vật liệu được biến nạp được tái tạo thành cây hoàn chỉnh. Để chọn lọc cây trồng được biến nạp, vật liệu cây trồng thu được trong quá trình biến nạp, theo nguyên tắc, chịu các điều kiện chọn lọc sao cho cây trồng được biến nạp có thể được phân biệt với cây trồng không được biến nạp. Ví dụ, hạt giống thu được theo cách nêu trên có thể được trồng và, sau giai đoạn trồng ban đầu, được đưa vào chọn lọc thích hợp bằng cách phun. Một khả năng khác có trong sinh trưởng hạt giống, nếu thích hợp sau khi vô trùng, trên đĩa thách sử dụng chất chọn lọc thích hợp sao cho chỉ hạt giống được biến nạp có thể phát triển thành cây trồng. Theo cách khác, cây trồng được biến nạp được sàng lọc về sự có mặt của chỉ thị chọn lọc được như các cây được nêu trên.

Sauk hi truyền ADN và tái tạo, cây trồng được biến nạp giả định cũng có thể được đánh giá, ví dụ, sử dụng kỹ thuật phân tích Southern, về sự có mặt của gen đang quan tâm, số lượng bả nsao và/hoặc tổ chức hệ gen. Theo cách khác hoặc ngoài ra, mức độ biểu hiện của ADN mới được đưa vào có thể được theo dõi bằng cách sử dụng kỹ thuật phân tích Northern và/hoặc Western, cả hai kĩ thuật này đều đã được biết rõ đối với người có trình độ trung bình trong lĩnh vực này.

Cây trồng được biến nạp tạo ra có thể được nhân giống theo các cách khác nhau, như bằng kỹ thuật nhân giống vô tính hoặc kỹ thuật lai truyền thống. Ví dụ, cây trồng

được biến nạp thế hệ thứ nhất (hoặc T1) có thể tự thụ phấn và thể biến nạp thế hệ thứ hai giống thuần (hoặc T2) được chọn, và cây T2 sau đó có thể còn được nhân giống thông qua các kỹ thuật lai truyền thống. Sinh vật được biến nạp được tạo ra có thể có nhiều dạng khác nhau. Ví dụ, chúng có thể là thể khảm chứa tế bào được biến nạp và tế bào không được biến nạp; thể biến nạp vô tính (chẳng hạn, tất cả các tế bào được biến nạp để chứa catxet biểu hiện); các mảnh ghép của mô được biến nạp và không được biến nạp (chẳng hạn, trong cây trồng, thân rễ được biến nạp được ghép với mầm không được biến nạp).

Tốt hơn là, sự biểu hiện của axit nucleic trong cây trồng dẫn đến sự dung nạp của cây trồng đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA tăng khi so với loại cây trồng kiểu dại.

Theo một phương án khác nữa, sáng chế đề cập đến cây trồng, bao gồm tế bào cây trồng theo sáng chế, trong đó sự biểu hiện của axit nucleic trong cây trồng làm cho khả năng kháng đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA của cây trồng tăng lên khi so với loại cây trồng kiểu dại.

Cây trồng được mô tả ở đây có thể là cây trồng chuyển gen hoặc cây trồng không chuyển gen.

Ngoài định nghĩa chung, được nêu trên đây, "chuyển gen", “gen chuyển” hoặc "tái tổ hợp" có nghĩa là, đối với, ví dụ, trình tự axit nucleic, catxet biểu hiện, cấu trúc gen hoặc vectơ bao gồm trình tự axit nucleic hoặc sinh vật đã được biến nạp bằng trình tự axit nucleic, catxet biểu hiện hoặc vectơ theo sáng chế, tất cả các cấu trúc này thu được bằng phương pháp tái tổ hợp trong đó:

(a) trình tự axit nucleic mã hóa các protein hữu ích trong phương pháp theo sáng chế, hoặc

(b) (các) trình tự đối chứng di truyền liên kết có điều khiển với trình tự axit nucleic theo sáng chế, ví dụ trình tự khởi đầu, hoặc

(c) a) và b)

không được đặt trong môi trường di truyền tự nhiên của chúng hoặc đã được cải biến bằng phương pháp tái tổ hợp, cải biến có thể có dạng, ví dụ, thay thế, thêm, làm khuyết, đảo ngược hoặc xen một hoặc nhiều gốc nucleotit vào để cho phép biểu hiện CESA kiểu dại hoặc đột biến theo sáng chế. Môi trường di truyền tự nhiên được hiểu

theo nghĩa là vị trí hệ gen hoặc nhiễm sắc thể tự nhiên trong cây trồng gốc hoặc có mặt trong thư viện hệ gen. Trong trường hợp thư viện hệ gen, môi trường di truyền tự nhiên của trình tự axit nucleic tốt hơn là giữ được, ít nhất một phần. Môi trường ở bên sườn trình tự axit nucleic ít nhất là ở một phía và có độ dài trình tự ít nhất là 50 bp, tốt hơn là ít nhất là 500 bp, đặc biệt tốt hơn là ít nhất là 1000 bp, tốt nhất là ít nhất là 5000 bp. Catxet biểu hiện có trong tự nhiên – ví dụ, tổ hợp có trong tự nhiên của trình tự khởi đầu tự nhiên của trình tự axit nucleic với trình tự axit nucleic tương ứng mã hóa polypeptit hữu ích trong phương pháp theo sáng chế, như được xác định ở trên – trở thành catxet biểu hiện chuyển gen khi catxet biểu hiện này được cải biến bằng phương pháp tổng hợp không tự nhiên ("nhân tạo") như, ví dụ, xử lý đột biến. Các phương pháp thích hợp được mô tả, ví dụ, trong US 5,565,350 hoặc WO 00/15815.

Do đó, cây trồng chuyển gen nhằm mục đích theo sáng chế được hiểu theo nghĩa, như trên, là axit nucleic theo sáng chế không ở vị trí tự nhiên của chúng trong hệ gen của cây trồng này, axit nucleic có thể được biểu hiện đồng nhất hoặc khác loại. Tuy nhiên, như đã nêu, chuyển gen cũng có nghĩa là, trong khi axit nucleic theo sáng chế hoặc được sử dụng trong phương pháp theo sáng chế ở vị trí tự nhiên của chúng trong hệ gen của cây trồng, trình tự đã được cải biến đối với trình tự tự nhiên, và/hoặc trình tự điều hòa của trình tự tự nhiên đã được cải biến. Chuyển gen tốt hơn là được hiểu là sự biểu hiện của axit nucleic theo sáng chế ở vị trí không tự nhiên trong hệ gen, tức là diễn ra sự biểu hiện đồng nhất hoặc, tốt hơn là, khác loại của axit nucleic. Cây chuyển gen được ưu tiên được nêu ở đây. Ngoài ra, thuật ngữ "chuyển gen" đề cập đến cây trồng, tế bào cây trồng, thể chai, mô cây trồng, hoặc bộ phận của cây trồng bất kỳ, chứa tất cả hoặc một phần của ít nhất một polynucleotit tái tổ hợp. Trong nhiều trường hợp, tất cả hoặc một phần của polynucleotit tái tổ hợp được kết hợp ổn định vào nhiễm sắc thể hoặc thành phần ngoài nhiễm sắc thể ổn định, sao cho nó phát triển thành các thế hệ liên tục. Nhằm mục đích theo sáng chế, thuật ngữ "polynucleotit tái tổ hợp" đề cập đến polynucleotit đã được thay thế, được bố trí lại, hoặc được cải biến bằng thiết kế di truyền. Ví dụ bao gồm polynucleotit được tách dòng bất kỳ, hoặc các polynucleotit, được liên kết hoặc nối với các trình tự khác loại. Thuật ngữ "tái tổ hợp" không đề cập đến các thay đổi của các polynucleotit có nguồn gốc từ các sự kiện có trong tự nhiên, như đột biến tự phát, hoặc từ đột biến gen không tự phát sau đó lai có chọn lọc.

Cây trồng chứa các đột biến mọc lên do đột biến gen không tự phát và lai có chọn

lọc được nêu ở đây là cây trồng không chuyển gen và được bao gồm trong sáng chế. Theo các phương án trong đó cây trồng chuyển gen và bao gồm nhiều axit nucleic CESA kiểu dại hoặc đột biến, axit nucleic có thể có nguồn gốc từ các hệ gen khác nhau hoặc từ cùng một hệ gen. Theo cách khác, theo các phương án trong đó cây trồng khôngchuyển gen và bao gồm nhiều axit nucleic CESA kiểu dại hoặc đột biến, axit nucleic được đặt tren các hệ gen khác nhau hoặc trên cùng một hệ gen.

Theo một số phương án, sáng chế bao gồm cây kháng thuốc diệt cỏ được tạo ra bằng cách lai đột biến. Các cây này bao gồm polynucleotit mã hóa CESA kiểu dại hoặc đột biến và dung nạp một hoặc nhiều thuốc diệt cỏ ức chế CESA. Các phương pháp này có thể bao gồm, ví dụ, cho cây trồng hoặc hạt giống tiếp xúc với chất gây đột biến, cụ thể là chất gây đột biến hóa học như, ví dụ, etyl metansulfonat (EMS) và chọn lọc cây trồng có khả năng dung nạp tăng đối với ít nhất một hoặc nhiều thuốc diệt cỏ ức chế CESA (xem Ví dụ 1).

Tuy nhiên, sáng chế không chỉ giới hạn ở cây trồng dung nạp thuốc diệt cỏ được tạo ra theo phương pháp đột biến gen bao gồm chất gây đột biến hóa học EMS. Phương pháp đột biến gen bất kỳ đã biết trong lĩnh vực này có thể được sử dụng để tạo ra cây trồng kháng thuốc diệt cỏ theo sáng chế. Các phương pháp đột biến gen này có thể bao gồm, ví dụ, sử dụng một hoặc nhiều chất gây đột biến bất kỳ trong số các chất gây đột biến sau: bức xạ, như tia X, tia gama (chẳng hạn, coban 60 hoặc cesi 137), neutron, (chẳng hạn, sản phẩm phân hạt nhân bằng uranium 235 trong bình phản ứng nguyên tử), Bức xạ beta (chẳng hạn, phát ra từ các đồng vị phóng xạ như phospho 32 hoặc cacbon 14), và bức xạ cực tím (tốt hơn là từ 250 đến 290 nm), và chất gây đột biến hóa học như chất tương tự bazơ (chẳng hạn, 5-bromo-uraxil), các hợp chất liên quan (chẳng hạn, 8-etoxy cafein), chất kháng sinh (chẳng hạn, streptonigrin), chất alkyl hóa (chẳng hạn, mù tạt lưu huỳnh, mù tạt nitơ, epoxit, etylenamin, sulfat, sulfonat, sulfon, lacton), azit, hydroxylamin, axit nitơ, hoặc acridin. Cây trồng kháng thuốc diệt cỏ còn có thể được tạo ra bằng cách sử dụng phương pháp nuôi cấy mô để chọn lọc các tế bào cây trồng bao gồm các đột biến kháng thuốc diệt cỏ và sau đó tái tạo cây trồng kháng thuốc diệt cỏ từ đó. Xem, ví dụ, US 5,773,702 và US 5,859,348, cả hai patent này được kết hợp toàn bộ ở đây để tham khảo. Sự lai đột biến chi tiết hơn có thể được tìm thấy trong "Principals of Cultivar Development" Fehr, 1993 Macmillan Publishing Company, bản mô tả được kết hợp ở đây để tham khảo

Cây trồng theo sáng chế bao gồm ít nhất một axit nucleic CESA kiểu dại hoặc đột biến hoặc axit nucleic CESA kiểu dại được biểu hiện quá mức, và có tính dung nạp tăng đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA so với loài cây trồng kiểu dại. Cây trồng theo sáng chế có thể có nhiều axit nucleic CESA kiểu dại hoặc đột biến từ các hệ gen khác nhau do các cây này có thể chứa nhiều hơn một hệ gen. Ví dụ, cây trồng chứa hai hệ gen, thường được gọi là hệ gen A và B. Do CESA là enzym chuyển hóa được yêu cầu, giả sử rằng mỗi hệ gen có ít nhất một gen mã hóa enzym CESA (tức là ít nhất một gen CESA). Như được sử dụng trong bản mô tả, thuật ngữ "vị trí của gen CESA" đề cập đến vị trí của gen CESA trên hệ gen, và thuật ngữ "gen CESA" và "axit nucleic CESA" dùng để chỉ axit nucleic mã hóa enzym CESA. Axit nucleic CESA trên mỗi hệ gen khác về trình tự nucleotit của nó với axit nucleic CESA trên hệ gen còn lại. Một trong số chuyên gia trong lĩnh vực này có thể xác định hệ gen có nguồn gốc từ từng axit nucleic CESA thông qua phương pháp lai di truyền và/hoặc giải trình tự hoặc phương pháp phân giải exonucleaza đã biết đối với người có trình độ trung bình trong lĩnh vực này.

Sáng chế bao gồm cây trồng bao gồm một, hai, ba, hoặc nhiều alen CESA đột biến hoặc kiểu dại, trong đó cây trồng tăng tính dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA so với loại cây trồng kiểu dại. Alen CESA kiểu dại hoặc đột biến có thể bao gồm trình tự nucleotit được chọn từ nhóm bao gồm polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO: 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, hoặc 77, hoặc biến thể hoặc dẫn xuất của nó, polynucleotit mã hóa polypeptit như được xác định trong SEQ ID NO: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, hoặc 64, hoặc biến thể hoặc dẫn xuất, thể tương đồng, thể ortho, thể para của nó, polynucleotit bao gồm ít nhất là 60 nucleotit liên tiếp của bất kỳ trong số các polynucleotit nêu trên; và polynucleotit bổ sung cho bất kỳ trong số các polynucleotit nêu trên.

"Alen" hoặc "biến thể alen" la dạng thay thế của gen cho trước, được đặt ở cùng một vị trí nhiễm sắc thể. Biến thể alen bao gồm đa hình nucleotit đơn (SNP), cũng như đa hình xen vào/làm khuyết nhỏ (INDEL). Kích cỡ INDEL thường ít hơn 100 bp. SNP và INDEL tạo ra tập hợp trình tự biến thể lớn nhất trong chủng đa hình có trong tự nhiên của hầu hết sinh vật.

Thuật ngữ "loài" đề cập đến nhóm cây trong loài cây được xác định bằng cách chia

sẻ tập hợp các đặc tính hoặc tính trạng chung được chấp nhận bởi người có trình độ trung bình trong lĩnh vực này là đủ để phân biệt một giống cây hoặc loài từ một giống cây hoặc loài khác. Không ngụ ý trong thuật ngữ này là tất cả các cây trồng của giống cây hoặc loài cho trước bất kỳ giống hệt về mặt di truyền ở toàn bộ gen hoặc ở cấp độ phân tử hoặc cây trồng cho trước bất kỳ đồng nhất ở tất cả các vị trí. Giống cây hoặc loài được coi là "lai thuần" đối với một tính trạng cụ thể nếu, khi giống cây hoặc loài lai thuần này tự thụ phấn, tất cả các thế hệ sau chứa tính trạng này. Thuật ngữ "dòng lai" hoặc "dòng" dùng để chỉ nhóm cây trồng trong giống cây được xác định bằng cách chia sẻ tập hợp các đặc tính hoặc tính trạng chung được chấp nhận bởi người có trình độ trung bình trong lĩnh vực này là đủ để phân biệt một dòng lai hoặc dòng với dòng lai hoặc dòng khác. Không ngụ ý trong thuật ngữ này là tất cả các cây trồng của dòng lai hoặc dòng cho trước giống hệt về mặt di truyền ở toàn bộ gen hoặc cấp độ phân tử hoặc cây trồng cho trước bất kỳ sẽ đồng nhất ở tất cả các vị trí. Dòng lai hoặc dòng được coi là "lai thuần" đối với đặc điểm cụ thể nếu, khi dòng lai thuần hoặc dòng lai này tự thụ phấn, tất cả các thế hệ sau chứa tính trạng này. Theo sáng chế, tính trạng này xuất phát từ đột biến trong gen CESA của cây trồng hoặc hạt giống.

Cây trồng kháng thuốc diệt cỏ theo sáng chế bao gồm các polynucleotit mã hóa kiểu dại hoặc polypeptit CESA đột biến còn hữu ích trong phương pháp làm tăng tính kháng thuốc diệt cỏ của cây trồng thông qua phương pháp lai cây trồng thông thường bao gồm sinh sản hữu tính. Phương pháp này bao gồm việc lai cây trồng thứ nhất là cây trồng kháng thuốc diệt cỏ theo sáng chế với cây trồng thứ hai có thể hoặc không thể kháng đối với một thuốc diệt cỏ hoặc các thuốc diệt cỏ giống như cây trồng thế hệ thứ nhất hoặc có thể kháng đối với một thuốc diệt cỏ hoặc các thuốc diệt cỏ khác với cây trồng thế hệ thứ nhất. Cây trồng thứ hai có thể là cây trồng bất kỳ có khả năng tạo ra cây thế hệ sau sống sót được (tức là, hạt giống) khi lai với cây trồng thế hệ thứ nhất. Thông thường, nhưng không cần thiết, cây trồng thứ nhất và thứ hai là của cùng một loài. Phương pháp này có thể tùy ý bao gồm việc chọn lọc cây trồng thế hệ sau bao gồm polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến của cây trồng thế hệ thứ nhất và đặc tính kháng thuốc diệt cỏ của cây trồng thứ hai. Cây thế hệ sau được tạo ra bằng phương pháp theo sáng chế làm tăng tính kháng đối với thuốc diệt cỏ khi so với cây trồng thứ nhất hoặc cây trồng thứ hai hoặc cả ha. Khi cây trồng thứ nhất và cây trồng thứ hai kháng thuốc diệt cỏ khác nha, cây thế hệ sau có đặc tính dung nạp thuốc diệt cỏ kết hợp của cây trồng

thứ nhất và cây trồng thứ hai. Phương pháp theo sáng chế còn có thể bao gồm một hoặc nhiều thế hệ lai ngược cây thế hệ sau của lần lai thứ nhất với cây trồng của dòng hoặc kiểu di truyền giống như cây trồng thứ nhất hoặc cây trồng thứ hai. Theo cách khác, thế hệ sau của lần lai thứ nhất hoặc lần lai tiếp theo bất kỳ có thể được lai với cây trồng thứ ba của dòng hoặc kiểu di truyền khác với cây trồng thứ nhất hoặc cây trồng thứ hai. Sáng chế còn đề cập đến cây trồng, cơ quan của cây trồng, mô cây trồng, các tế bào cây trồng, hạt giống, và các tế bào chủ không phải người đã được biến nạp bằng ít nhất một phân tử polynucleotit, catxet biểu hiện, hoặc vectơ biến nạp theo sáng chế. Cây trồng được biến nạp, cơ quan của cây trồng, mô cây trồng, các tế bào cây trồng, hạt giống, và các tế bào chủ không phải người đã tăng cường khả năng dung nạp hoặc kháng đối với ít nhất một thuốc diệt cỏ, ở nồng độ thuốc diệt cỏ mà tiêu diệt hoặc ức chế sự sinh trưởng của cây trồng không được biến nạp, mô cây trồng, tế bào cây trồng, hoặc tế bào chủ không phải người, một cách tương ứng. Tốt hơn là, cây trồng được biến nạp, mô cây trồng, các tế bào cây trồng, và hạt giống theo sáng chế là Arabidopsis thaliana và cây trồng.

Sẽ hiểu được rằng, cây trồng theo sáng chế có thể bao gồm axit nucleic CESA kiểu dại ngoài axit nucleic CESA đột biến. Được dự định là dòng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA có thể chứa đột biến chỉ trong một trong số nhiều isoenzym CESA. Do đó, sáng chế bao gồm cây trồng bao gồm một hoặc nhiều axit nucleic CESA đột biến ngoài một hoặc nhiều axit nucleic CESA kiểu dại.

Theo một phương án khác nữa, sáng chế đề cập đến hạt giống được tạo ra bằng cây chuyển gen bao gồm tế bào cây trồng theo sáng chế, trong đó hạt giống này nhân giống thuần làm tăng khả năng kháng đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA khi so với các loại hạt kiểu dại.

Theo các khía cạnh khác, cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế có thể được sử dụng dưới dạng các dòng cho tính trạng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA để phát triển, như bằng cách lai cây trồng truyền thống, để tạo ra câ trồng loài khác và/hoặc cây trồng lai chứa một hoặc nhiều tính trạng này. Tất cả các loài hoặc cây trồng lai thu được, chứa tính trạng hoặc các tính trạng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA tổ tiên có thể ở đây được gọi là thế hệ sau hoặc cây trồng thế hệ sau của (các) dòng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA tổ tiên.

Theo các phương án khác, sáng chế đề xuất phương pháp tạo ra cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA. Phương pháp này bao gồm: lai cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế với cây trồng thế hệ thứ hai để tạo ra cây trồng thế hệ sau dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA, trong đó cây trồng thế hệ thứ nhất và cây trồng thế hệ sau bao gồm ít nhất một số trong số các tế bào của chúng, một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây trồng, polynucleotit tái tổ hợp hữu hiệu trong các tế bào của cây trồng thế hệ thứ nhất trong việc biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo một số phương án, lai cây trồng truyền thống được sử dụng từ đó tính trạng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA được đưa vào trong cây thế hệ sau thu được từ đó. Theo một phương án, sáng chế đề xuất phương pháp tạo ra cây trồng thế hệ sau dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA, phương pháp này bao gồm: lai cây trồng ban đầu với cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA để đưa các đặc tính dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA của cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA vào chất mầm nguyên sinh của cây trồng thế hệ sau, trong đó cây trồng thế hệ sau này có khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA tăng so với cây trồng ban đầu. Theo các phương án khác, phương pháp này còn bao gồm bước thâm nhập các đặc tính dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA thông qua kỹ thuật lai cây trồng truyền thống để thu được cây trồng thế hệ sau có các đặc tính dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo các khía cạnh khác, cây trồng theo sáng chế bao gồm cây trồng mà, ngoài dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA, đã được đưa vào các cải biến di truyền khác bằng cách lai, các chất gây đột biến hoặc thiết kế di truyền, chẳng hạn mang lại tính dung nạp các áp dụng của nhóm thuốc diệt cỏ cụ thể khác, như chất ức chế AHAS; thuốc diệt cỏ auxinic; thuốc diệt cỏ tẩy màu như chất ức chế hydroxyphenylpyruvat dioxygenaza (HPPD) hoặc chất ức chế phytoen desaturaza (PDS); chất ức chế EPSPS như glyphosat; chất ức chế glutamin synthetaza (GS) như glufosinat; chất ức chế sinh tổng hợp lipit như chất ức chế axetyl CoA carboxylaza (ACCase); hoặc thuốc diệt cỏ oxynil {tức là bromoxynil hoặc ioxynil) do các phương pháp lai hoặc thiết kế di truyền thông thường, do đó, cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế có thể mang lại tính kháng đối với nhiều lớp thuốc diệt cỏ thông qua các cải biến di

truyền, như kháng đối với cả glyphosat và glufosinat hoặc cả glyphosat và thuốc diệt cỏ từ một nhóm khác như chất ức chế HPPD, chất ức chế AHAS, hoặc chất ức chế ACCase. Các công nghệ kháng thuốc diệt cỏ này, ví dụ, được mô tả trong Pest Management Science (trích dẫn theo số tập, năm, trang): 61, 2005, 246; 61, 2005, 258; 61, 2005, 277; 61, 2005, 269; 61, 2005, 286; 64, 2008, 326; 64, 2008, 332; Weed Science 57, 2009, 108; Australian Journal of Agricultural Research 58, 2007, 708; Science 316, 2007, 1185; và các tài liệu tham khảo được trích dẫn trong đó. Ví dụ, cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế, theo một số phương án, có thể dung nạp chất ức chế ACCase, như "dim" {chẳng hạn, xycloxydim, setoxydim, clethodim, hoặc tepraloxydim), "fop" {chẳng hạn, clodinafop, diclofop, fluazifop, haloxyfop, hoặc quizalofop), và "dens (như pinoxaden); thuốc diệt cỏ auxinic, như dicamba; chất ức chế EPSPS, như glyphosat; chất ức chế CESA khác; và chất ức chế GS, như glufosinat.

Ngoài các nhóm chất ức chế này, cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế cũng có thể dung nạp thuốc diệt cỏ có cách thức tác động khác, ví dụ, chất ức chế chất diệp lục/chất màu carotenoit, chất phá vỡ màng tế bào, các chất ức chế tổng hợp quang, chất ức chế phân chia tế bào, chất ức chế rễ, chất ức chế chồi, và tổ hợp của chúng.

Các tính trạng dung nạp này có thể được biểu hiện, chẳng hạn: dưới dạng protein HPPD đột biến hoặc kiểu dại, dưới dạng protein AHASL đột biến, protein ACCase đột biến, protein EPSPS đột biến, hoặc protein glutamin synthetaza đột biến; hoặc dưới dạng aryloxyalkanoat dioxygenaza (AAD hoặc DHT) đột biến tự nhiên, lai cùng dòng, hoặc chuyển gen, haloarylnitrilaza (BXN), dehalogenaza của axit 2,2-dicloropionic (DEH), glyphosat-N- axetyltransferaza (GAT), glyphosat decarboxylaza (GDC), glyphosat oxidoreductaza (GOX), glutathion-S-transferaza (GST), phosphinothrixin axetyltransferaza (PAT hoặc bar), hoặc protein CYP450s có hoạt tính làm biến chất thuốc diệt cỏ. các cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA của chúng còn có thể được kết hợp chồng chéo với các tính trạng khác bao gồm, nhưng không giới hạn ở, tính trạng diệt loài gây hại như Bt Cry và các protein khác có hoạt tính diệt loài gây hại đối với bọ cánh cứng, bọ cánh vẩy, giun tròn, hoặc các loài gây hại khác; các tính trạng dinh dưỡng hoặc các tính trạng hỗ trợ dinh dưỡng như tính trạng hàm lượng dầu hoặc profin dầu được cải biến, tính trạng nồng độ protein cao hoặc axit amin cao, và các loại tính trạng khác đã biết trong lĩnh vực này.

Ngoài ra, theo các phương án khác, cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA còn được đề xuất, bằng cách sử dụng kỹ thuật ADN tái tổ hợp và/hoặc bằng cách lai và/hoặc theo cách khác được chọn lọc các đặc tính như vậy, mang lại khả năng tổng hợp một hoặc nhiều protein diệt côn trùng, đặc biệt là các protein đã biết từ Bacillus giống vi khuẩn, cụ thể là từ Bacillus thuringiensis, như [delta]-endotoxin, chẳng hạn CrylA(b), CrylA(c), CrylF, CryIF(a2), CryllA(b), CryllIA, CryllIB(bl) hoặc Cry9c; protein diệt côn trùng thực vật (VIP), chẳng hạn VIP1, VIP2, VIP3 hoặc VIP3A; protein diệt côn trùng của giun tròn chiếm vi khuẩn, chẳng hạn Photorhabdus spp. hoặc Xenorhabdus spp.; độc tố do động vật tiết ra, như độc tố từ bọ cạp, độc tố từ nhện, độc tố từ ong, hoặc các độc tố thần kinh đặc hiệu côn trùng khác; độc tố do nấm tiết ra, như độc tố streptomycete; lectin thực vật, như lectin cây đậu hòa lan hoặc cây đại mạch; agglutinin; chất ức chế proteinaza, như chất ức chế trypsin, chất ức chế serin proteaza, chất ức chế patatin, xystatin hoặc papain; protein bất hoạt ribosom (RIP), như rixin, RIP cây ngô, abrin, luffin, saporin hoặc bryodin; enzym chuyển hóa steroit, như 3-hydroxy-steroit oxidaza, ecdysteroit-IDP-glycosyl-transferaza, cholesterol oxidaza, chất ức chế ecdyson hoặc HMG- CoA-reductaza; chất phong bế kênh ion, như chất phong bế kênh natri hoặc canxi; esteraza hormone chưa trưởng thành; thụ thể hormone lợi tiểu (thụ thể helicokinin); stilben syntaza, bibenzyl syntaza, chitinaza hoặc glucanaza. Trong ngữ cảnh của sáng chế, các protein diệt côn trùng hoặc độc tố này cần được hiểu là cũng được biểu hiện dưới dạng tiền độc tố, các protein lai, protein được cắt cụt hoặc được cải biến. Các protein lai được đặc trưng bởi tổ hợp mới của các miền protein, (xem, chẳng hạn WO 02/015701). Các ví dụ khác về độc tố này hoặc cây trồng được cải biến di truyền có khả năng tổng hợp các độc tố này được bộc lộ trong, chẳng hạn, EP-A 374 753, WO 93/007278, WO 95/34656, EP-A 427 529, EP-A 451 878, WO 03/18810 và WO 03/52073. Phương pháp để tạo ra cây trồng được cải biến di truyền này thường đã biết đối với người có kiến thức trung bình trong lĩnh vực này và được mô tả, chẳng hạn trong các công bố đơn sáng chế nêu trên. Các protein diệt côn trùng có cây trồng được cải biến di truyền này truyền cho cây trồng sản sinh các protein này khả năng dung nạp các loài gây hại từ tất cả các nhóm phân loại của động vật chân đốt, đặc biệt là bọ cánh cứng (Coeloptera), côn trùng hai cánh (Diptera), và sâu bướm (Lepidoptera) và giun tròn (Nematoda).

Theo một số phương án, sự biểu hiện của một hoặc nhiều độc tố protein (chẳng

hạn, protein diệt côn trùng) ở cây trồng có tính dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA là hữu hiệu để kiểm soát sinh vật bao gồm, ví dụ, các thành viên của lớp và chi: Bọ cánh cứng như mọt ăn hạt Mỹ *Acanthoscelides obtectus*; bọ cánh cứng hại lá *Agelastica alni*; bọ bổ củi (Agriotes lineatus, Agriotes obscurus, Agriotes bicolor); bọ cánh cứng hại hạt *Ahasverus advena*; bọ da mùa hè *Amphimallon solstitialis*; bọ cánh cứng hại đồ nội thất *Anobium punctatum*; *Anthonomus* spp. (weevils); bọ cánh cứng hại củ cải *Pygmy Atomaria linearis*; bọ cánh cứng hại thảm (*Anthrenus* spp., *Attagenus* spp.); mọt ăn hạt cây đậu đũa *Callosobruchus maculates*; bọ cánh cứng hại trái cây khô *Carpophilus hemipterus*; mọt ăn quả cây bắp cải *Ceutorhynchus assimilis*; mọt ăn thân cây nho mùa đông *Ceutorhynchus picitarsis*; sâu ăn lá *Conoderus* vespertinus và Conoderus falli; mọt ăn quả chuối *Cosmopolites sordidus*; ấu trùng cỏ New Zealand *Costelytra zealandica*; bọ cánh cứng tháng sáu *Cotinis nitida*; mọt ăn thân cây hướng dương *Cylindrocopturus adspersus*; mọt ăn gỗ *Dermestes lardarius*; sâu ăn rễ cây ngô *Diabrotica virgifera*, *Diabrotica virgifera virgifera*, và *Diabrotica barberi*; bọ cánh hứng hại hạt Mexicô *Epilachna varivestis*; sâu khoan gỗ mục *Hylotropes bajulus*; mọt ăn cỏ linh lăng *Hypera postica*; bọ nhện bóng *Gibbium psylloides*; bọ cánh cứng hại cây thuốc lá *Lasioderma serricorne*; họ cánh cứng hại cây khoai tây *Colorado Leptinotarsa decemlineata*; bọ cánh cứng hại lâm sản {*Lyctus* spp., bọ cánh cứng hại phấn hoa *Meligethes aeneus*; bọ da phổ biến *Melolontha melolontha*; bọ nhện Mỹ *Mezium americanum*; bọ nhện vàng *Niptus hololeuc* s; bọ cánh cứng hại hạt *Oryzaephilus surinamensis* và *Oryzaephilus Mercator*; mọt ăn hạt cây nho đen *Otiorhynchus sulcatus*; bọ cánh cứng hại cây mù tạt *Phaedon cochleariae*, bọ chét hại hoa cải *Phyllotreta cruciferae*; bọ chét vằn *Phyllotreta striolata*; bọ chét hại cây bắp cải *Psylliodes chrysocephala*; *Ptinus* spp. (bọ nhện); bọ khoan hạt nhỏ *Rhizopertha dominica*; mọt ăn hạt và đậu hòa lan *Sitona lineatus*; bọ cánh cứng hại cây lúa và hạt lúa *Sitophilus oryzae* và *Sitophilus granaries*; mọt ăn hạt cây hướng dương đỏ *Smicronyx fulvus*; bọ cánh cứng sống nhiều trong hiệu thuốc *Stegobium paniceum*; sâu bột màu vàng *Tenebrio molitor*, bọ cánh cứng hại bột mỳ *Tribolium castaneum* và *Tribolium confusum*; bọ cánh cứng sống trong kho và khoang {*Trogoderma* spp.); bọ cánh cứng hại cây hướng dương *Zygogramma exclamationis*; *Dermaptera* (sâu tai) như sâu tai châu Âu *Forficula auricularia* và sâu tai vằn *Labidura riparia*; Dictyoptera như gián phương Đông *Blatta orientalis*; động vật nhiều chân sống trong nhà kính *Oxidus gracilis*; ruồi hại cây cải

đường *Pegomyia betae*; ruồi hại trái cây *Oscinella frit*; ruồi ăn quả (*Dacus* spp., *Drosophila* spp.); mối (termites) bao gồm các loài thuộc họ Hodotermitidae, Kalotermitidae, Mastotermitidae, Rhinotermitidae, Serritermitidae, Termitidae, Termopsidae; bọ cây sẫm màu *Lygus lineolaris*; rệp hạt màu đen *Aphis fabae*; rệp hại cây bông hoặc cây dưa hấu *Aphis gossypii*; rệp hại cây táo xanh *Aphis pomi*; ruồi trắng gai hại cây cam *Aleurocanthus spiniferus*; ruồi trắng hại cây khoai lang *Bemesia tabaci*; rệp hại cây bắp cải *Brevicoryne brassicae*; bọ chét hại cây lê *Cacopsylla pyricola*; rệp hại cây phúc bồn *Cryptomyzus ribis*; rệp hại rễ cây nho *Daktulosphaira vitifoliae*; bọ chét hại cây cam *Diaphorina citri*; rầy xanh đuôi đen hại cây khoai tây *Empoasca fabae*; rầy xanh đuôi đen hại cây đậu *Empoasca Solana*; rầy xanh đuôi đen hại cây nho *Empoasca vitis*; rệp lông *Eriosoma lanigerum*; bọ cánh hại trái cây châu Âu *Eulecanium corni*; rệp bột hại cây mận *Hyalopterus arundinis*; rầy nâu nhỏ *Laodelphax striatellus*; rệp hại cây khoai tây *Macrosiphum euphorbiae*; rệp hại cây đào xanh *Myzus persicae*; rầy xanh đuôi đen hại cây lúa xanh *Nephotettix cinticeps*; rầy nâu *Nilaparvata lugens*; rệp cây hoa bia *Phorodon humuli*; rệp hại cây anh đào vàng *Rhopalosiphum padi*; rệp hại hạt *Sitobion avenae*; bọ cánh vẩy như *Adoxophyes orana* (sâu bướm cuốn lá hại trái cây mùa hè); *Archips podana* (sâu bướm cuốn lá hại cây ăn trái); *Bucculatrix pyrivorella* (sâu đục lá lê); *Bucculatrix thurberiella* (sâu đục lá cây bông); *Bupalus piniarius* (sâu đo cây thông); *Carpocapsa pomonella* (sâu róm); *Chilo suppressalis* (sâu khoan lúa vằn); *Choristoneura fumiferana* (sâu đục chồi gỗ sam miền đông); *Cochylis hospes* (sâu bướm vạch hại cây hướng dương); *Diatraea grandiosella* (sâu khoan cây ngô miền tây nam); *Eupoecilia ambiguella* (sâu bướm hại hạt nho châu Âu); *Helicoverpa armigera* (sâu cuốn lá bông); *Helicoverpa zea* (sâu cuốn lá bông); *Heliothis vires cens* (sâu đục chồi cây thuốc lá), *Homeosoma electellum* (sâu bướm hại cây hướng dương); *Homona magnanima* (sâu bướm cuốn lá hại cây chè phương đông); *Lithocolletis blancardella* (sâu đục lá dạng ngài có đốm); *Lymantria* dispar (sâu bướm gypsy); *Malacosoma neustria* (sâu bướm lông dài); *Mamestra brassicae* (sâu cắn gié hại cây bắp cải); *Mamestra configurata* (sâu cắn gié dài); *Operophtera brumata* (sâu bướm mùa đông); *Ostrinia nubilalis* (sâu khoan cây ngô châu Âu), *Panolis flammea* (mọt thông), *Phyllocnistis citrella* (sâu đục lá cây cam); *Pieris brassicae* (bướm trắng hại cây bắp cải); *Rachiplusia ni* (sâu đo hại cây đậu tương); *Spodoptera exigua* (sâu cắn gié hại cây củ cải đường); *Spodoptera littoralis* (sâu ăn lá bông); *Sylepta derogata* (sâu cuốn lá hại

cây bông); *Trichoplusia ni* (sâu đo hại cây bắp cải); hoặc thoptera như dế phổ thông *Acheta domesticus*, châu chấu cây (*Anacridium* spp.), châu chấu di trú *locusta migratoria*, cào cào hai vạch *Melanoplus bivittatus*, cào cào hai màu *Melanoplus differ entialis*, cào cào chân đỏ *Melanoplus femurrubrum*, cào cào di trú *Melanoplus sanguinipes*, dế chũi miền bắc *Neocurtilla hexadectyla*, châu chấu đỏ *Nomadacris septemfasciata*, dế chũi cánh ngắn *Scapteriscus abbreviatus*, dế chũi miền nam *Scapteriscus borellii*, dế chũi màu vàng nâu *Scapteriscus vicinus*, và châu chấu sa mạc *Schistocerca gregaria*; Symphyla như động vật chân đốt sống trong vườn *Scutigerella immaculata*; Thysanoptera như bọ trĩ hại cây thuốc lá *Frankliniella fusca*, bọ trĩ hại hoa *Frankliniella intonsa*, bọ trĩ hại hoa miền tây *Frankliniella Occidentalism*, bọ trĩ hại chồi cây bông *Frankliniella schultzei*, bọ trĩ vằn sống trong nhà kính *Hercinothrips femoralis*, bọ trĩ hại cây đậu tương *Neohydatothrips variabilis*, bọ trĩ hại cây cam *Kelly Pezothrips kellyanus*, bọ trĩ hại cây lê *Scirtothrips perseae*, bọ trĩ hại cây dưa hấu *Thrips palmi*, và bọ trĩ hại cây hành *Thrips tabaci*; và các sinh vật tương tự, và các tổ hợp bao gồm một hoặc nhiều các sinh vật nêu trên.

Theo một số phương án, sự biểu hiện của một hoặc nhiều độc tố protein (chẳng hạn, protein diệt côn trùng) ở cây trồng có tính dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA là hữu hiệu để kiểm soát bọ chét, tức là các thành viên của bộ bọ chét của họ Chrysomelidae, tốt hơn là kháng *Phyllotreta* spp., như *Phyllotreta cruciferae* và/hoặc *Phyllotreta triolata*. Theo các phương án khác, sự biểu hiện của một hoặc nhiều độc tố protein (chẳng hạn, protein diệt côn trùng) trong cây trồng có tính dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA là hữu hiệu để kiểm soát mọt hại cây bắp cải, sâu cắn gié dài, bọ xít, hoặc sâu bướm đêm.

Ngoài ra, theo một phương án, cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA còn được đề xuất, chẳng hạn bằng cách sử dụng kỹ thuật ADN tái tổ hợp và/hoặc bằng cách lai và/hoặc được chọn lọc các tính trạng như vậy, mang lại khả năn tổng hợp một hoặc nhiều protein để làm tăng khả năng kháng hoặc dung nạp của các cây trồng này đối với thể sinh bệnh vi khuẩn, virut hoặc nấm. Phương pháp tạo ra các cây trồng được cải biến di truyền này thường đã biết đối với người có kiến thức trung bình trong lĩnh vực này.

Ngoài ra, theo một phương án khác nữa, cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA còn được đề xuất, chẳng hạn bằng cách sử dụng kỹ thuật ADN tái tổ hợp

và/hoặc bằng cách lai và/hoặc được chọn lọc các tính trạng như vậy, mang lại khả năng tổng hợp một hoặc nhiều protein để làm tăng sản lượng (chẳng hạn hàm lượng dầu), tính dung nạp hạn hán, độ mặn hoặc các yêu tố môi trường cản trở sinh trưởng khác hoặc dung nạp các loài gây hại và thể sinh bệnh nấm, vi khuẩn hoặc virut của các cây trồng này.

Ngoài ra, theo các phương án khác, cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA còn được đề xuất, chẳng hạn bằng cách sử dụng kỹ thuật ADN tái tổ hợp và/hoặc bằng cách lai và/hoặc được chọn lọc các tính trạng như vậy, được thay đổi để chứa lượng được cải biến của một hoặc nhiều chất hoặc chất mới, ví dụ, để cải thiện dinh dưỡng cho người hoặc động vật, chẳng hạn cây lấy dầu sản sinh axit béo omega-3 mạch dài hoặc axit béo omega-9 không no hỗ trợ sức khỏe (chẳng hạn Nexera(R) rape, Dow Agro Sciences, Canada).

Ngoài ra, theo một số phương án, cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA còn được đề xuất, chẳng hạn bằng cách sử dụng kỹ thuật ADN tái tổ hợp và/hoặc bằng cách lai và/hoặc được chọn lọc các tính trạng như vậy, được thay đổi để chứa lượng vitamin và/hoặc khoáng chất gia tăng, và/hoặc profin được cải thiện của hợp chất hỗ trợ dinh dưỡng.

Theo một phương án, cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế, so với cây trồng kiểu dại, bao gồm lượng gia tăng của, hoặc profin được cải thiện của, hợp chất được chọn từ nhóm bao gồm: glucosinolat (chẳng hạn, glucoraphanin (4-metylsulfinylbutyl-glucosinolat), sulforaphan, 3-indolylmetyl-glucosinolat(glucobrassixin), l -metoxy-3-indolylmetyl-glucosinolat (neoglucobrassixin)); phenolic (chẳng hạn, flavonoit (chẳng hạn, querxetin, kaempferol), dẫn xuất hydroxyxinnamoyl (chẳng hạn, 1,2,2'- trisinapoylgentiobioza, 1,2-diferuloylgentiobioza, l,2'-disinapoyl-2-feruloylgentiobioza, 3-0- caffeoyl-quinic (axit neoclogenic)); và vitamin và khoáng chất (chẳng hạn, vitamin C, vitamin E, caroten, axit folic, niaxin, riboflavin, thiamin, canxi, sắt, magie, kali, selen, và kẽm).

Theo một phương án khác nữa, cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế, so với cây trồng kiểu dại, bao gồm lượng gia tăng, hoặc profin được cải thiện của, hợp chất được chọn từ nhóm bao gồm: progoitrin; isothioxyanat; indol (các sản phẩm của quá trình thủy phân glucosinolat); glutathion; carotenoit như beta-caroten,

lycopen, và xanthophyll carotenoit như lutein và zeaxanthin; phenolic bao gồm flavonoit như flavonol (chẳng hạn quercetin, rutin), flavan/tannin (như proxyanidin bao gồm coumarin, proanthoxyanidin, catechin, và anthoxyanin); flavon; phytoestrogen như coumestan, lignan, resveratrol, isoflavon chẳng hạn genistein, daidzein, và glyxitein; lacton của axit resorxyclic; hoặc hợp chất gano lưu huỳnh; phytosterol; terpenoit như carnosol, axit rosmarinic, glyxyrrhizin và saponin; chất diệp lục; clophyllin, đường, anthoxyanin, và vani.

Theo các phương án khác, cây trồng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế, so với cây trồng kiểu dại, bao gồm lượng gia tăng của, hoặc profin được cải thiện của, hợp chất được chọn từ nhóm bao gồm: vincristin, vinblastin, taxan (chẳng hạn, taxol (paclitaxel), baccatin III, 10-desaxetylbaccatin III, 10-desaxetyl taxol, xylosyl taxol, 7- epitaxol, 7-epibaccatin III, 10-desaxetylxephalomannin, 7-epixephalomannin, taxotere, xephalomannin, xylosyl xephalomannin, taxagifin, 8-benxoyloxy taxagifin, 9-axetyloxy taxusin, 9-hydroxy taxusin, taiwanxam, taxan la, taxan lb, taxan Ic, taxan Id, GMP paclitaxel, 9-dihydro 13-axetylbaccatin III, 10-desaxetyl-7-epitaxol, tetrahydrocannabinol (THC), cannabidiol (CBD), genistein, diadzein, codein, morphin, quinin, shikonin, ajmalaxin, serpentin, và các chất tương tự.

Theo các khía cạnh khác, sáng chế đề xuất phương pháp xử lý cây trồng theo sáng chế.

Theo một số phương án, phương pháp này bao gồm bước cho cây trồng tiếp xúc với chế phẩm nông dụng. Theo một phương án, chế phẩm nông dụng bao gồm thuốc diệt cỏ ức chế CESA A. I, như azin như được mô tả ở đây.

Theo một khía cạnh khác nữa, sáng chế đề xuất phương pháp tạo ra hạt giống đời sau. Phương pháp này bao gồm bước trồng hạt giống của cây trồng hoặc có khả năng mọc thành cây trồng theo sáng chế. Theo một phương án, phương pháp này còn bao gồm bước cho cây trồng thế hệ sau sinh trưởng từ hạt giống; và thu hoạch hạt giống đời sau từ cây trồng thế hệ sau. Theo các phương án khác, phương pháp này còn bao gồm bước áp dụng chế phẩm diệt cỏ chứa thuốc diệt cỏ ức chế CESA vào cây trồng thế hệ sau.

Theo một phương án khác nữa, sáng chế đề cập đến các bộ phận thu hoạch được của cây trồng theo sáng chế. Tốt hơn là, các bộ phận thu hoạch được bao gồm axit

nucleic CESA hoặc protein CESA theo sáng chế. Các bộ phận thu hoạch được có thể là hạt giống, rễ, lá và/hoặc hoa chứa axit nucleic CESA hoặc protein CESA hoặc các phần của chúng. Các bộ phận được ưu tiên của cây đậu tương là hạt đậu tương chứa axit nucleic CESA hoặc protein CESA.

Theo một phương án khác nữa, sáng chế đề cập đến các sản phẩm thu được từ cây trồng theo sáng chế, các bộ phận của nó hoặc các bộ phận có thể thu hoạch được từ đó. Sản phẩm từ thực vật được ưu tiên là cỏ khô, bột xay từ hạt, dầu, hoặc các hạt giống được bao để xử lý hạt giống. Tốt hơn là, bột xay và/hoặc dầu bao gồm axit nucleic CESA hoặc các protein CESA.

Theo một phương án khác nữa, sáng chế đề cập đến phương pháp sản xuất sản phẩm, phương pháp này bao gồm các bước bao gồm

a) trồng cây theo sáng chế hoặc có thể thu được bằng các phương pháp theo sáng chế và

b) sản xuất sản phẩm nêu trên từ hoặc bằng cây trồng theo sáng chế và/hoặc các bộ phận của cây trồng, chẳng hạn hạt giống, của các cây trồng này.

Theo một phương án khác, phương pháp này bao gồm các bước

a) trồng cây theo sáng chế,

b) loại bỏ các bộ phận của cây trồng có thể thu hoạch như được nêu trên ra khỏi các cây trồng và

c) sản xuất sản phẩm nêu trên từ hoặc bằng các bộ phận của cây có thể thu hoạch theo sáng chế.

Sản phẩm này có thể được tạo ra ở nơi mà ở đó cây trồng đã phát triển, các cây trồng và/hoặc các bộ phận của cây có thể được loại bỏ khỏi vị trí nơi mà các cây trồng đã được phát triển để tạo ra sản phẩm. Thông thường, cây trồng được cho phát triển, các bộ phận có thể thu hoạch mong muốn được loại bỏ ra khỏi cây, nếu được trong các chu trình lặp lại, và sản phẩm được tạo ra từ các bộ phận có thể thu hoạch được của cây trồng. Bước trồng cây có thể được thực hiện chỉ duy nhất một lần vào mỗi lần tiến hành các phương pháp theo sáng chế, trong khi cho phép lặp lại các bước sản xuất sản phẩm chẳng hạn bằng cách loại bỏ lặp lại các bộ phận có thể thu hoạch được của cây trồng theo sáng chế và nếu cần, xử lý tiếp các bộ phận này để thu được sản phẩm. Cũng có thể

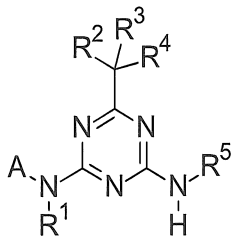
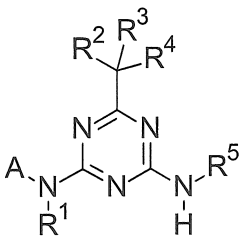
lặp lại bước trồng cây theo sáng chế và cây trồng hoặc các bộ phận của cây trồng có thể thu hoạch được bảo quản cho đến khi việc sản xuất sản phẩm sau đó được tiến hành một lần đối với các cây trồng hoặc các bộ phận của cây được tích lũy. Ngoài ra, các bước trồng cây và sản xuất sản phẩm này có thể được thực hiện trong thời gian trùng nhau, thậm chí đồng thời với mức độ rộng hoặc liên tiếp. Nhìn chung, các cây trồng phát triển một thời gian trước khi sản phẩm được tạo ra.

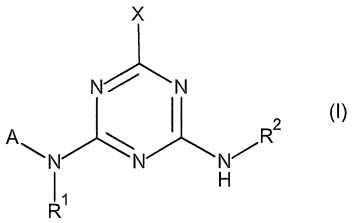
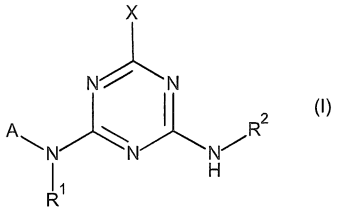
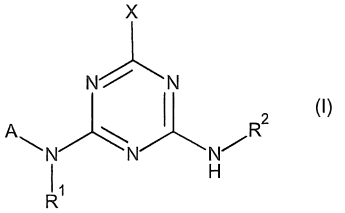
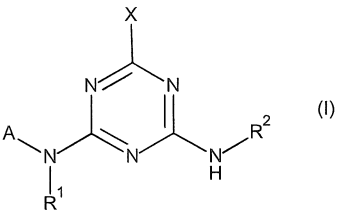
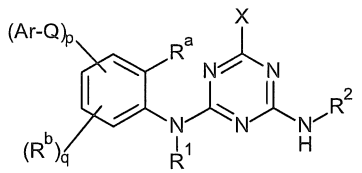
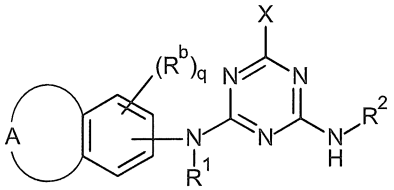
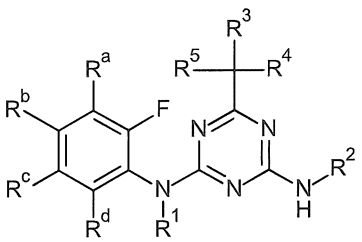
Theo một phương án, các sản phẩm được tạo ra theo các phương pháp nêu trên theo sáng chế là các sản phẩm từ thực vật như, nhưng không giới hạn ở, thực phẩm, thức ăn gia súc, chất bổ sung thức ăn, chất bổ sung thực phẩm, sợi, mỹ phẩm và/hoặc dược phẩm. Thực phẩm được xem là các chế phẩm được sử dụng cho chất dinh dưỡng và/hoặc bổ sung chất dinh dưỡng. Thức ăn cho động vật và chất bổ sung thức ăn cho động vật, cụ thể, được coi là thực phẩm.

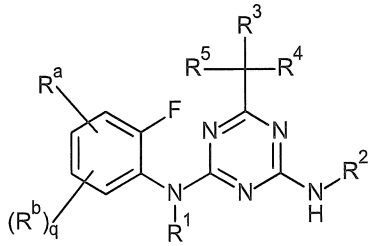
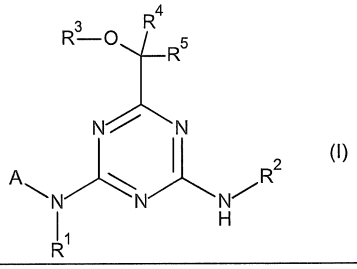
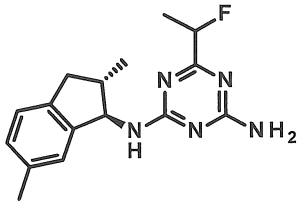
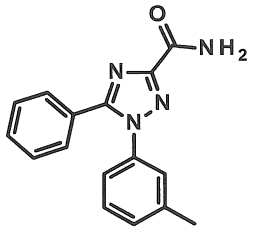
Theo một phương án khác nữa, các phương pháp sản xuất theo sáng chế được sử dụng để tạo ra các sản phẩm nông nghiệp như, nhưng không giới hạn ở, các chất chiết từ cây trồng, các protein, các axit amin, các hydrat cacbon, các chất béo, dầu, các polyme, các vitamin, và các chất tương tự.

Có thể là sản phẩm từ thực vật bao gồm một hoặc nhiều sản phẩm nông nghiệp với quy mô rộng.

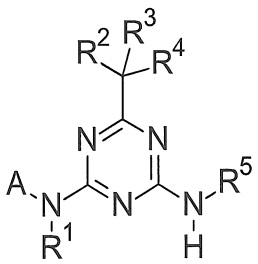
Bảng 3

Số	Công thức cấu trúc	Số công bố hoặc số đơn/Số hồ sơ
1	 I,	WO 2014/064094 PF74283
2	 (I),	WO 2015/007711 PF75365

3	 (I)	PCT/EP2015/056711 PF76068
4	 (I)	EP 14163356,0 PF76069
5	 (I)	EP 14163742.1 PF76635
6	 (I)	EP 14163743,9 PF76636
7		EP 14165565.4 PF76857
8		EP 14165624,9 PF76888
9		EP 14164431,0 PF76890

10		EP 14164434.4 PF76930
11	 (I)	EP 14164433,6 PF77027
12		Indaziflam
13		Triazofenamid

Các ví dụ về thuốc diệt cỏ ức chế CESA được ưu tiên từ nhóm các azin mà có thể được sử dụng theo sáng chế là các hợp chất có công thức (I), được người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực biết đến là các azin.

 I,

trong đó:

A là phenyl, được thế bằng từ hai đến năm phần tử thế được chọn từ nhóm bao

gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-haloalkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-haloalkynyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

R^1: H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl hoặc phenylsulfonyl,

trong đó phenyl không được thế hoặc được thế bằng từ một đến năm phần tử thế được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl và C_1-C_6-alkoxy;

R^2: H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, OH, C_1-C_6-alkoxy hoặc C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl;

R^3: H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy;

R^4: H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-haloalkyl; hoặc

R^3 và R^4: cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra gốc được chọn từ nhóm bao gồm cacbonyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh,

trong đó C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, hoặc heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh không được thế hoặc được thế bằng từ một đến ba phần tử thế được chọn từ halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy; và

R^5: H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl hoặc phenylsulfonyl,

trong đó phenyl không được thế hoặc được thế bằng từ một đến năm phần tử thế được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl và C_1-C_6-alkoxy;

bao gồm các muối hoặc N-oxit nông dụng của chúng.

Tốt hơn là, sáng chế đề xuất các azin có công thức (I), trong đó:

A là 2-flo-phenyl, được thế bằng từ một đến bốn phần tử thế được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl và (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

R^1: H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl hoặc phenylsulfonyl,

trong đó phenyl không được thế hoặc được thế bằng từ một đến năm phần tử thế được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl và C_1-C_6-alkoxy;

R^2: H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, OH, C_1-C_6-alkoxy hoặc C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl;

R^3: H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy;

R^4: H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-haloalkyl; hoặc

R^3 và R^4: cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra gốc được chọn từ nhóm bao gồm cacbonyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh,

trong đó C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl hoặc và heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh không được thế hoặc được thế bằng từ một đến ba phần tử thế được chọn từ halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy; và

R^5: H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl hoặc phenylsulfonyl,

trong đó phenyl không được thế hoặc được thế bằng từ một đến năm phần tử thế được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl và C_1-C_6-alkoxy;

bao gồm các muối hoặc N-oxit nông dụng của chúng.

Hữu ích đối với sáng chế là các chế phẩm hóa nông chứa ít nhất một azin có công

thức (I) và các chất phụ trợ thông thường để tạo ra các chất bảo vệ mùa màng.

Sáng chế còn đề xuất việc sử dụng các azin có công thức (I) làm thuốc diệt cỏ, tức là để khống chế cây trồng có hại.

Nếu các azin có công thức (I) được mô tả ở đây có khả năng tạo ra các chất đồng phân hình học, ví dụ các chất đồng phân E/Z, thì có thể sử dụng cả hai chất này, các chất đồng phân tinh khiết và hỗn hợp của nó, trong các chế phẩm theo sáng chế.

Nếu các azin có công thức (I) như được mô tả ở đây có một hoặc nhiều tâm không đối xứng và, do vậy, có mặt dưới dạng chất đồng phân đối ảnh hoặc chất đồng phân không đối quang, thì có thể sử dụng cả hai chất này, các chất đồng phân đối ảnh và các chất đồng phân không đối quang tinh khiết và các hỗn hợp của chúng, trong các chế phẩm theo sáng chế.

Nếu các azin có công thức (I) ZXZX như được mô tả ở đây có các nhóm chức có thể ion hóa, thì chúng cũng có thể được sử dụng ở dạng của các muối có thể nông dụng của chúng. Nhìn chung, thích hợp là, các muối của các cation này và các muối cộng axit của các axit mà các cation và các anion của chúng, một cách tương ứng, không có tác động bất lợi đến hoạt tính của các hợp chất hoạt tính.

Các cation được ưu tiên là các ion của các kim loại kiềm, tốt hơn là của lithi, natri và kali, của các kim loại kiềm thổ, tốt hơn là của canxi và magie, và của các kim loại chuyển tiếp, tốt hơn là của mangan, đồng, kẽm và sắt, amoni và amoni được thế khác trong đó một đến bốn nguyên tử hydro được thay thế bằng C_1-C_4-alkyl, hydroxy-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_4-alkoxy-C_1-C_4-alkyl, hydroxy-C_1-C_4-alkoxy-C_1-C_4-alkyl, phenyl hoặc benzyl, tốt hơn là amoni, metylamoni, isopropylamoni, dimetylamoni, diisopropylamoni, trimetylamoni, heptylamoni, dodexylamoni, tetradexylamoni, tetrametylamoni, tetraetylamoni, tetrabutylamoni, 2-hydroxyetylamoni (muối olamin), 2-(2-hydroxyet-1-oxy)et-1-ylamoni (muối diglycolamin), di(2-hydroxyet-1-yl)amoni (muối diolamin), tris(2-hydroxyetyl)amoni (muối trolamin), tris(2-hydroxypropyl)amoni, benzyltrimetylamoni, benzyltrietylamoni, N,N,N-trimetyletanolamoni (muối cholin), ngoài ra các ion phosphoni, các ion sulfoni, tốt hơn là tri(C_1-C_4-alkyl)sulfoni, như các ion trimetylsulfoni, và sulfoxoni, tốt hơn là tri(C_1-C_4-alkyl)sulfoxoni, và cuối cùng là các muối của các amin đa bazơ như N,N-bis-(3-aminopropyl)metylamin và dietylentriamin.

Các anion của các muối cộng axit hữu ích chủ yếu là các clorua, bromua, florua, iodua, hydrosulfat, metylsulfat, sulfat, dihydrophosphat, hydrophosphat, nitrat, bicarbonat, carbonat, hexaflosilicat, hexaflophosphat, benzoat và cả các anion của các axit C_1-C_4-alkanoic, tốt hơn là format, axetat, propionat và butyrat.

Các gốc hữu cơ được đề cập trong định nghĩa của các biến thể, chẳng hạn R^1 đến R^5, là - như thuật ngữ halogen - các thuật ngữ chung về từng chất liệt kê ra của từng thành phần của nhóm. Thuật ngữ halogen, trong mỗi trường hợp, dùng để chỉ flo, clo, brom hoặc iot. Tất cả các mạch hydrocacbon, tức là tất cả các mạch alkyl, haloalkyl, alkenyl, alkynyl, alkoxy, alkylthio, alkylsulfinyl, alkylsulfonyl, (alkyl)amino, di(alkyl)amino có thể là mạch thẳng hoặc mạch nhánh, tiền tố C_n-C_m trong mỗi trường hợp biểu thị số nguyên tử cacbon có thể có trong nhòm này.

Các ví dụ về các nhóm này là:

- C_1-C_4-alkyl: ví dụ CH_3, C_2H_5, n-propyl, $CH(CH_3)_2$, n-butyl, $CH(CH_3)$–C_2H_5, CH_2–$CH(CH_3)_2$ và $C(CH_3)_3$;

- C_1-C_6-alkyl và cả các gốc C_1-C_6-alkyl của (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, C_1-C_6-alkyoxy-C_1-C_6-alkyl: C_1-C_4-alkyl như nêu trên, và ngoài ra còn kể đến, ví dụ, n-pentyl, 1-metylbutyl, 2-metylbutyl, 3-metylbutyl, 2,2-dimetylpropyl, 1-etylpropyl, n-hexyl, 1,1-dimetylpropyl, 1,2-dimetylpropyl, 1-metylpentyl, 2-metylpentyl, 3-metylpentyl, 4-metylpentyl, 1,1-dimetylbutyl, 1,2-dimetylbutyl, 1,3-dimetylbutyl, 2,2-dimetylbutyl, 2,3-dimetylbutyl, 3,3-dimetylbutyl, 1-etylbutyl, 2-etylbutyl, 1,1,2-trimetylpropyl, 1,2,2-trimetylpropyl, 1-etyl-1-metylpropyl hoặc 1-etyl-2-metylpropyl, tốt hơn là metyl, etyl, n–propyl, 1–metyletyl, n–butyl, 1,1–dimetyletyl, n–pentyl hoặc n–hexyl;

- C_1-C_4-haloalkyl: gốc C_1-C_4-alkyl như nêu trên mà được thế một phần hoặc hoàn toàn bằng flo, clo, brom và/hoặc iot, ví dụ, clometyl, diclometyl, triclometyl, flometyl, diflometyl, triflometyl, cloflometyl, dicloflometyl, clodiflometyl, bromometyl, iodometyl, 2-floetyl, 2-cloetyl, 2-bromoetyl, 2-iodoetyl, 2,2-difloetyl, 2,2,2-trifloetyl, 2-clo-2-floetyl, 2-clo-2,2-difloetyl, 2,2-diclo-2-floetyl, 2,2,2-tricloetyl, pentafloetyl, 2-flopropyl, 3-flopropyl, 2,2-diflopropyl, 2,3-diflopropyl, 2-clopropyl, 3-clopropyl, 2,3-diclopropyl, 2-bromopropyl, 3-bromopropyl, 3,3,3-triflopropyl, 3,3,3-triclopropyl, 2,2,3,3,3-pentaflopropyl, heptaflopropyl, 1-(flometyl)-2-floetyl, 1-(clometyl)-2-cloetyl, 1-(bromometyl)-2-bromoetyl, 4-flobutyl, 4-clobutyl, 4-bromobutyl, nonaflobutyl,

1,1,2,2,-tetrafloetyl và 1-triflometyl-1,2,2,2-tetrafloetyl;

- C_1-C_6-haloalkyl: C_1-C_4-haloalkyl như nêu trên, và ngoài ra còn kể đến, ví dụ, 5-flopentyl, 5-clopentyl, 5-bromopentyl, 5-iodopentyl, undecaflopentyl, 6-flohexyl, 6-clohexyl, 6-bromohexyl, 6-iodohexyl và dodecaflohexyl;

- C_3-C_6-xycloalkyl: các hydrocarbon no, một vòng có từ 3 đến 6 cạnh trong vòng, như xyclopropyl, xyclobutyl, xyclopentyl và xyclohexyl;

- C_2-C_6-alkenyl: ví dụ etenyl, 1-propenyl, 2-propenyl, 1-metyletenyl, 1-butenyl, 2-butenyl, 3-butenyl, 1-metyl-1-propenyl, 2-metyl-1-propenyl, 1-metyl-2-propenyl, 2-metyl-2-propenyl, 1-pentenyl, 2-pentenyl, 3-pentenyl, 4-pentenyl, 1-metyl-1-butenyl, 2-metyl-1-butenyl, 3-metyl-1-butenyl, 1-metyl-2-butenyl, 2-metyl-2-butenyl, 3-metyl-2-butenyl, 1-metyl-3-butenyl, 2-metyl-3-butenyl, 3-metyl-3-butenyl, 1,1-dimetyl-2-propenyl, 1,2-dimetyl-1-propenyl, 1,2-dimetyl-2-propenyl, 1-etyl-1-propenyl, 1-etyl-2-propenyl, 1-hexenyl, 2-hexenyl, 3-hexenyl, 4-hexenyl, 5-hexenyl, 1-metyl-1-pentenyl, 2-metyl-1-pentenyl, 3-metyl-1-pentenyl, 4-metyl-1-pentenyl, 1-metyl-2-pentenyl, 2-metyl-2-pentenyl, 3-metyl-2-pentenyl, 4-metyl-2-pentenyl, 1-metyl-3-pentenyl, 2-metyl-3-pentenyl, 3-metyl-3-pentenyl, 4-metyl-3-pentenyl, 1-metyl-4-pentenyl, 2-metyl-4-pentenyl, 3-metyl-4-pentenyl, 4-metyl-4-pentenyl, 1,1-dimetyl-2-butenyl, 1,1-dimetyl-3-butenyl, 1,2-dimetyl-1-butenyl, 1,2-dimetyl-2-butenyl, 1,2-dimetyl-3-butenyl, 1,3-dimetyl-1-butenyl, 1,3-dimetyl-2-butenyl, 1,3-dimetyl-3-butenyl, 2,2-dimetyl-3-butenyl, 2,3-dimetyl-1-butenyl, 2,3-dimetyl-2-butenyl, 2,3-dimetyl-3-butenyl, 3,3-dimetyl-1-butenyl, 3,3-dimetyl-2-butenyl, 1-etyl-1-butenyl, 1-etyl-2-butenyl, 1-etyl-3-butenyl, 2-etyl-1-butenyl, 2-etyl-2-butenyl, 2-etyl-3-butenyl, 1,1,2-trimetyl-2-propenyl, 1-etyl-1-metyl-2-propenyl, 1-etyl-2-metyl-1-propenyl và 1-etyl-2-metyl-2-propenyl;

- C_3-C_6-xycloalkenyl: 1-xyclopropenyl, 2-xyclopropenyl, 1-xyclobutenyl, 2-xyclobutenyl, 1-xyclopentenyl, 2-xyclopentenyl, 1,3-xyclopentadienyl, 1,4-xyclopentadienyl, 2,4-xyclopentadienyl, 1-xyclohexenyl, 2-xyclohexenyl, 3-xyclohexenyl, 1,3-xyclohexadienyl, 1,4-xyclohexadienyl, 2,5-xyclohexadienyl;

- C_3-C_6-alkynyl: ví dụ 1-propynyl, 2-propynyl, 1-butynyl, 2-butynyl, 3-butynyl, 1-metyl-2-propynyl, 1-pentynyl, 2-pentynyl, 3-pentynyl, 4-pentynyl, 1-metyl-2-butynyl, 1-metyl-3-butynyl, 2-metyl-3-butynyl, 3-metyl-1-butynyl, 1,1-dimetyl-2-propynyl, 1-

etyl-2-propynyl, 1-hexynyl, 2-hexynyl, 3-hexynyl, 4-hexynyl, 5-hexynyl, 1-metyl-2-pentynyl, 1-metyl-3-pentynyl, 1-metyl-4-pentynyl, 2-metyl-3-pentynyl, 2-metyl-4-pentynyl, 3-metyl-1-pentynyl, 3-metyl-4-pentynyl, 4-metyl-1-pentynyl, 4-metyl-2-pentynyl, 1,1-dimetyl-2-butynyl, 1,1-dimetyl-3-butynyl, 1,2-dimetyl-3-butynyl, 2,2-dimetyl-3-butynyl, 3,3-dimetyl-1-butynyl, 1-etyl-2-butynyl, 1-etyl-3-butynyl, 2-etyl-3-butynyl và 1-etyl-1-metyl-2-propynyl;

- C_1-C_4-alkoxy: ví dụ metoxy, etoxy, propoxy, 1-metyletoxy butoxy, 1-metylpropoxy, 2-metylpropoxy và 1,1-dimetyletoxy;

- C_1-C_6-alkoxy và cả các gốc C_1-C_6-alkoxy của (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl: C_1-C_4-alkoxy như nêu trên, và ngoài ra còn kể đến, ví dụ, pentoxy, 1-metylbutoxy, 2-metylbutoxy, 3-metoxylbutoxy, 1,1-dimetylpropoxy, 1,2-dimetylpropoxy, 2,2-dimetylpropoxy, 1-etylpropoxy, hexoxy, 1-metylpentoxy, 2-metylpentoxy, 3-metylpentoxy, 4-metylpentoxy, 1,1-dimetylbutoxy, 1,2-dimetylbutoxy, 1,3-dimetylbutoxy, 2,2-dimetylbutoxy, 2,3-dimetylbutoxy, 3,3-dimetylbutoxy, 1-etylbutoxy, 2-etylbutoxy, 1,1,2-trimetylpropoxy, 1,2,2-trimetylpropoxy, 1-etyl-1-metylpropoxy và 1-etyl-2-metylpropoxy.

- C_1-C_4-alkylthio: ví dụ metylthio, etylthio, propylthio, 1-metyletylthio, butylthio, 1-metylpropylthio, 2-metylpropylthio và 1,1-dimetyletylthio;

- C_1-C_6-alkylthio: C_1-C_4-alkylthio như nêu trên, và ngoài ra còn kể đến, ví dụ, pentylthio, 1-metylbutylthio, 2-metylbutylthio, 3-metylbutylthio, 2,2-dimetyl-propylthio, 1-etylpropylthio, hexylthio, 1,1-dimetylpropylthio, 1,2-dimetylpropylthio, 1-metylpentylthio, 2-metylpentylthio, 3-metylpentylthio, 4-metylpentylthio, 1,1-dimetylbutylthio, 1,2-dimetylbutylthio, 1,3-dimetylbutylthio, 2,2-dimetylbutylthio, 2,3-dimetylbutylthio, 3,3-dimetylbutylthio, 1-etylbutylthio, 2-etylbutylthio, 1,1,2-trimetylpropylthio, 1,2,2-trimetylpropylthio, 1-etyl-1-metylpropylthio và 1-etyl-2-metylpropylthio;

- C_1-C_6-alkylsulfinyl (C_1-C_6-alkyl-S(=O)-): z.B. metylsulfinyl, etylsulfinyl, propylsulfinyl, 1-metyletylsulfinyl, butylsulfinyl, 1-metylpropylsulfinyl, 2-metylpropylsulfinyl, 1,1-dimetyletylsulfinyl, pentylsulfinyl, 1-metylbutylsulfinyl, 2-metylbutylsulfinyl, 3-metylbutylsulfinyl, 2,2-dimetylpropylsulfinyl, 1-etylpropylsulfinyl, 1,1-dimetylpropylsulfinyl, 1,2-dimetylpropylsulfinyl, hexylsulfinyl,

1-metylpentylsulfinyl, 2-metylpentylsulfinyl, 3-metylpentylsulfinyl, 4-metylpentyl-sulfinyl, 1,1-dimetylbutylsulfinyl, 1,2-dimetylbutylsulfinyl, 1,3-dimetylbutyl-sulfinyl, 2,2-dimetylbutylsulfinyl, 2,3-dimetylbutylsulfinyl, 3,3-dimetylbutyl-sulfinyl, 1-etylbutylsulfinyl, 2-etylbutylsulfinyl, 1,1,2-trimetylpropylsulfinyl, 1,2,2-trimetylpropylsulfinyl, 1-etyl-1-metylpropylsulfinyl và 1-etyl-2-metylpropylsulfinyl;

- C_1-C_6-alkylsulfonyl (C_1-C_6-alkyl-$S(O)_2$-): ví dụ metylsulfonyl, etylsulfonyl, propylsulfonyl, 1-metyletylsulfonyl, butylsulfonyl, 1-metylpropylsulfonyl, 2-metyl-propylsulfonyl, 1,1-dimetyletylsulfonyl, pentylsulfonyl, 1-metylbutylsulfonyl, 2-metylbutylsulfonyl, 3-metylbutylsulfonyl, 1,1-dimetylpropylsulfonyl, 1,2-di-metylpropylsulfonyl, 2,2-dimetylpropylsulfonyl, 1-etylpropylsulfonyl, hexylsulfonyl, 1-metylpentylsulfonyl, 2-metylpentylsulfonyl, 3-metylpentylsulfonyl, 4-metylpentylsulfonyl, 1,1-dimetylbutylsulfonyl, 1,2-dimetylbutylsulfonyl, 1,3-dimetylbutylsulfonyl, 2,2-dimetylbutylsulfonyl, 2,3-dimetylbutylsulfonyl, 3,3-dimetylbutylsulfonyl, 1-etylbutylsulfonyl, 2-etylbutylsulfonyl, 1,1,2-trimetyl-propylsulfonyl, 1,2,2-trimetylpropylsulfonyl, 1-etyl-1-metylpropylsulfonyl và 1-etyl-2-metylpropylsulfonyl;

- (C_1-C_4-alkyl)amino: ví dụ metylamino, etylamino, propylamino, 1-metyletyl-amino, butylamino, 1-metylpropylamino, 2-metylpropylamino hoặc 1,1-dimetyletylamino;

- (C_1-C_6-alkyl)amino: (C_1-C_4-alkylamino) như nêu trên, và ngoài ra còn kể đến, ví dụ, pentylamino, 1-metylbutylamino, 2-metylbutylamino, 3-metylbutylamino, 2,2-dimetylpropylamino, 1-etylpropylamino, hexylamino, 1,1-dimetylpropylamino, 1,2-dimetylpropylamino, 1-metylpentylamino, 2-metylpentylamino, 3-metylpentylamino, 4-metylpentylamino, 1,1-dimetylbutylamino, 1,2-dimetylbutylamino, 1,3-dimetylbutylamino, 2,2-dimetylbutylamino, 2,3-dimetylbutyl-amino 3,3-dimetylbutyl-amino, 1-etylbutylamino, 2-etylbutylamino, 1,1,2-trimetylpropylamino, 1,2,2-trimetyl-propylamino, 1-etyl-1-metylpropylamino hoặc 1-etyl-2-metylpropylamino;

- di(C_1-C_4-alkyl)amino: ví dụ N,N-dimetylamino, N,N-dietylamino, N,N-di(1-metyletyl)amino, N,N-dipropylamino, N,N-dibutylamino, N,N-di(1-metylpropyl)-amino, N,N-di(2-metylpropyl)amino, N,N-di(1,1-dimetyletyl)amino, N-etyl-N-metylamino, N-metyl-N-propylamino, N-metyl-N-(1-metyletyl)amino, N-butyl-N-

metylamino, N-metyl-N-(1-metylpropyl)amino, N-metyl-N-(2-metylpropyl)amino, N-(1,1-dimetyletyl)-N-metylamino, N-etyl-N-propylamino, N-etyl-N-(1-metyletyl)amino, N-butyl-N-etylamino, N-etyl-N-(1-metylpropyl)amino, N-etyl-N-(2-metylpropyl)amino, N-etyl-N-(1,1-dimetyletyl)amino, N-(1-metyletyl)-N-propyl-amino, N-butyl-N-propylamino, N-(1-metylpropyl)-N-propylamino, N-(2-metylpropyl)-N-propylamino, N-(1,1-dimetyletyl)-N-propylamino, N-butyl-N-(1-metyletyl)amino, N-(1-metyletyl)-N-(1-metylpropyl)amino, N-(1-metyletyl)-N-(2-metylpropyl)amino, N-(1,1-dimetyletyl)-N-(1-metyletyl)amino, N-butyl-N-(1-metylpropyl)amino, N-butyl-N-(2-metylpropyl)amino, N-butyl-N-(1,1-dimetyletyl)amino, N-(1-metylpropyl)-N-(2-metylpropyl)amino, N-(1,1-dimetyletyl)-N-(1-metylpropyl)amino hoặc N-(1,1-dimetyletyl)-N-(2-metylpropyl)amino;

- di(C_1-C_6-alkyl)amino: di(C_1-C_4-alkyl)amino như nêu trên, và ngoài ra còn kể đến, ví dụ, N-metyl-N-pentylamino, N-metyl-N-(1-metylbutyl)amino, N-metyl-N-(2-metylbutyl)amino, N-metyl-N-(3-metylbutyl)amino, N-metyl-N-(2,2-dimetylpropyl)amino, N-metyl-N-(1-etylpropyl)amino, N-metyl-N-hexylamino, N-metyl-N-(1,1-dimetylpropyl)amino, N-metyl-N-(1,2-dimetylpropyl)amino, N-metyl-N-(1-metylpentyl)amino, N-metyl-N-(2-metylpentyl)amino, N-metyl-N-(3-metylpentyl)amino, N-metyl-N-(4-metylpentyl)amino, N-metyl-N-(1,1-dimetylbutyl)amino, N-metyl-N-(1,2-dimetylbutyl)amino, N-metyl-N-(1,3-dimetylbutyl)amino, N-metyl-N-(2,2-dimetylbutyl)amino, N-metyl-N-(2,3-dimetylbutyl)amino, N-metyl-N-(3,3-dimetylbutyl)amino, N-metyl-N- (1-etylbutyl)amino, N-metyl-N-(2-etylbutyl)amino, N-metyl-N-(1,1,2-trimetylpropyl)amino, N-metyl-N- (1,2,2-trimetylpropyl)amino, N-metyl-N-(1-etyl-1-metylpropyl)amino, N-metyl-N- (1-etyl-2-metylpropyl)amino, N-etyl-N-pentylamino, N-etyl-N-(1-metylbutyl)amino, N-etyl-N-(2-metylbutyl)amino, N-etyl-N-(3-metylbutyl)amino, N-etyl-N-(2,2-dimetylpropyl)amino, N-etyl-N-(1-etylpropyl)amino, N-etyl-N-hexylamino, N-etyl-N-(1,1-dimetylpropyl)amino, N-etyl-N-(1,2-dimetylpropyl)amino, N-etyl-N-(1-metylpentyl)amino, N-etyl-N-(2-metylpentyl)-amino, N-etyl-N-(3-metylpentyl)amino, N-etyl-N-(4-metylpentyl)amino, N-etyl-N-(1,1-dimetylbutyl)amino, N-etyl-N-(1,2-dimetylbutyl)amino, N-etyl-N-(1,3-dimetylbutyl)amino, N-etyl-N-(2,2-dimetylbutyl)amino, N-etyl-N-(2,3-dimetylbutyl)amino, N-etyl-N-(3,3-dimetylbutyl)amino, N-etyl-N-(1-etylbutyl)amino,

N-etyl-N-(2-etylbutyl)amino, N-etyl-N-(1,1,2-trimetylpropyl)amino, N-etyl-N-(1,2,2-trimetylpropyl)amino, N-etyl-N-(1-etyl-1-metylpropyl)amino, N-etyl-N-(1-etyl-2-metylpropyl)amino, N-propyl-N-pentylamino, N-butyl-N-pentylamino, N,N-dipentyl-amino, N-propyl-N-hexylamino, N-butyl-N-hexylamino, N-pentyl-N-hexylamino hoặc N,N-dihexylamino;

- heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh: hydrocarbon một vòng, no hoặc không no một phần có từ ba đến sáu thành phần trong vòng như nêu trên mà, ngoài các nguyên tử cacbon, chứa một hoặc hai nguyên tử khác loại được chọn từ O, S và N;

ví dụ 2-oxiranyl, 2-oxetanyl, 3-oxetanyl, 2-aziridinyl, 3-thietanyl, 1-azetidinyl, 2-azetidinyl,

ví dụ 2-tetrahydrofuranyl, 3-tetrahydrofuranyl, 2-tetrahydrothienyl, 3-tetra-hydrothienyl, 2-pyrolidinyl, 3-pyrolidinyl, 3-isoxazolidinyl, 4-isoxazolidinyl, 5-isoxazolidinyl, 3-isothiazolidinyl, 4-isothiazolidinyl, 5-isothiazolidinyl, 3-pyrazo-lidinyl, 4-pyrazolidinyl, 5-pyrazolidinyl, 2-oxazolidinyl, 4-oxazolidinyl, 5-oxazolidinyl, 2-thiazolidinyl, 4-thiazolidinyl, 5-thiazolidinyl, 2-imidazolidinyl, 4-imidazolidinyl;

ví dụ 2,3-dihydrofur-2-yl, 2,3-dihydrofur-3-yl, 2,4-dihydrofur-2-yl, 2,4-dihydrofur-3-yl, 2,3-dihydrothien-2-yl, 2,3-dihydrothien-3-yl, 2,4-dihydrothien-2-yl, 2,4-dihydrothien-3-yl, 4,5-dihydropyrol-2-yl, 4,5-dihydropyrol-3-yl, 2,5-dihydropyrol-2-yl, 2,5-dihydropyrol-3-yl, 4,5-dihydroisoxazol-3-yl, 2,5-dihydroisoxazol-3-yl, 2,3-di-hydroisoxazol-3-yl, 4,5-dihydroisoxazol-4-yl, 2,5-dihydroisoxazol-4-yl, 2,3-dihydro-isoxazol-4-yl, 4,5-dihydroisoxazol-5-yl, 2,5-dihydroisoxazol-5-yl, 2,3-dihydro-isoxazol-5-yl, 4,5-dihydroisothiazol-3-yl, 2,5-dihydroisothiazol-3-yl, 2,3-dihydro-isothiazol-3-yl, 4,5-dihydroisothiazol-4-yl, 2,5-dihydroisothiazol-4-yl, 2,3-dihydro-isothiazol-4-yl, 4,5-dihydroisothiazol-5-yl, 2,5-dihydroisothiazol-5-yl, 2,3-dihydro-isothiazol-5-yl, 2,3-dihydropyrazol-2-yl, 2,3-dihydropyrazol-3-yl, 2,3-dihydropyrazol-4-yl, 2,3-dihydropyrazol-5-yl, 3,4-dihydropyrazol-3-yl, 3,4-dihydropyrazol-4-yl, 3,4-dihydropyrazol-5-yl, 4,5-dihydropyrazol-3-yl, 4,5-dihydropyrazol-4-yl, 4,5-dihydropyrazol-5-yl, 2,3-dihydroimidazol-2-yl, 2,3-dihydroimidazol-3-yl, 2,3-di-hydroimidazol-4-yl, 2,3-dihydroimidazol-5-yl, 4,5-dihydroimidazol-2-yl, 4,5-di-hydroimidazol-4-yl, 4,5-dihydroimidazol-5-yl, 2,5-dihydroimidazol-2-yl, 2,5-di-

hydroimidazol-4-yl, 2,5-dihydroimidazol-5-yl, 2,3-dihydrooxazol-3-yl, 2,3-dihydro-oxazol-4-yl, 2,3-dihydrooxazol-5-yl, 3,4-dihydrooxazol-3-yl, 3,4-dihydrooxazol-4-yl, 3,4-dihydrooxazol-5-yl, 2,3-dihydrothiazol-3-yl, 2,3-dihydrothiazol-4-yl, 2,3-dihydro-thiazol-5-yl, 3,4-dihydrothiazol-3-yl, 3,4-dihydrothiazol-4-yl, 3,4-dihydrothiazol-5-yl, 3,4-dihydrothiazol-2-yl, 3,4-dihydrothiazol-3-yl, 3,4-dihydrothiazol-4-yl;

ví dụ 2-piperidinyl, 3-piperidinyl, 4-piperidinyl, 1,3-dioxan-2-yl, 1,3-dioxan-4-yl, 1,3–dioxan–5–yl, 1,4-dioxan-2-yl, 1,3-dithian-2-yl, 1,3-dithian-4-yl, 1,4-dithian-2-yl, 1,3-dithian-5-yl, 2–tetrahydropyranyl, 3-tetrahydropyranyl, 4-tetrahydropyranyl, 2–tetrahydrothiopyranyl, 3-tetrahydrothiopyranyl, 4–tetrahydro-thiopyranyl, 3-hexahydropyridazinyl, 4-hexahydropyridazinyl, 2-hexahydropyrimidinyl, 4-hexahydropyrimidinyl, 5-hexahydropyrimidinyl, 2-piperazinyl, tetrahydro-1,3-oxazin-2-yl, tetrahydro-1,3-oxazin-6-yl, 2-morpholinyl, 3-morpholinyl;

ví dụ 2H-pyran-2-yl, 2H-pyran-3-yl, 2H-pyran-4-yl, 2H-pyran-5-yl, 2H-pyran-6-yl, 3,6-dihydro-2H-pyran-2-yl, 3,6-dihydro-2H-pyran-3-yl, 3,6-dihydro-2H-pyran-4-yl, 3,6-dihydro-2H-pyran-5-yl, 3,6-dihydro-2H-pyran-6-yl, 3,4-dihydro-2H-pyran-3-yl, 3,4-dihydro-2H-pyran-4-yl, 3,4-dihydro-2H-pyran-6-yl, 2H-thiopyran-2-yl, 2H-thiopyran-3-yl, 2H-thiopyran-4-yl, 2H-thiopyran-5-yl, 2H-thiopyran-6-yl, 5,6-dihydro-4H-1,3-oxazin-2-yl;

Các phương án được ưu tiên của sáng chế được đề cập trong bản mô tả dưới đây cần được hiểu là được ưu tiên hoặc độc lập với nhau hoặc kết hợp với nhau.

Theo phương án được ưu tiên của sáng chế, được ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó các biến thể, hoặc độc lập với nhau hoặc kết hợp với nhau, có các nghĩa sau:

Được ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

A là phenyl, được thế bằng từ hai đến năm phần tử thế được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên là phenyl, được thế bằng từ hai đến năm phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

ngoài ra được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN;

phenyl được đặc biệt ưu tiên, được thế bằng từ hai đến bốn phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

cũng được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được ưu tiên hơn được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN;

phenyl được ưu tiên hơn, được thế bằng từ hai phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

cũng được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được ưu tiên hơn được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN;

cũng được ưu tiên hơn là phenyl, được thế bằng từ ba phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

cũng được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được ưu tiên hơn được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN;

cũng được ưu tiên hơn là phenyl, được thế bằng từ bốn phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

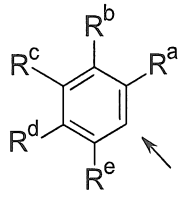
được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

cũng được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được ưu tiên hơn được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN.

Cũng được ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

A là



(A.1)

trong đó:

R^a và R^e độc lập với nhau là halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl; và

R^b, R^c và R^d độc lập với nhau là hydro, halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-

alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

R^a và R^e được đặc biệt ưu tiên độc lập với nhau là halogen, CN, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy; và

R^b, R^c và R^d độc lập với nhau là hydro, halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy;

R^a và R^e được đặc biệt ưu tiên độc lập với nhau là halogen hoặc CN; và

R^b, R^c và R^d độc lập với nhau là hydro, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy;

R^a và R^e được ưu tiên hơn là halogen; và

R^b, R^c và R^d độc lập với nhau là hydro, halogen hoặc CN;

R^a và R^e được ưu tiên nhất là halogen; và

R^b, R^c và R^d là hydro;

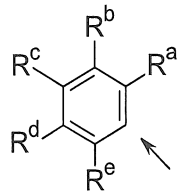
cũng được ưu tiên nhất nếu R^a, R^b, R^d và R^e là halogen; và

R^c là hydro;

cũng được ưu tiên nhất nếu R^a, R^b, R^c, R^d và R^e là halogen.

Cũng được ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

A là



(A.1)

trong đó: R^A là halogen hoặc CN;

R^b và R^d là H, halogen hoặc CN;

R^c là H hoặc halogen;

R^e là halogen, CN hoặc C_1-C_6-alkyl;

được đặc biệt ưu tiên nếu R^A là halogen;

R^b, R^c và R^d là H hoặc halogen; và

R^e là halogen hoặc CN;

được đặc biệt ưu tiên nếu R^a, R^b, R^d và R^e là halogen; và

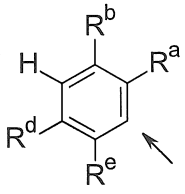
R^c là H hoặc halogen;

được ưu tiên hơn nếu R^a, R^b, R^d và R^e là F; và

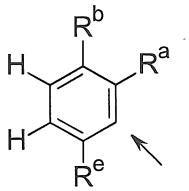
R^c là H hoặc F.

Được đặc biệt ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó A được chọn từ nhóm bao gồm (A.1.1), (A.1.2) và (A.1.3);

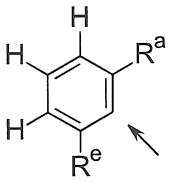
được ưu tiên hơn được chọn từ nhóm bao gồm (A.1.2) và (A.1.3);



(A.1.1)



(A.1.2)



(A.1.3)

trong đó:

R^a và R^e độc lập với nhau là halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl; và

R^b và R^d độc lập với nhau là halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên nếu R^a và R^e độc lập với nhau là halogen, CN, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy; và

R^b và R^d độc lập với nhau là halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên nếu R^a và R^e độc lập với nhau là halogen hoặc CN; và

R^b và R^d độc lập với nhau là halogen, CN, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy;

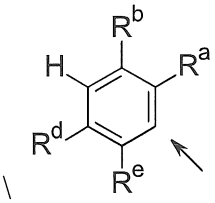
được ưu tiên hơn nếu R^a và R^e là halogen; và

R^b và R^d độc lập với nhau là halogen hoặc CN;

được ưu tiên nhất nếu R^a, R^b, R^d và R^e là halogen.

Cũng được đặc biệt ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

A là:

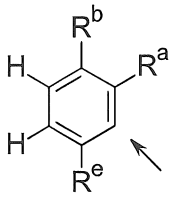


(A.1.1)

trong đó R^a, R^b, R^d và R^e có các nghĩa, cụ thể là các nghĩa được ưu tiên, như được xác định ở trên.

Cũng được đặc biệt ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

A là:

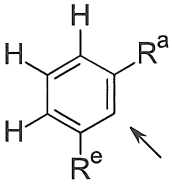


(A.1.2)

trong đó R^a, R^b và R^e có các nghĩa, cụ thể là các nghĩa được ưu tiên, như được xác định ở trên.

Cũng được đặc biệt ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

A là:



(A.1.3)

trong đó R^a và R^e có các nghĩa, cụ thể là các nghĩa được ưu tiên, như được xác định ở trên.

Cũng được ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

A là 2-flo-phenyl, được thế bằng từ một đến bốn phần tử thế được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl và (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

2-flo-phenyl được đặc biệt ưu tiên, được thế bằng từ một đến bốn phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

ngoài ra được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN;

2-flo-phenyl được đặc biệt ưu tiên, được thế bằng từ một đến ba phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl và (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

cũng được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được ưu tiên hơn được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN;

được ưu tiên hơn 2-flo-phenyl, được thế bằng từ một phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl và (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

cũng được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được ưu tiên hơn được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN;

cũng được ưu tiên hơn là 2-flo-phenyl, được thế bằng từ hai phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl và (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

cũng được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được ưu tiên hơn được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN;

cũng được ưu tiên hơn là 2-flo-phenyl, được thế bằng từ ba phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl và (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

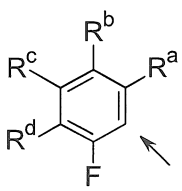
được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

cũng được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được ưu tiên hơn được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN.

Cũng được ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

A là:



(A.1a)

trong đó:

R^A là halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl; và

R^b, R^c và R^d độc lập với nhau là hydro, halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên nếu R^A là halogen, CN, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy; và

R^b, R^c và R^d độc lập với nhau là hydro, halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên nếu R^A là halogen hoặc CN; và

R^b, R^c và R^d độc lập với nhau là hydro, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy;

được ưu tiên hơn nếu R^A là halogen; và

R^b, R^c và R^d độc lập với nhau là hydro, halogen hoặc CN;

được ưu tiên nhất nếu R^A là halogen; và

R^b, R^c và R^d là hydro;

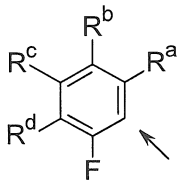
cũng được ưu tiên nhất nếu R^a, R^b và R^d là halogen; và

R^c là hydro;

cũng được ưu tiên nhất nếu R^a, R^b, R^c và R^d là halogen.

Cũng được ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

A là:



(A.1a)

trong đó R^A là halogen, CN hoặc C_1-C_6-alkyl;

R^b và R^d là H, halogen hoặc CN; và

R^c là H hoặc halogen;

được đặc biệt ưu tiên nếu R^A là halogen hoặc CN; và

R^b, R^c và R^d là H hoặc halogen;

được đặc biệt ưu tiên nếu R^a, R^b và R^d là halogen; và

R^c là H hoặc halogen;

Cũng được đặc biệt ưu tiên nếu R^a, R^b và R^d là halogen; và

R^c là H, F, Br hoặc I;

được ưu tiên hơn nếu R^a, R^b và R^d là F; và

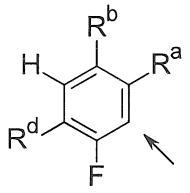
R^c là F, Br hoặc I;

cũng được ưu tiên hơn nếu R^a, R^b và R^d là F; và

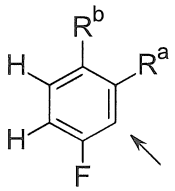
R^c là H hoặc F.

Được đặc biệt ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó A được chọn từ nhóm bao gồm (A.1a.1), (A.1a.2) và (A.1a.3);

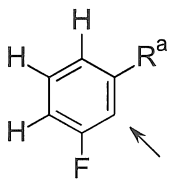
được ưu tiên hơn được chọn từ nhóm bao gồm (A.1.2) và (A.1.3);



(A.1a.1)



(A.1a.2)



(A.1a.3)

trong đó:

R^A là halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl; và

R^b và R^d độc lập với nhau là halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên nếu R^A là halogen, CN, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy; và

R^b và R^d độc lập với nhau là halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên nếu R^A là halogen hoặc CN; và

R^b và R^d độc lập với nhau là halogen, CN, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy;

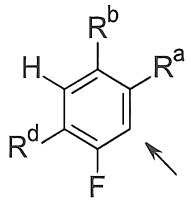
được ưu tiên hơn nếu R^A là halogen; và

R^b và R^d độc lập với nhau là halogen hoặc CN;

được ưu tiên nhất nếu R^a, R^b và R^d là halogen.

Cũng được đặc biệt ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

A là:

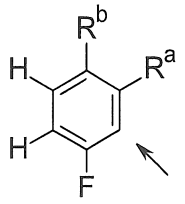


(A.1a.1)

trong đó R^a, R^b và R^d có các nghĩa, cụ thể là các nghĩa được ưu tiên, như được xác định ở trên.

Cũng được đặc biệt ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

A là:

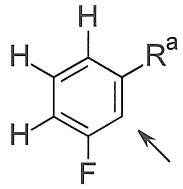


(A.1a.2)

trong đó R^a và R^b có các nghĩa, cụ thể là các nghĩa được ưu tiên, như được xác định ở trên.

Cũng được đặc biệt ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

A là:



(A.1a.3)

trong đó R^a có các nghĩa, cụ thể là các nghĩa được ưu tiên, như được xác định ở trên.

Cũng được ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

R^1 là H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl hoặc (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl;

được đặc biệt ưu tiên là H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl hoặc (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl;

được đặc biệt ưu tiên là H, CN, CH_3, CH_2OCH_3, OCH_3, $COCH_3$ hoặc SO_2CH_3;

được ưu tiên hơn là hydro.

Cũng được ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

R^2 là H, halogen, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-haloalkyl;

được đặc biệt ưu tiên là halogen, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-haloalkyl;

ngoài ra được đặc biệt ưu tiên là H, F, Cl, CH_3 hoặc CF_3.

Cũng được ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

R^3 và R^4

độc lập với nhau là H, halogen, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-haloalkyl; hoặc

cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra gốc được chọn từ nhóm bao gồm C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh,

trong đó C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl hoặc heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh không được thế hoặc được thế bằng từ một đến ba phần tử thế được chọn từ halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

độc lập với nhau được đặc biệt ưu tiên là H, halogen, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-haloalkyl; hoặc

cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra gốc được chọn từ nhóm bao gồm C_3-C_6-xycloalkyl và C_3-C_6-xycloalkenyl,

trong đó C_3-C_6-xycloalkyl hoặc C_3-C_6-xycloalkenyl không được thế hoặc được thế bằng từ một đến ba phần tử thế được chọn từ halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

độc lập với nhau được đặc biệt ưu tiên là H, halogen, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-haloalkyl;

độc lập với nhau được ưu tiên hơn là H, halogen hoặc C_1-C_6-alkyl.

Cũng được ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

R^2 là H, halogen, C_1-C_6-alkyl; và

R^3 và R^4 độc lập với nhau là H, halogen, C_1-C_6-alkyl, hoặc cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra tạo ra C_3-C_6-xycloalkyl;

được đặc biệt ưu tiên nếu R^2 là H, halogen hoặc C_1-C_6-alkyl;

R^3 là C_1-C_6-alkyl;

R^4 là H, halogen hoặc C_1-C_6-alkyl;

R^3 và R^4 cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra tạo ra C_3-C_6-xycloalkyl;

được đặc biệt ưu tiên nếu R^2 là halogen hoặc C_1-C_6-alkyl;

R^3 là C_1-C_6-alkyl;

R^4 là H hoặc C_1-C_6-alkyl;

được ưu tiên hơn nếu R^2 là halogen; và

R^3 và R^4 là C_1-C_6-alkyl.

Cũng được ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

R^5 là H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl hoặc (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl;

được đặc biệt ưu tiên là H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl hoặc (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl;

được đặc biệt ưu tiên là H, CN, CH_3, CH_2OCH_3, OCH_3, $COCH_3$ hoặc SO_2CH_3;

được ưu tiên hơn là hydro.

Cũng được ưu tiên là các azin có công thức (I), trong đó:

A là phenyl, được thế bằng từ hai đến năm phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

ngoài ra được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN;

được đặc biệt ưu tiên là phenyl, được thế bằng từ hai đến bốn phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

cũng được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được ưu tiên hơn được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN;

phenyl được đặc biệt ưu tiên, được thế bằng từ hai phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

cũng được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được ưu tiên hơn được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN;

ngoài ra phenyl được đặc biệt ưu tiên, được thế bằng từ ba phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino,

(C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

cũng được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được ưu tiên hơn được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN;

ngoài ra phenyl được đặc biệt ưu tiên, được thế bằng bốn phần tử thế

được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

được đặc biệt ưu tiên được chọn từ halogen và CN;

cũng được đặc biệt ưu tiên được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl, CN và CH_3;

được ưu tiên hơn được chọn từ nhóm bao gồm F, Cl và CN;

R^1 là H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl hoặc (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl;

được đặc biệt ưu tiên là H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl hoặc (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl;

được đặc biệt ưu tiên là H, CN, CH_3, CH_2OCH_3, OCH_3, $COCH_3$ hoặc SO_2CH_3;

được ưu tiên hơn là hydro.

R^2 là H, halogen, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-haloalkyl;

được đặc biệt ưu tiên là halogen, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-haloalkyl;

ngoài ra được đặc biệt ưu tiên là H, F, CH_3 hoặc CF_3;

R^3 và R^4 độc lập với nhau là H, halogen, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-haloalkyl; hoặc

cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra gốc được chọn từ nhóm bao gồm C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh,

trong đó C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl hoặc heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh không được thế hoặc được thế bằng từ một đến ba phần tử thế được chọn từ halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

độc lập với nhau được đặc biệt ưu tiên là H, halogen, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-haloalkyl; hoặc

cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra gốc được chọn từ nhóm bao gồm C_3-C_6-xycloalkyl và C_3-C_6-xycloalkenyl,

trong đó C_3-C_6-xycloalkyl hoặc C_3-C_6-xycloalkenyl không được thế hoặc được thế bằng từ một đến ba phần tử thế được chọn từ halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy;

độc lập với nhau được đặc biệt ưu tiên là H, halogen, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-haloalkyl;

độc lập với nhau được ưu tiên hơn là H, halogen hoặc C_1-C_6-alkyl;

và

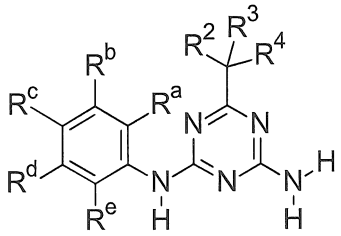
R^5 là H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl hoặc (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl;

được đặc biệt ưu tiên là H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl hoặc (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl;

được đặc biệt ưu tiên là H, CN, CH_3, CH_2OCH_3, OCH_3, $COCH_3$ hoặc SO_2CH_3;

được ưu tiên hơn là hydro.

Ưu tiên đặc biệt là đề cập đến các azin có công thức (I.a), các hợp chất này tương ứng với các azin có công thức (I) trong đó A là (A.1) và R^1 và R^5 là H:



I.a,

trong đó các biến thể R^a, R^b, R^c, R^d, R^e, R^2, R^3 và R^4 có các nghĩa, cụ thể là các nghĩa được ưu tiên, như được xác định ở trên;

ưu tiên đặc biệt là đề cập đến các azin có các công thức (I.a.1) đến (I.a.1406) của Bảng A, trong đó các định nghĩa về các biến thể R^a, R^b, R^c, R^d, R^e, R^2, R^3 và R^4 có tầm quan trọng đặc biệt đối với các hợp chất theo sáng chế không chỉ kết hợp với nhau mà trong mỗi trường hợp còn là chính hợp chất này:

Bảng A

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.1	F	H	H	H	F	CH_3	H	H
I.a.2	Cl	H	H	H	F	CH_3	H	H
I.a.3	Br	H	H	H	F	CH_3	H	H
I.a.4	CN	H	H	H	F	CH_3	H	H
I.a.5	CH_3	H	H	H	F	CH_3	H	H
I.a.6	F	H	H	F	F	CH_3	H	H
I.a.7	Cl	H	H	F	F	CH_3	H	H
I.a.8	F	H	H	Cl	F	CH_3	H	H
I.a.9	Cl	H	H	F	F	CH_3	H	H
I.a.10	CN	H	H	F	F	CH_3	H	H
I.a.11	F	H	H	CN	F	CH_3	H	H
I.a.12	CN	H	H	F	F	CH_3	H	H
I.a.13	F	H	F	H	F	CH_3	H	H
I.a.14	Cl	H	F	H	F	CH_3	H	H
I.a.15	CN	H	F	H	F	CH_3	H	H
I.a.16	F	F	F	H	F	CH_3	H	H
I.a.17	Cl	F	F	H	F	CH_3	H	H
I.a.18	F	Cl	F	H	F	CH_3	H	H
I.a.19	Cl	F	F	H	F	CH_3	H	H
I.a.20	CN	F	F	H	F	CH_3	H	H
I.a.21	F	CN	F	H	F	CH_3	H	H
I.a.22	CN	F	F	H	F	CH_3	H	H
I.a.23	F	F	H	F	F	CH_3	H	H
I.a.24	Cl	F	H	F	F	CH_3	H	H
I.a.25	F	Cl	H	F	F	CH_3	H	H
I.a.26	CN	F	H	F	F	CH_3	H	H
I.a.27	F	CN	H	F	F	CH_3	H	H

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.28	F	F	F	F	F	CH_3	H	H
I.a.29	Cl	F	F	F	F	CH_3	H	H
I.a.30	F	Cl	F	F	F	CH_3	H	H
I.a.31	CN	F	F	F	F	CH_3	H	H
I.a.32	F	CN	F	F	F	CH_3	H	H
I.a.33	H	F	F	F	F	CH_3	H	H
I.a.34	F	F	Br	F	F	CH_3	H	H
I.a.35	F	F	C≡CH	F	F	CH_3	H	H
I.a.36	CF_3	Cl	H	H	F	CH_3	H	H
I.a.37	F	F	I	F	F	CH_3	H	H
I.a.38	F	H	H	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.39	Cl	H	H	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.40	Br	H	H	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.41	CN	H	H	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.42	CH_3	H	H	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.43	F	H	H	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.44	Cl	H	H	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.45	F	H	H	Cl	F	CH_3	CH_3	H
I.a.46	Cl	H	H	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.47	CN	H	H	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.48	F	H	H	CN	F	CH_3	CH_3	H
I.a.49	CN	H	H	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.50	F	H	F	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.51	Cl	H	F	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.52	CN	H	F	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.53	F	F	F	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.54	Cl	F	F	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.55	F	Cl	F	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.56	Cl	F	F	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.57	CN	F	F	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.58	F	CN	F	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.59	CN	F	F	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.60	F	F	H	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.61	Cl	F	H	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.62	F	Cl	H	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.63	CN	F	H	F	F	CH_3	CH_3	H

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.64	F	CN	H	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.65	F	F	F	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.66	Cl	F	F	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.67	F	Cl	F	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.68	CN	F	F	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.69	F	CN	F	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.70	H	F	F	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.71	F	F	Br	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.72	F	F	C≡CH	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.73	CF_3	Cl	H	H	F	CH_3	CH_3	H
I.a.74	F	F	I	F	F	CH_3	CH_3	H
I.a.75	F	H	H	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.76	Cl	H	H	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.77	Br	H	H	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.78	CN	H	H	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.79	CH_3	H	H	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.80	F	H	H	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.81	Cl	H	H	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.82	F	H	H	Cl	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.83	Cl	H	H	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.84	CN	H	H	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.85	F	H	H	CN	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.86	CN	H	H	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.87	F	H	F	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.88	Cl	H	F	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.89	CN	H	F	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.90	F	F	F	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.91	Cl	F	F	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.92	F	Cl	F	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.93	Cl	F	F	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.94	CN	F	F	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.95	F	CN	F	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.96	CN	F	F	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.97	F	F	H	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.98	Cl	F	H	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.99	F	Cl	H	F	F	CH_3	CH_3	CH_3

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.100	CN	F	H	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.101	F	CN	H	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.102	F	F	F	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.103	Cl	F	F	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.104	F	Cl	F	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.105	CN	F	F	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.106	F	CN	F	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.107	H	F	F	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.108	F	F	Br	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.109	F	F	C≡CH	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.110	CF_3	Cl	H	H	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.111	F	F	I	F	F	CH_3	CH_3	CH_3
I.a.112	F	H	H	H	F	F	F	F
I.a.113	Cl	H	H	H	F	F	F	F
I.a.114	Br	H	H	H	F	F	F	F
I.a.115	CN	H	H	H	F	F	F	F
I.a.116	CH_3	H	H	H	F	F	F	F
I.a.117	F	H	H	F	F	F	F	F
I.a.118	Cl	H	H	F	F	F	F	F
I.a.119	F	H	H	Cl	F	F	F	F
I.a.120	Cl	H	H	F	F	F	F	F
I.a.121	CN	H	H	F	F	F	F	F
I.a.122	F	H	H	CN	F	F	F	F
I.a.123	CN	H	H	F	F	F	F	F
I.a.124	F	H	F	H	F	F	F	F
I.a.125	Cl	H	F	H	F	F	F	F
I.a.126	CN	H	F	H	F	F	F	F
I.a.127	F	F	F	H	F	F	F	F
I.a.128	Cl	F	F	H	F	F	F	F
I.a.129	F	Cl	F	H	F	F	F	F
I.a.130	Cl	F	F	H	F	F	F	F
I.a.131	CN	F	F	H	F	F	F	F
I.a.132	F	CN	F	H	F	F	F	F
I.a.133	CN	F	F	H	F	F	F	F
I.a.134	F	F	H	F	F	F	F	F
I.a.135	Cl	F	H	F	F	F	F	F

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.136	F	Cl	H	F	F	F	F	F
I.a.137	CN	F	H	F	F	F	F	F
I.a.138	F	CN	H	F	F	F	F	F
I.a.139	F	F	F	F	F	F	F	F
I.a.140	Cl	F	F	F	F	F	F	F
I.a.141	F	Cl	F	F	F	F	F	F
I.a.142	CN	F	F	F	F	F	F	F
I.a.143	F	CN	F	F	F	F	F	F
I.a.144	H	F	F	F	F	F	F	F
I.a.145	F	F	Br	F	F	F	F	F
I.a.146	F	F	C≡CH	F	F	F	F	F
I.a.147	CF_3	Cl	H	H	F	F	F	F
I.a.148	F	F	I	F	F	F	F	F
I.a.149	F	H	H	H	F	F	CF_3	F
I.a.150	Cl	H	H	H	F	F	CF_3	F
I.a.151	Br	H	H	H	F	F	CF_3	F
I.a.152	CN	H	H	H	F	F	CF_3	F
I.a.153	CH_3	H	H	H	F	F	CF_3	F
I.a.154	F	H	H	F	F	F	CF_3	F
I.a.155	Cl	H	H	F	F	F	CF_3	F
I.a.156	F	H	H	Cl	F	F	CF_3	F
I.a.157	Cl	H	H	F	F	F	CF_3	F
I.a.158	CN	H	H	F	F	F	CF_3	F
I.a.159	F	H	H	CN	F	F	CF_3	F
I.a.160	CN	H	H	F	F	F	CF_3	F
I.a.161	F	H	F	H	F	F	CF_3	F
I.a.162	Cl	H	F	H	F	F	CF_3	F
I.a.163	CN	H	F	H	F	F	CF_3	F
I.a.164	F	F	F	H	F	F	CF_3	F
I.a.165	Cl	F	F	H	F	F	CF_3	F
I.a.166	F	Cl	F	H	F	F	CF_3	F
I.a.167	Cl	F	F	H	F	F	CF_3	F
I.a.168	CN	F	F	H	F	F	CF_3	F
I.a.169	F	CN	F	H	F	F	CF_3	F
I.a.170	CN	F	F	H	F	F	CF_3	F
I.a.171	F	F	H	F	F	F	CF_3	F

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.172	Cl	F	H	F	F	F	CF_3	F
I.a.173	F	Cl	H	F	F	F	CF_3	F
I.a.174	CN	F	H	F	F	F	CF_3	F
I.a.175	F	CN	H	F	F	F	CF_3	F
I.a.176	F	F	F	F	F	F	CF_3	F
I.a.177	Cl	F	F	F	F	F	CF_3	F
I.a.178	F	Cl	F	F	F	F	CF_3	F
I.a.179	CN	F	F	F	F	F	CF_3	F
I.a.180	F	CN	F	F	F	F	CF_3	F
I.a.181	H	F	F	F	F	F	CF_3	F
I.a.182	F	F	Br	F	F	F	CF_3	F
I.a.183	F	F	C≡CH	F	F	F	CF_3	F
I.a.184	CF_3	Cl	H	H	F	F	CF_3	F
I.a.185	F	F	I	F	F	F	CF_3	F
I.a.186	F	H	H	H	F	F	CH_3	F
I.a.187	Cl	H	H	H	F	F	CH_3	F
I.a.188	Br	H	H	H	F	F	CH_3	F
I.a.189	CN	H	H	H	F	F	CH_3	F
I.a.190	CH_3	H	H	H	F	F	CH_3	F
I.a.191	F	H	H	F	F	F	CH_3	F
I.a.192	Cl	H	H	F	F	F	CH_3	F
I.a.193	F	H	H	Cl	F	F	CH_3	F
I.a.194	Cl	H	H	F	F	F	CH_3	F
I.a.195	CN	H	H	F	F	F	CH_3	F
I.a.196	F	H	H	CN	F	F	CH_3	F
I.a.197	CN	H	H	F	F	F	CH_3	F
I.a.198	F	H	F	H	F	F	CH_3	F
I.a.199	Cl	H	F	H	F	F	CH_3	F
I.a.200	CN	H	F	H	F	F	CH_3	F
I.a.201	F	F	F	H	F	F	CH_3	F
I.a.202	Cl	F	F	H	F	F	CH_3	F
I.a.203	F	Cl	F	H	F	F	CH_3	F
I.a.204	Cl	F	F	H	F	F	CH_3	F
I.a.205	CN	F	F	H	F	F	CH_3	F
I.a.206	F	CN	F	H	F	F	CH_3	F
I.a.207	CN	F	F	H	F	F	CH_3	F

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.208	F	F	H	F	F	F	CH_3	F
I.a.209	Cl	F	H	F	F	F	CH_3	F
I.a.210	F	Cl	H	F	F	F	CH_3	F
I.a.211	CN	F	H	F	F	F	CH_3	F
I.a.212	F	CN	H	F	F	F	CH_3	F
I.a.213	F	F	F	F	F	F	CH_3	F
I.a.214	Cl	F	F	F	F	F	CH_3	F
I.a.215	F	Cl	F	F	F	F	CH_3	F
I.a.216	CN	F	F	F	F	F	CH_3	F
I.a.217	F	CN	F	F	F	F	CH_3	F
I.a.218	H	F	F	F	F	F	CH_3	F
I.a.219	F	F	Br	F	F	F	CH_3	F
I.a.220	F	F	C≡CH	F	F	F	CH_3	F
I.a.221	CF_3	Cl	H	H	F	F	CH_3	F
I.a.222	F	F	I	F	F	F	CH_3	F
I.a.223	F	H	H	H	F	F	CH_3	H
I.a.224	Cl	H	H	H	F	F	CH_3	H
I.a.225	Br	H	H	H	F	F	CH_3	H
I.a.226	CN	H	H	H	F	F	CH_3	H
I.a.227	CH_3	H	H	H	F	F	CH_3	H
I.a.228	F	H	H	F	F	F	CH_3	H
I.a.229	Cl	H	H	F	F	F	CH_3	H
I.a.230	F	H	H	Cl	F	F	CH_3	H
I.a.231	Cl	H	H	F	F	F	CH_3	H
I.a.232	CN	H	H	F	F	F	CH_3	H
I.a.233	F	H	H	CN	F	F	CH_3	H
I.a.234	CN	H	H	F	F	F	CH_3	H
I.a.235	F	H	F	H	F	F	CH_3	H
I.a.236	Cl	H	F	H	F	F	CH_3	H
I.a.237	CN	H	F	H	F	F	CH_3	H
I.a.238	F	F	F	H	F	F	CH_3	H
I.a.239	Cl	F	F	H	F	F	CH_3	H
I.a.240	F	Cl	F	H	F	F	CH_3	H
I.a.241	Cl	F	F	H	F	F	CH_3	H
I.a.242	CN	F	F	H	F	F	CH_3	H
I.a.243	F	CN	F	H	F	F	CH_3	H

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.244	CN	F	F	H	F	F	CH_3	H
I.a.245	F	F	H	F	F	F	CH_3	H
I.a.246	Cl	F	H	F	F	F	CH_3	H
I.a.247	F	Cl	H	F	F	F	CH_3	H
I.a.248	CN	F	H	F	F	F	CH_3	H
I.a.249	F	CN	H	F	F	F	CH_3	H
I.a.250	F	F	F	F	F	F	CH_3	H
I.a.251	Cl	F	F	F	F	F	CH_3	H
I.a.252	F	Cl	F	F	F	F	CH_3	H
I.a.253	CN	F	F	F	F	F	CH_3	H
I.a.254	F	CN	F	F	F	F	CH_3	H
I.a.255	H	F	F	F	F	F	CH_3	H
I.a.256	F	F	Br	F	F	F	CH_3	H
I.a.257	F	F	C≡CH	F	F	F	CH_3	H
I.a.258	CF_3	Cl	H	H	F	F	CH_3	H
I.a.259	F	F	I	F	F	F	CH_3	H
I.a.260	F	H	H	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.261	Cl	H	H	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.262	Br	H	H	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.263	CN	H	H	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.264	CH_3	H	H	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.265	F	H	H	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.266	Cl	H	H	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.267	F	H	H	Cl	F	F	CH_3	CH_3
I.a.268	Cl	H	H	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.269	CN	H	H	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.270	F	H	H	CN	F	F	CH_3	CH_3
I.a.271	CN	H	H	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.272	F	H	F	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.273	Cl	H	F	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.274	CN	H	F	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.275	F	F	F	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.276	Cl	F	F	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.277	F	Cl	F	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.278	Cl	F	F	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.279	CN	F	F	H	F	F	CH_3	CH_3

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.280	F	CN	F	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.281	CN	F	F	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.282	F	F	H	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.283	Cl	F	H	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.284	F	Cl	H	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.285	CN	F	H	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.286	F	CN	H	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.287	F	F	F	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.288	Cl	F	F	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.289	F	Cl	F	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.290	CN	F	F	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.291	F	CN	F	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.292	H	F	F	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.293	F	F	Br	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.294	F	F	C≡CH	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.295	CF_3	Cl	H	H	F	F	CH_3	CH_3
I.a.296	F	F	I	F	F	F	CH_3	CH_3
I.a.297	F	H	H	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.298	Cl	H	H	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.299	Br	H	H	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.300	CN	H	H	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.301	CH_3	H	H	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.302	F	H	H	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.303	Cl	H	H	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.304	F	H	H	Cl	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.305	Cl	H	H	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.306	CN	H	H	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.307	F	H	H	CN	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.308	CN	H	H	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.309	F	H	F	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.310	Cl	H	F	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.311	CN	H	F	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.312	F	F	F	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.313	Cl	F	F	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.314	F	Cl	F	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.315	Cl	F	F	H	F	Cl	CH_3	CH_3

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.316	CN	F	F	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.317	F	CN	F	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.318	CN	F	F	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.319	F	F	H	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.320	Cl	F	H	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.321	F	Cl	H	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.322	CN	F	H	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.323	F	CN	H	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.324	F	F	F	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.325	Cl	F	F	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.326	F	Cl	F	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.327	CN	F	F	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.328	F	CN	F	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.329	H	F	F	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.330	F	F	Br	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.331	F	F	C≡CH	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.332	CF_3	Cl	H	H	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.333	F	F	I	F	F	Cl	CH_3	CH_3
I.a.334	F	H	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.335	Cl	H	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.336	Br	H	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.337	CN	H	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.338	CH_3	H	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.339	F	H	H	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.340	Cl	H	H	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.341	F	H	H	Cl	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.342	Cl	H	H	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.343	CN	H	H	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.344	F	H	H	CN	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.345	CN	H	H	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.346	F	H	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.347	Cl	H	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.348	CN	H	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.349	F	F	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.350	Cl	F	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.351	F	Cl	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.352	Cl	F	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.353	CN	F	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.354	F	CN	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.355	CN	F	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.356	F	F	H	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.357	Cl	F	H	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.358	F	Cl	H	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.359	CN	F	H	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.360	F	CN	H	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.361	F	F	F	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.362	Cl	F	F	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.363	F	Cl	F	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.364	CN	F	F	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.365	F	CN	F	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.366	H	F	F	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.367	F	F	Br	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.368	F	F	C≡CH	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.369	CF_3	Cl	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.370	F	F	I	F	F	F	C_2H_5	CH_3
I.a.371	F	H	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.372	Cl	H	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.373	Br	H	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.374	CN	H	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.375	CH_3	H	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.376	F	H	H	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.377	Cl	H	H	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.378	F	H	H	Cl	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.379	Cl	H	H	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.380	CN	H	H	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.381	F	H	H	CN	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.382	CN	H	H	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.383	F	H	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.384	Cl	H	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.385	CN	H	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.386	F	F	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.387	Cl	F	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.388	F	Cl	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.389	Cl	F	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.390	CN	F	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.391	F	CN	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.392	CN	F	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.393	F	F	H	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.394	Cl	F	H	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.395	F	Cl	H	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.396	CN	F	H	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.397	F	CN	H	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.398	F	F	F	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.399	Cl	F	F	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.400	F	Cl	F	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.401	CN	F	F	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.402	F	CN	F	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.403	H	F	F	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.404	F	F	Br	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.405	F	F	C≡CH	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.406	CF_3	Cl	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.407	F	F	I	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5
I.a.408	F	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.409	Cl	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.410	Br	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.411	CN	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.412	CH_3	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.413	F	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.414	Cl	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.415	F	H	H	Cl	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.416	Cl	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.417	CN	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.418	F	H	H	CN	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.419	CN	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.420	F	H	F	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.421	Cl	H	F	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.422	CN	H	F	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.423	F	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.424	Cl	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.425	F	Cl	F	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.426	Cl	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.427	CN	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.428	F	CN	F	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.429	CN	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.430	F	F	H	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.431	Cl	F	H	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.432	F	Cl	H	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.433	CN	F	H	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.434	F	CN	H	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.435	F	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.436	Cl	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.437	F	Cl	F	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.438	CN	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.439	F	CN	F	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.440	H	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.441	F	F	Br	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.442	F	F	C≡CH	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.443	CF_3	Cl	H	H	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.444	F	F	I	F	F	H	$-(CH_2)_2-$	
I.a.445	F	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_3-$	
I.a.446	Cl	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_3-$	
I.a.447	Br	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_3-$	
I.a.448	CN	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_3-$	
I.a.449	CH_3	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_3-$	
I.a.450	F	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_3-$	
I.a.451	Cl	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_3-$	
I.a.452	F	H	H	Cl	F	H	$-(CH_2)_3-$	
I.a.453	Cl	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_3-$	
I.a.454	CN	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_3-$	
I.a.455	F	H	H	CN	F	H	$-(CH_2)_3-$	
I.a.456	CN	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_3-$	
I.a.457	F	H	F	H	F	H	$-(CH_2)_3-$	
I.a.458	Cl	H	F	H	F	H	$-(CH_2)_3-$	
I.a.459	CN	H	F	H	F	H	$-(CH_2)_3-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3 R^4
I.a.460	F	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.461	Cl	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.462	F	Cl	F	H	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.463	Cl	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.464	CN	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.465	F	CN	F	H	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.466	CN	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.467	F	F	H	F	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.468	Cl	F	H	F	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.469	F	Cl	H	F	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.470	CN	F	H	F	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.471	F	CN	H	F	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.472	F	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.473	Cl	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.474	F	Cl	F	F	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.475	CN	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.476	F	CN	F	F	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.477	H	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.478	F	F	Br	F	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.479	F	F	C≡CH	F	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.480	CF_3	Cl	H	H	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.481	F	F	I	F	F	H	$-(CH_2)_3-$
I.a.482	F	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_4-$
I.a.483	Cl	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_4-$
I.a.484	Br	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_4-$
I.a.485	CN	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_4-$
I.a.486	CH_3	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_4-$
I.a.487	F	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_4-$
I.a.488	Cl	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_4-$
I.a.489	F	H	H	Cl	F	H	$-(CH_2)_4-$
I.a.490	Cl	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_4-$
I.a.491	CN	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_4-$
I.a.492	F	H	H	CN	F	H	$-(CH_2)_4-$
I.a.493	CN	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_4-$
I.a.494	F	H	F	H	F	H	$-(CH_2)_4-$
I.a.495	Cl	H	F	H	F	H	$-(CH_2)_4-$

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.496	CN	H	F	H	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.497	F	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.498	Cl	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.499	F	Cl	F	H	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.500	Cl	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.501	CN	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.502	F	CN	F	H	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.503	CN	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.504	F	F	H	F	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.505	Cl	F	H	F	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.506	F	Cl	H	F	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.507	CN	F	H	F	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.508	F	CN	H	F	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.509	F	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.510	Cl	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.511	F	Cl	F	F	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.512	CN	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.513	F	CN	F	F	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.514	H	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.515	F	F	Br	F	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.516	F	F	C≡CH	F	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.517	CF_3	Cl	H	H	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.518	F	F	I	F	F	H	$-(CH_2)_4-$	
I.a.519	F	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.520	Cl	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.521	Br	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.522	CN	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.523	CH_3	H	H	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.524	F	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.525	Cl	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.526	F	H	H	Cl	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.527	Cl	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.528	CN	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.529	F	H	H	CN	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.530	CN	H	H	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.531	F	H	F	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.532	Cl	H	F	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.533	CN	H	F	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.534	F	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.535	Cl	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.536	F	Cl	F	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.537	Cl	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.538	CN	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.539	F	CN	F	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.540	CN	F	F	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.541	F	F	H	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.542	Cl	F	H	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.543	F	Cl	H	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.544	CN	F	H	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.545	F	CN	H	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.546	F	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.547	Cl	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.548	F	Cl	F	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.549	CN	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.550	F	CN	F	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.551	H	F	F	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.552	F	F	Br	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.553	F	F	C≡CH	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.554	CF_3	Cl	H	H	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.555	F	F	I	F	F	H	$-(CH_2)_5-$	
I.a.556	F	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.557	Cl	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.558	Br	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.559	CN	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.560	CH_3	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.561	F	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.562	Cl	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.563	F	H	H	Cl	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.564	Cl	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.565	CN	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.566	F	H	H	CN	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.567	CN	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.568	F	H	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.569	Cl	H	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.570	CN	H	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.571	F	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.572	Cl	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.573	F	Cl	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.574	Cl	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.575	CN	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.576	F	CN	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.577	CN	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.578	F	F	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.579	Cl	F	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.580	F	Cl	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.581	CN	F	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.582	F	CN	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.583	F	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.584	Cl	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.585	F	Cl	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.586	CN	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.587	F	CN	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.588	H	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.589	F	F	Br	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.590	F	F	C≡CH	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.591	CF_3	Cl	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.592	F	F	I	F	F	CH_3	$-(CH_2)_2-$	
I.a.593	F	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.594	Cl	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.595	Br	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.596	CN	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.597	CH_3	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.598	F	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.599	Cl	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.600	F	H	H	Cl	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.601	Cl	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.602	CN	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.603	F	H	H	CN	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.604	CN	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.605	F	H	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.606	Cl	H	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.607	CN	H	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.608	F	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.609	Cl	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.610	F	Cl	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.611	Cl	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.612	CN	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.613	F	CN	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.614	CN	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.615	F	F	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.616	Cl	F	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.617	F	Cl	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.618	CN	F	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.619	F	CN	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.620	F	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.621	Cl	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.622	F	Cl	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.623	CN	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.624	F	CN	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.625	H	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.626	F	F	Br	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.627	F	F	C≡CH	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.628	CF_3	Cl	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.629	F	F	I	F	F	CH_3	$-(CH_2)_3-$	
I.a.630	F	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$	
I.a.631	Cl	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$	
I.a.632	Br	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$	
I.a.633	CN	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$	
I.a.634	CH_3	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$	
I.a.635	F	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$	
I.a.636	Cl	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$	
I.a.637	F	H	H	Cl	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$	
I.a.638	Cl	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$	
I.a.639	CN	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3 R^4
I.a.640	F	H	H	CN	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.641	CN	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.642	F	H	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.643	Cl	H	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.644	CN	H	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.645	F	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.646	Cl	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.647	F	Cl	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.648	Cl	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.649	CN	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.650	F	CN	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.651	CN	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.652	F	F	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.653	Cl	F	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.654	F	Cl	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.655	CN	F	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.656	F	CN	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.657	F	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.658	Cl	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.659	F	Cl	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.660	CN	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.661	F	CN	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.662	H	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.663	F	F	Br	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.664	F	F	C≡CH	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.665	CF_3	Cl	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.666	F	F	I	F	F	CH_3	$-(CH_2)_4-$
I.a.667	F	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$
I.a.668	Cl	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$
I.a.669	Br	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$
I.a.670	CN	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$
I.a.671	CH_3	H	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$
I.a.672	F	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$
I.a.673	Cl	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$
I.a.674	F	H	H	Cl	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$
I.a.675	Cl	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.676	CN	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.677	F	H	H	CN	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.678	CN	H	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.679	F	H	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.680	Cl	H	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.681	CN	H	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.682	F	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.683	Cl	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.684	F	Cl	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.685	Cl	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.686	CN	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.687	F	CN	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.688	CN	F	F	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.689	F	F	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.690	Cl	F	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.691	F	Cl	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.692	CN	F	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.693	F	CN	H	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.694	F	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.695	Cl	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.696	F	Cl	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.697	CN	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.698	F	CN	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.699	H	F	F	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.700	F	F	Br	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.701	F	F	C≡CH	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.702	CF_3	Cl	H	H	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.703	F	F	I	F	F	CH_3	$-(CH_2)_5-$	
I.a.704	F	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.705	Cl	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.706	Br	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.707	CN	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.708	CH_3	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.709	F	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.710	Cl	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.711	F	H	H	Cl	F	F	$-(CH_2)_2-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.712	Cl	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.713	CN	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.714	F	H	H	CN	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.715	CN	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.716	F	H	F	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.717	Cl	H	F	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.718	CN	H	F	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.719	F	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.720	Cl	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.721	F	Cl	F	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.722	Cl	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.723	CN	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.724	F	CN	F	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.725	CN	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.726	F	F	H	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.727	Cl	F	H	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.728	F	Cl	H	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.729	CN	F	H	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.730	F	CN	H	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.731	F	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.732	Cl	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.733	F	Cl	F	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.734	CN	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.735	F	CN	F	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.736	H	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.737	F	F	Br	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.738	F	F	C≡CH	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.739	CF_3	Cl	H	H	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.740	F	F	I	F	F	F	$-(CH_2)_2-$	
I.a.741	F	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.742	Cl	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.743	Br	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.744	CN	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.745	CH_3	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.746	F	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.747	Cl	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.748	F	H	H	Cl	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.749	Cl	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.750	CN	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.751	F	H	H	CN	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.752	CN	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.753	F	H	F	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.754	Cl	H	F	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.755	CN	H	F	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.756	F	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.757	Cl	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.758	F	Cl	F	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.759	Cl	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.760	CN	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.761	F	CN	F	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.762	CN	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.763	F	F	H	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.764	Cl	F	H	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.765	F	Cl	H	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.766	CN	F	H	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.767	F	CN	H	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.768	F	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.769	Cl	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.770	F	Cl	F	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.771	CN	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.772	F	CN	F	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.773	H	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.774	F	F	Br	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.775	F	F	C≡CH	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.776	CF_3	Cl	H	H	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.777	F	F	I	F	F	F	$-(CH_2)_3-$	
I.a.778	F	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.779	Cl	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.780	Br	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.781	CN	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.782	CH_3	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.783	F	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.784	Cl	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.785	F	H	H	Cl	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.786	Cl	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.787	CN	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.788	F	H	H	CN	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.789	CN	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.790	F	H	F	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.791	Cl	H	F	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.792	CN	H	F	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.793	F	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.794	Cl	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.795	F	Cl	F	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.796	Cl	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.797	CN	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.798	F	CN	F	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.799	CN	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.800	F	F	H	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.801	Cl	F	H	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.802	F	Cl	H	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.803	CN	F	H	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.804	F	CN	H	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.805	F	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.806	Cl	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.807	F	Cl	F	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.808	CN	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.809	F	CN	F	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.810	H	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.811	F	F	Br	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.812	F	F	C≡CH	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.813	CF_3	Cl	H	H	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.814	F	F	I	F	F	F	$-(CH_2)_4-$	
I.a.815	F	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.816	Cl	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.817	Br	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.818	CN	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.819	CH_3	H	H	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.820	F	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.821	Cl	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.822	F	H	H	Cl	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.823	Cl	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.824	CN	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.825	F	H	H	CN	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.826	CN	H	H	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.827	F	H	F	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.828	Cl	H	F	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.829	CN	H	F	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.830	F	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.831	Cl	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.832	F	Cl	F	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.833	Cl	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.834	CN	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.835	F	CN	F	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.836	CN	F	F	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.837	F	F	H	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.838	Cl	F	H	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.839	F	Cl	H	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.840	CN	F	H	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.841	F	CN	H	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.842	F	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.843	Cl	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.844	F	Cl	F	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.845	CN	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.846	F	CN	F	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.847	H	F	F	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.848	F	F	Br	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.849	F	F	C≡CH	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.850	CF_3	Cl	H	H	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.851	F	F	I	F	F	F	$-(CH_2)_5-$	
I.a.852	F	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.853	Cl	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.854	Br	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.855	CN	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.856	CH_3	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.857	F	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.858	Cl	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.859	F	H	H	Cl	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.860	Cl	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.861	CN	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.862	F	H	H	CN	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.863	CN	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.864	F	H	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.865	Cl	H	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.866	CN	H	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.867	F	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.868	Cl	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.869	F	Cl	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.870	Cl	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.871	CN	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.872	F	CN	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.873	CN	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.874	F	F	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.875	Cl	F	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.876	F	Cl	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.877	CN	F	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.878	F	CN	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.879	F	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.880	Cl	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.881	F	Cl	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.882	CN	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.883	F	CN	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.884	H	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.885	F	F	Br	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.886	F	F	C≡CH	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.887	CF_3	Cl	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.888	F	F	I	F	F	Cl	$-(CH_2)_2-$	
I.a.889	F	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.890	Cl	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.891	Br	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.892	CN	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.893	CH_3	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.894	F	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.895	Cl	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.896	F	H	H	Cl	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.897	Cl	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.898	CN	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.899	F	H	H	CN	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.900	CN	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.901	F	H	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.902	Cl	H	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.903	CN	H	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.904	F	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.905	Cl	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.906	F	Cl	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.907	Cl	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.908	CN	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.909	F	CN	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.910	CN	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.911	F	F	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.912	Cl	F	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.913	F	Cl	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.914	CN	F	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.915	F	CN	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.916	F	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.917	Cl	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.918	F	Cl	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.919	CN	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.920	F	CN	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.921	H	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.922	F	F	Br	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.923	F	F	C≡CH	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.924	CF_3	Cl	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.925	F	F	I	F	F	Cl	$-(CH_2)_3-$	
I.a.926	F	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.927	Cl	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.928	Br	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.929	CN	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.930	CH_3	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.931	F	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.932	Cl	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.933	F	H	H	Cl	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.934	Cl	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.935	CN	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.936	F	H	H	CN	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.937	CN	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.938	F	H	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.939	Cl	H	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.940	CN	H	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.941	F	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.942	Cl	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.943	F	Cl	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.944	Cl	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.945	CN	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.946	F	CN	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.947	CN	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.948	F	F	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.949	Cl	F	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.950	F	Cl	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.951	CN	F	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.952	F	CN	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.953	F	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.954	Cl	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.955	F	Cl	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.956	CN	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.957	F	CN	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.958	H	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.959	F	F	Br	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.960	F	F	C≡CH	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.961	CF_3	Cl	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.962	F	F	I	F	F	Cl	$-(CH_2)_4-$	
I.a.963	F	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.964	Cl	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.965	Br	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.966	CN	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.967	CH_3	H	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.968	F	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.969	Cl	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.970	F	H	H	Cl	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.971	Cl	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.972	CN	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.973	F	H	H	CN	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.974	CN	H	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.975	F	H	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.976	Cl	H	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.977	CN	H	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.978	F	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.979	Cl	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.980	F	Cl	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.981	Cl	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.982	CN	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.983	F	CN	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.984	CN	F	F	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.985	F	F	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.986	Cl	F	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.987	F	Cl	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.988	CN	F	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.989	F	CN	H	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.990	F	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.991	Cl	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.992	F	Cl	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.993	CN	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.994	F	CN	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.995	H	F	F	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.996	F	F	Br	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.997	F	F	C≡CH	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.998	CF_3	Cl	H	H	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	
I.a.999	F	F	I	F	F	Cl	$-(CH_2)_5-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.1000	F	H	H	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1001	Cl	H	H	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1002	Br	H	H	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1003	CN	H	H	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1004	CH_3	H	H	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1005	F	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1006	Cl	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1007	F	H	H	Cl	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1008	Cl	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1009	CN	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1010	F	H	H	CN	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1011	CN	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1012	F	H	F	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1013	Cl	H	F	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1014	CN	H	F	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1015	F	F	F	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1016	Cl	F	F	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1017	F	Cl	F	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1018	Cl	F	F	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1019	CN	F	F	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1020	F	CN	F	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1021	CN	F	F	H	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1022	F	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1023	Cl	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1024	F	Cl	H	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1025	CN	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1026	F	CN	H	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1027	F	F	F	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1028	Cl	F	F	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1029	F	Cl	F	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1030	CN	F	F	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1031	F	CN	F	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1032	H	F	F	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1033	F	F	Br	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1034	F	F	C≡CH	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1035	CF_3	Cl	H	H	F	C_2H_5	CH_3	H

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.1036	F	F	I	F	F	C_2H_5	CH_3	H
I.a.1037	F	H	H	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1038	Cl	H	H	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1039	Br	H	H	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1040	CN	H	H	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1041	CH_3	H	H	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1042	F	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1043	Cl	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1044	F	H	H	Cl	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1045	Cl	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1046	CN	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1047	F	H	H	CN	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1048	CN	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1049	F	H	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1050	Cl	H	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1051	CN	H	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1052	F	F	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1053	Cl	F	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1054	F	Cl	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1055	Cl	F	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1056	CN	F	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1057	F	CN	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1058	CN	F	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1059	F	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1060	Cl	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1061	F	Cl	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1062	CN	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1063	F	CN	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1064	F	F	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1065	Cl	F	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1066	F	Cl	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1067	CN	F	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1068	F	CN	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1069	H	F	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1070	F	F	Br	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1071	F	F	C≡CH	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.1072	CF_3	Cl	H	H	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1073	F	F	I	F	F	C_2H_5	C_2H_5	H
I.a.1074	F	H	H	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1075	Cl	H	H	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1076	Br	H	H	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1077	CN	H	H	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1078	CH_3	H	H	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1079	F	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1080	Cl	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1081	F	H	H	Cl	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1082	Cl	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1083	CN	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1084	F	H	H	CN	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1085	CN	H	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1086	F	H	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1087	Cl	H	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1088	CN	H	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1089	F	F	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1090	Cl	F	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1091	F	Cl	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1092	Cl	F	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1093	CN	F	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1094	F	CN	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1095	CN	F	F	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1096	F	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1097	Cl	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1098	F	Cl	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1099	CN	F	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1100	F	CN	H	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1101	F	F	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1102	Cl	F	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1103	F	Cl	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1104	CN	F	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1105	F	CN	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1106	H	F	F	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1107	F	F	Br	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.1108	F	F	C≡CH	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1109	CF_3	Cl	H	H	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1110	F	F	I	F	F	C_2H_5	C_2H_5	CH_3
I.a.1111	F	H	H	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1112	Cl	H	H	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1113	Br	H	H	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1114	CN	H	H	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1115	CH_3	H	H	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1116	F	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1117	Cl	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1118	F	H	H	Cl	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1119	Cl	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1120	CN	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1121	F	H	H	CN	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1122	CN	H	H	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1123	F	H	F	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1124	Cl	H	F	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1125	CN	H	F	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1126	F	F	F	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1127	Cl	F	F	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1128	F	Cl	F	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1129	Cl	F	F	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1130	CN	F	F	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1131	F	CN	F	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1132	CN	F	F	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1133	F	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1134	Cl	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1135	F	Cl	H	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1136	CN	F	H	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1137	F	CN	H	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1138	F	F	F	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1139	Cl	F	F	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1140	F	Cl	F	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1141	CN	F	F	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1142	F	CN	F	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1143	H	F	F	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.1144	F	F	Br	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1145	F	F	C≡CH	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1146	CF_3	Cl	H	H	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1147	F	F	I	F	F	C_2H_5	CH_3	CH_3
I.a.1148	F	H	H	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1149	Cl	H	H	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1150	Br	H	H	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1151	CN	H	H	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1152	CH_3	H	H	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1153	F	H	H	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1154	Cl	H	H	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1155	F	H	H	Cl	F	Cl	CH_3	H
I.a.1156	Cl	H	H	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1157	CN	H	H	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1158	F	H	H	CN	F	Cl	CH_3	H
I.a.1159	CN	H	H	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1160	F	H	F	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1161	Cl	H	F	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1162	CN	H	F	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1163	F	F	F	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1164	Cl	F	F	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1165	F	Cl	F	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1166	Cl	F	F	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1167	CN	F	F	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1168	F	CN	F	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1169	CN	F	F	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1170	F	F	H	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1171	Cl	F	H	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1172	F	Cl	H	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1173	CN	F	H	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1174	F	CN	H	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1175	F	F	F	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1176	Cl	F	F	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1177	F	Cl	F	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1178	CN	F	F	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1179	F	CN	F	F	F	Cl	CH_3	H

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.1180	H	F	F	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1181	F	F	Br	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1182	F	F	C≡CH	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1183	CF_3	Cl	H	H	F	Cl	CH_3	H
I.a.1184	F	F	I	F	F	Cl	CH_3	H
I.a.1185	F	H	H	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1186	Cl	H	H	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1187	Br	H	H	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1188	CN	H	H	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1189	CH_3	H	H	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1190	F	H	H	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1191	Cl	H	H	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1192	F	H	H	Cl	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1193	Cl	H	H	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1194	CN	H	H	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1195	F	H	H	CN	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1196	CN	H	H	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1197	F	H	F	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1198	Cl	H	F	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1199	CN	H	F	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1200	F	F	F	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1201	Cl	F	F	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1202	F	Cl	F	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1203	Cl	F	F	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1204	CN	F	F	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1205	F	CN	F	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1206	CN	F	F	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1207	F	F	H	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1208	Cl	F	H	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1209	F	Cl	H	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1210	CN	F	H	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1211	F	CN	H	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1212	F	F	F	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1213	Cl	F	F	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1214	F	Cl	F	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1215	CN	F	F	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.1216	F	CN	F	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1217	H	F	F	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1218	F	F	Br	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1219	F	F	C≡CH	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1220	CF_3	Cl	H	H	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1221	F	F	I	F	F	CH_2Cl	Cl	CH_3
I.a.1222	F	H	H	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1223	Cl	H	H	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1224	Br	H	H	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1225	CN	H	H	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1226	CH_3	H	H	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1227	F	H	H	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1228	Cl	H	H	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1229	F	H	H	Cl	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1230	Cl	H	H	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1231	CN	H	H	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1232	F	H	H	CN	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1233	CN	H	H	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1234	F	H	F	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1235	Cl	H	F	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1236	CN	H	F	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1237	F	F	F	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1238	Cl	F	F	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1239	F	Cl	F	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1240	Cl	F	F	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1241	CN	F	F	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1242	F	CN	F	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1243	CN	F	F	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1244	F	F	H	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1245	Cl	F	H	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1246	F	Cl	H	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1247	CN	F	H	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1248	F	CN	H	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1249	F	F	F	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1250	Cl	F	F	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1251	F	Cl	F	F	F	CN	CH_3	CH_3

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.1252	CN	F	F	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1253	F	CN	F	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1254	H	F	F	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1255	F	F	Br	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1256	F	F	C≡CH	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1257	CF_3	Cl	H	H	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1258	F	F	I	F	F	CN	CH_3	CH_3
I.a.1259	F	H	H	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1260	Cl	H	H	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1261	Br	H	H	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1262	CN	H	H	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1263	CH_3	H	H	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1264	F	H	H	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1265	Cl	H	H	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1266	F	H	H	Cl	F	OCH_3	H	H
I.a.1267	Cl	H	H	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1268	CN	H	H	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1269	F	H	H	CN	F	OCH_3	H	H
I.a.1270	CN	H	H	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1271	F	H	F	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1272	Cl	H	F	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1273	CN	H	F	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1274	F	F	F	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1275	Cl	F	F	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1276	F	Cl	F	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1277	Cl	F	F	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1278	CN	F	F	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1279	F	CN	F	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1280	CN	F	F	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1281	F	F	H	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1282	Cl	F	H	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1283	F	Cl	H	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1284	CN	F	H	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1285	F	CN	H	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1286	F	F	F	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1287	Cl	F	F	F	F	OCH_3	H	H

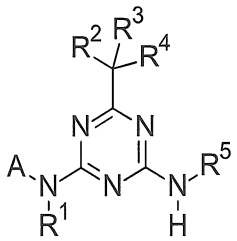
Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.1288	F	Cl	F	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1289	CN	F	F	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1290	F	CN	F	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1291	H	F	F	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1292	F	F	Br	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1293	F	F	C≡CH	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1294	CF_3	Cl	H	H	F	OCH_3	H	H
I.a.1295	F	F	I	F	F	OCH_3	H	H
I.a.1296	F	H	H	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1297	Cl	H	H	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1298	Br	H	H	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1299	CN	H	H	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1300	CH_3	H	H	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1301	F	H	H	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1302	Cl	H	H	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1303	F	H	H	Cl	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1304	Cl	H	H	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1305	CN	H	H	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1306	F	H	H	CN	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1307	CN	H	H	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1308	F	H	F	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1309	Cl	H	F	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1310	CN	H	F	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1311	F	F	F	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1312	Cl	F	F	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1313	F	Cl	F	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1314	Cl	F	F	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1315	CN	F	F	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1316	F	CN	F	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1317	CN	F	F	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1318	F	F	H	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1319	Cl	F	H	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1320	F	Cl	H	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1321	CN	F	H	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1322	F	CN	H	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1323	F	F	F	F	F	OCH_3	CH_3	H

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.1324	Cl	F	F	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1325	F	Cl	F	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1326	CN	F	F	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1327	F	CN	F	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1328	H	F	F	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1329	F	F	Br	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1330	F	F	C≡CH	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1331	CF_3	Cl	H	H	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1332	F	F	I	F	F	OCH_3	CH_3	H
I.a.1333	F	H	H	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1334	Cl	H	H	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1335	Br	H	H	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1336	CN	H	H	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1337	CH_3	H	H	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1338	F	H	H	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1339	Cl	H	H	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1340	F	H	H	Cl	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1341	Cl	H	H	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1342	CN	H	H	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1343	F	H	H	CN	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1344	CN	H	H	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1345	F	H	F	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1346	Cl	H	F	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1347	CN	H	F	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1348	F	F	F	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1349	Cl	F	F	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1350	F	Cl	F	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1351	Cl	F	F	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1352	CN	F	F	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1353	F	CN	F	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1354	CN	F	F	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1355	F	F	H	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1356	Cl	F	H	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1357	F	Cl	H	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1358	CN	F	H	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1359	F	CN	H	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.1360	F	F	F	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1361	Cl	F	F	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1362	F	Cl	F	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1363	CN	F	F	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1364	F	CN	F	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1365	H	F	F	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1366	F	F	Br	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1367	F	F	C≡CH	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1368	CF_3	Cl	H	H	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1369	F	F	I	F	F	OCH_3	CH_3	CH_3
I.a.1370	F	H	H	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1371	Cl	H	H	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1372	Br	H	H	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1373	CN	H	H	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1374	CH_3	H	H	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1375	F	H	H	F	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1376	Cl	H	H	F	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1377	F	H	H	Cl	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1378	Cl	H	H	F	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1379	CN	H	H	F	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1380	F	H	H	CN	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1381	CN	H	H	F	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1382	F	H	F	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1383	Cl	H	F	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1384	CN	H	F	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1385	F	F	F	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1386	Cl	F	F	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1387	F	Cl	F	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1388	Cl	F	F	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1389	CN	F	F	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1390	F	CN	F	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1391	CN	F	F	H	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1392	F	F	H	F	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1393	Cl	F	H	F	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1394	F	Cl	H	F	F	H	$-O(CH_2)_3-$	
I.a.1395	CN	F	H	F	F	H	$-O(CH_2)_3-$	

Số	R^a	R^b	R^c	R^d	R^e	R^2	R^3	R^4
I.a.1396	F	CN	H	F	F	H	-O(CH2)3-	
I.a.1397	F	F	F	F	F	H	-O(CH2)3-	
I.a.1398	Cl	F	F	F	F	H	-O(CH2)3-	
I.a.1399	F	Cl	F	F	F	H	-O(CH2)3-	
I.a.1400	CN	F	F	F	F	H	-O(CH2)3-	
I.a.1401	F	CN	F	F	F	H	-O(CH2)3-	
I.a.1402	H	F	F	F	F	H	-O(CH2)3-	
I.a.1403	F	F	Br	F	F	H	-O(CH2)3-	
I.a.1404	F	F	C≡CH	F	F	H	-O(CH2)3-	
I.a.1405	CF_3	Cl	H	H	F	H	-O(CH2)3-	
I.a.1406	F	F	I	F	F	H	-O(CH2)3-	

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, các azin hữu ích đối với sáng chế là các azin có công thức (I)



(I),

trong đó:

A là heteroaryl, được thế bằng từ 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 phần tử thế R^A được chọn từ nhóm bao gồm halogen, OH, CN, amino, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkenyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyloxy, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 22 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn và trong đó các phần vòng béo của 4 gốc được nêu cuối cùng có thể mang 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 nhóm metyl;

R^1 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 14 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 6 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^2 là H, halogen, OH, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, C_3-C_6-xycloalkoxy hoặc (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 9 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl,

trong đó phenyl trong 2 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^3 được chọn từ nhóm bao gồm H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^4 được chọn từ nhóm bao gồm H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, C_3-C_6-xycloalkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 7 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn; hoặc

R^3 và R^4 cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra gốc được chọn từ nhóm bao gồm cacbonyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh,

trong đó C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, hoặc heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh không được thế hoặc được thế bằng từ một đến ba phần tử thế được chọn từ halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy; và

R^5 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 14 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 6 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

và trong đó các biến thể A, R^1, R^2, R^3, R^4 và R^5 cụ thể là:

A là heteroaryl, được thế bằng từ 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 phần tử thế R^A được chọn từ nhóm bao gồm halogen, OH, CN, amino, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkenyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyloxy, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 22 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn và trong đó các phần vòng béo của 4 gốc được nêu cuối cùng có thể mang 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 nhóm metyl;

R^1 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-

alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 14 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 6 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^2 là H, halogen, OH, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, C_3-C_6-xycloalkoxy hoặc (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 9 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn hoặc phenyl, trong đó phenyl không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^3 được chọn từ nhóm bao gồm H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^4 được chọn từ nhóm bao gồm H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, C_3-C_6-xycloalkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 7 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn; hoặc

R^3 và R^4 cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra gốc được chọn từ nhóm bao gồm cacbonyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh,

trong đó C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, hoặc heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh không được thế hoặc được thế bằng từ một đến ba phần tử thế được chọn từ halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy; và

R^5 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-

C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 14 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 6 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

và trong đó các biến thể A, R^1, R^2, R^3, R^4 và R^5 cụ thể hơn là:

A là heteroaryl, được thế bằng từ 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 phần tử thế R^A được chọn từ nhóm bao gồm halogen, OH, CN, amino, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkenyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyloxy, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 22 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn và trong đó các phần vòng béo của 4 gốc được nêu cuối cùng có thể mang 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 nhóm metyl;

R^1 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 14 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 6 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^2 là H, halogen, OH, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, C_3-C_6-xycloalkoxy hoặc (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 9 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

R^3 được chọn từ nhóm bao gồm H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^4 được chọn từ nhóm bao gồm H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, C_3-C_6-xycloalkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 7 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn; hoặc

R^3 và R^4 cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra gốc được chọn từ nhóm bao gồm cacbonyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh,

trong đó C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, hoặc heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh không được thế hoặc được thế bằng từ một đến ba phần tử thế được chọn từ halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy; và

R^5 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 14 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 6 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

và trong đó các biến thể A, R^1, R^2, R^3, R^4 và R^5 là được ưu tiên:

A là heteroaryl, được thế bằng từ một đến sáu phần tử thế được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, OH, C_1-C_6-alkoxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, amino, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl;

R^1 là H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl hoặc phenylsulfonyl,

trong đó phenyl không được thế hoặc được thế bằng từ một đến năm phần tử thế được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl và C_1-C_6-alkoxy;

R^2 là H, halogen, OH, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, C_3-C_6-xycloalkoxy hoặc (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 9 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn

R^3 là H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl hoặc C_1-C_6-alkoxy;

R^4 là H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl hoặc C_1-C_6-haloalkyl; hoặc

R^3 và R^4 cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra gốc được chọn từ nhóm bao gồm cacbonyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh,

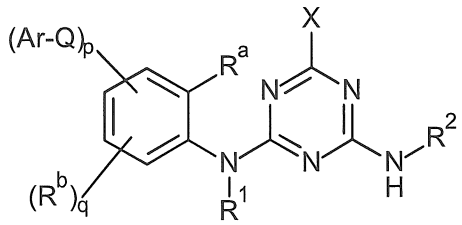
trong đó C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, hoặc heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh không được thế hoặc được thế bằng từ một đến ba phần tử thế được chọn từ halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy; và

R^5 là H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl hoặc phenylsulfonyl,

trong đó phenyl không được thế hoặc được thế bằng từ một đến năm phần tử thế được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl và C_1-C_6-alkoxy;

bao gồm các muối hoặc N-oxit nông dụng của chúng.

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, các azin hữu ích đối với sáng chế bao gồm hợp chất diaminotriazin có công thức (I):



trong đó:

p bằng 1 hoặc 2;

q bằng 0, 1, 2 hoặc 3 với điều kiện là p+q bằng 1, 2, 3 hoặc 4;

Q là liên kết hóa học, O, $S(O)_m$, $CR^{q1}R^{q2}$, NR^{q3}, C(O), C(O)O, $CR^{q1}R^{q2}$-O, $S(O)_mNR^{q3}$ hoặc $C(O)NR^{q3}$,

trong đó:

m bằng 0, 1 hoặc 2;

R^{q1}, R^{q2} là hydro, halogen hoặc C_1-C_4-alkyl;

R^{q3} là H, CN, C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, trong đó các phần béo của 6 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn;

Ar là phenyl, mà không được thế hoặc mang 1, 2, 3, 4 hoặc 5 gốc R^A được chọn từ nhóm bao gồm halogen, OH, CN, amino, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkenyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyloxy, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-

C_1-C_4-alkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 22 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn và trong đó các phần vòng béo của 4 gốc được nêu cuối cùng có thể mang 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 nhóm metyl,

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenylaminocacbonyl, phenyl(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 8 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy,

có thể là R^A là giống nhau hoặc khác nhau;

R^a được chọn từ nhóm bao gồm hydro, halogen, OH, CN, amino, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyloxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 14 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn;

R^b được chọn từ nhóm bao gồm halogen, OH, CN, amino, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkenyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyloxy, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 22 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn và trong đó các phần vòng béo của 4 gốc được nêu cuối cùng có thể mang 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 nhóm metyl,

đối với q = 2 hoặc 3 có thể là R^b là giống nhau hoặc khác nhau;

R^1 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-

C_1-C_6-alkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 15 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenylaminocacbonyl, phenyl(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 8 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^2 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_3-C_6-xycloalkyl)-cacbonyl C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 15 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

phenyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenylaminocacbonyl, phenyl(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, phenyl-C_1-C_6 alkyl, phenoxy, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 9 gốc nêu cuối cùng không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

X là gốc được chọn từ nhóm bao gồm

$CR^3R^4R^5$,

phenyl, mà không được thế hoặc mang 1, 2, 3, 4 hoặc 5 gốc $R^{Ar,}$ các gốc này giống nhau hoặc khác nhau;

$NR^{3a}R^{3b}$,

OR^{3c} và

$S(O)_kR^{3d}$ với k bằng 0, 1 hoặc 2

trong đó:

R^3 được chọn từ nhóm bao gồm H, halogen, OH, CN, C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, C_3-C_6-xycloalkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 9 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn;

R^4 được chọn từ nhóm bao gồm H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^5 được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, C_3-C_6-xycloalkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 7 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn;

R^4 và R^5 cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra gốc được chọn từ nhóm bao gồm cacbonyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, ba đến sáu heteroxyclyl có từ 3 đến 6 cạnh, no hoặc không no một phần, và gốc $>C=CR^xR^y$, trong đó R^x và R^y là hydro, C_1-C_4-alkyl hoặc C_1-C_4-haloalkyl;

R^{Ar} được chọn từ nhóm bao gồm halogen, OH, CN, amino, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkenyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyloxy, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 22 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn và trong đó các phần vòng béo của 4 gốc được nêu cuối cùng có thể mang 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 nhóm metyl,

R^{3a}, R^{3b}, R^{3c} hoặc R^{3d} độc lập với nhau được chọn từ nhóm bao gồm H, CN, $S(O)_2NH_2$, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_3-C_6-xycloalkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-

alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 15 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

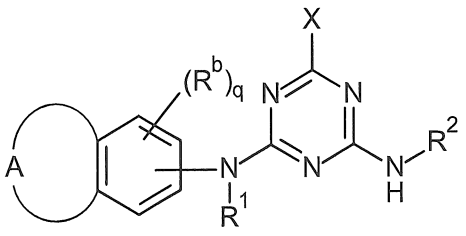
phenyl, phenylsulfonyl, phenyl-C_1-C_6 alkyl, phenylaminosulfonyl, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl, trong đó phenyl trong 6 gốc nêu cuối cùng không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy, hoặc

R^{3a}, R^{3b} cùng với nguyên tử nitơ mà chúng gắn vào, tạo ra gốc dị vòng một vòng hoặc hai vòng, liên kết với N, mà có thể có 1, 2, 3 hoặc 4 nguyên tử khác loại khác được chọn từ N, O và S, mà không được thế hoặc được thế bằng một hoặc nhiều phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy,

một trong số R^{3a}, R^{3b} cũng có thể là OH, C_1-C_6-alkoxy, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 7 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn, hoặc phenoxy, mà không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

bao gồm các muối nông dụng của chúng.

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, các azin hữu ích đối với sáng chế bao gồm hợp chất diaminotriazin có công thức:



trong đó:

A là vòng cacbon có 5 hoặc 6 cạnh, no hoặc không no, được ngưng tụ hoặc dị vòng có 5 hoặc 6 cạnh, no hoặc không no, được ngưng tụ có 1, 2 hoặc 3 nguyên tử khác loại hoặc các gốc nguyên tử khác loại, được chọn từ O, S, $S(O)_p$, N hoặc NR^c là thành phần vòng,

trong đó vòng cacbon và dị vòng không được thế hoặc mang 1, 2, 3 hoặc 4 gốc R^A;

p bằng 0, 1 hoặc 2

q bằng 0, 1, 2 hoặc 3;

R^A được chọn từ nhóm bao gồm halogen, OH, CN, amino, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkenyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyloxy, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 22 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn và trong đó các phần vòng béo của 4 gốc được nêu cuối cùng có thể mang 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 nhóm metyl,

có thể là R^A là giống nhau hoặc khác nhau, có thể là hai gốc R^A mà được liên kết ở nguyên tử cacbon giống nhau cùng nhau có thể là =O hoặc $=NR^d$;

R^b được chọn từ nhóm bao gồm halogen, OH, CN, amino, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkenyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyloxy, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 22 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn và trong đó các phần vòng béo của 4 gốc được nêu cuối cùng có thể mang 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 nhóm metyl,

đối với q = 2 hoặc 3 thì R^b có thể giống nhau hoặc khác nhau;

R^c được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 16 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

R^d được chọn từ nhóm bao gồm H, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 8 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn;

R^1 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkoxy, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 17 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenylaminocacbonyl, phenyl(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 8 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^2 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkoxy, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 17 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

phenyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenyl-C_1-C_6 alkyl, phenoxy, phenylaminocacbonyl, phenyl(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 8 gốc nêu cuối cùng không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

X là gốc được chọn từ nhóm bao gồm

$CR^3R^4R^5$

phenyl, mà không được thế hoặc mang 1, 2, 3, 4 hoặc 5 gốc R^{Ar} mà là giống nhau hoặc khác nhau;

$NR^{3a}R^{3b}$,

OR^{3c} và

$S(O)_kR^{3d}$ với k bằng 0, 1 hoặc 2,

trong đó:

R^3 được chọn từ nhóm bao gồm H, halogen, OH, CN, C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, C_3-C_6-xycloalkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 9 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn;

R^4 được chọn từ nhóm bao gồm H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^5 được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, C_3-C_6-xycloalkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 7 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn;

R^4 và R^5 cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra gốc được chọn từ nhóm bao gồm cacbonyl, thiocacbonyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, ba đến sáu heteroxyclyl có từ 3 đến 6 cạnh, no hoặc không no một phần, và gốc $>C=CR^xR^y$, trong đó R^x và R^y là hydro, C_1-C_4-alkyl hoặc C_1-C_4-haloalkyl;

R^{Ar} được chọn từ nhóm bao gồm halogen, OH, CN, amino, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkenyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyloxy, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 22 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn và trong đó các phần vòng béo của 4 gốc được nêu cuối cùng có thể mang 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 nhóm metyl,

R^{3a}, R^{3b}, R^{3c} hoặc R^{3d} độc lập với nhau được chọn từ nhóm bao gồm H, CN, $S(O)_2NH_2$, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_3-C_6-xycloalkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 16 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

phenyl, phenylsulfonyl, phenyl-C_1-C_6 alkyl, phenylaminosulfonyl, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl, trong đó phenyl trong 6 gốc nêu cuối cùng không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy, hoặc

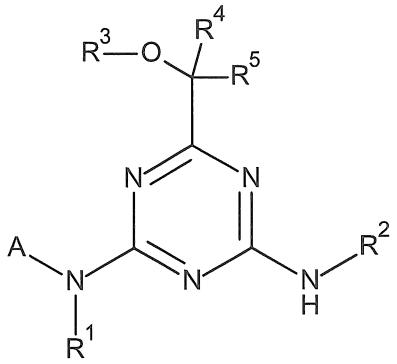
R^{3a}, R^{3b} cùng với nguyên tử nitơ mà chúng gắn vào, tạo ra gốc dị vòng một vòng hoặc hai vòng, liên kết với N,, mà có thể có 1, 2, 3 hoặc 4 nguyên tử khác loại khác được chọn từ N, O và S, mà không được thế hoặc được thế bằng một hoặc nhiều phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy,

một trong số R^{3a}, R^{3b} cũng có thể là OH, C_1-C_6-alkoxy, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 6 gốc nêu trên đây là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn, hoặc phenoxy, mà không được thế hoặc

được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

bao gồm các muối nông dụng của chúng.

Theo một phương án được ưu tiên khác nữa, các azin hữu ích đối với sáng chế bao gồm hợp chất diaminotriazin có công thức (I):



(I)

trong đó:

A là phenyl, được thế bằng flo ở vị trí ortho và ngoài ra có thể mang 1, 2, 3 hoặc 4 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau R^A được chọn từ nhóm bao gồm halogen, OH, CN, amino, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkenyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkynyl, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)-cacbonyl, C_3-C_6-xycloalkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 11 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn và trong đó các phần vòng béo của 4 gốc được nêu cuối cùng có thể mang 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 nhóm metyl;

R^1 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 14 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 6 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^2 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 14 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

phenyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenyl-C_1-C_6 alkyl, phenoxy, phenylcacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 6 gốc nêu cuối cùng không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^3 được chọn từ nhóm bao gồm C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl và di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 9 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn,

R^4 và R^5, cùng với nguyên tử cacbon mà chúng liên kết vào tạo ra gốc vòng cacbon no có 3, 4, 5 hoặc 6 cạnh hoặc gốc dị vòng no có 3, 4, 5 hoặc 6 cạnh, trong đó gốc vòng cacbon và gốc dị vòng là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn hoặc màng từ 1 đến 6 nhóm C_1-C_6-alkyl;

bao gồm các muối nông dụng của chúng.

Các hợp chất thuốc diệt cỏ (thành phần A) hữu ích đối với sáng chế như được bộc lộ SUPRA có thể còn được sử dụng kết hợp với thuốc diệt cỏ khác mà cây trồng thời vụ có khá năng dung nạp tự nhiên hoặc đã được làm cho dung nạp bằng cách gây đột biến

như được mô tả SUPRA, hoặc có tính kháng thông qua sự biểu hiện của một hoặc nhiều chất chuyển gen khác như nêu trên. các thuốc diệt cỏ ức chế CESA hữu ích đối với sáng chế thường được sử dụng tốt nhất kết hợp với một hoặc nhiều thuốc diệt cỏ để đạt được kiểm soát của một loạt thực vật không mong muốn. Khi được sử dụng kết hợp với thuốc diệt cỏ khác (sau đây gọi là hợp chất B), các hợp chất được yêu cầu bảo hộ có thể được phối trộn với thuốc diệt cỏ hoặc các thuốc diệt cỏ khác, được trộn thùng với thuốc diệt cỏ khác hoặc thuốc diệt cỏ, hoặc được sử dụng liên tiếp với thuốc diệt cỏ khác hoặc thuốc diệt cỏ.

Hợp chất thuốc diệt cỏ khác B (thành phần B) cụ thể được chọn từ thuốc diệt cỏ của lớp b1) đến b15):

b1) chất ức chế sinh tổng hợp lipit;

b2) chất ức chế axetolactat syntaza (chất ức chế ALS);

b3) các chất ức chế quang hợp;

b4) các chất ức chế protoporphyrinogen-IX oxidaza,

b5) thuốc diệt cỏ tẩy trắng;

b6) chất ức chế enolpyruvyl shikimat 3-phosphat syntaza (chất ức chế EPSP);

b7) các chất ức chế glutamin synthetaza;

b8) chất ức chế 7,8-dihydropteroat syntaza (các chất ức chế DHP);

b9) các chất ức chế gián phân;

b10) các chất ức chế tổng hợp axit béo mạch rất dài (các chất ức chế VLCFA);

b11) chất ức chế sinh tổng hợp xenluloza;

b12) thuốc diệt cỏ khử kết hợp;

b13) thuốc diệt cỏ auxinic;

b14) các chất vận chuyển auxin; và

b15) thuốc diệt cỏ khác được chọn từ nhóm bao gồm bromobutide, chlorflurenol, chlorflurenol-metyl, cinmetylin, cumyluron, dalapon, dazomet, difenzoquat, difenzoquat-metilsulfat, dimethipin, DSMA, dymron, endothal và muối của nó, etobenzanid, flamprop, flamprop-isopropyl, flamprop-metyl, flamprop-M-isopropyl,

flamprop-M-metyl, flurenol, flurenol-butyl, flurprimidol, fosamin, fosamin-amoni, indanofan, indaziflam, maleic hydrazit, mefluidide, metam, methiozolin (CAS 403640-27-7), metyl azit, metyl bromua, metyl-dymron, metyl iodua, MSMA, axit oleic, oxaziclomefon, axit pelargonic, pyributicarb, quinoclamin, triaziflam, tridiphan và 6-clo-3-(2-xyclopropyl-6-metylphenoxy)-4-pyridazinol (CAS 499223-49-3) và muối và este của nó;

bao gồm các muối hoặc dẫn xuất nông dụng của chúng như ete, este hoặc amit.

Ưu tiên được đưa ra đối với các chế phẩm theo sáng chế bao gồm ít nhất một thuốc diệt cỏ B được chọn từ thuốc diệt cỏ thuộc lớp b1, b6, b9, b10 và b11.

Các ví dụ về thuốc diệt cỏ B mà có thể được sử dụng kết hợp với hợp chất có công thức (I) theo sáng chế là:

b1) từ nhóm của chất ức chế sinh tổng hợp lipit:

thuốc diệt cỏ ACC như alloxydim, alloxydim-natri, butroxydim, clethodim, clodinafop, clodinafop-propargyl, xycloxydim, cyhalofop, cyhalofop-butyl, diclofop, diclofop-metyl, fenoxaprop, fenoxaprop-etyl, fenoxaprop-P, fenoxaprop-P-etyl, fluazifop, fluazifop-butyl, fluazifop-P, fluazifop-P-butyl, haloxyfop, haloxyfop-metyl, haloxyfop-P, haloxyfop-P-metyl, metamifop, pinoxaden, profoxydim, propaquizafop, quizalofop, quizalofop-etyl, quizalofop-tefuryl, quizalofop-P, quizalofop-P-etyl, quizalofop-P-tefuryl, setoxydim, tepraloxydim, tralkoxydim,

4-(4'-Clo-4-xyclopropyl-2'-flo[1,1'-biphenyl]-3-yl)-5-hydroxy-2,2,6,6-tetrametyl-2H-pyran-3(6H)-on (CAS 1312337-72-6); 4-(2',4'-Diclo-4-xyclopropyl[1,1'-biphenyl]-3-yl)-5-hydroxy-2,2,6,6-tetrametyl-2H-pyran-3(6H)-on (CAS 1312337-45-3); 4-(4'-Clo-4-etyl-2'-flo[1,1'-biphenyl]-3-yl)-5-hydroxy-2,2,6,6-tetrametyl-2H-pyran-3(6H)-on (CAS 1033757-93-5); 4-(2',4'-Diclo-4-etyl[1,1'-biphenyl]-3-yl)-2,2,6,6-tetrametyl-2H-pyran-3,5(4H,6H)-dion (CAS 1312340-84-3); 5-(Axetyloxy)-4-(4'-clo-4-xyclopropyl-2'-flo[1,1'-biphenyl]-3-yl)-3,6-dihydro-2,2,6,6-tetrametyl-2H-pyran-3-on (CAS 1312337-48-6); 5-(Axetyloxy)-4-(2′,4'-diclo-4-xyclopropyl-[1,1'-biphenyl]-3-yl)-3,6-dihydro-2,2,6,6-tetrametyl-2H-pyran-3-on; 5-(Axetyloxy)-4-(4'-clo-4-etyl-2'-flo[1,1'-biphenyl]-3-yl)-3,6-dihydro-2,2,6,6-tetrametyl-2H-pyran-3-on (CAS 1312340-82-1); 5-(Axetyloxy)-4-(2',4'-diclo-4-etyl[1,1'-biphenyl]-3-yl)-3,6-dihydro-2,2,6,6-tetrametyl-2H-pyran-3-on (CAS 1033760-55-2); metyl este của axit 4-(4'-Clo-4-

xyclopropyl-2'-flo[1,1'-biphenyl]-3-yl)-5,6-dihydro-2,2,6,6-tetrametyl-5-oxo-2H-pyran-3-yl carbonic (CAS 1312337-51-1); metyl este của axit 4-(2′,4'-Diclo-4-xyclopropyl-[1,1'-biphenyl]-3-yl)-5,6-dihydro-2,2,6,6-tetrametyl-5-oxo-2H-pyran-3-yl carbonic; metyl este của axit 4-(4'-Clo-4-etyl-2'-flo[1,1'-biphenyl]-3-yl)-5,6-dihydro-2,2,6,6-tetrametyl-5-oxo-2H-pyran-3-yl carbonic (CAS 1312340-83-2); metyl este của axit 4-(2',4'-Diclo-4-etyl[1,1'-biphenyl]-3-yl)-5,6-dihydro-2,2,6,6-tetrametyl-5-oxo-2H-pyran-3-yl carbonic (CAS 1033760-58-5); và thuốc diệt cỏ không phải ACC như benfuresat, butylat, xycloat, dalapon, dimepiperat, EPTC, esprocarb, ethofumesat, flupropanat, molinat, orbencarb, pebulat, prosulfocarb, TCA, thiobencarb, tiocarbazil, triallat và vernolat;

b2) từ nhóm của chất ức chế ALS:

sulfonylure như amidosulfuron, azimsulfuron, bensulfuron, bensulfuron-metyl, chlorimuron, chlorimuron-etyl, chlorsulfuron, cinosulfuron, xyclosulfamuron, ethametsulfuron, ethametsulfuron-metyl, etoxysulfuron, flazasulfuron, flucetosulfuron, flupyrsulfuron, flupyrsulfuron-metyl-natri, foramsulfuron, halosulfuron, halosulfuron-metyl, imazosulfuron, iodosulfuron, iodosulfuron-metyl-natri, iofensulfuron, iofensulfuron-natri, mesosulfuron, metazosulfuron, metsulfuron, metsulfuron-metyl, nicosulfuron, orthosulfamuron, oxasulfuron, primisulfuron, primisulfuron-metyl, propyrisulfuron, prosulfuron, pyrazosulfuron, pyrazosulfuron-etyl, rimsulfuron, sulfometuron, sulfometuron-metyl, sulfosulfuron, thifensulfuron, thifensulfuron-metyl, triasulfuron, tribenuron, tribenuron-metyl, trifloxysulfuron, triflusulfuron, triflusulfuron-metyl và tritosulfuron,

imidazolinon như imazamethabenz, imazamethabenz-metyl, imazamox, imazapic, imazapyr, imazaquin và imazethapyr, thuốc diệt cỏ triazolopyrimidin và sulfonanilit như cloransulam, cloransulam-metyl, diclosulam, flumetsulam, florasulam, metosulam, penoxsulam, pyrimisulfan và pyroxsulam,

pyrimidinylbenzoat như bispyribac, bispyribac-natri, pyribenzoxim, pyriftalid, pyriminobac, pyriminobac-metyl, pyrithiobac, pyrithiobac-natri, 1-metyletyl ester của axit 4-[[[2-[(4,6-dimetoxy-2-pyrimidinyl)oxy]phenyl]metyl]amino]-benzoic (CAS

420138-41-6), propyl este của axit 4-[[[2-[(4,6-dimetoxy-2-pyrimidinyl)oxy]phenyl]-metyl]amino]-benzoic (CAS 420138-40-5), N-(4-bromophenyl)-2-[(4,6-dimetoxy-2-pyrimidinyl)oxy]benzenmethanamin (CAS 420138-01-8),

thuốc diệt cỏ sulfonylaminocacbonyl-triazolinon như flucarbazon, flucarbazon-natri, propoxycarbazon, propoxycarbazon-natri, thiencarbazon và thiencarbazon-metyl; và triafamon;

trong số này, phương án được ưu tiên theo sáng chế đề cập đến chế phẩm bao gồm ít nhất một thuốc diệt cỏ imidazolinon;

b3) từ nhóm của các chất ức chế quang hợp:

amicarbazon, chất ức chế hệ thống quang hóa II, chẳng hạn thuốc diệt cỏ triazin, bao gồm clotriazin, triazinon, triazindion, metylthiotriazin và pyridazinon như ametryn, atrazin, chloridazon, cyanazin, desmetryn, dimethametryn, hexazinon, metribuzin, prometon, prometryn, propazin, simazin, simetryn, terbumeton, terbuthylazin, terbutryn và trietazin, aryl ure như clobromuron, clotoluron, cloxuron, dimefuron, diuron, fluometuron, isoproturon, isouron, linuron, metamitron, methabenzthiazuron, metobenzuron, metoxuron, monolinuron, neburon, siduron, tebuthiuron và thiadiazuron, phenyl carbamat như desmedipham, karbutilat, phenmedipham, phenmedipham-etyl, thuốc diệt cỏ nitril như bromofenoxim, bromoxynil và muối và este của nó, ioxynil và muối và este của nó, các uraxil như bromaxil, lenaxil và terbaxil, và bentazon và bentazon-natri, pyridat, pyridafol, pentanochlor và propanil và chất ức chế hệ thống quang hóa I như diquat, diquat-dibromua, paraquat, paraquat-diclorua và paraquat-dimetilsulfat. Trong số này, phương án được ưu tiên theo sáng chế đề cập đến chế phẩm bao gồm ít nhất một thuốc diệt cỏ aryl ure. Trong số này, tương tự, phương án được ưu tiên theo sáng chế đề cập đến chế phẩm bao gồm ít nhất một triazin thuốc diệt cỏ. Trong số này, tương tự, phương án được ưu tiên theo sáng chế đề cập đến chế phẩm bao gồm ít nhất một thuốc diệt cỏ nitril;

b4) từ nhóm của các chất ức chế protoporphyrinogen-IX oxidaza:

acifluorfen, acifluorfen-natri, azafenidin, bencarbazon, benzfendizon, bifenox, butafenacil, carfentrazon, carfentrazon-etyl, chlometoxyfen, cinidon-etyl, fluazolat, flufenpyr, flufenpyr-etyl, flumiclorac, flumiclorac-pentyl, flumioxazin, floglycofen, floglycofen-etyl, fluthiacet, fluthiacet-metyl, fomesafen, halosafen, lactofen,

oxadiargyl, oxadiazon, oxyfluorfen, pentoxazon, profluazol, pyraclonil, pyraflufen, pyraflufen-etyl, saflufenacil, sulfentrazon, thidiazimin, tiafenaxil, etyl [3-[2-clo-4-flo-5-(1-metyl-6-triflometyl-2,4-dioxo-1,2,3,4-tetrahydropyrimidin-3-yl)phenoxy]-2-pyridyloxy]axetat (CAS 353292-31-6; S-3100), N-etyl-3-(2,6-diclo-4-triflometylphenoxy)-5-metyl-1*H*-pyrazol-1-carboxamit (CAS 452098-92-9), N-tetrahydrofurfuryl-3-(2,6-diclo-4-triflometylphenoxy)-5-metyl-1*H*-pyrazol-1-carboxamit (CAS 915396-43-9), N-etyl-3-(2-clo-6-flo-4-triflometylphenoxy)-5-metyl-1*H*-pyrazol-1-carboxamit (CAS 452099-05-7), N-tetrahydrofurfuryl-3-(2-clo-6-flo-4-triflometylphenoxy)-5-metyl-1*H*-pyrazol-1-carboxamit (CAS 452100-03-7), 3-[7-flo-3-oxo-4-(prop-2-ynyl)-3,4-dihydro-2H-benzo[1,4]oxazin-6-yl]-1,5-dimetyl-6-thioxo-[1,3,5]triazinan-2,4-dion, 1,5-dimetyl-6-thioxo-3-(2,2,7-triflo-3-oxo-4-(prop-2-ynyl)-3,4-dihydro-2H-benzo[b][1,4]oxazin-6-yl)-1,3,5-triazinan-2,4-dion (CAS 1258836-72-4), 2-(2,2,7-Triflo-3-oxo-4-prop-2-ynyl-3,4-dihydro-2H-benzo[1,4]oxazin-6-yl)-4,5,6,7-tetrahydro-isoindol-1,3-dion, 1-Metyl-6-triflometyl-3-(2,2,7-triflo-3-oxo-4-prop-2-ynyl-3,4-dihydro-2H-benzo[1,4]oxazin-6-yl)-1H-pyrimidin-2,4-dion, metyl (*E*)-4-[2-clo-5-[4-clo-5-(diflometoxy)-1*H*-metyl-pyrazol-3-yl]-4-flo-phenoxy]-3-metoxy-but-2-enoat [CAS 948893-00-3], và 3-[7-Clo-5-flo-2-(triflometyl)-1H-benzimidazol-4-yl]-1-metyl-6-(triflometyl)-1H-pyrimidin-2,4-dion (CAS 212754-02-4);

b5) từ nhóm của thuốc diệt cỏ tẩy trắng:

chất ức chế PDS: beflubutamid, diflufenican, fluridon, flurochloridon, flurtamon, norflurazon, picolinafen, và 4-(3-triflometylphenoxy)-2-(4-triflometylphenyl)pyrimidin (CAS 180608-33-7), chất ức chế HPPD: benzobixyclon, benzofenap, clomazon, fenquintrion, isoxaflutol, mesotrion, pyrasulfotol, pyrazolynat, pyrazoxyfen, sulcotrion, tefuryltrion, tembotrion, topramezon và bixyclopyron, chất tẩy trắng, đích chưa biết: aclonifen, amitrol và flumeturon;

b6) từ nhóm của chất ức chế EPSP syntaza:

glyphosat, glyphosat-isopropylamoni, glyposat-kali và glyphosat-trimesium (sulfosat);

b7) từ nhóm của chất ức chế glutamin syntaza:

bilanaphos (bialaphos), bilanaphos-natri, glufosinat, glufosinat-P và glufosinat-amoni;

b8) từ nhóm của chất ức chế DHP syntaza:

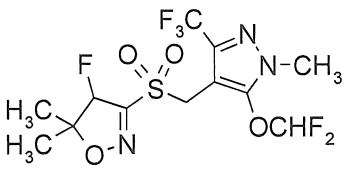
asulam;

b9) từ nhóm của các chất ức chế gián phân:

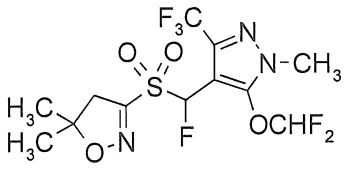
hợp chất của nhóm K1: dinitroanilin như benfluralin, butralin, dinitramin, ethalfluralin, fluchloralin, oryzalin, pendimethalin, prodiamin và trifluralin, phosphoramidat như amiprophos, amiprophos-metyl, và butamiphos, thuốc diệt cỏ axit benzoic như chlorthal, chlorthal-dimetyl, pyridin như dithiopyr và thiazopyr, benzamit như propyzamit và tebutam; hợp chất của nhóm K2: chlorpropham, propham và carbetamit, trong số này, hợp chất của nhóm K1, cụ thể, dinitroanilin là được ưu tiên;

b10) từ nhóm của chất ức chế VLCFA:

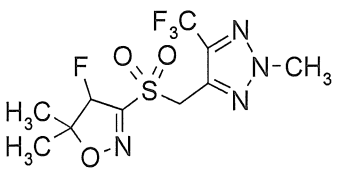
cloaxetamit như axetochlor, alachlor, butachlor, dimethachlor, dimethenamid, dimethenamid-P, metazachlor, metolachlor, metolachlor-S, pethoxamid, pretilachlor, propachlor, propisochlor và thenylchlor, oxyaxetanilit như flufenacet và mefenacet, axetanilit như diphenamid, naproanilit, napropamit và napropamit-M, tetrazolinon như fentrazamit, và thuốc diệt cỏ khác như anilofos, cafenstrol, fenoxasulfon, ipfencarbazon, piperophos, hợp chất pyroxasulfon và isoxazolin có các công thức II.1, II,2, II,3, II.4, II,5, II,6, II,7, II,8 và II,9



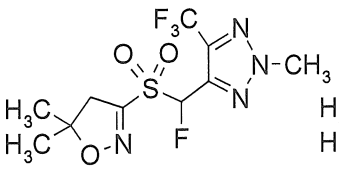
II.1



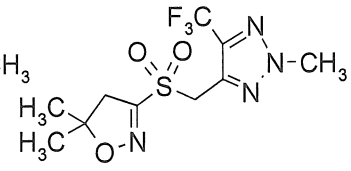
II.2



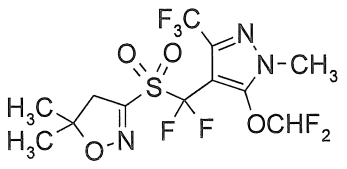
II.3



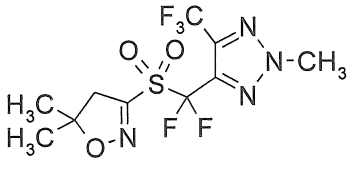
II.4



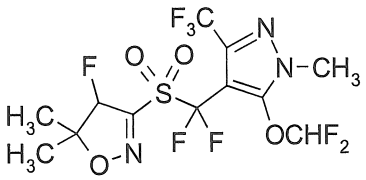
II.5



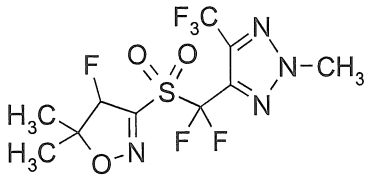
II.6



II.7



II.8



II.9

hợp chất isoxazolin có công thức (I)I được biết trong lĩnh vực, chẳng hạn từ WO 2006/024820, WO 2006/037945, WO 2007/071900 và WO 2007/096576;

trong số các chất ức chế VLCFA, được ưu tiên là cloaxetamit và oxyaxetamit;

b11) từ nhóm của chất ức chế sinh tổng hợp xenluloza:

chlorthiamid, dichlobenil, flupoxam, isoxaben và 1-Xyclohexyl-5-pentafluorphenyloxy-1^4-[1,2,4,6]thiatriazin-3-ylamin;

b12) từ nhóm của thuốc diệt cỏ khử kết hợp:

dinoseb, dinoterb và DNOC và muối của nó;

b13) từ nhóm của thuốc diệt cỏ auxinic:

2,4-D và muối và este của nó như clacyfos, 2,4-DB và muối và este của nó, aminoxyclopyrachlor và muối và este của nó, aminopyralid và muối của nó như aminopyralid-dimetylamoni, aminopyralid-tris(2-hydroxypropyl)amoni và este của nó, benazolin, benazolin-etyl, chloramben và muối và este của nó, clomeprop, clopyralid và muối và este của nó, dicamba và muối và este của nó, dichlorprop và muối và este của nó, dichlorprop-P và muối và este của nó, fluroxypyr, fluroxypyr-butometyl, fluroxypyr-meptyl, halauxifen và muối và este của nó (CAS 943832-60-8); MCPA và muối và este của nó, MCPA-thioetyl, MCPB và muối và este của nó, mecoprop và muối và este của nó, mecoprop-P và muối và este của nó, picloram và muối và este của nó, quinclorac, quinmerac, TBA (2,3,6) và muối và este của nó và triclopyr và muối và este của nó;

b14) từ nhóm của các chất vận chuyển auxin: diflufenzopyr, diflufenzopyr-natri,

naptalam và naptalam-natri;

b15) từ nhóm của thuốc diệt cỏ khác: bromobutide, chlorflurenol, chlorflurenol-metyl, cinmetylin, cumyluron, xyclopyrimorat (CAS 499223-49-3) và muối và este của nó, dalapon, dazomet, difenzoquat, difenzoquat-metilsulfat, dimethipin, DSMA, dymron, endothal và muối của nó, etobenzanid, flamprop, flamprop-isopropyl, flamprop-metyl, flamprop-M-isopropyl, flamprop-M-metyl, flurenol, flurenol-butyl, flurprimidol, fosamin, fosamin-amoni, indanofan, indaziflam, maleic hydrazit, mefluidide, metam, methiozolin (CAS 403640-27-7), metyl azit, metyl bromua, metyl-dymron, metyl iodua, MSMA, axit oleic, oxaziclomefon, axit pelargonic, pyributicarb, quinoclamin, triaziflam và tridiphan.

Hợp chất hoạt tính B và C có nhóm carboxyl có thể được sử dụng ở dạng axit, ở dạng muối nông dụng như nêu trên hoặc ở dạng dẫn xuất nông dụng trong các chế phẩm theo sáng chế.

Trong trường hợp của dicamba, muối thích hợp bao gồm các muối, trong đó ion trái dấu là cation nông dụng. Ví dụ, muối thích hợp của dicamba là dicamba-natri, dicamba-kali, dicamba-metylamoni, dicamba-dimetylamoni, dicamba-isopropylamoni, dicamba-diglycolamin, dicamba-olamin, dicamba-diolamin, dicamba-trolamin, dicamba-N,N-bis-(3-aminopropyl)metylamin và dicamba-dietylentriamin. Các ví dụ về este thích hợp là dicamba-metyl và dicamba-butotyl.

Muối thích hợp của 2,4-D là 2,4-D-amoni, 2,4-D-dimetylamoni, 2,4-D-dietylamoni, 2,4-D-dietanolamoni (2,4-D-diolamin), 2,4-D-trietanolamoni, 2,4-D-isopropylamoni, 2,4-D-triisopropanolamoni, 2,4-D-heptylamoni, 2,4-D-dodexylamoni, 2,4-D-tetradexylamoni, 2,4-D-trietylamoni, 2,4-D-tris(2-hydroxypropyl)amoni, 2,4-D-tris(isopropyl)amoni, 2,4-D-trolamin, 2,4-D-lithi, 2,4-D-natri. Các ví dụ về este thích hợp của 2,4-D là 2,4-D-butotyl, 2,4-D-2-butoxypropyl, 2,4-D-3-butoxypropyl, 2,4-D-butyl, 2,4-D-etyl, 2,4-D-etylhexyl, 2,4-D-isobutyl, 2,4-D-isooctyl, 2,4-D-isopropyl, 2,4-D-meptyl, 2,4-D-metyl, 2,4-D-octyl, 2,4-D-pentyl, 2,4-D-propyl, 2,4-D-tefuryl và clacyfos.

Muối thích hợp của 2,4-DB là ví dụ 2,4-DB-natri, 2,4-DB-kali và 2,4-DB-dimetyl-amoni. Este thích hợp của 2,4-DB là ví dụ 2,4-DB-butyl và 2,4-DB-isoctyl.

Muối thích hợp của dichlorprop là ví dụ dichlorprop-natri, dichlorprop-kali và

dichlorprop-dimetylamoni. Các ví dụ về este thích hợp của dichlorprop là dichlorprop-butotyl và dichlorprop-isoctyl.

Muối và este thích hợp của MCPA bao gồm MCPA-butotyl, MCPA-butyl, MCPA-dimetylamoni, MCPA-diolamin, MCPA-etyl, MCPA-thioetyl, MCPA-2-etylhexyl, MCPA-isobutyl, MCPA-isoctyl, MCPA-isopropyl, MCPA-isopropylamoni, MCPA-metyl, MCPA-olamin, MCPA-kali, MCPA-natri và MCPA-trolamin.

Muối thích hợp của MCPB là MCPB natri. Este thích hợp của MCPB là MCPB-etyl.

Muối thích hợp của clopyralid là clopyralid-kali, clopyralid-olamin và clopyralid-tris-(2-hydroxypropyl)amoni. Ví dụ về este thích hợp của clopyralid là clopyralid-metyl.

Các ví dụ về este thích hợp của fluroxypyr là fluroxypyr-meptyl và fluroxypyr-2-butoxy-1-metyletyl, trong đó fluroxypyr-meptyl là được ưu tiên.

Muối thích hợp của picloram là picloram-dimetylamoni, picloram-kali, picloram-triisopropanolamoni, picloram-triisopropylamoni và picloram-trolamin. Este thích hợp của picloram là picloram-isoctyl.

Muối thích hợp của triclopyr là triclopyr-trietylamoni. Este thích hợp của triclopyr là ví dụ triclopyr-etyl và triclopyr-butotyl.

Muối và este thích hợp của chloramben bao gồm chloramben-amoni, chloramben-diolamin, chloramben-metyl, chloramben-metylamoni và chloramben-natri. Muối và este thích hợp của 2,3,6-TBA bao gồm 2,3,6-TBA-dimetylamoni, 2,3,6-TBA-lithi, 2,3,6-TBA-kali và 2,3,6-TBA-natri.

Muối và este thích hợp của aminopyralid bao gồm aminopyralid-kali, aminopyralid-dimetylamoni, và aminopyralid-tris(2-hydroxypropyl)amoni.

Muối thích hợp của glyphosat là ví dụ glyphosat-amoni, glyphosat-diamoni, glyphost-dimetylamoni, glyphosat-isopropylamoni, glyphosat-kali, glyphosat-natri, glyphosat-trimesium cũng như muối etanolamin và dietanolamin, tốt hơn là glyphosat-diamoni, glyphosat-isopropylamoni *và* glyphosat-trimesium (sulfosat).

Muối thích hợp của glufosinat là ví dụ glufosinat-amoni.

Muối thích hợp của glufosinat-P là ví dụ glufosinat-P-amoni.

Muối và este thích hợp của bromoxynil là ví dụ bromoxynil-butyrat, bromoxynil-heptanoat, bromoxynil-octanoat, bromoxynil-kali và bromoxynil-natri.

Muối và este thích hợp của ioxonil là ví dụ ioxonil-octanoat, ioxonil-kali và ioxonil-natri.

Muối và este thích hợp của mecoprop bao gồm mecoprop-butotyl, mecoprop-dimetylamoni, mecoprop-diolamin, mecoprop-ethadyl, mecoprop-2-etylhexyl, mecoprop-isoctyl, mecoprop-metyl, mecoprop-kali, mecoprop-natri và mecoprop-trolamin.

Muối thích hợp của mecoprop-P là ví dụ mecoprop-P-butotyl, mecoprop-P-dimetylamoni, mecoprop-P-2-etylhexyl, mecoprop-P-isobutyl, mecoprop-P-kali và mecoprop-P-natri.

Muối thích hợp của diflufenzopyr là ví dụ diflufenzopyr-natri.

Muối thích hợp của naptalam là ví dụ naptalam-natri.

Muối và este thích hợp của aminoxyclopyrachlor là ví dụ aminoxyclopyrachlor-dimetylamoni, aminoxyclopyrachlor-metyl, aminoxyclopyrachlor-triisopropanolamoni, aminoxyclopyrachlor-natri và aminoxyclopyrachlor-kali.

Muối thích hợp của quinclorac là ví dụ quinclorac-dimetylamoni.

Muối thích hợp của quinmerac là ví dụ quinclorac-dimetylamoni.

Muối thích hợp của imazamox là ví dụ imazamox-amoni.

Muối thích hợp of imazapic là ví dụ imazapic-amoni và imazapic-isopropylamoni.

Muối thích hợp của imazapyr là ví dụ imazapyr-amoni và imazapyr-isopropylamoni.

Muối thích hợp của imazaquin là ví dụ imazaquin-amoni.

Muối thích hợp của imazethapyr là ví dụ imazethapyr-amoni và imazethapyr-isopropylamoni.

Muối thích hợp của topramezon là ví dụ topramezon-natri.

Hợp chất có hoạt tính diệt cỏ B được đặc biệt ưu tiên là thuốc diệt cỏ B như được xác định ở trên; cụ thể thuốc diệt cỏ B.1 - B.189 được liệt kê dưới đây trong bảng B:

Bảng B:

	Thuốc diệt cỏ B
B.1	clethodim
B.2	clodinafop-propargyl
B.3	xycloxydim
B.4	cyhalofop-butyl
B.5	fenoxaprop-etyl
B.6	fenoxaprop-P-etyl
B.7	metamifop
B.8	pinoxaden
B.9	profoxydim
B.10	setoxydim
B.11	tepraloxydim
B.12	tralkoxydim
B.13	esprocarb
B.14	ethofumesat
B.15	molinat
B.16	prosulfocarb
B.17	thiobencarb
B.18	triallat
B.19	bensulfuron-metyl
B.20	bispyribac-natri
B.21	cloransulam-metyl
B.22	chlorsulfuron
B.23	clorimuron
B.24	xyclosulfamuron
B.25	diclosulam
B.26	florasulam
B.27	flumetsulam
B.28	flupyrsulfuron-metyl-natri
B.29	foramsulfuron
B.30	imazamox
B.31	imazamox-amoni
B.32	imazapic
B.33	imazapic-amoni
B.34	imazapic-isopropylamoni
B.35	imazapyr
B.36	imazapyr-amoni
B.37	imazapyr-isopropylamoni
B.38	imazaquin
B.39	imazaquin-amoni
B.40	imazethapyr
B.41	imazethapyr-amoni
B.42	imazethapyr-isopropylamoni
B.43	imazosulfuron
B.44	iodosulfuron-metyl-natri
B.45	iofensulfuron
B.46	iofensulfuron-natri
B.47	mesosulfuron-metyl
B.48	metazosulfuron
B.49	metsulfuron-metyl
B.50	metosulam
B.51	nicosulfuron
B.52	penoxsulam
B.53	propoxycarbazon-natri
B.54	pyrazosulfuron-etyl
B.55	pyribenzoxim
B.56	pyriftalid
B.57	pyroxsulam
B.58	propyrisulfuron
B.59	rimsulfuron
B.60	sulfosulfuron
B.61	thiencarbazon-metyl
B.62	thifensulfuron-metyl
B.63	tribenuron-metyl
B.64	tritosulfuron
B.65	triafamon
B.66	ametryne
B.67	atrazin

	Thuốc diệt cỏ B
B.68	bentazon
B.69	bromoxynil
B.70	bromoxynil-octanoat
B.71	bromoxynil-heptanoat
B.72	bromoxynil-kali
B.73	diuron
B.74	fluometuron
B.75	hexazinon
B.76	isoproturon
B.77	linuron
B.78	metamitron
B.79	metribuzin
B.80	propanil
B.81	simazin
B.82	terbuthylazin
B.83	terbutryn
B.84	paraquat-diclorua
B.85	acifluorfen
B.86	butafenacil
B.87	carfentrazon-etyl
B.88	flumioxazin
B.89	fomesafen
B.90	oxadiargyl
B.91	oxyfluorfen
B.92	saflufenacil
B.93	sulfentrazon
B.94	etyl [3-[2-clo-4-flo-5-(1-metyl-6-triflometyl-2,4-di-oxo-1,2,3,4-tetrahydropyri-midin-3-yl)phenoxy]-2-pyridyloxy]axetat (CAS 353292-31-6)

	Thuốc diệt cỏ B
B.95	1,5-dimetyl-6-thioxo-3-(2,2,7-triflo-3-oxo-4-(prop-2-ynyl)-3,4-dihydro-2H-benzo[b][1,4]oxazin-6-yl)-1,3,5-triazinan-2,4-dion (CAS 1258836-72-4)
B.96	benzobixyclon
B.97	clomazon
B.98	diflufenican
B.99	flurochloridon
B.100	isoxaflutol
B.101	mesotrion
B.102	norflurazon
B.103	picolinafen
B.104	sulcotrion
B.105	tefuryltrion
B.106	tembotrion
B.107	topramezon
B.108	topramezon-natri
B.109	bixyclopyron
B.110	amitrol
B.111	fluometuron
B.112	fenquintrion
B.113	glyphosat
B.114	glyphosat-amoni
B.115	glyphosat-dimetylamoni
B.116	glyphosat-isopropylamoni
B.117	glyphosat-trimesium (sulfosat)
B.118	glyphosat-kali
B.119	glufosinat
B.120	glufosinat-amoni
B.121	glufosinat-P
B.122	glufosinat-P-amoni
B.123	pendimethalin
B.124	trifluralin

	Thuốc diệt cỏ B
B.125	axetochlor
B.126	butachlor
B.127	cafenstrol
B.128	dimethenamid-P
B.129	fentrazamit
B.130	flufenacet
B.131	mefenacet
B.132	metazachlor
B.133	metolachlor
B.134	S-metolachlor
B.135	pretilachlor
B.136	fenoxasulfon
B.137	isoxaben
B.138	ipfencarbazon
B.139	pyroxasulfon
B.140	2,4-D
B.141	2,4-D-isobutyl
B.142	2,4-D-dimetylamoni
B.143	2,4-D-N,N,N-trimetyletanolamoni
B.144	aminopyralid
B.145	aminopyralid-metyl
B.146	aminopyralid-dimetylamoni
B.147	aminopyralid-tris(2-hydroxypropyl)amoni
B.148	clopyralid
B.149	clopyralid-metyl
B.150	clopyralid-olamin
B.151	dicamba
B.152	dicamba-butotyl
B.153	dicamba-diglycolamin
B.154	dicamba-dimetylamoni
B.155	dicamba-diolamin
B.156	dicamba-isopropylamoni
B.157	dicamba-kali

	Thuốc diệt cỏ B
B.158	dicamba-natri
B.159	dicamba-trolamin
B.160	dicamba-N,N-bis-(3-aminopropyl)metylamin
B.161	dicamba-dietylentriamin
B.162	fluroxypyr
B.163	fluroxypyr-meptyl
B.164	MCPA
B.165	MCPA-2-etylhexyl
B.166	MCPA-dimetylamoni
B.167	quinclorac
B.168	quinclorac-dimetylamoni
B.169	quinmerac
B.170	quinmerac-dimetylamoni
B.171	aminoxyclopyrachlor
B.172	aminoxyclopyrachlor-kali
B.173	aminoxyclopyrachlor-metyl
B.174	diflufenzopyr
B.175	diflufenzopyr-natri
B.176	dymron
B.177	indanofan
B.178	indaziflam
B.179	oxaziclomefon
B.180	triaziflam
B.181	II.1
B.182	II.2
B.183	II.3
B.184	II.4
B.185	II.5
B.186	II,6
B.187	II.7
B.188	II.8
B.189	II.9

Ngoài ra, có thể hữu ích nếu áp dụng hợp chất có công thức (I) kết hợp với chất làm an toàn và tùy ý với một hoặc nhiều thuốc diệt cỏ khác. Chất làm an toàn là hợp chất hóa học ngăn ngừa hoặc làm giảm sự tổn hại đối với cây trồng có ích mà không có ảnh hưởng đáng kể đến tác dụng diệt cỏ của hợp chất có công thức (I) đối với thực vật không mong muốn. Chúng có thể được áp dụng trước khi gieo (chẳng hạn trong quá trình xử lý hạt giống, chồi hoặc cây giống con) hoặc trong ứng dụng trước khi nảy mầm hoặc ứng dụng sau khi nảy mầm của cây trồng có ích. Chất làm an toàn và hợp chất có công thức (I) và tùy ý thuốc diệt cỏ B có thể được áp dụng đồng thời hoặc liên tiếp.

Chất làm an toàn thích hợp là chẳng hạn axit (quinolin-8-oxy)axetic, axit 1-phenyl-5-haloalkyl-1H-1,2,4-triazol-3-carboxylic, axit 1-phenyl-4,5-dihydro-5-alkyl-1H-pyrazol-3,5-dicarboxylic, axit 4,5-dihydro-5,5-diaryl-3-isoxazol carboxylic, dicloaxetamit, alpha-oximinophenylaxetonitril, axetophenonoxim, 4,6-dihalo-2-phenylpyrimidin, N-[[4-(aminocacbonyl)phenyl]sulfonyl]-2-benzoic amit, 1,8-naphtalic anhydrit, axit 2-halo-4-(haloalkyl)-5-thiazol carboxylic, phosphorthiolat và N-alkyl-O-phenylcarbamat và muối nông dụng của chúng và dẫn xuất nông dụng của chúng như amit, este, và thioeste, với điều kiện chúng có nhóm axit.

Các ví dụ về chất làm an toàn C được ưu tiên là benoxacor, cloquintocet, cyometrinil, cyprosulfamit, dichlormid, dixyclonon, dietholat, fenchlorazol, fenclorim, flurazol, fluxofenim, furilazol, isoxadifen, mefenpyr, mephenat, naphtalic anhydrit, oxabetrinil, 4-(dicloaxetyl)-1-oxa-4-azaspiro[4,5]decan (MON4660, CAS 71526-07-3), 2,2,5-trimetyl-3-(dicloaxetyl)-1,3-oxazolidin (R-29148, CAS 52836-31-4) và N-(2-Metoxybenzoyl)-4-[(metylaminocacbonyl)amino]benzensulfonamit (CAS 129531-12-0).

Chất làm an toàn C được đặc biệt ưu tiên là các hợp chất C.1 đến C.17 sau:

C.1	benoxacor
C.3	cloquintocet-mexyl
C.5	dichlormid
C.7	fenchlorazol-etyl
C.9	furilazol
C.11	isoxadifen-etyl
C.13	mefenpyr-dietyl
C.15	4-(dicloaxetyl)-1-oxa-4-azaspiro[4,5]decan
C.17	N-(2-Metoxybenzoyl)-4-[(metylaminocacbonyl)amino]benzensulfonamit

C.2	cloquintocet
C.4	cyprosulfamit
C.6	fenchlorazol
C.8	fenclorim
C.10	isoxadifen
C.12	mefenpyr
C.14	anhydrit của axit naphtalic
C.16	2,2,5-trimetyl-3-(dicloaxetyl)-1,3-oxazolidin

Hợp chất hoạt tính B của nhóm b1) đến b15) và hợp chất làm an toàn C là thuốc diệt cỏ và chất làm an toàn đã biết, xem, ví dụ, The Compendium of Pesticide Common Names (http://www.alanwood.net/pesticides/); Farm Chemicals Handbook 2000 volume 86, Meister Publishing Company, 2000; B. Hock, C. Fedtke, R. R. Schmidt, Herbizide [Herbicides], Georg Thieme Verlag, Stuttgart 1995; W. H. Ahrens, Herbicide Handbook, 7th edition, Weed Science Society of America, 1994; và K. K. Hatzios, Herbicide Handbook, Supplement for the 7th edition, Weed Science Society of America, 1998. 2,2,5-Trimetyl-3-(dicloaxetyl)-1,3-oxazolidin [Số CAS 52836-31-4] còn được gọi là R-29148. 4-(Dicloaxetyl)-1-oxa-4-azaspiro[4,5]decan [Số CAS 71526-07-3] còn được gọi là AD-67 và MON 4660.

Việc chỉ định hợp chất hoạt tính ở cơ chế tác dụng tương ứng là dựa trên kiến thức thông thường. Nếu một vài cơ chế tác dụng áp dụng cho một hợp chất hoạt tính, hợp chất này chỉ được chỉ định ở một cơ chế tác dụng.

Nhìn chung được ưu tiên nếu sử dụng hợp chất theo sáng chế kết hợp với thuốc diệt cỏ mà có tính chọn lọc đối với cây trồng cần được xử lý và bổ sung phổ cỏ dại được khống chế bởi các hợp chất này ở tỷ lệ áp dụng được sử dụng. Nhìn chung còn được ưu tiên nếu áp dụng hợp chất theo sáng chế và các thuốc diệt cỏ bổ sung khác đồng thời, dưới dạng chế phẩm hỗn hợp hoặc dưới dạng hỗn hợp trộn thùng.

Theo một phương án khác nữa, sáng chế đề cập đến phương pháp nhận diện thuốc diệt cỏ ức chế CESA bằng cách sử dụng CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi

axit nucleic mà bao gồm trình tự nucleotit của SEQ ID NO: 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, hoặc 77, hoặc biến thể hoặc dẫn xuất của nó.

Phương pháp nêu trên bao gồm các bước:

a) tạo ra tế bào hoặc cây trồng chuyển gen bao gồm axit nucleic mã hóa CESA kiểu dại hoặc đột biến, trong đó CESA kiểu dại hoặc đột biến được biểu hiện;

b) áp dụng thuốc diệt cỏ ức chế CESA cho tế bào hoặc cây trồng chuyển gen của a) và cho tế bào hoặc cây trồng đối chứng của cùng loại;

c) xác định sự sinh trưởng hoặc khả năng sống được của tế bào hoặc cây trồng chuyển gen và tế bào hoặc cây trồng đối chứng sau khi áp dụng thuốc diệt cỏ ức chế CESA nêu trên, và

d) chọn lọc "các thuốc diệt cỏ ức chế CESA" mà đem lại sự dinh trưởng giảm xuống cho tế bào hoặc cây trồng đối chứng khi so với sự sinh trưởng của tế bào hoặc cây trồng chuyển gen.

Như được mô tả trên đây, sáng chế mô tả chế phẩm và phương pháp làm tăng khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA của cây trồng thời vụ hoặc hạt giống so với giống kiểu dại của cây trồng hoặc hạt giống này. Theo một phương án được ưu tiên, khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế CESA của cây trồng thời vụ hoặc hạt giống được làm tăng sao cho cây trồng hoặc hạt giống này có thể chịu được việc áp dụng thuốc diệt cỏ ức chế CESA tốt hơn là khoảng 1-1000 g ai hecta^{-1}, tốt hơn nữa là 1-200 g ai hecta^{-1}, thậm chí tốt hơn nữa là 5-150 g ai hecta^{-1}, và tốt nhất là 10-100 g ai hecta^{-1}. Như được sử dụng trong bản mô tả, để "chịu được" việc áp dụng thuốc diệt cỏ ức chế CESA nghĩa là cây trồng không bị giết hoặc chỉ bị tổn thương ở mức độ vừa phải bởi việc áp dụng này. Sẽ được hiểu bởi người có trình độ trung bình trong lĩnh vực này rằng tỷ lệ áp dụng có thể thay đổi, tùy thuộc vào điều kiện môi trường như nhiệt độ hoặc độ ẩm, và tùy thuộc vào loại thuốc diệt cỏ đã chọn (thành phần hoạt tính ai).

Phương pháp phòng trừ cỏ dại trước và/hoặc sau khi nảy mầm hữu ích trong các phương án thực hiện khác nhau sử dụng khoảng >0,3x tỷ lệ áp dụng các thuốc diệt cỏ ức chế CESA; theo một số phương án, tỷ lệ này có thể là khoảng, ví dụ, >0,3x, >0.4x, >0,5x, >0,6x, >0,7x, >0,8x, >0,9x, hoặc >1x các thuốc diệt cỏ ức chế CESA. Theo một phương án, cây trồng tính dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế có

khả năng dung nạp việc áp dụng các thuốc diệt cỏ ức chế CESA trước và / hoặc sau khi nảy mầm với lượng nằm trong khoảng từ khoảng 25 đến khoảng 500 g ai/hecta. Theo một số phương án, trong đó cây trồng có khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA là cây hai lá mầm (chẳng hạn, cây đậu tương, cây bông), việc áp dụng trước và/hoặc sau khi nảy mầm các thuốc diệt cỏ ức chế CESA là với lượng khoảng 25 - 250 g ai/hecta. Theo một phương án khác nữa, trong đó cây trồng có khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA là cây một lá mầm (chẳng hạn, ngô, lúa, lúa miến), việc áp dụng trước và/hoặc sau khi nảy mầm các thuốc diệt cỏ ức chế CESA là với lượng khoảng 50 - 500 g ai/hecta. Theo các phương án khác, trong đó cây trồng có khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA là Brassica (chẳng hạn, cây cải dầu), việc áp dụng trước và/hoặc sau khi nảy mầm các thuốc diệt cỏ ức chế CESA LÀ với lượng khoảng 25-200 g ai/hecta. Trong phương pháp phòng trừ cỏ dại trước và/hoặc sau khi nảy mầm ở đay, theo một số phương án, phương pháp này có thể sử dụng tỷ lệ áp dụng các thuốc diệt cỏ ức chế CESA tại thời điểm trước khi nảy mầm và /hoặc khoảng 7 đến 10 ngày sau khi nảy mầm. Theo một phương án khác nữa, tỷ lệ áp dụng có thể vượt quá 8x các thuốc diệt cỏ ức chế CESA; theo một số phương án, tỷ lệ áp dụng có thể lên đến 4x các thuốc diệt cỏ ức chế CESA, mặc dù thông thường hơn, tỷ lệ áp dụng sẽ bằng khoảng 2,5x hoặc ít hơn, hoặc khoảng 2x hoặc ít hơn, hoặc khoảng 1x hoặc ít hơn.

Ngoài ra, sáng chế đề xuất phương pháp liên quan đến việc sử dụng ít nhất một thuốc diệt cỏ ức chế CESA, tùy ý kết hợp với một hoặc nhiều hợp chất có hoạt tính diệt cỏ B, và, tùy ý, chất làm an toàn C, như được mô tả chi tiết trên đây.

Trong các phương pháp này, thuốc diệt cỏ ức chế CESA có thể được áp dụng bởi phương pháp bất kỳ đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này bao gồm, nhưng không giới hạn ở, xử lý hạt giống, xử lý đất, và xử lý lá. Trước khi áp dụng, thuốc diệt cỏ ức chế CESA có thể được biến đổi thành chế phẩm thông thường, ví dụ dung dịch, nhũ tương, huyền phù, bột rắc, bột, bột nhão và hạt. Dạng sử dụng tùy thuộc vào mục đích dự định cụ thể; trong mỗi trường hợp, cần phải đảm bảo sự phân phối tốt và đồngg đều hợp chất theo sáng chế.

Bằng cách tạo ra cây trồng có khả năng dung nạp tăng đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA, nhiều chế phẩm khác nhau có thể được sử dụng để bảo vệ cây trồng khỏi cỏ dại, để tăng cường sự sinh trưởng của cây và làm giảm sự canh tranh các chất dinh dưỡng.

Thuốc diệt cỏ ức chế CESA có thể được sử dụng một mình để khống chế cỏ dại trước khi nảy mầm, sau khi nảy mầm, trước khi trồng, và tại thời điểm trồng cây ở các khu vực xung quanh cây trồng thời vụ được mô tả ở đây, hoặc chế phẩm thuốc diệt cỏ ức chế CESA chứa các chất phụ gia khác có thể được sử dụng. Thuốc diệt cỏ ức chế CESA cũng có thể được sử dụng dưới dạng xử lý hạt giống. Các chất phụ gia được tìm thấy trong chế phẩm thuốc diệt cỏ ức chế CESA bao gồm thuốc diệt cỏ khác, chất tẩy rửa, tá dược, chất phân bố, chất bám dính, chất làm ổn định, hoặc các chất tương tự. Chế phẩm thuốc diệt cỏ ức chế CESA có thể là chế phẩm ướt hoặc khô và có thể bao gồm, nhưng không giới hạn ở, bột chảy được, dạng cô đặc nhũ hóa được, và dạng cô đặc lỏng. Chế phẩm thuốc diệt cỏ và thuốc diệt cỏ ức chế CESA có thể được áp dụng theo các phương pháp thông thường, ví dụ, bằng cách phun, tưới, rắc, hoặc các phương pháp tương tự.

Các chế phẩm thích hợp được mô tả chi tiết trong PCT/EP2009/063387 và PCT/EP2009/063386, tài liệu này được đưa vào bản mô tả này bằng cách viện dẫn.

Như được bộc lộ ở đây, axit nucleic CESA theo sáng chế được sử dụng để tăng cường khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ CBI của cây trồng chứa trong hệ gen của nó gen mã hóa protein CESA kiểu dại hoặc được đột biến có khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ. Gen này có thể là gen nội sinh hoặc gen chuyển, như được mô tả trên đây. Ngoài ra, theo một số phương án nhất định, axit nucleic theo sáng chế có thể được xếp chồng với tổ hợp bất kỳ của các trình tự polynucleotit quan tâm để tạo ra cây trồng có kiểu hình mong muốn. Ví dụ, axit nucleic theo sáng chế có thể được xếp chồng với các polynucleotit bất kỳ khác mã hóa polypeptit có hoạt tính diệt loài gây hại và/hoặc diệt côn trùng, như, ví dụ, các protein độc tố *Bacillus thuringiensis* (được mô tả trong patent Mỹ số 5,366,892; 5,747,450; 5,737,514; 5,723,756; 5,593,881; và Geiser et al (1986) Gene 48: 109), 5-enolpyruvylshikimat-3-phosphat syntaza (EPSPS), Glyphosat axetyl transferaza (GAT), cytocrom P450 monooxygenaza, phosphinothrixin axetyltransferaza (PAT), Axetohydroxyaxit syntaza (AHAS; EC 4.1.3.18, còn được biết là axetolactat syntaza hoặc ALS), hydroxyphenyl pyruvat dioxygenaza (HPPD), Phytoen desaturaza (PD), Protoporphyrinogen oxidaza (PPO) và enzym phân hủy dicamba như được bộc lộ trong WO 02/068607, hoặc enzym phân hủy dẫn xuất phenoxyaxeticaxit- và phenoxypropionicaxit như được bộc lộ trong WO 2008141154 hoặc WO 2005107437. Hỗn hợp được tạo ra cũng có thể bao gồm nhiều bản sao của bất kỳ một trong số các polynucleotit quan tâm.

Do đó, cây trồng có khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ theo sáng chế có thể được sử dụng kết hợp với thuốc diệt cỏ mà chúng có khả năng dung nạp. Thuốc diệt cỏ có thể được áp dụng cho cây trồng theo sáng chế bằng cách sử dụng kỹ thuật bất kỳ đã biết với chuyên gia trong lĩnh vực kỹ thuật này. Thuốc diệt cỏ có thể được áp dụng tại thời điểm bất kỳ trong quá trình trồng trọt. Ví dụ, thuốc diệt cỏ có thể được áp dụng trước khi trồng, tại thời điểm trồng cây, trước khi nảy mầm, sau khi nảy mầm hoặc kết hợp của các thời điểm này. Thuốc diệt cỏ có thể được áp dụng cho hạt giống và được làm khô để tạo ra lớp trên hạt giống.

Theo một số phương án, hạt giống được xử lý bằng chất làm an toàn, sau đó là áp dụng các thuốc diệt cỏ ức chế CESA sau khi nảy mầm. Theo một phương án, áp dụng các thuốc diệt cỏ ức chế CESA sau khi nảy mầm là khoảng 7 đến 10 ngày sau khi trồng hạt giống đã được xử lý bằng chất làm an toàn. Theo một số phương án, chất làm an toàn là cloquintocet, dichlormid, fluxofenim, hoặc hỗn hợp của nó.

Phương pháp phòng trừ cỏ dại hoặc thực vật không mong muốn

Theo các khía cạnh khác, sáng chế đề xuất phương pháp phòng trừ cỏ dại ở vị trí cây trồng và bộ phận của cây trồng của nó sinh trưởng, phương pháp này bao gồm: áp dụng chế phẩm bao gồm các thuốc diệt cỏ ức chế CESA vào vị trí này.

Theo một số khía cạnh khác, sáng chế đề xuất phương pháp phòng trừ cỏ dại ở vị trí cây trồng sinh trưởng, phương pháp này bao gồm: áp dụng chế phẩm thuốc diệt cỏ chứa các thuốc diệt cỏ ức chế CESA cho vị trí này; trong đó vị trí đã nêu là: (a) vị trí chứa: cây trồng hoặc hạt giống có khả năng tạo ra cây trồng đã nêu; hoặc (b) vị trí mà sau bước áp dụng nêu trên được tạo ra để chứa cây trồng hoặc hạt giống; trong đó cây trồng hoặc hạt giống chứa trong ít nhất một số tế bào của nó, một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây, trình tự khởi đầu này có khả năng làm biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Chế phẩm thuốc diệt cỏ ở đây có thể được áp dụng, chẳng hạn, dưới dạng xử lý lá, xử lý đất, xử lý hạt giống, hoặc làm ướt đất. Việc áp dụng có thể được thực hiện, chẳng hạn, bằng cách phun, rắc, rải, hoặc cách thức bất kỳ khác hữu ích đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này.

Theo một phương án, thuốc diệt cỏ có thể được sử dụng để khống chế sự sinh trưởng của cỏ dại mà có thể được thấy là sinh trưởng trong vùng lân cận của cây trồng có khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ theo sáng chế. Theo các phương án thuộc loại này, thuốc diệt cỏ có thể được áp dụng cho mảnh đất trong đó cây trồng có khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ theo sáng chế đang sinh trưởng trong vùng lân cận đối với cỏ dại. Thuốc diệt cỏ bất kỳ mà cây trồng có khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ theo sáng chế có khả năng dung nạp sau đó có thể được áp dụng cho mảnh đất ở nồng độ đủ để tiêu diệt hoặc ức chế sự sinh trưởng của cỏ dại. Nồng độ của thuốc diệt cỏ đủ để tiêu diệt hoặc ức chế sự phát triển của cỏ dại đã được biết trong lĩnh vực và được bộc lộ trên đây.

Theo các phương án khác, sáng chế đề xuất phương pháp phòng trừ cỏ dại trong vùng lân cận của cây trồng tính dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế. Phương pháp này bao gồm áp dụng lượng hữu hiệu của các thuốc diệt cỏ ức chế CESA cho cỏ dại và cho cây trồng có khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ, trong đó cây trồng có khả năng dung nạp tăng đối với thuốc diệt cỏ ức chế CESA khi so với cây kiểu dại. Theo một số phương án, cây trồng có khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế tốt hơn là cây trồng thời vụ, bao gồm, nhưng không giới hạn ở, cây hướng dương, cỏ linh lăng, Brassica sp., cây đậu tương, cây bông, cây rum, cây lạc, cây thuốc lá, cây cà chua, cây khoai tây, cây lúa mì, cây lúa, ngô, lúa miến, cây lúa mạch, cây lúa mạch đen, cây kê, và lúa miến.

Theo các khía cạnh khác, (các) thuốc diệt cỏ (chẳng hạn, các thuốc diệt cỏ ức chế CESA) cũng có thể được sử dụng dưới dạng xử lý hạt giống. Theo một số phương án, nồng độ hiệu quả hoặc lượng hữu hiệu của (các) thuốc diệt cỏ, hoặc chế phẩm bao gồm nồng độ hiệu quả hoặc lượng hữu hiệu của (các) thuốc diệt cỏ có thể được áp dụng trực tiếp cho hạt giống trước hoặc trong quá trình gieo hạt giống. Chế phẩm xử lý hạt giống ngoài ra có thể chứa chất kết dính và tùy ý chất màu.

Chất kết dính có thể được bổ sung để cải thiện sự kết dính của nguyên liệu hoạt tính trên hạt giống sau khi xử lý. Theo một phương án, chất kết dính thích hợp là chất hoạt động bề mặt copolyme khối EO/PO, ngoài ra còn kể đến rượu polyvinylic, polyvinylpyrolidon, polyacrylat, polymetacrylat, polybuten, polyisobutylen, polystyren, polyetylenamin, polyetylenamit, polyetylenimin (Lupasol(R), Polymin(R)), polyete, polyuretan, polyvinylaxetat, tyloza và copolyme thu được từ các polyme này. Tùy ý,

chất màu cũng có thể được bao gồm trong chế phẩm. Chất màu hoặc thuốc nhuộm thích hợp cho chế phẩm xử lý hạt giống là Rhodamin B, C.I. Chất màu Màu đỏ 112, C.I. Dung môi Màu đỏ 1, chất màu màu xanh da trời 15:4, chất màu màu xanh da trời 15:3, chất màu màu xanh da trời 15:2, chất màu màu xanh da trời 15: 1, chất màu màu xanh da trời 80, chất màu màu vàng 1, chất màu màu vàng 13, chất màu màu đỏ 1 12, chất màu màu đỏ 48:2, chất màu màu đỏ 48: 1, chất màu màu đỏ 57: 1, chất màu màu đỏ 53:1, chất màu màu da cam 43, chất màu màu da cam 34, chất màu màu da cam 5, chất màu màu xanh lá cây 36, chất màu màu xanh lá cây 7, chất màu màu trắng 6, chất màu màu nâu 25, tím bazơ 10, tím bazơ 49, đỏ axit 51, đỏ axit 52, đỏ axit 14, xanh da trời axit 9, vàng axit 23, đỏ bazơ 10, đỏ bazơ 108.

Thuật ngữ xử lý hạt giống bao gồm tất cả các kỹ thuật xử lý hạt giống thích hợp đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này, như hồ hạt giống, bao hạt giống, rắc hạt giống, ngâm hạt giống, và vê viên hạt giống. Theo một phương án, sáng chế đề xuất phương pháp xử lý đất bằng cách áp dụng, cụ thể vào luống hạt giống: chế phẩm hạt chứa các thuốc diệt cỏ ức chế CESA dưới dạng hợp phần/chế phẩm (chẳng hạn, chế phẩm hạt), với tùy ý một hoặc nhiều chất rắn hoặc chất lỏng, chất mang nông dụng và/hoặc tùy ý với một hoặc nhiều chất hoạt động bề mặt nông dụng. Phương pháp này được sử dụng thuận lợi, ví dụ, trong luống đất để gieo hạt ngũ cốc, ngô, cây bông, và cây hướng dương.

Sáng chế cũng bao gồm hạt giống được phủ hoặc chứa chế phẩm xử lý hạt giống bao gồm các thuốc diệt cỏ ức chế CESA và ít nhất một thuốc diệt cỏ khác như, chẳng hạn, chất ức chế AHAS được chọn từ nhóm bao gồm amidosulfuron, azimsulfuron, bensulfuron, chlorimuron, chlorsulfuron, cinosulfuron, xyclosulfamuron, ethametsulfuron, etoxysulfuron, flazasulfuron, flupyrsulfuron, foramsulfuron, halosulfuron, imazosulfuron, iodosulfuron, mesosulfuron, metsulfuron, nicosulfuron, oxasulfuron, primisulfuron, prosulfuron, pyrazosulfuron, rimsulfuron, sulfometuron, sulfosulfuron, thifensulfuron, triasulfuron, tribenuron, trifloxysulfuron, triflusulfuron, tritosulfuron, imazamethabenz, imazamox, imazapic, imazapyr, imazaquin, imazethapyr, cloransulam, diclosulam, florasulam, flumetsulam, metosulam, penoxsulam, bispyribac, pyriminobac, propoxycarbazon, flucarbazon, pyribenzoxim, pyriftalid và pyrithiobac.

Thuật ngữ "được phủ và/hoặc chứa" nhìn chung biểu thị rằng thành phần hoạt tính

đa phần nằm trên bề mặt của sản phẩm nhân giống tại thời điểm áp dụng, mặc dù phần lớn hơn hoặc ít hơn của thành phần này có thể thấm vào sản phẩm nhân giống, tùy thuộc vào phương pháp áp dụng. Khi sản phẩm nhân giống này được trồng (lại), nó có thể hấp thụ thành phần hoạt tính.

Theo một số phương án, việc áp dụng xử lý hạt giống bằng các thuốc diệt cỏ ức chế CESA hoặc bằng chế phẩm bao gồm các thuốc diệt cỏ ức chế CESA được tiến hành bằng cách phun hoặc rắc hạt giống trước khi gieo cây và trước khi cây nảy mầm.

Theo các phương án khác, trong xử lý hạt giống, chế phẩm tương ứng được áp dụng bằng cách xử lý hạt giống bằng lượng hữu hiệu của các thuốc diệt cỏ ức chế CESA hoặc chế phẩm bao gồm các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo các khía cạnh khác, sáng chế đề xuất phương pháp chống lại thực vật không mong muốn hoặc khống chế cỏ dại bao gồm cho hạt giống của cây trồng có khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA theo sáng chế trước khi gieo và/hoặc sau khi nảy mầm sơ bộ tiếp xúc với các thuốc diệt cỏ ức chế CESA. Phương pháp này còn có thể bao gồm gieo hạt giống, ví dụ, trong đất trên cánh đồng hoặc trong môi trường trồng trong chậu trong nhà kính. Phương pháp này được ứng dụng cụ thể để chống lại thực vật không mong muốn hoặc khống chế cỏ dại trong vùng lân cận gần gũi với hạt giống. Việc khống chế thực vật không mong muốn được hiểu là tiêu diệt cỏ dại và/hoặc theo cách khác, làm chậm hoặc ức chế sự phát triển bình thường của cỏ dại. Cỏ dại, theo nghĩa rộng nhất, được hiểu là nghĩa là tất cả cây sinh trưởng ở các vị trí mà chúng không được mong muốn.

Cỏ dại của sáng chế bao gồm, ví dụ, cỏ dại một lá mầm và cỏ dại hai lá mầm. Cỏ dại hai lá mầm bao gồm nhưng không giới hạn ở, cỏ dại thuộc giống: Sinapis, Lepiclium, Galium, Stellaria, Matricaria, Anthemis, Galinsoga, Chenopodium, Urtica, Senecio, Amaranthus, Portulaca, Xanthium, Convolvulus, Ipomoea, Polygonum, Sesbania, Ambrosia, Cirsium, Carduus, Sonchus, Solarium, Rorippa, Rotala, Lindernia, Lamium, Veronica, Abutilon, Emex, Datura, Viola, Galeopsis, Papaver, Centaurea, Trifolium, Ranunculus, và Taraxacum. Cỏ dại một lá mầm bao gồm nhưng không giới hạn ở, cỏ dại thuộc giống: Echinochloa, Setaria, Panicum, Digitaria, Phleum, Poa, Festuca, Eleusine, Brachiaria, Lolium, Bromus, Avena, Cyperus, Sorghum, Agropyron, Cynodon, Monochoria, Fimbristyslis, Sagittaria, Eleocharis, Scirpus, Paspalum,

Ischaemum, Sphenoclea, Dactyloctenium, Agrostis, Alopecurus, và Apera.

Ngoài ra, cỏ dại của sáng chế ví dụ có thể bao gồm, cây trồng thời vụ mà sinh trưởng ở nơi không được mong muốn. Ví dụ, cây ngô mọc tự nhiên trên cánh đồng chủ yếu trồng cây đậu tương có thể được xem là cỏ dại, nếu cây ngô không được mong muốn trên cánh đồng đậu tương.

Theo các phương án khác, trong xử lý hạt giống, các chế phẩm tương ứng được áp dụng bằng cách xử lý hạt giống bằng lượng hữu hiệu của các thuốc diệt cỏ ức chế CESA hoặc chế phẩm bao gồm các thuốc diệt cỏ ức chế CESA.

Theo các khía cạnh khác nữa, việc xử lý vị trí, cây trồng, phần cây trồng, hoặc hạt giống theo sáng chế bao gồm áp dụng chế phẩm chấp nhận được trong nông học không chứa A.I. Theo một phương án, việc xử lý bao gồm áp dụng chế phẩm chấp nhận được trong nông học không chứa các thuốc diệt cỏ ức chế CESA A.I. Theo một số phương án, việc xử lý bao gồm áp dụng chế phẩm chấp nhận được trong nông học không chứa các thuốc diệt cỏ ức chế CESA A.L, trong đó chế phẩm này bao gồm một hoặc nhiều chất mang, chất pha loãng, chất phụ gia, chất điều hòa sự sinh trưởng của cây chấp nhận được trong nông học, và các chất tương tự. Theo các phương án khác, việc xử lý bao gồm áp dụng chế phẩm chấp nhận được trong nông học không chứa các thuốc diệt cỏ ức chế CESA A.I., trong đó chế phẩm này bao gồm tá dược. Theo một phương án, tá dược là chất hoạt động bề mặt, chất phân bố, chất kết dính, chất thấm, chất chống trôi, dầu cây, chất nhũ hóa, chất làm tương thích, hoặc hỗn hợp của nó.

Cũng cần phải hiểu rằng phần trên đây đề cập đến các phương án được ưu tiên của sáng chế và có thể thực hiện nhiều thay đổi đối với các phương án này mà không đi trệch khỏi phạm vi của sáng chế. Sáng chế còn được minh họa thêm bởi các ví dụ sau, các ví dụ này không được hiểu theo cách bất kỳ là làm giới hạn phạm vi của sáng chế. Trái lại, rõ ràng cần phải hiểu rằng sáng chế có thể có các phương án, cải biến khác và các dạng tương đương của nó mà có thể được đề xuất bởi chuyên gia trong lĩnh vực kỹ thuật này sau khi đọc phần mô tả trong bản mô tả này mà không đi trệch khỏi mục đích của sáng chế và/hoặc phạm vi của các điểm yêu cầu bảo hộ đính kèm.

Ví dụ thực hiện sáng chế

Ví dụ: Nhận diện cây trồng có tính kháng chất ức chế sinh tổng hợp xenluloza (CBI; chất ức chế CESA)

Để lựa chọn cây trồng có tính kháng chất ức chế sinh tổng hợp xenluloza, sử dụng quần thể hạt giống Arabidopsis thaliana được đột biến EMS. Quần thể hạt giống được đột biến EMS được mua từ Lehle Seeds (1102 South Industrial Blvd. Suite D, Round Rock, Texas USA) hoặc được tạo ra như được mô tả trong các tài liệu khác (Heim DR, *et. al.* (1989) Plant Physiol. 90: 146-150). Các đột biến gây bệnh trong trình tự CESA kiểu dại (chẳng hạn SEQ ID NO: 1 hoặc 3) được nhận diện như được mô tả bởi Scheible WR *et. al.* (2001, Proc. Natl. Acad. of Sci. 98: 10079-10084), McCourt et. al. (WO2013/142968) hoặc bằng việc sử dụng phương pháp giải trình tự thế hệ tiếp theo như được mô tả bởi Austin RS, *et. al.* (2011) Plant Journal 67: 715-725.

Các dòng *Arabidopsis thaliana* đã chọn được thử nghiệm về tính kháng cải thiện đối với các azin như 6-xyclopentyl-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin; 6-(1-flo-1-metyl-etyl)-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin; 6-xyclohexyl-N2-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin; 6-(2,6-diflophenyl)-N2-(2,3,5,6-tetraflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin; N2-(4-clo-3,5,6-triflo-2-pyridyl)-6-(1-flo-1-metyl-etyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin trong các đĩa có 48 lỗ. Do đó, hạt giống M2 hoặc M3 được khử trùng bề mặt bằng cách khuấy trong 5 phút trong etanol + nước (70+30 theo thể tích), rửa một lần bằng etanol + nước (70+30 theo thể tích) và hai lần bằng nước khử ion, vô trùng. Hạt giống được tái tạo huyền phù trong 0,1% aga được hòa tan trong nước (khối lượng/thể tích). Bốn đến năm hạt giống cho mỗi lỗ được dàn mỏng trên môi trường dinh dưỡng rắn gồm dung dịch dinh dưỡng murashige skoog nồng độ giảm đi một nửa, pH 5,8 (Murashige and Skoog (1962) *Physiologia Plantarum* 15: 473-497). Các hợp chất được hòa tan trong dimetylsulfoxit (DMSO) và được bổ sung vào môi trường trước khi hóa rắn (nồng độ DMSO cuối cùng 0,1%). Các đĩa đa lỗ được ủ trong ngăn sinh trưởng ở nhiệt độ 22°C, độ ẩm tương đối 75% và 110 µmol Phot * m^{-2} * $giây^{-1}$ với chu kỳ sáng 14: 10 giờ sáng: tối. Sự ức chế sinh trưởng được đánh giá bảy đến mười ngày sau khi gieo so với cây trồng kiểu dại. Hệ số độ dung nạp được tính toán dựa trên giá trị IC50 đối với sự ức chế sinh trưởng của cây Arabidopsis được biến nạp so với cây Arabidopsis không được biến nạp (Bảng 3).

Bảng 3: Độ dung nạp của dòng đột biến xenluloza syntaza so với cây trồng kiểu dại. Tỷ lệ dung nạp tương đối của dòng Arabidopsis đột biến so với cây Arabidopsis kiểu dại (kiểu dại = 1,0), được xử lý bằng các chất ức chế sinh tổng hợp xenluloza khác nhau. Sự ức chế sinh trưởng được đánh giá bảy đến mười ngày sau khi gieo so với cây

trồng kiểu dại.

Thể đột biến	6-xyclopentyl-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin	6-(1-flo-1-metyl-etyl)-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin	6-xyclohexyl-N2-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin	6-(2,6-diflophenyl)-N2-(2,3,5,6-tetraflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin	N2-(4-clo-3,5,6-triflo-2-pyridyl)-6-(1-flo-1-metyl-etyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin
Kiểu dại	1	1	1	1	1
Cesa3_S1040L	56	2	10	13	4
Cesa3_S1037F	75	4	1	1	10
Cesa3_S983F	75	1	1	1	4
Cesa1_G1013R	25	4	4	13	10
Cesa1_P1010L	3	1	1	2	1
Cesa1_G1009D	3	2	1	1	1

Ngoài ra, cây *Arabidopsis* M2 hoặc M3 được thử nghiệm về khả năng dung nạp tăng đối với thuốc diệt cỏ ức chế sinh tổng hợp xenloloza trong nghiên cứu trong nhà kính (ví dụ với các thuốc diệt cỏ ức chế sinh tổng hợp xenloloza sau: 6-xyclopentyl-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin; 6-(1-flo-1-metyl-etyl)-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin; N4-(4-clo-3,5,6-triflo-2-pyridyl)-6-(1-flo-1-metyl-etyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin; 6-(2,6-diflophenyl)-N4-(2,3,5,6-tetraflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin; N4-(4-bromo-2,3,5,6-tetraflo-phenyl)-6-(1-flo-1-metyl-etyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin.

Bảng 4: Giá trị tính độc thực vật của dòng đột biến xenluloza syntaza đối với các chất ức chế sinh tổng hợp xenluloza khi được xử lý trước khi nảy mầm. Được thể hiện là giá trị tính độc thực vật trên thang đo 0 – 100, trong đó 100 là mức độ tổn hại 100%.

hợp chất	g ai/hecta	A. thaliana WT L. erecta	Cesa3_S1040L, fpx1-1	Cesa3_S1037F, fpx1-2	Cesa3_S983F, fpx1-3	Cesa1_G1013R, fpx2-1	Cesa1_P1010L, fpx2-2	Cesa1_G1009D, fpx2-3
6-xyclopentyl-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin	15,63	100	40	5	40	15	98	88
	3,91	99	25	15	20	25	63	58
	0,98	80	20	23	5	15	33	25
	0,25	38	5	0	0	5	0	5
1-(m-tolyl)-5-phenyl-1,2,4-triazol-3-carboxamit	250	100	25	68	30	15	35	45
	62,5	100	0	23	5	20	13	30
	15,63	63	30	30	8	15	20	18
	3,91	0	38	0	0	5	0	0
6-(1-flo-1-metyl-etyl)-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin	3,91	100	98	80	98	97	100	100
	0,98	100	75	30	75	63	99	97
	0,25	78	65	20	45	65	50	78
	0,0625	38	20	10	78	13	43	65
N4-(4-clo-3,5,6-triflo-2-pyridyl)-6-(1-flo-1-metyl-etyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin	3,91	99	53	25	13	80	98	99
	0,98	83	78	25	48	70	78	93
	0,25	60	15	15	55	50	25	43
	0,0625	45	13	5	23	40	50	30
6-(2,6-diflophenyl)-N4-(2,3,5,6-tetraflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin	62,5	100	28	99	33	40	98	95
	15,63	90	25	73	43	28	65	18
	3,91	70	8	65	35	35	35	38
	0,98	30	13	28	18	15	48	65
N4-(4-bromo-2,3,5,6-tetraflo-phenyl)-6-(1-flo-1-metyl-etyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin	15,63	100	93	30	45	73	99	99
	3,91	97	63	33	25	35	88	68
	0,98	35	5	18	23	10	25	35
	0,25	8	13	28	35	10	25	50

Bảng 5: Giá trị tính độc thực vật của dòng đột biến xenluloza syntaza đối với các chất ức chế sinh tổng hợp xenluloza khi được xử lý sau khi nảy mầm, 6 tuần sau khi gieo. Được thể hiện là giá trị tính độc thực vật trên thang đo từ 0 – 100, trong đó 100 là mức độ tổn hại 100%.

Hợp chất	g ai/hecta	A. thaliana WT L. erecta	Cesa3_S1040L, fpx1-1	Cesa3_S1037F, fpx1-2	Cesa3_S983F, fpx1-3	Cesa1_G1013R, fpx2-1	Cesa1_P1010L, fpx2-2	Cesa1_G1009D, fpx2-3
6-xyclopentyl-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin	63	98	68	78	73	80	93	75
	31,5	78	35	70	55	65	78	73
	15,75	80	5	58	65	55	70	63
	7,88	68	0	55	25	38	63	45
1-(m-tolyl)-5-phenyl-1,2,4-triazol-3-carboxamit								
	250	95	55	68	53	40	48	45
	125	83	23	50	23	33	15	33
	62,5	78	0	30	28	23	15	23

Ví dụ 2: Nhận diện dạng đồng chức năng xenluloza syntaza tương đồng ở cây trồng thời vụ

Để nhận diện gen xenluloza syntaza tương đồng từ cây đậu tương, cây ngô và cây lúa, thực hiện phương pháp tìm kiếm BLAST sử dụng trình tự protein của dạng đồng chức năng xenluloza syntaza Arabidopsis thaliana (Altschul et al. (1990) J Mol Biol 215: 403-10). Gen mã hóa protein xenluloza syntaza từ cây ngô, cây đậu tương và cây lúa được phân tích về mối quan hệ phát sinh loài của chúng bởi phangorn thư viện phần mềm R (Schliep KP. (2011) Bioinformatics 27: 592-593). Phân tích bootstrap để xác nhận về mặt thống kê các nhóm một nguồn gốc được tính toán. Ngoài ra, các gen được phân loại bởi mức biểu hiện và kiểu biểu hiện của nó (Hruz T, et. al. (2008) Adv. in Bioinformatics 2008: 1-5) (Fig. 1 - 3) và được chọn để biến nạp cây trồng.

Ví dụ 3: Điều kiện nuôi cấy mô.

Thử nghiệm gây đột biến nuôi cấy mô *in vitro* được triển khai để phân lập và xác

định đặc điểm mô cây trồng (chẳng hạn, ngô, cây lúa) có khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ ức chế xenluloza syntaza, (ví dụ, 6-xyclopentyl-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin, và chất ức chế quang hợp diuron làm đối chứng âm). Thử nghiệm này sử dụng biến dị dòng soma được tìm thấy trong nuôi cấy mô *in vitro*. Các đột biến tự phát thu được từ biến dị dòng soma có thể được tăng cường bởi sự phát sinh đột biến bằng hóa chất (ví dụ etylmetan sulfonat; etyletan sulfonat, N-nitroso-N-etyl ure, etylnitrosoure, nitroza axit, bromouraxil, 2.-aminopurin, 5-flodeoxyuridin, hydroxylamin, N-metyl-N'-nitro-N-nitrosoguanidin) và sự chọn lọc tiếp theo theo cách từng bước, dựa trên nồng độ tăng dần của thuốc diệt cỏ.

Sáng chế đề xuất điều kiện nuôi cấy mô để kích thích sự sinh trưởng của thể chai ngô hoặc lúa tạo phôi, xốp có khả năng tái sinh. Các thể chai được bắt đầu từ 4 giống ngô hoặc lúa khác nhau bao gồm giống *Zea mays* và Japonica (Taipei 309, Nipponbare, Koshihikari) và Indica (Indica 1), một cách tương ứng. Hạt giống được khử trùng bề mặt trong etanol nồng độ 70% trong khoảng 1 phút sau đó là chất tẩy trắng Clorox thương mại nồng độ 20% trong 20 phút. Hạt giống được rửa bằng nước vô trùng và được dàn mỏng trên môi trường cảm ứng thể chai. Các môi trường cảm ứng thể chai khác nhau được thử nghiệm. Danh mục thành phần của các môi trường được thử nghiệm được nêu trong Bảng 6.

Bảng 6

Thành phần	Nhà cung cấp	R001M	R025M	R026M	R327M	R008M	MS711R
Vitamin B5	Sigma					1,0 X	
Muối MS	Sigma			1,0 X	1,0 X	1,0 X	1,0 X
Vitamin MS	Sigma			1,0 X	1,0 X		
Muối N6	Phytotech	4,0 g/L	4,0 g/L				
Vitamin N6	Phytotech	1,0 X	1,0 X				
L-Prolin	Sigma	2,9 g/L	0,5 g/L				1,2 g/L
Axit casamino	BD	0,3 g/L	0,3 g/L	2 g/L			
Dịch thủy phân casein	Sigma						1,0 g/L
L-Asp Monohydrat	Phytotech						150 mg/L
Axit Nicotinic	Sigma						0,5 mg/L

Thành phần	Nhà cung cấp	R001M	R025M	R026M	R327M	R008M	MS711R
Pyridoxin HCl	Sigma						0,5 mg/L
Thiamin HCl	Sigma						1,0 mg/L
Myo-inositol	Sigma						100 mg/L
MES	Sigma	500 mg/L	500 mg/L	500 mg/L	500 mg/L	500 mg/L	500 mg/L
Maltoza	VWR	30 g/L	30 g/L	30 g/L	30 g/L		
Sorbitol	Duchefa			30 g/L			
Sucroza	VWR					10 g/L	30 g/L
NAA	Duchefa					50 µg/L	
2,4-D	Sigma	2,0 mg/L					1,0 mg/L
$MgCl_2 \cdot 6H_2O$	VWR					750 mg/L	
→pH		5,8	5,8	5,8	5,8	5,8	5,7
Gelrit	Duchefa	4,0 g/L				2,5 g/L	
Agaroza Typ 1	Sigma		7,0 g/L	10 g/L	10 g/L		
→Nồi hấp		15 phút	15 phút	15 phút	15 phút	15 phút	20 phút
Kinetin	Sigma		2,0 mg/L	2,0 mg/L			
NAA	Duchefa		1,0 mg/L	1,0 mg/L			
ABA	Sigma		5,0 mg/L				
Cefotaxim	Duchefa		0,1 g/L	0,1 g/L	0,1 g/L		
Vancomyxin	Duchefa		0,1 g/L	0,1 g/L	0,1 g/L		
G418 Disulfat	Sigma		20 mg/L	20 mg/L	20 mg/L		

Môi trường cảm ứng thể chai R001M được chọn sau khi thử nghiệm nhiều biến dị. Các mô trường nuôi cấy được để trong bóng tối ở nhiệt độ 30°C. Thể chai tạo phôi được cấy chuyển sang môi trường mới sau 10-14 ngày.

Ví dụ 4: Chọn lọc thể chai có khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ.

Ngay khi điều kiện nuôi cấy mô được xác định, sự thiết lập điều kiện chọn lọc tiếp theo được thiết lập thông qua phân tích sự sống sót mô trong các đường cong tiêu diệt

bằng thuốc diệt cỏ azin, ví dụ như 6-xyclopentyl-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin, và chất ức chế quang hợp diuron làm đối chứng âm. Việc xem xét cẩn thận sự tích tụ của thuốc diệt cỏ trong mô, cũng như sự tồn lưu và độ ổn định của nó trong tế bào và môi trường nuôi cấy được thực hiện. Thông qua các thử nghiệm này, liều lượng không gây chết được thiết lập cho sự chọn lọc ban đầu của nguyên liệu đã được đột biến. Sau khi thiết lập liều ban đầu của thuốc diệt cỏ azin như ví dụ 6-xyclopentyl-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin, và chất ức chế quang hợp diuron làm đối chứng âm trong môi trường chọn lọc, các mô được chọn theo cách từng bước bằng cách làm tăng nồng độ của chất ức chế xenluloza syntaza mỗi lần chuyển cho đến khi các tế bào được thu hồi, các tế bào này sinh trưởng mạnh trong sự có mặt của liều gây độc. Thể chai thu được được cấy chuyển tiếp 3-4 tuần một lần vào R001M có chất chọn lọc. Hơn 26.000 thể chai được cho qua chọn lọc trong 4-5 lần cấy chuyển cho đến khi áp lực chọn lọc lớn hơn mức gây độc như được xác định bởi đường cong tiêu diệt và quan sát sự nuôi cấy tiếp tục. Theo cách khác, môi trường nuôi cấy lỏng được bắt đầu từ thể chai trong MS711R có lắc từ từ và cấy chuyển hằng tuần. Ngay khi các nuôi cấy lỏng được thiết lập, chất chọn lọc được bổ sung trực tiếp vào bình ở mỗi lần cấy chuyển. Sau 2-4 vòng chọn lọc lỏng, các môi trường nuôi cấy được chuyển đến bộ lọc trên môi trường R001M rắn cho sự sinh trưởng tiếp theo.

Ví dụ 5: Tái sinh cây.

Mô có khả năng dung nạp được tái sinh và xác định đặc điểm phân tử đối với các đột biến trình tự gen xenluloza syntaza. Ngoài ra, các gen liên quan trực tiếp và/hoặc gián tiếp trong con đường chuyển hóa và/hoặc sinh tổng hợp thành tế bào cũng được giải trình tự để xác định đặc điểm các đột biến. Cuối cùng, các enzym thay đổi số phận (chẳng hạn sự chuyển hóa, chuyển vị, vận chuyển) cũng được giải trình tự để xác định đặc điểm các đột biến. Sau khi lựa chọn thuốc diệt cỏ, thể chai được tái sinh bằng cách sử dụng chế độ môi trường của R025M trong 10 – 14 ngày, R026M trong khoảng 2 tuần, R327M cho đến khi chồi đã hình thành tốt đã được phát triển, và R008S cho đến khi chồi ra rễ tốt để chuyển sang nhà kính. Quá trình tái sinh được tiến hành trong ánh sáng. Không có chất chọn lọc nào được bao gồm trong quá trình tái sinh. Ngay khi đã hình thành rễ khỏe, thể tái sinh M0 được cấy sang nhà kính trong các chậu hình vuông hoặc tròn. Các thể cấy được duy trì trong cốc nhựa trong cho đến khi chúng đã thích ứng với điều kiện nhà kính. Nhà kính được thiết lập ở chu kỳ ngày/đêm là 27°C/21°C

(80°F/70°F) với các đèn natri áp suất cao 600W bổ sung ánh sáng để duy trì độ dài ngày 14 giờ. Các cây được tưới nước theo nhu cầu, tùy thuộc vào thời tiết và được bón phân hằng ngày.

Ví dụ 6: Phân tích trình tự

Mô lá được thu gom từ các cây vô tính đã được tách riêng để cấy và được phân tích dưới dạng các cá thể riêng rẽ. ADN hệ gen được chiết bằng cách sử dụng bộ kit Wizard® 96 Magnetic DNA Plant System (Promega, US 6,027,945 và US 6,368,800) theo hướng dẫn của nhà sản xuất. ADN đã được phân lập được khuếch đại PCR sử dụng đoạn mồi xuôi và ngược thích hợp.

Sự khuếch đại PCR được thực hiện bằng cách sử dụng Hotstar Taq DNA Polymerase (Qiagen) sử dụng chương trình chu trình nhiệt tiếp đất như sau: 96°C trong 15 phút, sau đó là 35 chu kỳ (96°C, 30 giây; 58°C – 0,2 °C cho mỗi chu kỳ, 30 giây; 72°C, 3 phút và 30 giây), 10 phút ở nhiệt độ 72°C. Sản phẩm PCR được kiểm tra nồng độ và kích thước mảnh thông qua điện di gel agaroza. Sản phẩm PCR đã được khử phosphoryl hóa được phân tích bằng trình tự trực tiếp sử dụng các đoạn mồi PCR (DNA Landmarks). Tập tin vết sắc ký đồ (.scf) được phân tích về sự đột biến so với gen kiểu dại sử dụng Vector NTI Advance 10™ (Invitrogen). Dựa trên thông tin trình tự, các đột biến được xác định ở một vài cá thể. Phân tích trình tự được thực hiện trên các sắc ký đồ đại diện và phép sắp hàng AlignX tương ứng với các thiết lập mặc định và edited để gọi ra các đỉnh thứ cấp.

Ví dụ 7: Thiết kế cây *Arabidopsis* có khả năng dung nạp azin có trình tự xenluloza syntaza đột biến hoặc kiểu dại.

Để biến nạp *Arabidopsis thaliana*, trình tự xenluloza syntaza đột biến hoặc kiểu dại dựa trên một trong số các trình tự sau SEQ ID NO: 72, 73, 74, 75, 76, hoặc 77, được tách dòng bằng kỹ thuật tách dòng chuẩn như được mô tả trong Sambrook *et al.* (Molecular cloning (2001) Cold Spring Harbor Laboratory Press) trong catxet gen đánh dấu tính kháng chứa vectơ hai thành phần (AHAS) và trình tự xenluloza syntaza đột biến (được đánh dấu là GOI) ở giữa trình tự trình tự khởi đầu ubiquitin (PcUbi) và gen kết thúc nopalin syntaza (NOS) tự. Plasmit hai thành phần được đưa vào *Agrobacterium tumefaciens* để biến nạp cây. *Arabidopsis thaliana* được biến nạp bằng trình tự xenluloza syntaza đột biến hoặc kiểu dại bằng phương pháp ngâm thực vật như được mô tả bởi

McElver and Singh (WO 2008/124495). Cây *Arabidopsis* chuyển gen được cho qua phân tích TaqMan để phân tích số lượng locus tích hợp.

Cây *Arabidopsis thaliana* chuyển gen được kiểm tra về khả năng dung nạp tăng đối với thuốc diệt cỏ azin như ví dụ 6-xyclopentyl-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin trong các đĩa có 48 lỗ. Do đó, hạt giống T2 được khử trùng bề mặt bằng cách khuấy trong 5 phút trong etanol + nước (70+30 theo thể tích), rửa một lần bằng etanol + nước (70+30 theo thể tích) và hai lần bằng nước khử ion, vô trùng. Hạt giống được tái tạo huyền phù trong 0,1% aga được hòa tan trong nước (khối lượng/thể tích). Bốn đến năm hạt giống cho mỗi lỗ được dàn mỏng trên môi trường dinh dưỡng rắn gồm dung dịch dinh dưỡng Murashige Skoog nồng độ được giảm xuống một nửa, pH 5,8 (Murashige and Skoog (1962) *Physiologia Plantarum* 15: 473-497). Các hợp chất được hòa tan trong dimetylsulfoxit (DMSO) và được bổ sung vào môi trường trước khi hóa rắn (nồng độ DMSO cuối cùng 0,1%). Các đĩa đa lỗ được ủ trong ngăn sinh trưởng ở nhiệt độ 22°C, độ ẩm tương đối 75% và 110 µmol Phot * m^{-2} * $giây^{-1}$ với chu kỳ sáng 14: 10 giờ sáng: tối. Sự ức chế sinh trưởng được đánh giá bảy đến mười ngày sau khi gieo so với cây trồng kiểu dại. Hệ số độ dung nạp được tính toán dựa trên giá trị IC50 đối với sự ức chế sinh trưởng của cây Arabidopsis được biến nạp so với cây Arabidopsis không được biến nạp.

Bảng 7: Tỷ lệ dung nạp tương đối của cây Arabidopsis chuyển gen so với cây Arabidopsis không chuyển gen (không chuyển gen = 1,0), được xử lý bằng các chất ức chế sinh tổng hợp xenluloza khác nhau. Sự ức chế sinh trưởng được đánh giá bảy đến mười ngày sau khi gieo so với cây trồng kiểu dại.

Cấu trúc	AtCESA1 wt	AtCESA1_G1013R	AtCESA3_wt	AtCESA3_S1040L	AtCESA3_S1037F
SEQ ID NO	1	1	3	3	3
Sự thay thế	-	G1013R	-	S1040L	S1037F
1-(m-tolyl)-5-phenyl-1,2,4-triazol-3-carboxamit	3	33	4	2	1333
6-xyclopentyl-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin	1	3	1	1	17

Ngoài ra, cây *Arabidopsis* T2 chuyển gen được kiểm tra về khả năng dung nạp tăng đối với các thuốc diệt cỏ ức chế CESA trong nghiên cứu trong nhà kính với hợp chất azin như ví dụ 6-xyclopentyl-N4-(2,3,4,5,6-pentaflophenyl)-1,3,5-triazin-2,4-diamin.

Ví dụ 8: Thử nghiệm khả năng dung nạp chất ức chế sự sinh tổng hợp xenluloza và sự biến nạp ở cây đậu tương.

Vectơ hai thành phần được tạo ra như được mô tả trong Ví dụ 7. Cây đậu tương cv Jake được biến nạp như được mô tả trước đây bởi Siminszky et al., Phytochem Rev. 5:445-458 (2006). Sau khi tái sinh, các cây biến nạp được cấy vào đất trong các chậu nhỏ, được đặt trong các buồng sinh trưởng (16 giờ ban ngày/ 8 giờ ban đêm; 25°C ban ngày/ 23°C ban đêm; độ ẩm tương đối 65%; 130-150 microE m-2 s-1) và sau đó được thử nghiệm với sự có mặt của T-DNA thông qua phép phân tích Taqman. Sau một vài tuần, các cây bản sao đơn, dương tính với chuyển gen, khỏe mạnh được cấy vào các chậu lớn hơn và được để phát triển trong buồng sinh trưởng. Chồi tốt nhất dùng để cắt có chiều cao từ khoảng từ 7,62 đến 10,16 cm (từ 3 đến 4 insơ), có ít nhất là hai mấu. Mỗi chồi cắt từ cây biến nạp ban đầu (cây mẹ) được chấm vào bột hocmon ra rễ (axit

indol-3-butyric, IBA). Chồi cắt sau đó được đặt vào các miếng xốp có đục lỗ phía trong mái vòm sinh học. Cây mẹ được để phát triển trong nhà kính và được thu hạt giống. Chồi cắt loại dại cũng được thu đồng thời để phù hợp làm các đối chứng âm. Các chồi cắt được giữ trong mái vòm sinh học trong thời gian từ 5 đến 7 ngày. 3 đến 4 ngày sau khi chuyển vào các miếng xốp có đục lỗ, chồi được xử lý bằng dung dịch dinh dưỡng chứa thuốc diệt cỏ. Các triệu trứng nhiễm độc thông thường, như là rễ có dạng chùy, được đánh giá từ 3 đến 4 ngày sau khi xử lý. Các cây chuyển gen ít tổn thương hoặc không có tổn thương so với cây trồng kiểu dại được cho là có khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ.

Ví dụ 9: Thiết kế cây lúa hoặc ngô dung nạp chất ức chế sự sinh tổng hợp xenluloza có trình tự xenluloza syntaza đột biến.

Phôi non có thể được biến nạp theo quy trình được tóm tắt trong Peng et al. (WO2006/136596). Các cây được thử nghiệm đối với sự có mặt của T-ADN bằng phép phân tích Taqman với đích là gen kết thúc nos có mặt trong tất cả các cấu trúc. Các cây trông khỏe mạnh được đưa vào nhà kính để làm cho cứng cáp hơn và sau đó thử nghiệm phun. Các cây được cấy riêng vào đất MetroMix 360 trong 4" chậu. Khi ở trong nhà kính (chu kỳ ngày/đêm ở nhiệt độ 27°C /21°C với độ dài ngày 14 giờ được bổ sung ánh sáng natri áp suất cao 600W), cây được để phát triển trong thời gian 14 ngày. Việc biến nạp Oryza sativa (gạo) được thực hiện bằng kỹ thuật biến nạp tế bào trần như được mô tả bởi Peng et al. (US 6653529). Cây lúa và ngô chuyển gen được trồng thành các cây T1 để thử nghiệm khả năng dung nạp thuốc diệt cỏ.

Ví dụ 10: Chứng minh tính dung nạp thuốc diệt cỏ

Cây đậu tương chuyển gen T0 hoặc T1, cây ngô và cây lúa chứa trình tự xenluloza syntaza hoặc biến thể gen đột biến của nó được kiểm tra khả năng chịu thuốc diệt cỏ được cải thiện trong nghiên cứu nhà kính và các nghiên cứu trong các khoảng đất nhỏ bằng thuốc diệt cỏ azin. Đối với việc xử lý trước khi nảy mầm, thuốc diệt cỏ được áp dụng trực tiếp sau khi gieo bằng vòi phun phân bố đều. Vật chứa được làm ẩm nhẹ để thúc đẩy sự nảy mầm và sinh trưởng và sau đó được phủ nắp nhựa trong suốt cho đến khi cây mọc rễ. Việc che phủ này giúp cây thử nghiệm nảy mầm đồng nhất, trừ khi việc nảy mầm này bị tác động bởi thuốc diệt cỏ. Đối với việc xử lý sau khi nảy mầm, cây thử nghiệm trước tiên được cho sinh trưởng đến chiều cao từ 3 đến 15 cm, tùy thuộc vào tập

quán sinh trưởng của cây, và ngay sau đó được xử lý bằng thuốc diệt cỏ. Cho mục đích này, cây thử nghiệm hoặc là được gieo trực tiếp, và được sinh trưởng trong cùng vật chứa hoặc trước tiên chúng được tách ra và cấy ghép vào vật chứa thử nghiệm vài ngày trước khi xử lý.

Tiến hành đánh giá về tổn thương do thuốc diệt cỏ ở thời điểm 2 và 3 tuần sau khi xử lý. Tổn thương ở cây được đánh giá trên thang đo từ 0% đến 100%, 0% nghĩa là không có sự tổn thương và 100% nghĩa là cây chết hoàn toàn.

Dưới đây là cách xác định điểm tổn thương được đo như trên:

Điểm tổn thương	Mô tả tổn thương
0	Không bị tổn thương
1	Tổn thương nhỏ, chỉ một vài đốm ở lá bị tổn thương hoặc úa vàng.
2	Tổn thương nhỏ đồng thời là bị úa vàng nhiều hơn một chút. Toàn bộ điểm sinh trưởng vẫn chưa bị ảnh hưởng.
3	Tổn thương nhiều hơn một chút ở mô lá thứ phát, nhưng lá cơ sở và điểm sinh trưởng vẫn chưa bị ảnh hưởng.
4	Toàn bộ hình thái học của cây có thay đổi nhẹ, có hiện tượng úa vàng và hoại tử ở các điểm sinh trưởng thứ phát và mô lá. Gốc vẫn còn nguyên. Sự tái sinh trưởng vẫn có khả năng cao trong vòng 1 tuần.
5	Toàn bộ hình thái học của cây khác biệt rõ rệt, có hiện tượng úa vàng và họa tử trên một vài lá và điểm sinh trưởng, nhưng điểm sinh trưởng cơ sở vẫn còn nguyên. Mô gốc vẫn có màu xanh lá cây. Sự tái sinh trưởng vẫn có khả năng cao trong vòng 1 tuần.
6	Tổn thương nặng có thể thấy trên lá non mới nhú. Cây có khả năng sống sót cao chỉ nhờ vào sự tái sinh trưởng ở các điểm sinh trưởng khác nhau. Phần lớn các lá bị úa vàng/hoại tử nhưng mô gốc vẫn có màu xanh lá cây. Có thể có sự tái sinh trưởng nhưng với ngoại quan bị tổn thương đáng kể.
7	Phần lớn các điểm sinh trưởng tích cực bị hoại tử. Có thể có điểm sinh trưởng đơn lẻ có khả năng sống sót và có thể bị úa vàng một phần hoặc có màu xanh một phần và bị hoại tử một phần. Hai lá vẫn có thể bị úa vàng với ít màu xanh lá cây; phần còn lại của cây bao gồm cả gốc bị hoại tử.
8	Cây có thể chết, và tất cả các điểm sinh trưởng đều bị hoại tử. Một lá có thể bị úa vàng với ít màu xanh lá cây. Phần còn lại của cây đều bị hoại tử.
9	Cây chết.
*	Không được thử nghiệm

YÊU CẦU BẢO HỘ

1. Phương pháp phòng trừ cỏ dại ở vị trí cây trồng sinh trưởng, phương pháp này bao gồm: (a) áp dụng chế phẩm thuốc diệt cỏ chứa các thuốc diệt cỏ ức chế CESA cho vị trí này; và (b) gieo hạt giống ở vị trí này, trong đó hạt giống này có khả năng tạo ra cây trồng chứa trong ít nhất một số tế bào của nó, một polynucleotit liên kết có điều khiển với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây, trình tự khởi đầu này có khả năng làm biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA, trong đó Polypeptit CESA đột biến này chứa một hoặc nhiều các motif sau:

i) Motif 1a:

[V/I] [A/V]G [V/I/F] [S/T] [Y/D/N/A]A [V/I/L] [N/S/G] [S/N]G [Y/F/E] [Q/D/G/E/H] [S/A]WG [P/A]L [F/M/L]G [K/R] [L/V] [F/L]F (SEQ ID NO: 78);

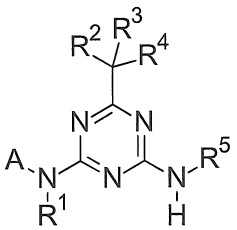
trong đó axit amin ở vị trí 5, 16, 17, và/hoặc 20 trong motif đã nêu được thay thế bằng axit amin bất kỳ khác;

ii) Motif 2a:

[V/L/I]W [S/A] [V/A/I]LL [A/S]S [I/F/V] [F/L][S/T] [L/V] [L/M/V/I]WV [R/K] [I/V] [N/D]PF (SEQ ID NO: 81);

trong đó axit amin ở vị trí 8, và/hoặc 11 trong motif đã nêu được thay thế bằng axit amin bất kỳ khác,

trong đó thuốc diệt cỏ ức chế CESA chứa hợp chất có công thức (I):



I,

trong đó:

A là heteroaryl, được thế bằng từ 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 phần tử thế R^A được chọn từ nhóm bao gồm halogen, OH, CN, amino, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-

alkynyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkenyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyloxy, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, và (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 22 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn và trong đó các phần vòng béo của 4 gốc được nêu cuối cùng có thể mang 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 nhóm metyl;

R^1 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)-sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 14 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn, hoặc

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenyl-cacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 6 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^2 là H, halogen, OH, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, C_3-C_6-xycloalkoxy hoặc (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 9 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn, hoặc

phenyl, hoặc phenyl-C_1-C_6-alkyl,

trong đó phenyl trong 2 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^3 được chọn từ nhóm bao gồm H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^4 được chọn từ nhóm bao gồm H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, C_3-C_6-xycloalkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 7 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn; hoặc

R^3 và R^4 cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra gốc được chọn từ nhóm bao gồm cacbonyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh,

trong đó C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, hoặc heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh không được thế hoặc được thế bằng từ một đến ba phần tử thế được chọn từ halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy; và

R^5 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)-sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 14 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn, hoặc

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenyl-cacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 6 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy.

2. Phương pháp theo điểm 1, trong đó chế phẩm thuốc diệt cỏ được dùng cho cỏ dại và cho cây trồng được tạo ra bởi hạt giống này.

3. Phương pháp phòng trừ cỏ dại ở vị trí cây trồng sinh trưởng, phương pháp này bao gồm: (a) áp dụng chế phẩm thuốc diệt cỏ chứa các thuốc diệt cỏ ức chế CESA cho vị trí này; và (b) gieo hạt giống ở vị trí này, trong đó hạt giống này có khả năng tạo ra cây trồng chứa trong ít nhất một số tế bào của nó, một polynucleotit liên kết có điều khiển

với trình tự khởi đầu có thể hoạt động trong các tế bào cây, trình tự khởi đầu này có khả năng làm biểu hiện polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến được mã hóa bởi polynucleotit này, sự biểu hiện của polypeptit CESA kiểu dại hoặc đột biến tạo cho cây trồng khả năng dung nạp các thuốc diệt cỏ ức chế CESA, trong đó Polypeptit CESA đột biến này chứa một hoặc nhiều các motif sau:

i) Motif 1a:

[V/I] [A/V]G [V/I/F] [S/T] [Y/D/N/A]A [V/I/L] [N/S/G] [S/N]G [Y/F/E] [Q/D/G/E/H] [S/A]WG [P/A]L [F/M/L]G [K/R] [L/V] [F/L]F (SEQ ID NO: 78);

trong đó axit amin ở vị trí 5, 16, và/hoặc 17 trong motif đã nêu được thay thế bằng axit amin bất kỳ khác;

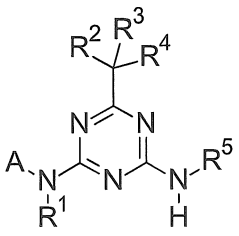
ii) Motif 2a:

[V/L/I]W [S/A] [V/A/I]LL [A/S]S [I/F/V] [F/L][S/T] [L/V] [L/M/V/I]WV [R/K] [I/V] [N/D]PF (SEQ ID NO: 81);

trong đó axit amin ở vị trí 8, và/hoặc 11 trong motif đã nêu được thay thế bằng axit amin bất kỳ khác.

4. Phương pháp theo điểm 3, trong đó chế phẩm thuốc diệt cỏ được dùng cho cỏ dại và cho cây trồng được tạo ra bởi hạt giống này.

5. Phương pháp theo điểm 3, trong đó thuốc diệt cỏ ức chế CESA chứa hợp chất có công thức (I):



I,

trong đó:

A là heteroaryl, được thế bằng từ 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 phần tử thế R^A được chọn từ nhóm bao gồm halogen, OH, CN, amino, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-C_6-alkenyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_2-

C_6-alkynyl, C_1-C_6-alkylthio, (C_1-C_6-alkyl)sulfinyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkyl)amino, di(C_1-C_6-alkyl)amino, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyloxy, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkoxy, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, và (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 22 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn và trong đó các phần vòng béo của 4 gốc được nêu cuối cùng có thể mang 1, 2, 3, 4, 5 hoặc 6 nhóm metyl;

R^1 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)-sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 14 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn, hoặc

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenyl-cacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 6 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^2 là H, halogen, OH, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, C_2-C_6-alkenyloxy, C_2-C_6-alkynyloxy, C_3-C_6-xycloalkoxy hoặc (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkoxy, trong đó các phần béo và vòng béo của 9 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn, hoặc

phenyl, hoặc phenyl-C_1-C_6-alkyl,

trong đó phenyl trong 2 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^3 được chọn từ nhóm bao gồm H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy;

R^4 được chọn từ nhóm bao gồm H, halogen, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-alkynyl, C_3-C_6-xycloalkyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và C_1-C_6-alkoxy-C_1-C_6-alkyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 7 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn; hoặc

R^3 và R^4 cùng với nguyên tử cacbon mà chúng gắn vào tạo ra gốc được chọn từ nhóm bao gồm cacbonyl, C_2-C_6-alkenyl, C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl và heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh,

trong đó C_3-C_6-xycloalkyl, C_3-C_6-xycloalkenyl, hoặc heteroxyclyl có từ ba đến sáu cạnh không được thế hoặc được thế bằng từ một đến ba phần tử thế được chọn từ halogen, CN, C_1-C_6-alkyl và C_1-C_6-alkoxy; và

R^5 được chọn từ nhóm bao gồm H, OH, $S(O)_2NH_2$, CN, C_1-C_6-alkyl, C_2-C_6-alkenyl, C_2-C_6-alkynyl, (C_3-C_6-xycloalkyl)-C_1-C_4-alkyl, C_1-C_6-alkoxy, (C_1-C_6-alkoxy)-C_1-C_6-alkyl, (C_1-C_6-alkyl)-cacbonyl, (C_1-C_6-alkoxy)cacbonyl, (C_1-C_6-alkyl)sulfonyl, (C_1-C_6-alkylamino)cacbonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminocacbonyl, (C_1-C_6-alkylamino)sulfonyl, di(C_1-C_6-alkyl)aminosulfonyl và (C_1-C_6-alkoxy)sulfonyl, trong đó các phần béo và vòng béo của 14 gốc nêu trên là không được thế, được halogen hóa một phần hoặc hoàn toàn, hoặc

phenyl, phenyl-C_1-C_6-alkyl, phenylsulfonyl, phenylaminosulfonyl, phenyl-cacbonyl và phenoxycacbonyl,

trong đó phenyl trong 6 gốc nêu cuối cùng là không được thế hoặc được thế bằng 1, 2, 3, 4 hoặc 5 phần tử thế giống nhau hoặc khác nhau được chọn từ nhóm bao gồm halogen, CN, NO_2, C_1-C_6-alkyl, C_1-C_6-haloalkyl, C_1-C_6-alkoxy và C_1-C_6-haloalkoxy.

1/13

Fig. 1A

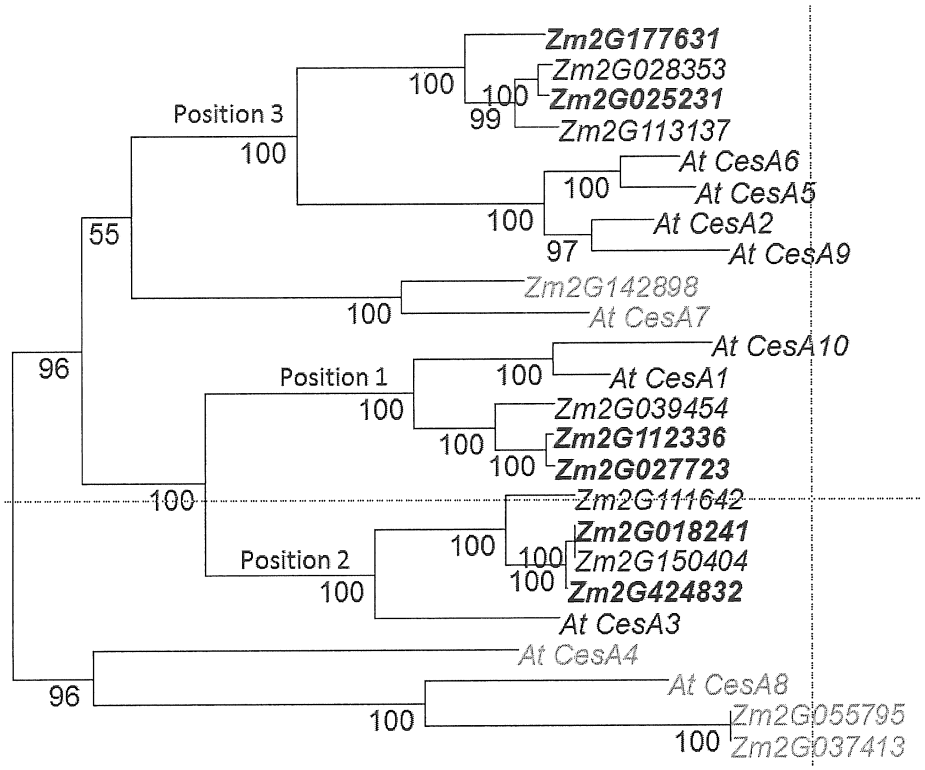

Zm2G177631
Zm2G028353
Zm2G025231
Zm2G113137
At CesA6
At CesA5
At CesA2
At CesA9
Zm2G142898
At CesA7
At CesA10
At CesA1
Zm2G039454
Zm2G112336
Zm2G027723
Zm2G111642
Zm2G018241
Zm2G150404
Zm2G424832
At CesA3
At CesA4
At CesA8
Zm2G055795
Zm2G037413
Position 1
Position 2
Position 3
100
100
99
100
100
97
55
100
96
100
100
100
100
100
100
100
100
96
100
100

Fig. 1B

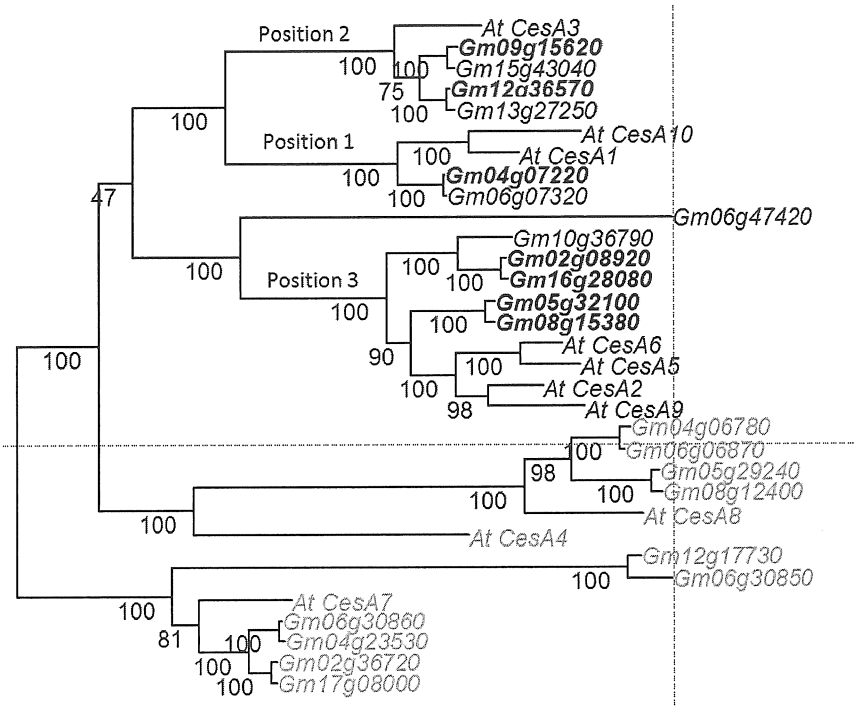

Position 2
Position 1
Position 3
At CesA3
Gm09g15620
Gm15g43040
Gm12a36570
Gm13g27250
At CesA10
At CesA1
Gm04g07220
Gm06g07320
Gm06g47420
Gm10g36790
Gm02g08920
Gm16g28080
Gm05g32100
Gm08g15380
At CesA6
At CesA5
At CesA2
At CesA9
Gm04g06780
Gm06g06870
Gm05g29240
Gm08g12400
At CesA8
At CesA4
Gm12g17730
Gm06g30850
At CesA7
Gm06g30860
Gm04g23530
Gm02g36720
Gm17g08000

Fig. 1C

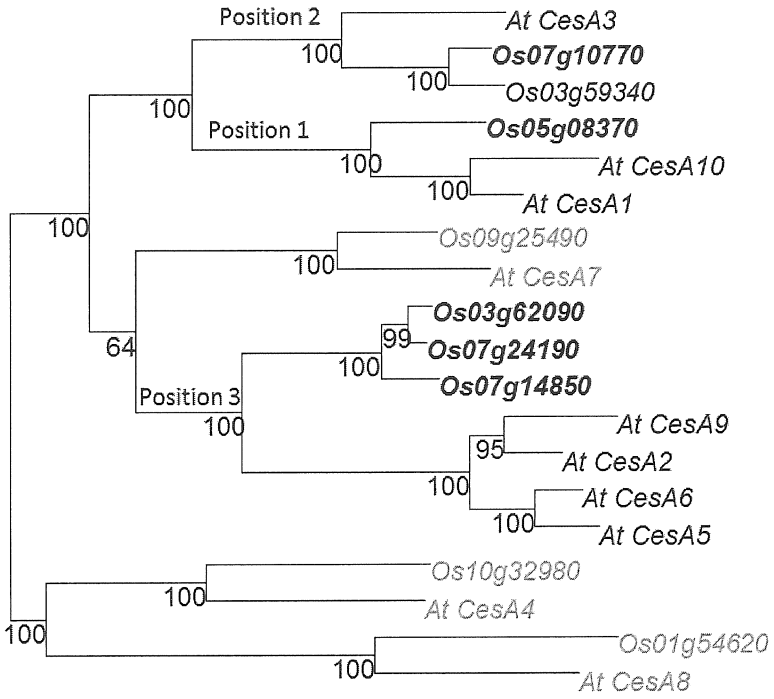

Position 2
At CesA3
100
Os07g10770
100
Os03g59340
100
Position 1
Os05g08370
100
At CesA10
100
At CesA1
100
Os09g25490
100
At CesA7
Os03g62090
99
Os07g24190
64
100
Os07g14850
Position 3
At CesA9
100
95
At CesA2
100
At CesA6
100
At CesA5
Os10g32980
100
At CesA4
100
Os01g54620
100
At CesA8

Fig. 2A

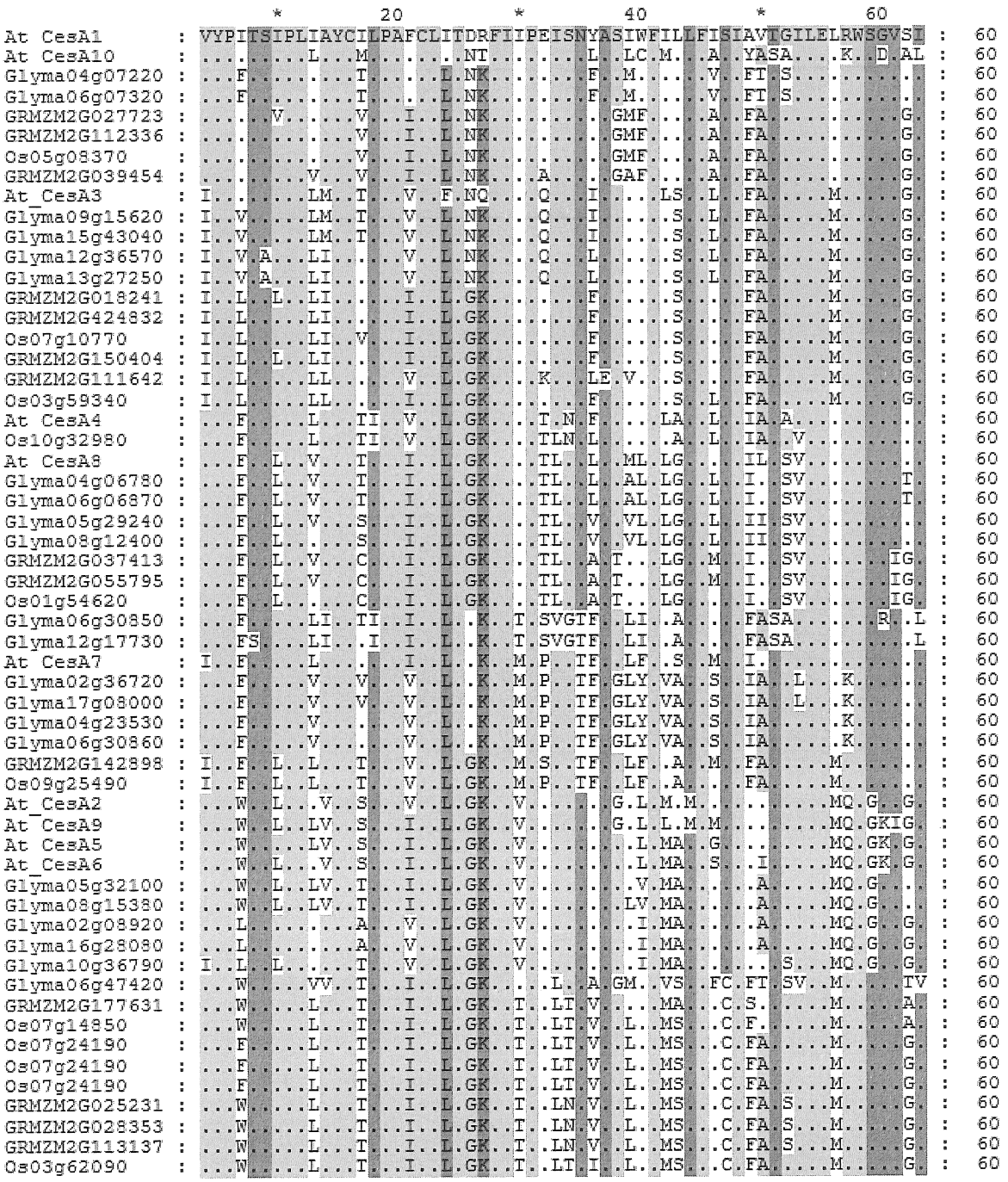

* 20 * 40 * 60
At CesA1 : VYPITSIPLIAYCILPAFCLITDRFIIPEISNYASIWFILLFISIAVIGILELRWSGVSL : 60
At CesA10 : .....L...M.....NT.....L..LC.M...A..YASA...K..D.AL : 60
Glyma04g07220 : ...F.....T.....L.NK.....F..M.....V..FT.S.....I : 60
Glyma06g07320 : ...F.....T.....L.NK.....F..M.....V..FT.S.....I : 60
GRMZM2G027723 : .....V.....V...I..L.NK.....GMF.....A..FA.....G. : 60
GRMZM2G112336 : .....V...I..L.NK.....GMF.....A..FA.....G. : 60
Os05g08370 : .....V...I..L.NK.....GMF.....A..FA.....G. : 60
GRMZM2G039454 : .....V...V...I..L.NK....A.....GAF.....A..FA.....G. : 60
At_CesA3 : I.....LM..T...V..F.NQ....Q...I.....LS..L..FA.....M.....G. : 60
Glyma09g15620 : I..V.....LM..T...V..L.NK....Q...I.....S..L..FA.....M.....G. : 60
Glyma15g43040 : I..V.....LM..T...V..L.NK....Q...I.....S..L..FA.....M.....G. : 60
Glyma12g36570 : I..V.A...LI.....V..L.NK....Q...L.....S..L..FA.....M.....G. : 60
Glyma13g27250 : I..V.A...LI.....V..L.NK....Q...L.....S..L..FA.....M.....G. : 60
GRMZM2G018241 : I..L..L..LI.....I..L.GK.....F.....S.....FA.....M.....G. : 60
GRMZM2G424832 : I..L.....LI.....I..L.GK.....F.....S.....FA.....M.....G. : 60
Os07g10770 : I..L.....LI..V...I..L.GK.....F.....S.....FA.....M.....G. : 60
GRMZM2G150404 : I..L..L..LI.....I..L.GK.....F.....S.....FA.....M.....G. : 60
GRMZM2G111642 : I..L.....LL.....V..L.GK....K...LE.V...S.....FA.....M.....G. : 60
Os03g59340 : I..L.....LL.....I..L.GK.....F.....S..L..FA.....M.....G. : 60
At CesA4 : ...F.....L...TI..V..L.GK....T.N.F.....LA..L..IA.A.....I : 60
Os10g32980 : ...F.....L...TI..V..L.GK....TLN.L.....A..L..IA..V.....I : 60
At CesA8 : ...F..L..V...T...I..L.GK....TL..L..ML.LG.....IL.SV.....I : 60
Glyma04g06780 : ...F..L..V...T...I..L.GK....TL..L..AL.LG..L..I..SV.....T. : 60
Glyma06g06870 : ...F..L..V...T...I..L.GK....TL..L..AL.LG..L..I..SV.....T. : 60
Glyma05g29240 : ...F..L..V...S...I..L.GK....TL..V..VL.LG..L..II.SV.....I : 60
Glyma08g12400 : ...F..L.....S...I..L.GK....TL..V..VL.LG..L..II.SV.....I : 60
GRMZM2G037413 : ...F..L..V...C...I..L.GK....TL..A.T...LG..M..I..SV.....IG. : 60
GRMZM2G055795 : ...F..L..V...C...I..L.GK....TL..A.T...LG..M..I..SV.....IG. : 60
Os01g54620 : ...F..L.....C...I..L.GK....TL..A.T...LG.....I..SV.....IG. : 60
Glyma06g30850 : ...F.....LI..TI..I..L..K..T.SVGTF..LI..A.....FASA.....R..L : 60
Glyma12g17730 : ...FS....LI...I..I..L..K..T.SVGTF..LI..A.....FASA.....L : 60
At CesA7 : I..F.....L.....I..L..K..M.P..TF..LF..S..M..I.....I : 60
Glyma02g36720 : ...F.....V...V...V..L..K..M.P..TF.GLY.VA..S..IA..L...K.....I : 60
Glyma17g08000 : ...F.....V...V...V..L..K..M.P..TF.GLY.VA..S..IA..L...K.....I : 60
Glyma04g23530 : ...F.....V.....V..L..K..M.P..TF.GLY.VA..S..IA.....K.....I : 60
Glyma06g30860 : ...F.....V.....V..L..K..M.P..TF.GLY.VA..S..IA.....K.....I : 60
GRMZM2G142898 : I..F..L..L...T...V..L.GK..M.S..TF..LF..A..M..FA.....M.....I : 60
Os09g25490 : I..F..L..L...T...V..L.GK..M.P..TF..LF..A.....FA.....M.....I : 60
At_CesA2 : ...W..L...V..S...V..L.GK..V.....G.L.M.M.....MQ.G..G. : 60
At_CesA9 : ...W..L..LV..S...I..L.GK..V.....G.L.L.M.M.....MQ.GKIG. : 60
At_CesA5 : ...W.....LV..S...I..L.GK..V.....L.MA..G.....MQ.GK.G. : 60
At_CesA6 : ...W..L...V..S...I..L.GK..V.....L.MA..S...I.....MQ.GK.G. : 60
Glyma05g32100 : ...W..L..LV..T...I..L.GK..V.....V.MA.....A.....MQ.G.... : 60
Glyma08g15380 : ...W..L..LV..T...I..L.GK..V.....LV.MA.....A.....MQ.G.... : 60
Glyma02g08920 : ...L.....A...V..L.GK..V.....I.MA.....A.....MQ.G..G. : 60
Glyma16g28080 : ...L.....A...V..L.GK..V.....I.MA.....A.....MQ.G..G. : 60
Glyma10g36790 : I..L..L.....T...V..L.GK..V.....I.MA.....S...MQ.G..G. : 60
Glyma06g47420 : ...W.....VV..T...I..L.GK.....L..A.GM..VS..FC.FI.SV..M.....TV : 60
GRMZM2G177631 : ...W.....L...T...I..L.GK..T..LI.V.....MA...C.S.....M.....A. : 60
Os07g14850 : ...W.....L...T...I..L.GK..T..LT.V..L..MS...C.F.....M.....A. : 60
Os07g24190 : ...F.....L...T...I..L.GK..T..LT.V..L..MS...C.FA.....M.....G. : 60
Os07g24190 : ...F.....L...T...I..L.GK..T..LT.V..L..MS...C.FA.....M.....G. : 60
Os07g24190 : ...F.....L...T...I..L.GK..T..LT.V..L..MS...C.FA.....M.....G. : 60
GRMZM2G025231 : ...W.....L...T...I..L.GK..T..LN.V..L..MS...C.FA.S...M.....G. : 60
GRMZM2G028353 : ...W.....L...T...I..L.GK..T..LN.V..L..MS...C.FA.S...M.....G. : 60
GRMZM2G113137 : ...W.....L...T...I..L.GK..T..LN.V..L..MS...C.FA.S...M.....G. : 60
Os03g62090 : ...W.....L...T...I..L.GK..T..LT.I..L..MS...C.FA.....M.....G. : 60

Fig. 2A (tiếp)

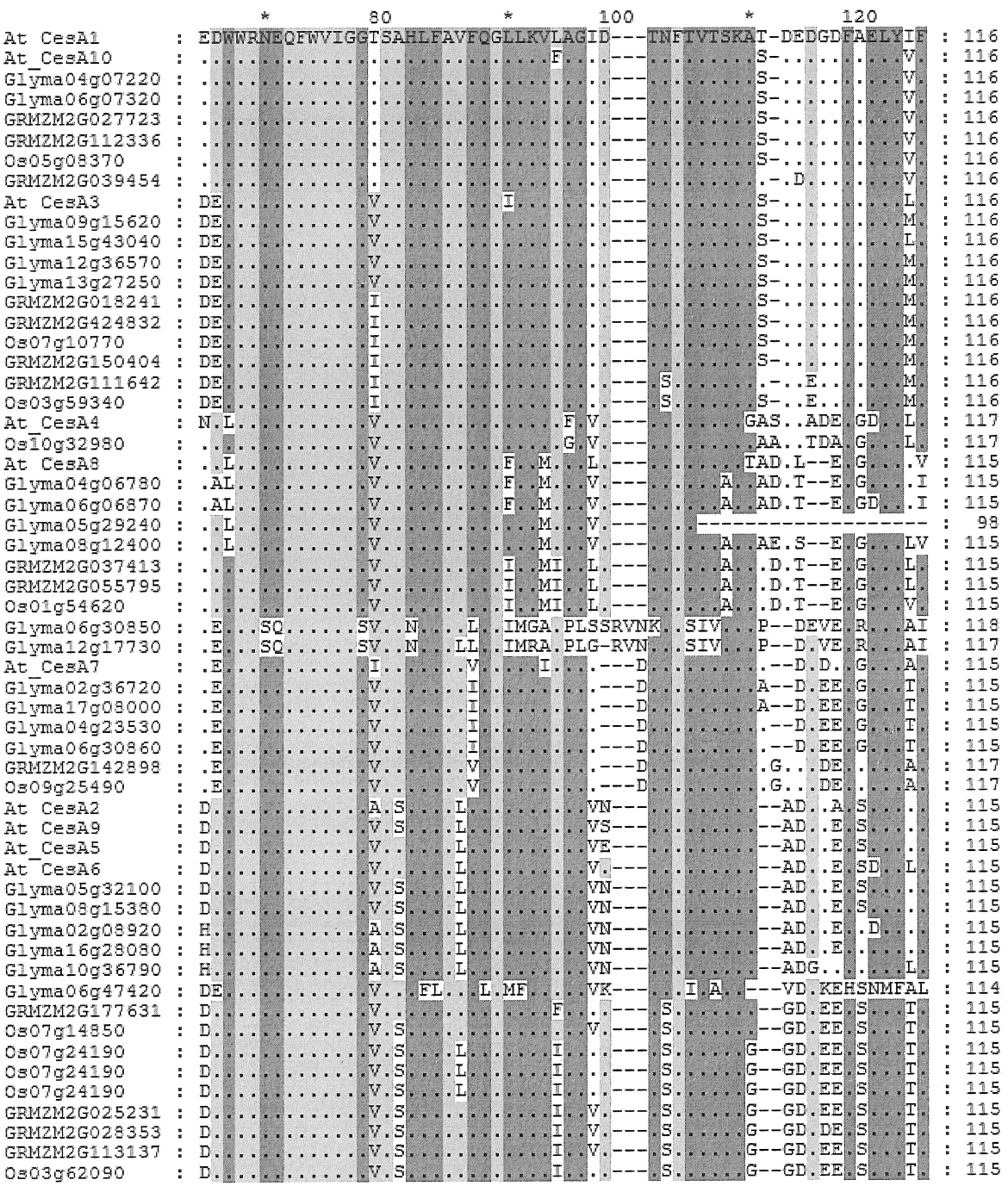


Fig. 2A (tiếp)

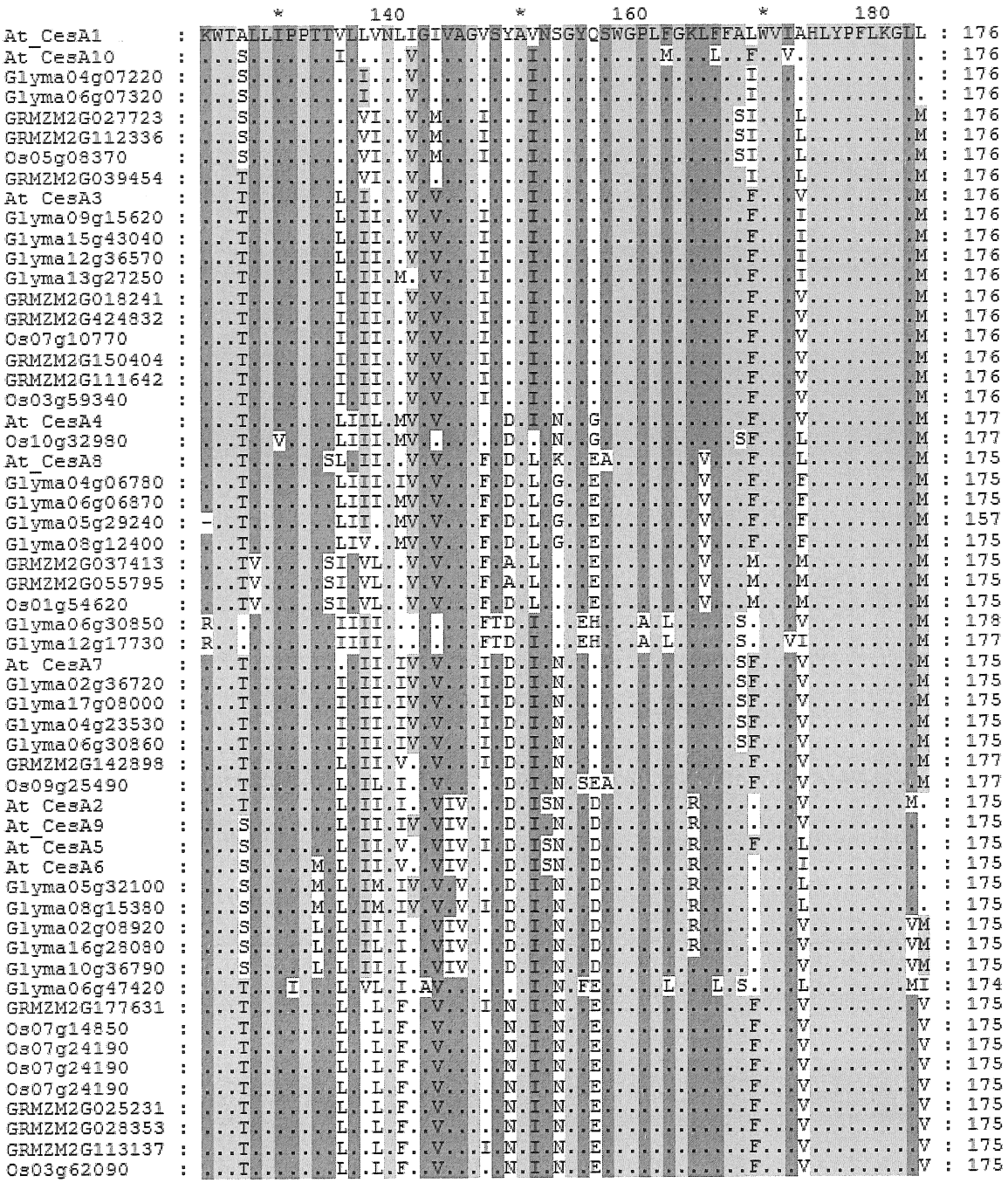

* 140 * 160 * 180
At_CesA1 : KWTALLIPPTTVLLVNLIGIVAGVSYAVNSGYQSWGPLFGKLFFALWVIAHLYPFLKGLL : 176
At_CesA10 : ...S.....L....V.....I.....M..L..F..V..... : 176
Glyma04g07220 : ...S.....I...V.....I.....I..... : 176
Glyma06g07320 : ...S.....I...V.....I.....I..... : 176
GRMZM2G027723 : ...S.....VI..V.M...I...I.....SI...L.....M : 176
GRMZM2G112336 : ...S.....VI..V.M...I...I.....SI...L.....M : 176
Os05g08370 : ...S.....VI..V.M...I...I.....SI...L.....M : 176
GRMZM2G039454 : ...T.....VI..V.....I.....I...L.....M : 176
At_CesA3 : ...T.....L.I...V.V.....I.....F...V.....M : 176
Glyma09g15620 : ...T.....L.II..V.V...I...I.....F...I.....M : 176
Glyma15g43040 : ...T.....L.II..V.V...I...I.....F...I.....M : 176
Glyma12g36570 : ...T.....L.II..V.V...I...I.....F...I.....M : 176
Glyma13g27250 : ...T.....L.II.M..V...I...I.....F...I.....M : 176
GRMZM2G018241 : ...T.....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M : 176
GRMZM2G424832 : ...T.....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M : 176
Os07g10770 : ...T.....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M : 176
GRMZM2G150404 : ...T.....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M : 176
GRMZM2G111642 : ...T.....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M : 176
Os03g59340 : ...T.....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M : 176
At_CesA4 : ...T.....LIIL.MV.V.....D.I.N..G.....F...V.....M : 177
Os10g32980 : ...T..V....LIII.MV.....D...N..G.....SF...L.....M : 177
At_CesA8 : ...T.....SL.II..V.V...F.D.L.K..EA.....V...F...L.....M : 175
Glyma04g06780 : ...T.....LIII.IV.V...F.D.L.G..E.....V...F...F.....M : 175
Glyma06g06870 : ...T.....LIII.MV.V...F.D.L.G..E.....V...F...F.....M : 175
Glyma05g29240 : -..T.....LII..MV.V...F.D.L.G..E.....V...F...F.....M : 157
Glyma08g12400 : ...T.....LIV..MV.V...F.D.L.G..E.....V...F...F.....M : 175
GRMZM2G037413 : ...TV.....SI.VL..V.V...F.A.L.....E.....V...M...M.....M : 175
GRMZM2G055795 : ...TV.....SI.VL..V.V...F.A.L.....E.....V...M...M.....M : 175
Os01g54620 : ...TV.....SI.VL..V.V...F.D.L.....E.....V...M...M.....M : 175
Glyma06g30850 : R.....IIII.....FTD.I...EH...A.L.....S...V.....M : 178
Glyma12g17730 : R.....IIII.....FTD.I...EH...A.L.....S...VI.....M : 177
At_CesA7 : ...T.....II.IV.V...I.D.I.N.....SF...V.....M : 175
Glyma02g36720 : ...T.....I.II.IV.V...I.D.I.N.....SF...V.....M : 175
Glyma17g08000 : ...T.....I.II.IV.V...I.D.I.N.....SF...V.....M : 175
Glyma04g23530 : ...T.....I.II.IV.V...I.D.I.N.....SF...V.....M : 175
Glyma06g30860 : ...T.....I.II.IV.V...I.D.I.N.....SF...V.....M : 175
GRMZM2G142898 : ...T.....L.II.V..V...I.D.I.N.....F...V.....M : 177
Os09g25490 : ...T.....L.IL.I..V.....D.I.N.SEA.....F...V.....M : 177
At_CesA2 : ...T.....L.II.I..VIV...D.ISN..D.....R.....V.....M. : 175
At_CesA9 : ...S.....L.II.IV.VIV...D.I.N..D.....R.....V..... : 175
At_CesA5 : ...S.....L.II.V..VIV.I.D.ISN..D.....R.....F...L..... : 175
At_CesA6 : ...S....M.L.II.V..VIV...D.ISN..D.....R.....I..... : 175
Glyma05g32100 : ...S....M.L.IM.IV.V.V...D.I.N..D.....R.....L..... : 175
Glyma08g15380 : ...S....M.L.IM.IV.V.V.I.D.I.N..D.....R.....L..... : 175
Glyma02g08920 : ...S....L.L.II.I..VIV...D.I.N..D.....R.....V.....VM : 175
Glyma16g28080 : ...S....L.L.II.I..VIV...D.I.N..D.....R.....V.....VM : 175
Glyma10g36790 : ...S....L.L.II.I..VIV...D.I.N..D.....V.....VM : 175
Glyma06g47420 : ...T...I...L.VL.I.AV.....I.N.FE.....L...L.S....L.....MI : 174
GRMZM2G177631 : ...T.....L..L.F..V.....I.N.I.N..E.....F...V.....V : 175
Os07g14850 : ...T.....L..L.F..V.....N.I.N..E.....F...V.....V : 175
Os07g24190 : ...T.....L..L.F..V.....N.I.N..E.....F...V.....V : 175
Os07g24190 : ...T.....L..L.F..V.....N.I.N..E.....F...V.....V : 175
Os07g24190 : ...T.....L..L.F..V.....N.I.N..E.....F...V.....V : 175
GRMZM2G025231 : ...T.....L..L.F..V.....N.I.N..E.....F...V.....V : 175
GRMZM2G028353 : ...T.....L..L.F..V.....N.I.N..E.....F...V.....V : 175
GRMZM2G113137 : ...T.....L..L.F..V.....I.N.I.N..E.....F...V.....V : 175
Os03g62090 : ...T.....L..L.F..V.....N.I.N..E.....F...V.....V : 175

Fig. 2 A (tiếp)

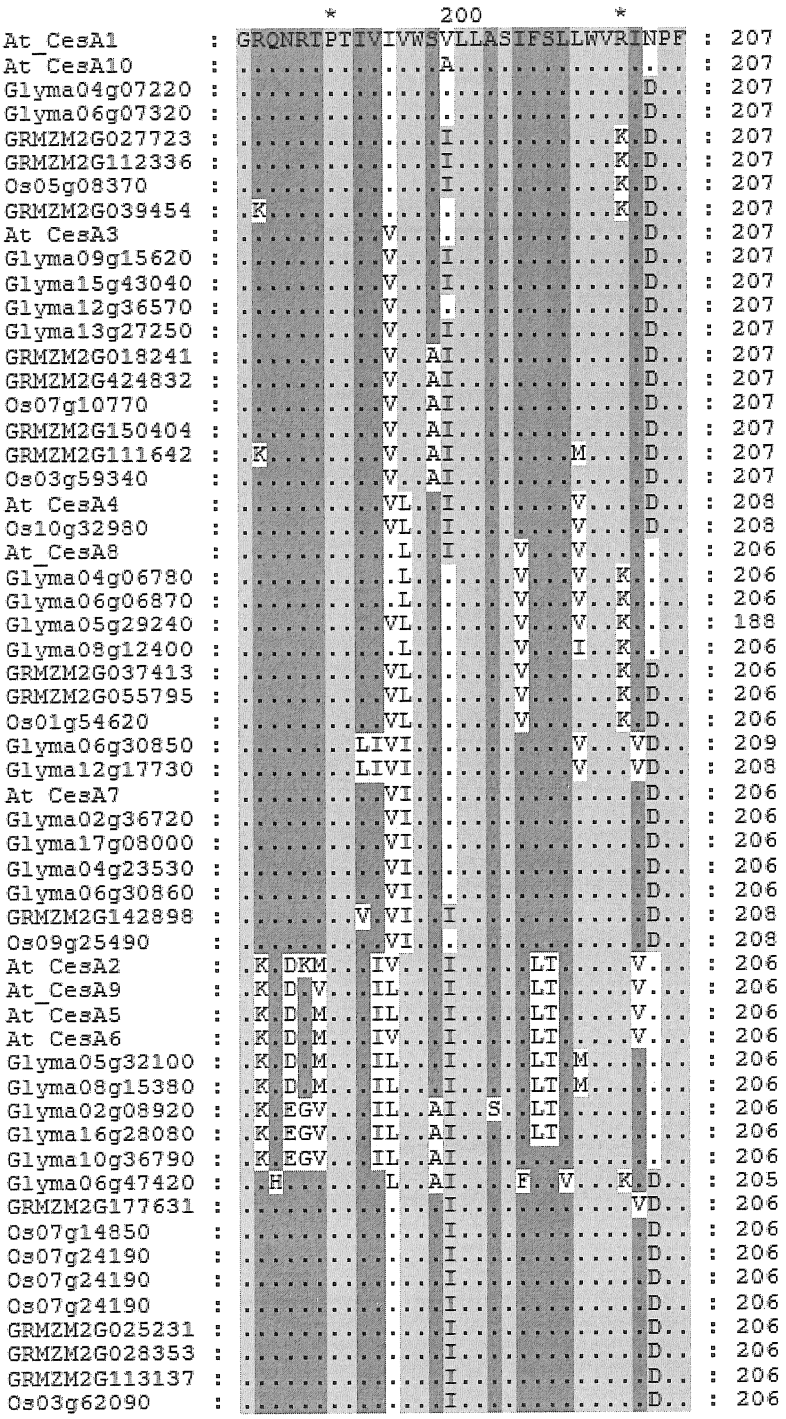

200
At_CesA1 : GRQNRTPTIVIVWSVLLASIFSLLWVRINPF : 207
At_CesA10 : 207
Glyma04g07220 : 207
Glyma06g07320 : 207
GRMZM2G027723 : 207
GRMZM2G112336 : 207
Os05g08370 : 207
GRMZM2G039454 : 207
At_CesA3 : 207
Glyma09g15620 : 207
Glyma15g43040 : 207
Glyma12g36570 : 207
Glyma13g27250 : 207
GRMZM2G018241 : 207
GRMZM2G424832 : 207
Os07g10770 : 207
GRMZM2G150404 : 207
GRMZM2G111642 : 207
Os03g59340 : 207
At_CesA4 : 208
Os10g32980 : 208
At_CesA8 : 206
Glyma04g06780 : 206
Glyma06g06870 : 206
Glyma05g29240 : 188
Glyma08g12400 : 206
GRMZM2G037413 : 206
GRMZM2G055795 : 206
Os01g54620 : 206
Glyma06g30850 : 209
Glyma12g17730 : 208
At_CesA7 : 206
Glyma02g36720 : 206
Glyma17g08000 : 206
Glyma04g23530 : 206
Glyma06g30860 : 206
GRMZM2G142898 : 208
Os09g25490 : 208
At_CesA2 : 206
At_CesA9 : 206
At_CesA5 : 206
At_CesA6 : 206
Glyma05g32100 : 206
Glyma08g15380 : 206
Glyma02g08920 : 206
Glyma16g28080 : 206
Glyma10g36790 : 206
Glyma06g47420 : 205
GRMZM2G177631 : 206
Os07g14850 : 206
Os07g24190 : 206
Os07g24190 : 206
Os07g24190 : 206
GRMZM2G025231 : 206
GRMZM2G028353 : 206
GRMZM2G113137 : 206
Os03g62090 : 206

Fig. 2B

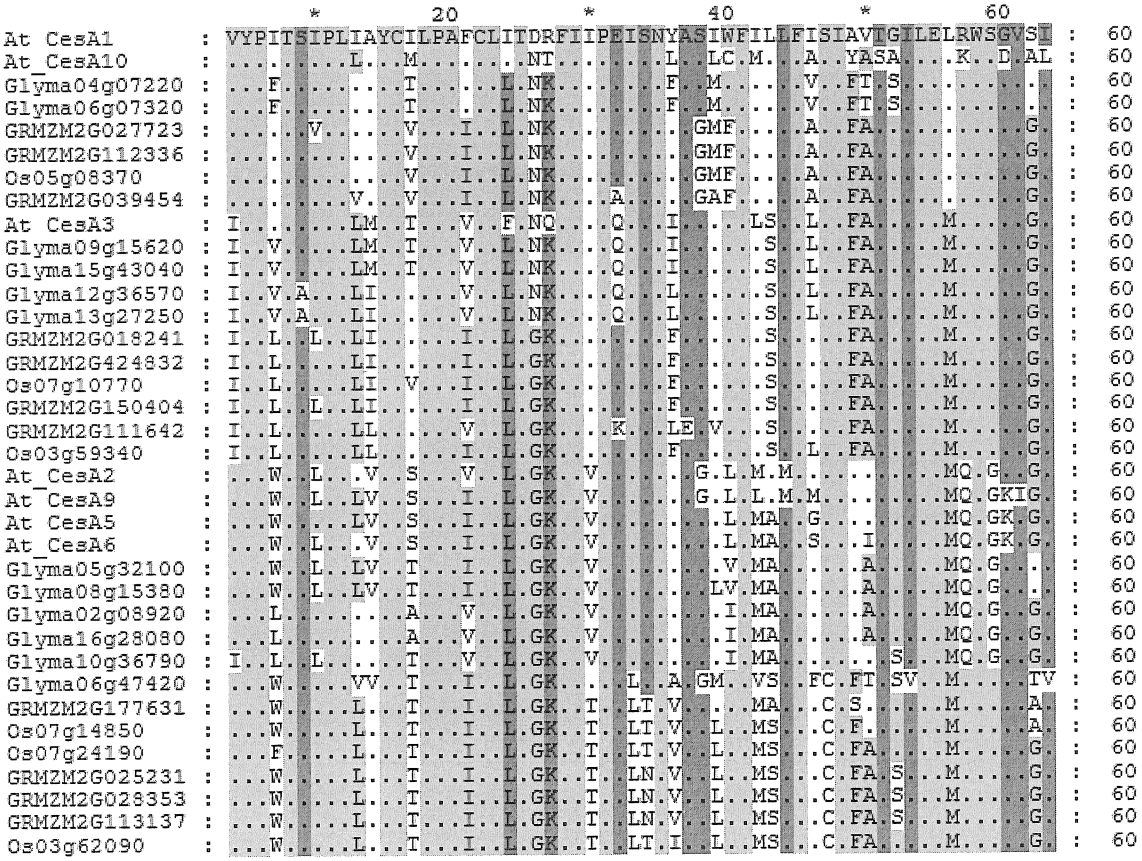

* 20 * 40 * 60
At CesA1 : VYPITSIPLIAYCILPAFCLITDRFIIPEISNYASIWFILLFISIAVTGILELRWSGVSI : 60
At_CesA10 : ...L..M.....NT.....L..LC.M...A..YASA...K..D.AL : 60
Glyma04g07220 : ...F.....T.....L.NK.....F..M.....V..FT.S..... : 60
Glyma06g07320 : ...F.....T.....L.NK.....F..M.....V..FT.S..... : 60
GRMZM2G027723 : .....V.....V...I..L.NK.....GMF.....A..FA.....G. : 60
GRMZM2G112336 : .....V...I..L.NK.....GMF.....A..FA.....G. : 60
Os05g08370 : .....V...I..L.NK.....GMF.....A..FA.....G. : 60
GRMZM2G039454 : .....V...V...I..L.NK...A.....GAF.....A..FA.....G. : 60
At CesA3 : I.....LM..T...V..F.NQ....Q...I.....LS..L..FA.....M.....G. : 60
Glyma09g15620 : I..V.....LM..T...V..L.NK....Q...I.....S..L..FA.....M.....G. : 60
Glyma15g43040 : I..V.....LM..T...V..L.NK....Q...I.....S..L..FA.....M.....G. : 60
Glyma12g36570 : I..V.A...LI.....V..L.NK....Q...L.....S..L..FA.....M.....G. : 60
Glyma13g27250 : I..V.A...LI.....V..L.NK....Q...L.....S..L..FA.....M.....G. : 60
GRMZM2G018241 : I..L..L..LI.....I..L.GK.....F.....S.....FA.....M.....G. : 60
GRMZM2G424832 : I..L.....LI.....I..L.GK.....F.....S.....FA.....M.....G. : 60
Os07g10770 : I..L.....LI..V...I..L.GK.....F.....S.....FA.....M.....G. : 60
GRMZM2G150404 : I..L..L..LI.....I..L.GK.....F.....S.....FA.....M.....G. : 60
GRMZM2G111642 : I..L.....LL.....V..L.GK....K...LE.V...S.....FA.....M.....G. : 60
Os03g59340 : I..L.....LL.....I..L.GK.....F.....S..L..FA.....M.....G. : 60
At_CesA2 : ...W..L...V..S...V..L.GK..V.....G.L.M.M.....MQ.G..G. : 60
At_CesA9 : ...W..L..LV..S...I..L.GK..V.....G.L.L.M.M.....MQ.GKIG. : 60
At CesA5 : ...W.....LV..S...I..L.GK..V.....L.MA..G.....MQ.GK.G. : 60
At_CesA6 : ...W..L...V..S...I..L.GK..V.....L.MA..S...I.....MQ.GK.G. : 60
Glyma05g32100 : ...W..L..LV..T...I..L.GK..V.....V.MA.....A.....MQ.G.... : 60
Glyma08g15380 : ...W..L..LV..T...I..L.GK..V.....LV.MA.....A.....MQ.G.... : 60
Glyma02g08920 : ...L.....A...V..L.GK..V.....I.MA.....A.....MQ.G..G. : 60
Glyma16g28080 : ...L.....A...V..L.GK..V.....I.MA.....A.....MQ.G..G. : 60
Glyma10g36790 : I..L..L.....T...V..L.GK..V.....I.MA.....S...MQ.G..G. : 60
Glyma06g47420 : ...W.....VV..T...I..L.GK.....L..A.GM..VS..FC.FT.SV..M.....TV : 60
GRMZM2G177631 : ...W.....L...T...I..L.GK..T..LT.V.....MA...C.S.....M.....A. : 60
Os07g14850 : ...W.....L...T...I..L.GK..T..LT.V..L..MS...C.F.....M.....A. : 60
Os07g24190 : ...F.....L...T...I..L.GK..T..LT.V..L..MS...C.FA.....M.....G. : 60
GRMZM2G025231 : ...W.....L...T...I..L.GK..T..LN.V..L..MS...C.FA.S...M.....G. : 60
GRMZM2G028353 : ...W.....L...T...I..L.GK..T..LN.V..L..MS...C.FA.S...M.....G. : 60
GRMZM2G113137 : ...W.....L...T...I..L.GK..T..LN.V..L..MS...C.FA.S...M.....G. : 60
Os03g62090 : ...W.....L...T...I..L.GK..T..LT.I..L..MS...C.FA.....M.....G. : 60

Fig. 2B (tiếp)

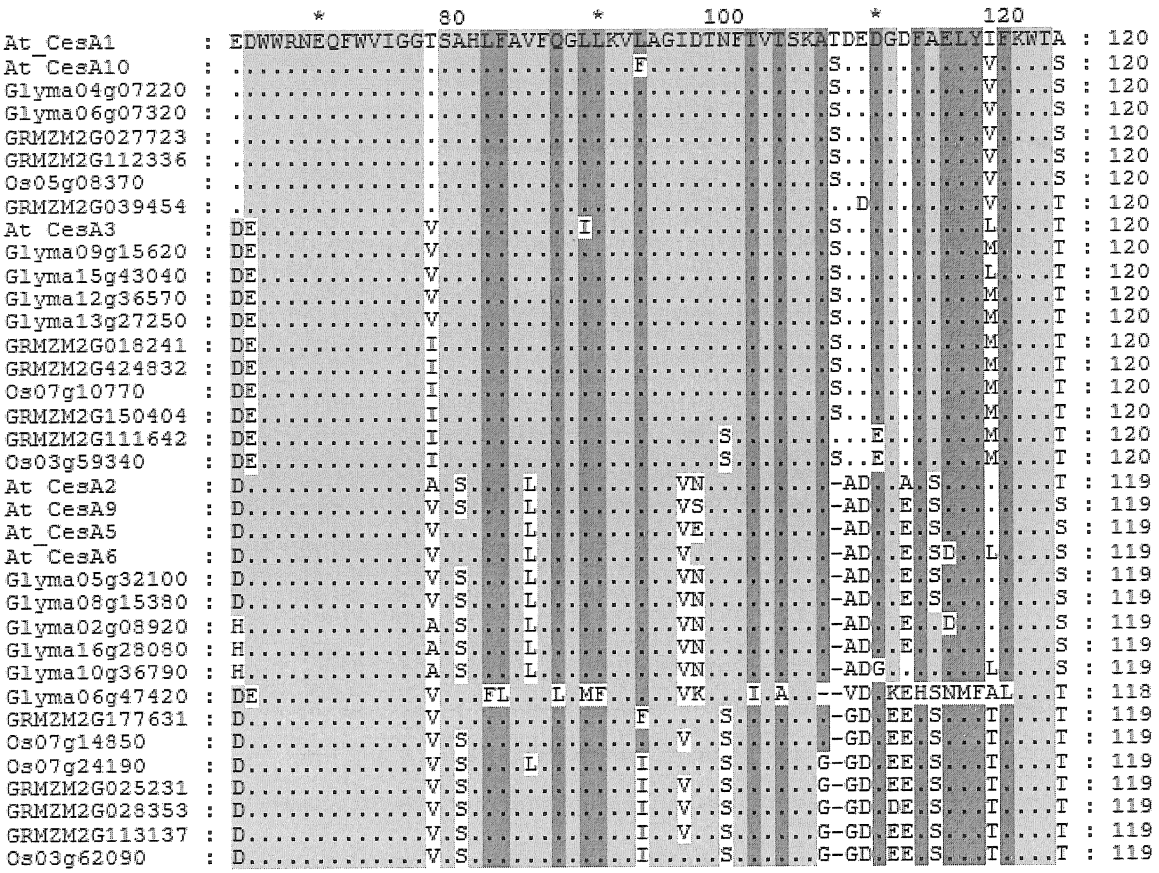

* 80 * 100 * 120
At_CesA1 : EDWWRNEQFWVIGGTSAHLFAVFQGLLKVLAGIDTNFTVTSKATDEDGDFAELYIFKWTA : 120
At_CesA10 : .....F.....S.....V....S : 120
Glyma04g07220 : .....S.....V....S : 120
Glyma06g07320 : .....S.....V....S : 120
GRMZM2G027723 : .....S.....V....S : 120
GRMZM2G112336 : .....S.....V....S : 120
Os05g08370 : .....S.....V....S : 120
GRMZM2G039454 : .....D.....V....T : 120
At_CesA3 : DE.....V.....I.....S.....L....T : 120
Glyma09g15620 : DE.....V.....S.....M....T : 120
Glyma15g43040 : DE.....V.....S.....L....T : 120
Glyma12g36570 : DE.....V.....S.....M....T : 120
Glyma13g27250 : DE.....V.....S.....M....T : 120
GRMZM2G018241 : DE.....I.....S.....M....T : 120
GRMZM2G424832 : DE.....I.....S.....M....T : 120
Os07g10770 : DE.....I.....S.....M....T : 120
GRMZM2G150404 : DE.....I.....S.....M....T : 120
GRMZM2G111642 : DE.....I.....S.....E.....M....T : 120
Os03g59340 : DE.....I.....S.....S..E.....M....T : 120
At_CesA2 : D.....A.S...L.....VN.....-AD..A.S.....T : 119
At_CesA9 : D.....V.S...L.....VS.....-AD..E.S.....S : 119
At_CesA5 : D.....V.....L.....VE.....-AD..E.S.....S : 119
At_CesA6 : D.....V.....L.....V.....-AD..E.SD..L....S : 119
Glyma05g32100 : D.....V.S...L.....VN.....-AD..E.S.....S : 119
Glyma08g15380 : D.....V.S...L.....VN.....-AD..E.S.....S : 119
Glyma02g08920 : H.....A.S...L.....VN.....-AD..E..D.....S : 119
Glyma16g28080 : H.....A.S...L.....VN.....-AD..E.....S : 119
Glyma10g36790 : H.....A.S...L.....VN.....-ADG.....L....S : 119
Glyma06g47420 : DE.....V...FL...L.MF.....VK...I.A...--VD.KEHSNMFAL...T : 118
GRMZM2G177631 : D.....V.....F.....S.....-GD.EE.S...T....T : 119
Os07g14850 : D.....V.S.....V..S.....-GD.EE.S...T....T : 119
Os07g24190 : D.....V.S...L.....I.....S.....G-GD.EE.S...T....T : 119
GRMZM2G025231 : D.....V.S.....I..V..S.....G-GD.EE.S...T....T : 119
GRMZM2G028353 : D.....V.S.....I..V..S.....G-GD.DE.S...T....T : 119
GRMZM2G113137 : D.....V.S.....I..V..S.....G-GD.EE.S...T....T : 119
Os03g62090 : D.....V.S.....I.....S.....G-GD.EE.S...T....T : 119

Fig. 2B (tiếp)

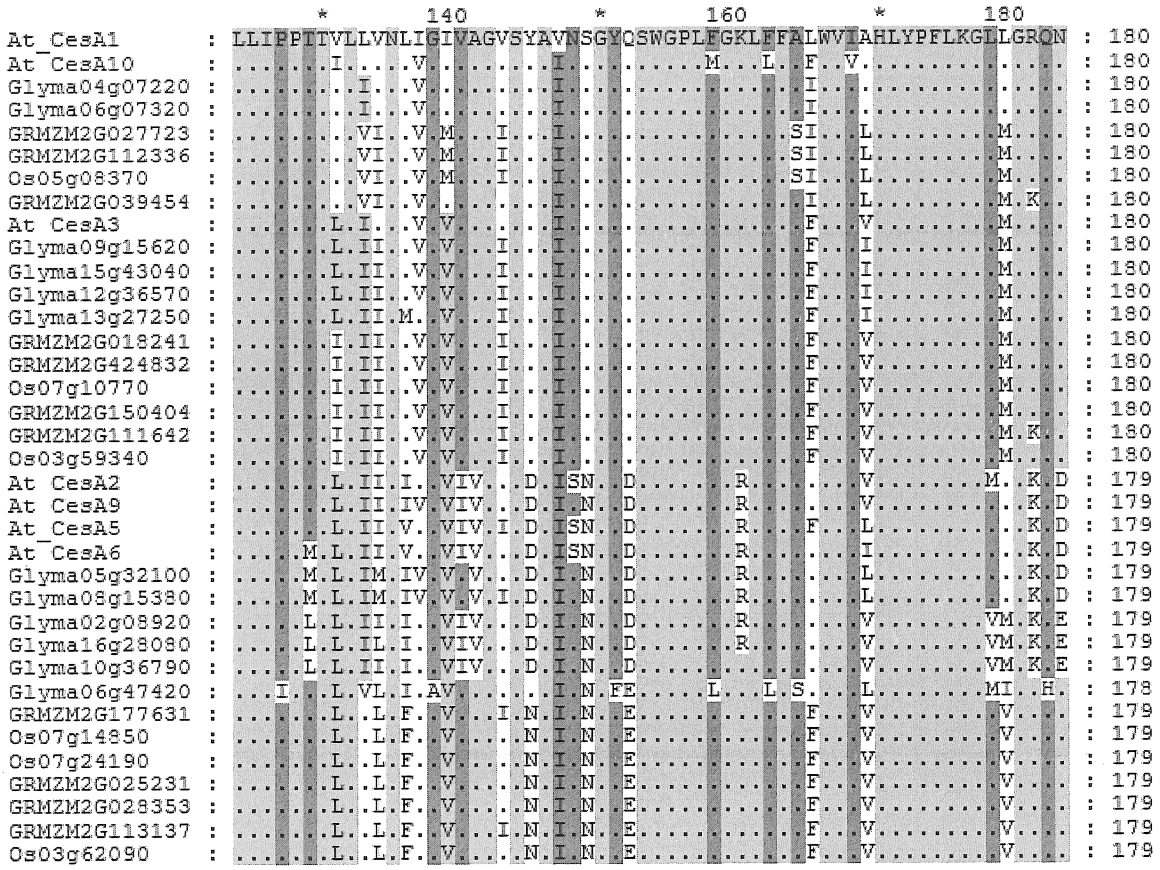

* 140 * 160 * 180
At_CesA1 : LLIPPITVLLVNLIGIVAGVSYAVNSGYQSWGPLFGKLFFALWVIAHLYPFLKGLLGRQN : 180
At_CesA10 : .....I.....V.....I.....M...L..F..V..... : 180
Glyma04g07220 : .....I...V.....I.....I..... : 180
Glyma06g07320 : .....I...V.....I.....I..... : 180
GRMZM2G027723 : .....VI..V.M...I...I.....SI...L.....M.... : 180
GRMZM2G112336 : .....VI..V.M...I...I.....SI...L.....M.... : 180
Os05g08370 : .....VI..V.M...I...I.....SI...L.....M.... : 180
GRMZM2G039454 : .....VI..V.....I.....I...L.....M.K.. : 180
At_CesA3 : .....L.I...V.V.....I.....F...V.....M.... : 180
Glyma09g15620 : .....L.II..V.V...I...I.....F...I.....M.... : 180
Glyma15g43040 : .....L.II..V.V...I...I.....F...I.....M.... : 180
Glyma12g36570 : .....L.II..V.V...I...I.....F...I.....M.... : 180
Glyma13g27250 : .....L.II.M..V...I...I.....F...I.....M.... : 180
GRMZM2G018241 : .....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M.... : 180
GRMZM2G424832 : .....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M.... : 180
Os07g10770 : .....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M.... : 180
GRMZM2G150404 : .....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M.... : 180
GRMZM2G111642 : .....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M.K.. : 180
Os03g59340 : .....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M.... : 180
At_CesA2 : .....L.II.I..VIV...D.ISN..D.....R.....V.....M..K.D : 179
At_CesA9 : .....L.II.IV.VIV...D.I.N..D.....R.....V.....K.D : 179
At_CesA5 : .....L.II.V..VIV.I.D.ISN..D.....R.....F...L.....K.D : 179
At_CesA6 : .....M.L.II.V..VIV...D.ISN..D.....R.....I.....K.D : 179
Glyma05g32100 : .....M.L.IM.IV.V.V...D.I.N..D.....R.....L.....K.D : 179
Glyma08g15380 : .....M.L.IM.IV.V.V.I.D.I.N..D.....R.....L.....K.D : 179
Glyma02g08920 : .....L.L.II.I..VIV...D.I.N..D.....R.....V.....VM.K.E : 179
Glyma16g28080 : .....L.L.IL.I..VIV...D.I.N..D.....R.....V.....VM.K.E : 179
Glyma10g36790 : .....L.L.II.I..VIV...D.I.N..D.....V.....VM.K.E : 179
Glyma06g47420 : ...I...L.VL.I.AV.....I.N.FE.....L...L.S...L.....MI..H. : 178
GRMZM2G177631 : .....L..L.F..V...I.N.I.N..E.....F...V.....V.... : 179
Os07g14850 : .....L..L.F..V.....N.I.N..E.....F...V.....V.... : 179
Os07g24190 : .....L..L.F..V.....N.I.N..E.....F...V.....V.... : 179
GRMZM2G025231 : .....L..L.F..V.....N.I.N..E.....F...V.....V.... : 179
GRMZM2G028353 : .....L..L.F..V.....N.I.N..E.....F...V.....V.... : 179
GRMZM2G113137 : .....L..L.F..V...I.N.I.N..E.....F...V.....V.... : 179
Os03g62090 : .....L..L.F..V.....N.I.N..E.....F...V.....V.... : 179

Fig. 2B (tiếp)

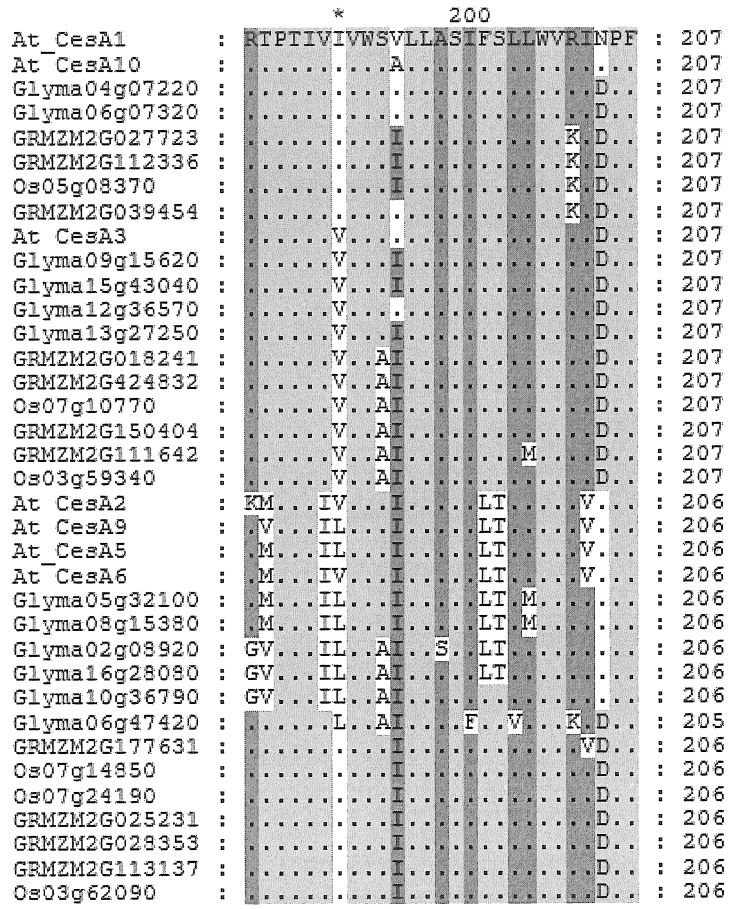

* 200
At_CesA1 : RTPTIVIVWSVLLASIFSLLWVRINPF : 207
At_CesA10 : .....A..... : 207
Glyma04g07220 : .....D.. : 207
Glyma06g07320 : .....D.. : 207
GRMZM2G027723 : .....I.....K.D.. : 207
GRMZM2G112336 : .....I.....K.D.. : 207
Os05g08370 : .....I.....K.D.. : 207
GRMZM2G039454 : .....K.D.. : 207
At_CesA3 : .....V.....D.. : 207
Glyma09g15620 : .....V...I.....D.. : 207
Glyma15g43040 : .....V...I.....D.. : 207
Glyma12g36570 : .....V.....D.. : 207
Glyma13g27250 : .....V...I.....D.. : 207
GRMZM2G018241 : .....V..AI.....D.. : 207
GRMZM2G424832 : .....V..AI.....D.. : 207
Os07g10770 : .....V..AI.....D.. : 207
GRMZM2G150404 : .....V..AI.....D.. : 207
GRMZM2G111642 : .....V..AI.....M....D.. : 207
Os03g59340 : .....V..AI.....D.. : 207
At_CesA2 : KM...IV...I.....LT.....V... : 206
At_CesA9 : .V...IL...I.....LT.....V... : 206
At_CesA5 : .M...IL...I.....LT.....V... : 206
At_CesA6 : .M...IV...I.....LT.....V... : 206
Glyma05g32100 : .M...IL...I.....LT.M..... : 206
Glyma08g15380 : .M...IL...I.....LT.M..... : 206
Glyma02g08920 : GV...IL..AI..S..LT..... : 206
Glyma16g28080 : GV...IL..AI.....LT..... : 206
Glyma10g36790 : GV...IL..AI..... : 206
Glyma06g47420 : .....L..AI....F..V...K.D.. : 205
GRMZM2G177631 : .....I.....VD.. : 206
Os07g14850 : .....I.....D.. : 206
Os07g24190 : .....I.....D.. : 206
GRMZM2G025231 : .....I.....D.. : 206
GRMZM2G028353 : .....I.....D.. : 206
GRMZM2G113137 : .....I.....D.. : 206
Os03g62090 : .....I.....D.. : 206

Fig. 2C

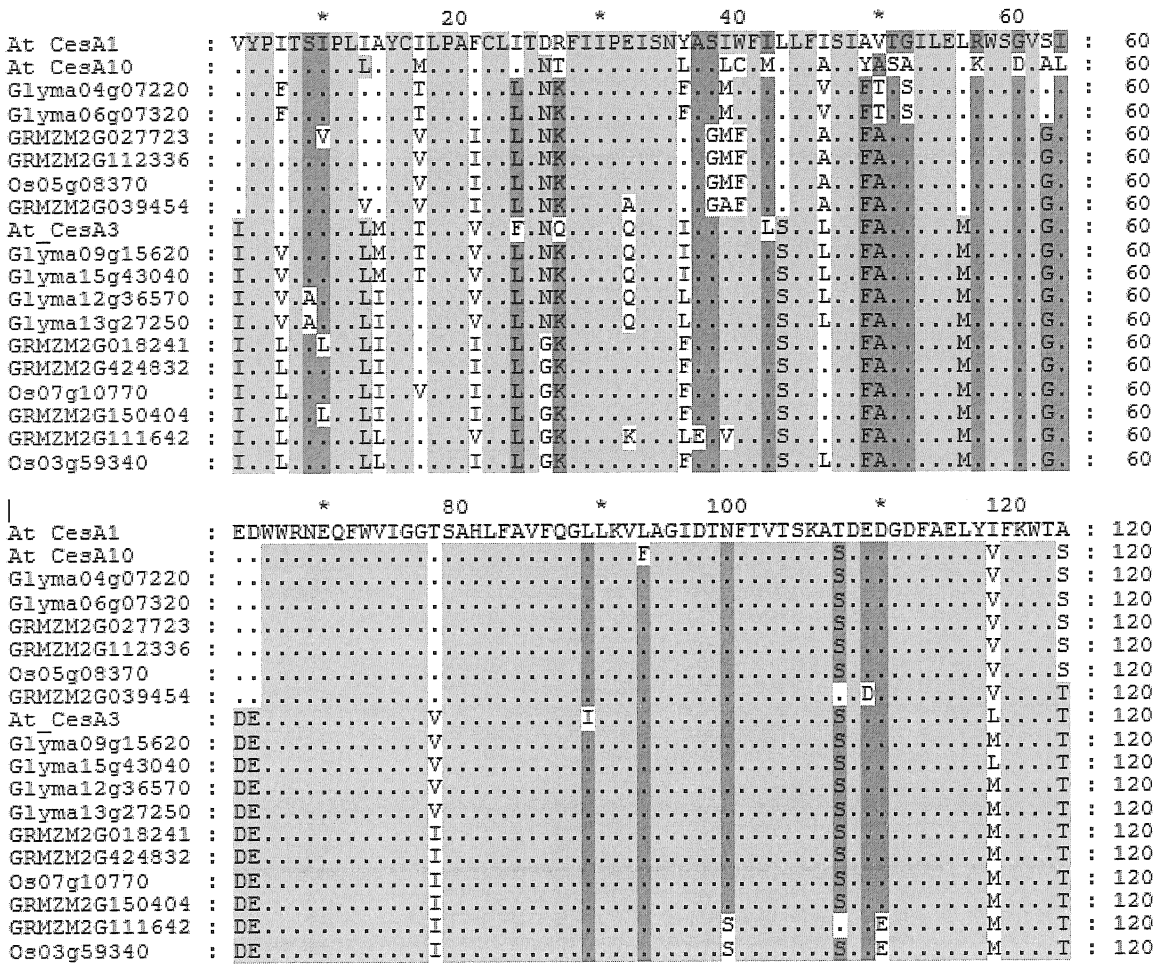
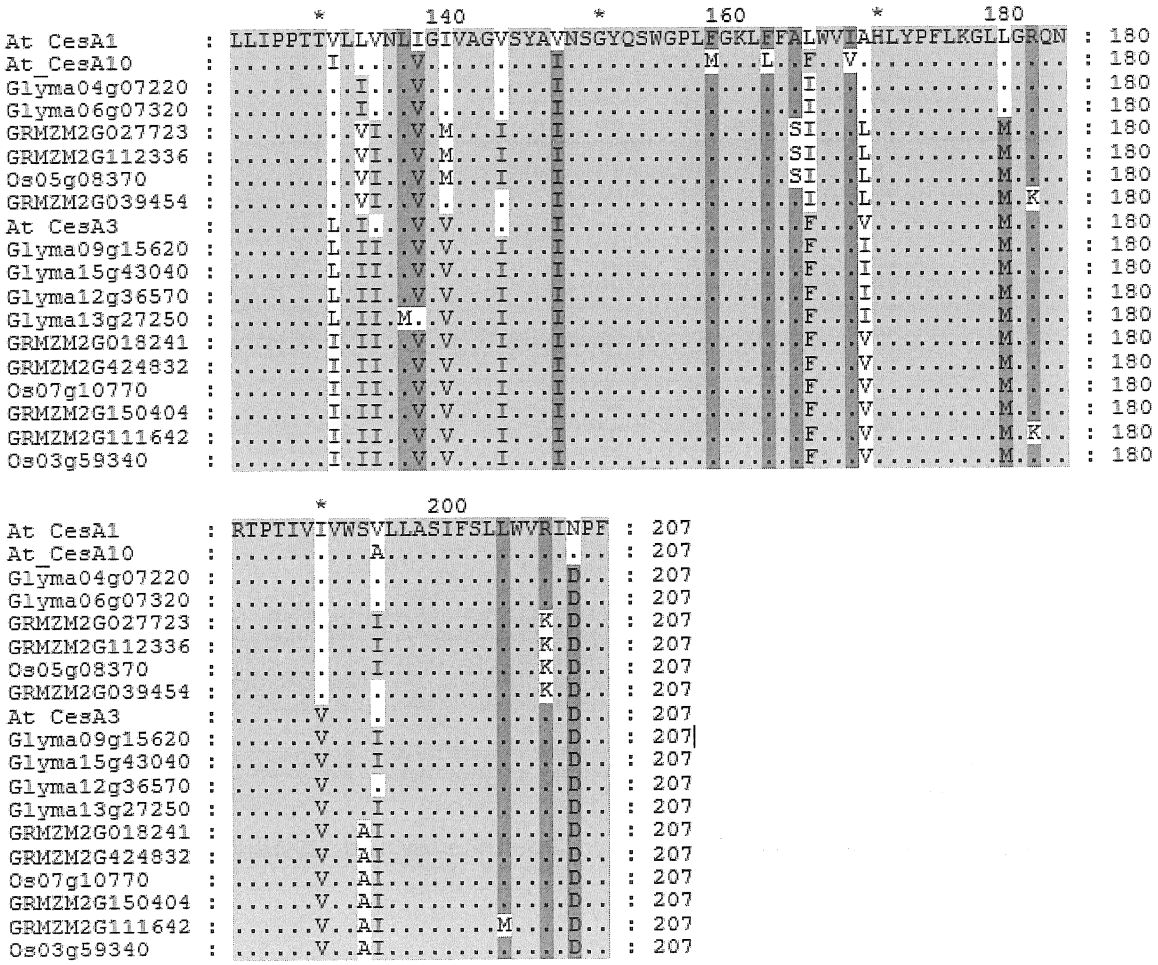

At CesA1
At CesA10
Glyma04g07220
Glyma06g07320
GRMZM2G027723
GRMZM2G112336
Os05g08370
GRMZM2G039454
At_CesA3
Glyma09g15620
Glyma15g43040
Glyma12g36570
Glyma13g27250
GRMZM2G018241
GRMZM2G424832
Os07g10770
GRMZM2G150404
GRMZM2G111642
Os03g59340

Fig. 2C (tiếp)


* 140 * 160 * 180
At CesA1 : LLIPPTTVLLVNLIGIVAGVSYAVNSGYQSWGPLFGKLFFALWVIAHLYPFLKGLLGRQN : 180
At_CesA10 : .....I.....V.....I.....M...L..F..V.....
Glyma04g07220 : .....I...V.....I.....I.....
Glyma06g07320 : .....I...V.....I.....I.....
GRMZM2G027723 : .....VI..V.M...I...I.....SI...L.....M.....
GRMZM2G112336 : .....VI..V.M...I...I.....SI...L.....M.....
Os05g08370 : .....VI..V.M...I...I.....SI...L.....M.....
GRMZM2G039454 : .....VI..V.....I.....I...L.....M.K..
At CesA3 : .....L.I...V.V.....I.....F...V.....M.....
Glyma09g15620 : .....L.II..V.V...I...I.....F...I.....M.....
Glyma15g43040 : .....L.II..V.V...I...I.....F...I.....M.....
Glyma12g36570 : .....L.II..V.V...I...I.....F...I.....M.....
Glyma13g27250 : .....L.II.M..V...I...I.....F...I.....M.....
GRMZM2G018241 : .....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M.....
GRMZM2G424832 : .....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M.....
Os07g10770 : .....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M.....
GRMZM2G150404 : .....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M.....
GRMZM2G111642 : .....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M.K..
Os03g59340 : .....I.II..V.V...I...I.....F...V.....M.....
* 200
At CesA1 : RTPTIVIVWSVLLASIFSLLWVRINPF : 207
At_CesA10 : .....A.....
Glyma04g07220 : .....D..
Glyma06g07320 : .....D..
GRMZM2G027723 : .....I.....K.D..
GRMZM2G112336 : .....I.....K.D..
Os05g08370 : .....I.....K.D..
GRMZM2G039454 : .....K.D..
At CesA3 : .....V.....D..
Glyma09g15620 : .....V...I.....D..
Glyma15g43040 : .....V...I.....D..
Glyma12g36570 : .....V.....D..
Glyma13g27250 : .....V...I.....D..
GRMZM2G018241 : .....V..AI.....D..
GRMZM2G424832 : .....V..AI.....D..
Os07g10770 : .....V..AI.....D..
GRMZM2G150404 : .....V..AI.....D..
GRMZM2G111642 : .....V..AI.....M.....D..
Os03g59340 : .....V..AI.....D..

DANH MỤC TRÌNH TỰ

<110> BASF SE

<120> PHƯƠNG PHÁP PHÒNG TRỪ CỎ DẠI Ở VỊ TRÍ CÂY TRỒNG SINH TRƯỞNG

<130> 0000076908

<150> US 61/982893
<151> 2014-04-23

<150> US 61/982894
<151> 2014-04-23

<150> US 61/982895
<151> 2014-04-23

<150> US 61/982896
<151> 2014-04-23

<150> US 61/982897
<151> 2014-04-23

<150> US 61/982898
<151> 2014-04-23

<150> US 61/982899
<151> 2014-04-23

<150> US 61/982900
<151> 2014-04-23

<150> US 61/982901
<151> 2014-04-23

<150> US 61/982903
<151> 2014-04-23

<150> US 61/982904
<151> 2014-04-23

<160> 83

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1
<211> 1081
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 1

Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser Tyr Arg Arg Asn Glu
1 5 10 15

Leu Val Arg Ile Arg His Glu Ser Asp Gly Gly Thr Lys Pro Leu Lys
20 25 30

Asn Met Asn Gly Gln Ile Cys Gln Ile Cys Gly Asp Asp Val Gly Leu
35 40 45

Ala Glu Thr Gly Asp Val Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro

```
    50                  55                  60

Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Thr Gln Cys
65                  70                  75                  80

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

Val Glu Gly Asp Glu Asp Glu Asp Asp Val Asp Asp Ile Glu Asn Glu
            100                 105                 110

Phe Asn Tyr Ala Gln Gly Ala Asn Lys Ala Arg His Gln Arg His Gly
        115                 120                 125

Glu Glu Phe Ser Ser Ser Ser Arg His Glu Ser Gln Pro Ile Pro Leu
    130                 135                 140

Leu Thr His Gly His Thr Val Ser Gly Glu Ile Arg Thr Pro Asp Thr
145                 150                 155                 160

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

Ala Ile Ser Ser Pro Tyr Ile Asp Pro Arg Gln Pro Val Pro Val Arg
            180                 185                 190

Ile Val Asp Pro Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly Leu Gly Asn Val
        195                 200                 205

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

Met Leu Gln Met Thr Gly Lys Tyr His Glu Gly Lys Gly Gly Glu Ile
225                 230                 235                 240

Glu Gly Thr Gly Ser Asn Gly Glu Glu Leu Gln Met Ala Asp Asp Thr
                245                 250                 255

Arg Leu Pro Met Ser Arg Val Val Pro Ile Pro Ser Ser Arg Leu Thr
            260                 265                 270

Pro Tyr Arg Val Val Ile Ile Leu Arg Leu Ile Ile Leu Cys Phe Phe
        275                 280                 285

Leu Gln Tyr Arg Thr Thr His Pro Val Lys Asn Ala Tyr Pro Leu Trp
    290                 295                 300

Leu Thr Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Phe Ser Trp Leu Leu
305                 310                 315                 320

Asp Gln Phe Pro Lys Trp Tyr Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp
                325                 330                 335

Arg Leu Ala Ile Arg Tyr Asp Arg Asp Gly Glu Pro Ser Gln Leu Val
            340                 345                 350

Pro Val Asp Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro
        355                 360                 365

Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ser Val Asp Tyr Pro
    370                 375                 380

Val Asp Lys Val Ala Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ser Ala Met Leu
385                 390                 395                 400
```

Thr Phe Glu Ser Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala Lys Lys Trp Val
405 410 415

Pro Phe Cys Lys Lys Phe Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr
420 425 430

Phe Ala Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Ile Gln Pro Ser Phe
435 440 445

Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val
450 455 460

Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Ile Pro Glu Glu Gly
465 470 475 480

Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Arg Asp
485 490 495

His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp
500 505 510

Thr Asp Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Ile Tyr Val Ser Arg Glu Lys
515 520 525

Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu
530 535 540

Ile Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr Leu Leu Asn Val
545 550 555 560

Asp Cys Asp His Tyr Phe Asn Asn Ser Lys Ala Ile Lys Glu Ala Met
565 570 575

Cys Phe Met Met Asp Pro Ala Ile Gly Lys Lys Cys Cys Tyr Val Gln
580 585 590

Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Leu His Asp Arg Tyr Ala Asn
595 600 605

Arg Asn Ile Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile
610 615 620

Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn Arg Gln Ala
625 630 635 640

Leu Tyr Gly Tyr Asp Pro Val Leu Thr Glu Glu Asp Leu Glu Pro Asn
645 650 655

Ile Ile Val Lys Ser Cys Cys Gly Ser Arg Lys Lys Gly Lys Ser Ser
660 665 670

Lys Lys Tyr Asn Tyr Glu Lys Arg Arg Gly Ile Asn Arg Ser Asp Ser
675 680 685

Asn Ala Pro Leu Phe Asn Met Glu Asp Ile Asp Glu Gly Phe Glu Gly
690 695 700

Tyr Asp Asp Glu Arg Ser Ile Leu Met Ser Gln Arg Ser Val Glu Lys
705 710 715 720

Arg Phe Gly Gln Ser Pro Val Phe Ile Ala Ala Thr Phe Met Glu Gln
725 730 735

```
Gly Gly Ile Pro Pro Thr Thr Asn Pro Ala Thr Leu Leu Lys Glu Ala
            740                 745                 750

Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys
        755                 760                 765

Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly
    770                 775                 780

Phe Lys Met His Ala Arg Gly Trp Ile Ser Ile Tyr Cys Asn Pro Pro
785                 790                 795                 800

Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu
                805                 810                 815

Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Ile Glu Ile Leu Leu Ser
            820                 825                 830

Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr His Gly Arg Leu Arg Leu Leu
        835                 840                 845

Glu Arg Ile Ala Tyr Ile Asn Thr Ile Val Tyr Pro Ile Thr Ser Ile
    850                 855                 860

Pro Leu Ile Ala Tyr Cys Ile Leu Pro Ala Phe Cys Leu Ile Thr Asp
865                 870                 875                 880

Arg Phe Ile Ile Pro Glu Ile Ser Asn Tyr Ala Ser Ile Trp Phe Ile
                885                 890                 895

Leu Leu Phe Ile Ser Ile Ala Val Thr Gly Ile Leu Glu Leu Arg Trp
            900                 905                 910

Ser Gly Val Ser Ile Glu Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val
        915                 920                 925

Ile Gly Gly Thr Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu
    930                 935                 940

Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala
945                 950                 955                 960

Thr Asp Glu Asp Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Ile Phe Lys Trp Thr
                965                 970                 975

Ala Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Val Leu Leu Val Asn Leu Ile Gly
            980                 985                 990

Ile Val Ala Gly Val Ser Tyr Ala  Val Asn Ser Gly Tyr  Gln Ser Trp
        995                 1000                1005

Gly Pro  Leu Phe Gly Lys Leu  Phe Phe Ala Leu Trp  Val Ile Ala
    1010                1015                1020

His Leu  Tyr Pro Phe Leu Lys  Gly Leu Leu Gly Arg  Gln Asn Arg
    1025                1030                1035

Thr Pro  Thr Ile Val Ile Val  Trp Ser Val Leu Leu  Ala Ser Ile
    1040                1045                1050

Phe Ser  Leu Leu Trp Val Arg  Ile Asn Pro Phe Val  Asp Ala Asn
    1055                1060                1065

Pro Asn  Ala Asn Asn Phe Asn  Gly Lys Gly Gly Val  Phe
```

1070 1075 1080

<210> 2
<211> 1084
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 2

Met Asn Thr Gly Gly Arg Leu Ile Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1 5 10 15

Phe Val Leu Ile Asn Ala Asp Glu Ser Ala Arg Ile Arg Ser Val Gln
20 25 30

Glu Leu Ser Gly Gln Thr Cys Gln Ile Cys Gly Asp Glu Ile Glu Leu
35 40 45

Thr Val Ser Ser Glu Leu Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro
50 55 60

Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Asn Gln Ala
65 70 75 80

Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Ile Lys Gly Ser Pro Arg
85 90 95

Val Asp Gly Asp Asp Glu Glu Glu Glu Asp Ile Asp Asp Leu Glu Tyr
100 105 110

Glu Phe Asp His Gly Met Asp Pro Glu His Ala Ala Glu Ala Ala Leu
115 120 125

Ser Ser Arg Leu Asn Thr Gly Arg Gly Gly Leu Asp Ser Ala Pro Pro
130 135 140

Gly Ser Gln Ile Pro Leu Leu Thr Tyr Cys Asp Glu Asp Ala Asp Met
145 150 155 160

Tyr Ser Asp Arg His Ala Leu Ile Val Pro Pro Ser Thr Gly Tyr Gly
165 170 175

Asn Arg Val Tyr Pro Ala Pro Phe Thr Asp Ser Ser Ala Pro Pro Gln
180 185 190

Ala Arg Ser Met Val Pro Gln Lys Asp Ile Ala Glu Tyr Gly Tyr Gly
195 200 205

Ser Val Ala Trp Lys Asp Arg Met Glu Val Trp Lys Arg Arg Gln Gly
210 215 220

Glu Lys Leu Gln Val Ile Lys His Glu Gly Gly Asn Asn Gly Arg Gly
225 230 235 240

Ser Asn Asp Asp Asp Glu Leu Asp Asp Pro Asp Met Pro Met Met Asp
245 250 255

Glu Gly Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Leu Pro Ile Arg Ser Ser Arg
260 265 270

Ile Asn Pro Tyr Arg Met Leu Ile Leu Cys Arg Leu Ala Ile Leu Gly
275 280 285

Leu Phe Phe His Tyr Arg Ile Leu His Pro Val Asn Asp Ala Tyr Gly

```
    290                 295                 300

Leu Trp Leu Thr Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Val Ser Trp
305                 310                 315                 320

Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Tyr Pro Ile Glu Arg Glu Thr Tyr
                325                 330                 335

Leu Asp Arg Leu Ser Leu Arg Tyr Glu Lys Glu Gly Lys Pro Ser Gly
            340                 345                 350

Leu Ala Pro Val Asp Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu
        355                 360                 365

Pro Pro Leu Ile Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp
    370                 375                 380

Tyr Pro Val Asp Lys Val Ala Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala
385                 390                 395                 400

Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Asp Thr Ala Glu Phe Ala Arg Lys
                405                 410                 415

Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu
            420                 425                 430

Trp Tyr Phe Ser Gln Lys Met Asp Tyr Leu Lys Asn Lys Val His Pro
        435                 440                 445

Ala Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Asp Tyr Glu Glu Phe
    450                 455                 460

Lys Val Lys Ile Asn Ala Leu Val Ala Thr Ala Gln Lys Val Pro Glu
465                 470                 475                 480

Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Val
                485                 490                 495

Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Val
            500                 505                 510

Arg Asp Thr Asp Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg
        515                 520                 525

Glu Lys Arg Pro Gly Phe Asp His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn
    530                 535                 540

Ser Leu Ile Arg Val Ser Ala Val Leu Ser Asn Ala Pro Tyr Leu Leu
545                 550                 555                 560

Asn Val Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile Arg Glu
                565                 570                 575

Ser Met Cys Phe Met Met Asp Pro Gln Ser Gly Lys Lys Val Cys Tyr
            580                 585                 590

Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr
        595                 600                 605

Ser Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp
    610                 615                 620

Gly Ile Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg
625                 630                 635                 640
```

```
Gln Ala Leu Tyr Gly Phe Asp Ala Pro Lys Lys Lys Lys Pro Pro Gly
                645                 650                 655

Lys Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Cys Leu Cys Cys Gly Leu
            660                 665                 670

Arg Lys Lys Ser Lys Thr Lys Ala Lys Asp Lys Lys Thr Asn Thr Lys
        675                 680                 685

Glu Thr Ser Lys Gln Ile His Ala Leu Glu Asn Val Asp Glu Gly Val
    690                 695                 700

Ile Val Pro Val Ser Asn Val Glu Lys Arg Ser Glu Ala Thr Gln Leu
705                 710                 715                 720

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

Val Leu Gln Asn Gly Gly Val Pro Arg Asn Ala Ser Pro Ala Cys Leu
            740                 745                 750

Leu Arg Glu Ala Ile Gln Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr
        755                 760                 765

Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp
    770                 775                 780

Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys His Gly Trp Arg Ser Val Tyr
785                 790                 795                 800

Cys Met Pro Lys Arg Ala Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu
                805                 810                 815

Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu
            820                 825                 830

Ile Phe Leu Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly
        835                 840                 845

Leu Lys Trp Leu Glu Arg Phe Ser Tyr Ile Asn Ser Val Val Tyr Pro
    850                 855                 860

Trp Thr Ser Leu Pro Leu Ile Val Tyr Cys Ser Leu Pro Ala Val Cys
865                 870                 875                 880

Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Val Pro Glu Ile Ser Asn Tyr Ala Gly
                885                 890                 895

Ile Leu Phe Met Leu Met Phe Ile Ser Ile Ala Val Thr Gly Ile Leu
            900                 905                 910

Glu Met Gln Trp Gly Gly Val Gly Ile Asp Asp Trp Trp Arg Asn Glu
        915                 920                 925

Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Ala Ser Ser His Leu Phe Ala Leu Phe
    930                 935                 940

Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Val Asn Thr Asn Phe Thr Val
945                 950                 955                 960

Thr Ser Lys Ala Ala Asp Asp Gly Ala Phe Ser Glu Leu Tyr Ile Phe
                965                 970                 975
```

```
Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Leu Ile Ile Asn
            980                 985                 990

Ile Ile Gly Val Ile Val Gly Val  Ser Asp Ala Ile Ser  Asn Gly Tyr
        995                 1000                1005

Asp Ser  Trp Gly Pro Leu Phe  Gly Arg Leu Phe Phe  Ala Leu Trp
    1010                1015                1020

Val Ile  Val His Leu Tyr Pro  Phe Leu Lys Gly Met  Leu Gly Lys
    1025                1030                1035

Gln Asp  Lys Met Pro Thr Ile  Ile Val Val Trp Ser  Ile Leu Leu
    1040                1045                1050

Ala Ser  Ile Leu Thr Leu Leu  Trp Val Arg Val Asn  Pro Phe Val
    1055                1060                1065

Ala Lys  Gly Gly Pro Val Leu  Glu Ile Cys Gly Leu  Asn Cys Gly
    1070                1075                1080

Asn
```

<210> 3
<211> 1065
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 3

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

Pro Gln Thr Cys Gln Ile Cys Ser Asp Asn Val Gly Lys Thr Val Asp
            20                  25                  30

Gly Asp Arg Phe Val Ala Cys Asp Ile Cys Ser Phe Pro Val Cys Arg
        35                  40                  45

Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Asn Gln Ser Cys Pro Gln
    50                  55                  60

Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Ser Pro Ala Ile Pro Gly
65                  70                  75                  80

Asp Lys Asp Glu Asp Gly Leu Ala Asp Glu Gly Thr Val Glu Phe Asn
                85                  90                  95

Tyr Pro Gln Lys Glu Lys Ile Ser Glu Arg Met Leu Gly Trp His Leu
            100                 105                 110

Thr Arg Gly Lys Gly Glu Glu Met Gly Glu Pro Gln Tyr Asp Lys Glu
        115                 120                 125

Val Ser His Asn His Leu Pro Arg Leu Thr Ser Arg Gln Asp Thr Ser
    130                 135                 140

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

Ile Ala Gly Gly Lys Arg Leu Pro Tyr Ser Ser Asp Val Asn Gln Ser
                165                 170                 175
```

```
Pro Asn Arg Arg Ile Val Asp Pro Val Gly Leu Gly Asn Val Ala Trp
            180                 185                 190

Lys Glu Arg Val Asp Gly Trp Lys Met Lys Gln Glu Lys Asn Thr Gly
        195                 200                 205

Pro Val Ser Thr Gln Ala Ala Ser Glu Arg Gly Gly Val Asp Ile Asp
    210                 215                 220

Ala Ser Thr Asp Ile Leu Ala Asp Glu Ala Leu Leu Asn Asp Glu Ala
225                 230                 235                 240

Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Ser Ile Pro Ser Ser Arg Ile Asn
                245                 250                 255

Pro Tyr Arg Met Val Ile Met Leu Arg Leu Val Ile Leu Cys Leu Phe
            260                 265                 270

Leu His Tyr Arg Ile Thr Asn Pro Val Pro Asn Ala Phe Ala Leu Trp
        275                 280                 285

Leu Val Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Leu Ser Trp Ile Leu
    290                 295                 300

Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Val Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp
305                 310                 315                 320

Arg Leu Ala Leu Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala
                325                 330                 335

Ala Val Asp Ile Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro
            340                 345                 350

Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro
        355                 360                 365

Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu
    370                 375                 380

Ser Phe Glu Ser Leu Ala Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val
385                 390                 395                 400

Pro Phe Cys Lys Lys Tyr Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr
                405                 410                 415

Phe Ala Ala Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Gln Thr Ser Phe
            420                 425                 430

Val Lys Asp Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Ile
        435                 440                 445

Arg Ile Asn Ala Leu Val Ser Lys Ala Leu Lys Cys Pro Glu Glu Gly
    450                 455                 460

Trp Val Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Arg Asp
465                 470                 475                 480

His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Asn Gly Gly Leu Asp
                485                 490                 495

Ala Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys
            500                 505                 510

Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu
```

```
        515                 520                 525

Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Pro Phe Ile Leu Asn Leu
    530                 535                 540

Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met
545                 550                 555                 560

Cys Phe Leu Met Asp Pro Asn Leu Gly Lys Gln Val Cys Tyr Val Gln
                565                 570                 575

Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Lys Asn Asp Arg Tyr Ala Asn
            580                 585                 590

Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Leu Arg Gly Leu Asp Gly Ile
        595                 600                 605

Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Thr Ala
    610                 615                 620

Leu Tyr Gly Tyr Glu Pro Pro Ile Lys Val Lys His Lys Lys Pro Ser
625                 630                 635                 640

Leu Leu Ser Lys Leu Cys Gly Gly Ser Arg Lys Lys Asn Ser Lys Ala
                645                 650                 655

Lys Lys Glu Ser Asp Lys Lys Lys Ser Gly Arg His Thr Asp Ser Thr
            660                 665                 670

Val Pro Val Phe Asn Leu Asp Asp Ile Glu Glu Gly Val Glu Gly Ala
        675                 680                 685

Gly Phe Asp Asp Glu Lys Ala Leu Leu Met Ser Gln Met Ser Leu Glu
    690                 695                 700

Lys Arg Phe Gly Gln Ser Ala Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Met Glu
705                 710                 715                 720

Asn Gly Gly Val Pro Pro Ser Ala Thr Pro Glu Asn Leu Leu Lys Glu
                725                 730                 735

Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Ser Asp Trp Gly
            740                 745                 750

Met Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr
        755                 760                 765

Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro
    770                 775                 780

Lys Leu Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg
785                 790                 795                 800

Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Phe
                805                 810                 815

Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Asn Gly Arg Leu Lys Phe
            820                 825                 830

Leu Glu Arg Phe Ala Tyr Val Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Ile Thr Ser
        835                 840                 845

Ile Pro Leu Leu Met Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Val Cys Leu Phe Thr
    850                 855                 860
```

```
Asn Gln Phe Ile Ile Pro Gln Ile Ser Asn Ile Ala Ser Ile Trp Phe
865                 870                 875                 880

Leu Ser Leu Phe Leu Ser Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg
                885                 890                 895

Trp Ser Gly Val Gly Ile Asp Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp
            900                 905                 910

Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Ile
        915                 920                 925

Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys
    930                 935                 940

Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Leu Phe Lys Trp
945                 950                 955                 960

Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Leu Ile Val Asn Leu Val
                965                 970                 975

Gly Val Val Ala Gly Val Ser Tyr Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser
            980                 985                 990

Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu  Phe Phe Ala Phe Trp  Val Ile Val
        995                 1000                1005

His Leu  Tyr Pro Phe Leu Lys  Gly Leu Met Gly Arg  Gln Asn Arg
    1010                1015                1020

Thr Pro  Thr Ile Val Val Val  Trp Ser Val Leu Leu  Ala Ser Ile
    1025                1030                1035

Phe Ser  Leu Leu Trp Val Arg  Ile Asp Pro Phe Thr  Ser Arg Val
    1040                1045                1050

Thr Gly  Pro Asp Ile Leu Glu  Cys Gly Ile Asn Cys
    1055                1060                1065

<210>  4
<211>  1049
<212>  PRT
<213>  Arabidopsis thaliana

<400>  4

Met Glu Pro Asn Thr Met Ala Ser Phe Asp Asp Glu His Arg His Ser
1               5                   10                  15

Ser Phe Ser Ala Lys Ile Cys Lys Val Cys Gly Asp Glu Val Lys Asp
            20                  25                  30

Asp Asp Asn Gly Gln Thr Phe Val Ala Cys His Val Cys Val Tyr Pro
        35                  40                  45

Val Cys Lys Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Ser Asn Gly Asn Lys Cys
    50                  55                  60

Cys Pro Gln Cys Asn Thr Leu Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser Pro Lys
65                  70                  75                  80

Ile Ala Gly Asp Glu Glu Asn Asn Gly Pro Asp Asp Ser Asp Asp Glu
                85                  90                  95
```

```
Leu Asn Ile Lys Tyr Arg Gln Asp Gly Ser Ser Ile His Gln Asn Phe
            100                 105                 110

Ala Tyr Gly Ser Glu Asn Gly Asp Tyr Asn Ser Lys Gln Gln Trp Arg
        115                 120                 125

Pro Asn Gly Arg Ala Phe Ser Ser Thr Gly Ser Val Leu Gly Lys Asp
    130                 135                 140

Phe Glu Ala Glu Arg Asp Gly Tyr Thr Asp Ala Glu Trp Lys Glu Arg
145                 150                 155                 160

Val Asp Lys Trp Lys Ala Arg Gln Glu Lys Arg Gly Leu Val Thr Lys
                165                 170                 175

Gly Glu Gln Thr Asn Glu Asp Lys Glu Asp Asp Glu Glu Glu Tyr Leu
            180                 185                 190

Asp Ala Glu Ala Arg Gln Pro Leu Trp Arg Lys Val Pro Ile Ser Ser
        195                 200                 205

Ser Lys Ile Ser Pro Tyr Arg Ile Val Ile Val Leu Arg Leu Val Ile
    210                 215                 220

Leu Val Phe Phe Phe Arg Phe Arg Ile Leu Thr Pro Ala Lys Asp Ala
225                 230                 235                 240

Tyr Pro Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Leu
                245                 250                 255

Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Asn Arg Glu
            260                 265                 270

Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Met Arg Phe Glu Arg Asp Gly Glu Lys
        275                 280                 285

Asn Lys Leu Ala Pro Val Asp Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu
    290                 295                 300

Lys Glu Pro Pro Ile Ile Thr Ala Asn Thr Ile Leu Ser Ile Leu Ala
305                 310                 315                 320

Val Asp Tyr Pro Val Asn Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly
                325                 330                 335

Ala Ser Met Leu Leu Phe Asp Thr Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala
            340                 345                 350

Arg Arg Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Tyr Asn Val Glu Pro Arg Ala
        355                 360                 365

Pro Glu Phe Tyr Phe Ser Glu Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val
    370                 375                 380

Gln Thr Thr Phe Val Lys Asp Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu
385                 390                 395                 400

Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Lys
                405                 410                 415

Pro Glu Glu Gly Trp Val Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn
            420                 425                 430
```

```
Asn Thr Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Tyr Leu Gly Lys Glu
        435                 440                 445

Gly Ala Phe Asp Ile Asp Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val
    450                 455                 460

Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Ala His His Lys Lys Ala Gly Ala
465                 470                 475                 480

Met Asn Ala Met Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Phe
                485                 490                 495

Met Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile
            500                 505                 510

Arg Glu Ser Met Cys Phe Leu Met Asp Pro Gln Leu Gly Lys Lys Leu
        515                 520                 525

Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Leu Asn Asp
    530                 535                 540

Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Ile Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Arg Gly
545                 550                 555                 560

Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe
                565                 570                 575

Asn Arg Pro Ala Leu Tyr Gly Tyr Glu Pro Pro Val Ser Glu Lys Arg
            580                 585                 590

Lys Lys Met Thr Cys Asp Cys Trp Pro Ser Trp Ile Cys Cys Cys Cys
        595                 600                 605

Gly Gly Gly Asn Arg Asn His Lys Ser Asp Ser Ser Lys Lys Lys Ser
    610                 615                 620

Gly Ile Lys Ser Leu Phe Ser Lys Leu Lys Lys Lys Thr Lys Lys Lys
625                 630                 635                 640

Ser Asp Asp Lys Thr Met Ser Ser Tyr Ser Arg Lys Arg Ser Ser Thr
                645                 650                 655

Glu Ala Ile Phe Asp Leu Glu Asp Ile Glu Glu Gly Leu Glu Gly Tyr
            660                 665                 670

Asp Glu Leu Glu Lys Ser Ser Leu Met Ser Gln Lys Asn Phe Glu Lys
        675                 680                 685

Arg Phe Gly Met Ser Pro Val Phe Ile Ala Ser Thr Leu Met Glu Asn
    690                 695                 700

Gly Gly Leu Pro Glu Ala Thr Asn Thr Ser Ser Leu Ile Lys Glu Ala
705                 710                 715                 720

Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Glu Lys Thr Glu Trp Gly Lys
                725                 730                 735

Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly
            740                 745                 750

Phe Arg Met His Cys Arg Gly Trp Lys Ser Val Tyr Cys Met Pro Lys
        755                 760                 765

Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu
```

```
    770                 775                 780

His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser
785                 790                 795                 800

Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr Ala Trp Gly Gly Lys Leu Lys Ile Leu
                805                 810                 815

Glu Arg Leu Ala Tyr Ile Asn Thr Ile Val Tyr Pro Phe Thr Ser Ile
            820                 825                 830

Pro Leu Leu Ala Tyr Cys Thr Ile Pro Ala Val Cys Leu Leu Thr Gly
        835                 840                 845

Lys Phe Ile Ile Pro Thr Ile Asn Asn Phe Ala Ser Ile Trp Phe Leu
    850                 855                 860

Ala Leu Phe Leu Ser Ile Ile Ala Thr Ala Ile Leu Glu Leu Arg Trp
865                 870                 875                 880

Ser Gly Val Ser Ile Asn Asp Leu Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val
                885                 890                 895

Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu
            900                 905                 910

Lys Val Leu Phe Gly Val Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Gly
        915                 920                 925

Ala Ser Asp Glu Ala Asp Glu Phe Gly Asp Leu Tyr Leu Phe Lys Trp
    930                 935                 940

Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Ile Ile Leu Asn Met Val
945                 950                 955                 960

Gly Val Val Ala Gly Val Ser Asp Ala Ile Asn Asn Gly Tyr Gly Ser
                965                 970                 975

Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile Val
            980                 985                 990

His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly  Leu Met Gly Arg Gln  Asn Arg Thr
        995                 1000                1005

Pro Thr  Ile Val Val Leu Trp  Ser Ile Leu Leu Ala  Ser Ile Phe
    1010                1015                1020

Ser Leu  Val Trp Val Arg Ile  Asp Pro Phe Leu Pro  Lys Gln Thr
    1025                1030                1035

Gly Pro  Leu Leu Lys Gln Cys  Gly Val Asp Cys
    1040                1045
```

<210> 5
<211> 1069
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 5

```
Met Asn Thr Gly Gly Arg Leu Ile Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1               5                   10                  15

Phe Val Leu Ile Asn Ala Asp Glu Ser Ala Arg Ile Arg Ser Val Glu
```

```
            20                  25                  30

Glu Leu Ser Gly Gln Thr Cys Gln Ile Cys Gly Asp Glu Ile Glu Leu
        35                  40                  45

Ser Val Asp Gly Glu Ser Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro
    50                  55                  60

Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Asn Gln Ser
65                  70                  75                  80

Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Ile Lys Gly Ser Pro Arg
                85                  90                  95

Val Glu Gly Asp Glu Glu Asp Asp Gly Ile Asp Asp Leu Asp Phe Glu
            100                 105                 110

Phe Asp Tyr Ser Arg Ser Gly Leu Glu Ser Glu Thr Phe Ser Arg Arg
        115                 120                 125

Asn Ser Glu Phe Asp Leu Ala Ser Ala Pro Pro Gly Ser Gln Ile Pro
    130                 135                 140

Leu Leu Thr Tyr Gly Glu Glu Asp Val Glu Ile Ser Ser Asp Ser His
145                 150                 155                 160

Ala Leu Ile Val Ser Pro Ser Pro Gly His Ile His Arg Val His Gln
                165                 170                 175

Pro His Phe Pro Asp Pro Ala Ala His Pro Arg Pro Met Val Pro Gln
            180                 185                 190

Lys Asp Leu Ala Val Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys Asp Arg
        195                 200                 205

Met Glu Glu Trp Lys Arg Lys Gln Asn Glu Lys Tyr Gln Val Val Lys
    210                 215                 220

His Asp Gly Asp Ser Ser Leu Gly Asp Gly Asp Asp Ala Asp Ile Pro
225                 230                 235                 240

Met Met Asp Glu Gly Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile Lys
                245                 250                 255

Ser Ser Lys Ile Asn Pro Tyr Arg Met Leu Ile Val Leu Arg Leu Val
            260                 265                 270

Ile Leu Gly Leu Phe Phe His Tyr Arg Ile Leu His Pro Val Asn Asp
        275                 280                 285

Ala Tyr Ala Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala
    290                 295                 300

Val Ser Trp Val Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Tyr Pro Ile Glu Arg
305                 310                 315                 320

Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu Arg Tyr Glu Lys Glu Gly Lys
                325                 330                 335

Pro Ser Glu Leu Ala Gly Val Asp Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro
            340                 345                 350

Met Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu
        355                 360                 365
```

```
Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Arg Val Ala Cys Tyr Val Ser Asp Asp
    370                 375                 380

Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe
385                 390                 395                 400

Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Tyr Thr Ile Glu Pro Arg
                405                 410                 415

Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Cys His Lys Met Asp Tyr Leu Lys Asn Lys
            420                 425                 430

Val His Pro Ala Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Asp Tyr
        435                 440                 445

Glu Glu Phe Lys Val Lys Ile Asn Ala Leu Val Ala Thr Ala Gln Lys
    450                 455                 460

Val Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly
465                 470                 475                 480

Asn Asn Val Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Asn
                485                 490                 495

Asn Gly Val Arg Asp Val Glu Asn Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr
            500                 505                 510

Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Asp His His Lys Lys Ala Gly
        515                 520                 525

Ala Met Asn Ser Leu Ile Arg Val Ser Gly Val Leu Ser Asn Ala Pro
    530                 535                 540

Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala
545                 550                 555                 560

Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Gln Ser Gly Lys Lys
                565                 570                 575

Ile Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Lys Ser
            580                 585                 590

Asp Arg Tyr Ser Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys
        595                 600                 605

Gly Leu Asp Gly Leu Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val
    610                 615                 620

Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Phe Asp Ala Pro Lys Lys Lys Lys
625                 630                 635                 640

Thr Lys Arg Met Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Leu Phe Cys
                645                 650                 655

Cys Gly Leu Arg Lys Asn Arg Lys Ser Lys Thr Thr Asp Lys Lys Lys
            660                 665                 670

Lys Asn Arg Glu Ala Ser Lys Gln Ile His Ala Leu Glu Asn Ile Glu
        675                 680                 685

Glu Gly Thr Lys Gly Thr Asn Asp Ala Ala Lys Ser Pro Glu Ala Ala
    690                 695                 700
```

Gln Leu Lys Leu Glu Lys Lys Phe Gly Gln Ser Pro Val Phe Val Ala
705 710 715 720

Ser Ala Gly Met Glu Asn Gly Gly Leu Ala Arg Asn Ala Ser Pro Ala
725 730 735

Ser Leu Leu Arg Glu Ala Ile Gln Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp
740 745 750

Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr
755 760 765

Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ser His Gly Trp Arg Ser
770 775 780

Val Tyr Cys Thr Pro Lys Ile Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile
785 790 795 800

Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser
805 810 815

Val Glu Ile Phe Leu Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Gly
820 825 830

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

Tyr Pro Trp Thr Ser Ile Pro Leu Leu Val Tyr Cys Ser Leu Pro Ala
850 855 860

Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Val Pro Glu Ile Ser Asn Tyr
865 870 875 880

Ala Ser Ile Leu Phe Met Ala Leu Phe Gly Ser Ile Ala Val Thr Gly
885 890 895

Ile Leu Glu Met Gln Trp Gly Lys Val Gly Ile Asp Asp Trp Trp Arg
900 905 910

Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala
915 920 925

Leu Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Val Glu Thr Asn Phe
930 935 940

Thr Val Thr Ser Lys Ala Ala Asp Asp Gly Glu Phe Ser Glu Leu Tyr
945 950 955 960

Ile Phe Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Leu Ile
965 970 975

Ile Asn Val Ile Gly Val Ile Val Gly Ile Ser Asp Ala Ile Ser Asn
980 985 990

Gly Tyr Asp Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Arg Leu Phe Phe Ala Phe
995 1000 1005

Trp Val Ile Leu His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Leu Gly
1010 1015 1020

Lys Gln Asp Arg Met Pro Thr Ile Ile Leu Val Trp Ser Ile Leu
1025 1030 1035

Leu Ala Ser Ile Leu Thr Leu Leu Trp Val Arg Val Asn Pro Phe

1040 1045 1050

Val Ala Lys Gly Gly Pro Ile Leu Glu Ile Cys Gly Leu Asp Cys
1055 1060 1065

Leu

<210> 6
<211> 1084
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 6

Met Asn Thr Gly Gly Arg Leu Ile Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1 5 10 15

Phe Val Leu Ile Asn Ala Asp Glu Asn Ala Arg Ile Arg Ser Val Gln
20 25 30

Glu Leu Ser Gly Gln Thr Cys Gln Ile Cys Arg Asp Glu Ile Glu Leu
35 40 45

Thr Val Asp Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro
50 55 60

Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Asn Gln Ala
65 70 75 80

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

Val Glu Gly Asp Glu Glu Glu Asp Asp Ile Asp Asp Leu Asp Asn Glu
100 105 110

Phe Glu Tyr Gly Asn Asn Gly Ile Gly Phe Asp Gln Val Ser Glu Gly
115 120 125

Met Ser Ile Ser Arg Arg Asn Ser Gly Phe Pro Gln Ser Asp Leu Asp
130 135 140

Ser Ala Pro Pro Gly Ser Gln Ile Pro Leu Leu Thr Tyr Gly Asp Glu
145 150 155 160

Asp Val Glu Ile Ser Ser Asp Arg His Ala Leu Ile Val Pro Pro Ser
165 170 175

Leu Gly Gly His Gly Asn Arg Val His Pro Val Ser Leu Ser Asp Pro
180 185 190

Thr Val Ala Ala His Pro Arg Pro Met Val Pro Gln Lys Asp Leu Ala
195 200 205

Val Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys Asp Arg Met Glu Glu Trp
210 215 220

Lys Arg Lys Gln Asn Glu Lys Leu Gln Val Val Arg His Glu Gly Asp
225 230 235 240

Pro Asp Phe Glu Asp Gly Asp Asp Ala Asp Phe Pro Met Met Asp Glu
245 250 255

Gly Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Ile Pro Ile Lys Ser Ser Lys Ile

260 265 270

Asn Pro Tyr Arg Met Leu Ile Val Leu Arg Leu Val Ile Leu Gly Leu
275 280 285

Phe Phe His Tyr Arg Ile Leu His Pro Val Lys Asp Ala Tyr Ala Leu
290 295 300

Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Val Ser Trp Val
305 310 315 320

Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Tyr Pro Ile Glu Arg Glu Thr Tyr Leu
325 330 335

Asp Arg Leu Ser Leu Arg Tyr Glu Lys Glu Gly Lys Pro Ser Gly Leu
340 345 350

Ser Pro Val Asp Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro
355 360 365

Pro Leu Ile Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr
370 375 380

Pro Val Asp Lys Val Ala Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met
385 390 395 400

Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg Lys Trp
405 410 415

Val Pro Phe Cys Lys Lys Tyr Cys Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp
420 425 430

Tyr Phe Cys His Lys Met Asp Tyr Leu Lys Asn Lys Val His Pro Ala
435 440 445

Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Asp Tyr Glu Glu Phe Lys
450 455 460

Val Lys Ile Asn Ala Leu Val Ala Thr Ala Gln Lys Val Pro Glu Asp
465 470 475 480

Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Ser Val Arg
485 490 495

Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Ser Asp Gly Val Arg
500 505 510

Asp Val Glu Asn Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu
515 520 525

Lys Arg Pro Gly Phe Asp His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ser
530 535 540

Leu Ile Arg Val Ser Gly Val Leu Ser Asn Ala Pro Tyr Leu Leu Asn
545 550 555 560

Val Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala
565 570 575

Met Cys Phe Met Met Asp Pro Gln Ser Gly Lys Lys Ile Cys Tyr Val
580 585 590

Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr Ser
595 600 605

```
Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly
    610                 615                 620

Leu Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln
625                 630                 635                 640

Ala Leu Tyr Gly Phe Asp Ala Pro Lys Lys Lys Lys Gly Pro Arg Lys
                645                 650                 655

Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Leu Leu Cys Phe Gly Ser Arg
            660                 665                 670

Lys Asn Arg Lys Ala Lys Thr Val Ala Ala Asp Lys Lys Lys Lys Asn
        675                 680                 685

Arg Glu Ala Ser Lys Gln Ile His Ala Leu Glu Asn Ile Glu Glu Gly
    690                 695                 700

Arg Val Thr Lys Gly Ser Asn Val Glu Gln Ser Thr Glu Ala Met Gln
705                 710                 715                 720

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

Ala Arg Met Glu Asn Gly Gly Met Ala Arg Asn Ala Ser Pro Ala Cys
            740                 745                 750

Leu Leu Lys Glu Ala Ile Gln Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys
        755                 760                 765

Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu
    770                 775                 780

Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ser His Gly Trp Arg Ser Val
785                 790                 795                 800

Tyr Cys Thr Pro Lys Leu Ala Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn
                805                 810                 815

Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val
            820                 825                 830

Glu Ile Phe Leu Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly
        835                 840                 845

Gly Leu Lys Trp Leu Glu Arg Leu Ser Tyr Ile Asn Ser Val Val Tyr
    850                 855                 860

Pro Trp Thr Ser Leu Pro Leu Ile Val Tyr Cys Ser Leu Pro Ala Ile
865                 870                 875                 880

Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Val Pro Glu Ile Ser Asn Tyr Ala
                885                 890                 895

Ser Ile Leu Phe Met Ala Leu Phe Ser Ser Ile Ala Ile Thr Gly Ile
            900                 905                 910

Leu Glu Met Gln Trp Gly Lys Val Gly Ile Asp Asp Trp Trp Arg Asn
        915                 920                 925

Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Leu
    930                 935                 940
```

```
        835                 840                 845

Ala Tyr Ile Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Leu Thr Ser Ile Pro Leu Leu
    850                 855                 860

Ile Tyr Cys Ile Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile
865                 870                 875                 880

Ile Pro Glu Ile Ser Asn Phe Ala Ser Ile Trp Phe Ile Ser Leu Phe
                885                 890                 895

Ile Ser Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val
            900                 905                 910

Gly Ile Asp Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly
        915                 920                 925

Ile Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu
    930                 935                 940

Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu
945                 950                 955                 960

Asp Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Met Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu
                965                 970                 975

Ile Pro Pro Thr Thr Ile Leu Ile Ile Asn Leu Val Gly Val Val Ala
            980                 985                 990

Gly Ile Ser Tyr Ala Ile Asn Ser  Gly Tyr Gln Ser Trp  Gly Pro Leu
        995                 1000                1005

Phe Gly  Lys Leu Phe Phe Ala  Phe Trp Val Ile Val  His Leu Tyr
    1010                1015                1020

Pro Phe  Leu Lys Gly Leu Met  Gly Arg Gln Asn Arg  Thr Pro Thr
    1025                1030                1035

Ile Val  Val Val Trp Ala Ile  Leu Leu Ala Ser Ile  Phe Ser Leu
    1040                1045                1050

Leu Trp  Val Arg Ile Asp Pro  Phe Thr Thr Arg Val  Thr Gly Pro
    1055                1060                1065

Asp Thr  Gln Thr Cys Gly Ile  Asn Cys
    1070                1075

<210>  17
<211>  1094
<212>  PRT
<213>  Zea mays

<400>  17

Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1               5                   10                  15

Leu Val Val Ile Arg Arg Asp Arg Glu Ser Gly Ala Ala Gly Gly Gly
            20                  25                  30

Ala Ala Arg Arg Ala Glu Ala Pro Cys Gln Ile Cys Gly Asp Glu Val
        35                  40                  45

Gly Val Gly Phe Asp Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala
```

```
    50                  55                  60

Phe Pro Val Cys Arg Ala Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Ser
65                  70                  75                  80

Gln Ala Cys Pro Gln Cys Arg Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Cys
                85                  90                  95

Pro Arg Val Ala Gly Asp Glu Glu Glu Asp Gly Val Asp Asp Leu Glu
            100                 105                 110

Gly Glu Phe Gly Leu Gln Asp Gly Ala Ala His Glu Asp Asp Pro Gln
        115                 120                 125

Tyr Val Ala Glu Ser Met Leu Arg Ala Gln Met Ser Tyr Gly Arg Gly
    130                 135                 140

Gly Asp Ala His Pro Gly Phe Ser Pro Val Pro Asn Val Pro Leu Leu
145                 150                 155                 160

Thr Asn Gly Gln Met Val Asp Asp Ile Pro Pro Glu Gln His Ala Leu
                165                 170                 175

Val Pro Ser Tyr Met Ser Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Lys Arg Ile His
            180                 185                 190

Pro Leu Pro Phe Ala Asp Pro Asn Leu Pro Val Gln Pro Arg Ser Met
        195                 200                 205

Asp Pro Ser Lys Asp Leu Ala Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp
    210                 215                 220

Lys Glu Arg Met Glu Gly Trp Lys Gln Lys Gln Glu Arg Leu Gln His
225                 230                 235                 240

Val Arg Ser Glu Gly Gly Gly Asp Trp Asp Gly Asp Asp Ala Asp Leu
                245                 250                 255

Pro Leu Met Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile
            260                 265                 270

Ser Ser Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg Met Ile Ile Val Ile Arg Leu
        275                 280                 285

Val Val Leu Gly Phe Phe Phe His Tyr Arg Val Met His Pro Ala Lys
    290                 295                 300

Asp Ala Phe Ala Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe
305                 310                 315                 320

Ala Met Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Leu Pro Ile Glu
                325                 330                 335

Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu Arg Phe Asp Lys Glu Gly
            340                 345                 350

Gln Pro Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp
        355                 360                 365

Pro Thr Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile
    370                 375                 380

Leu Ser Val Asp Tyr Pro Val Glu Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp
385                 390                 395                 400
```

```
Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu
                405                 410                 415

Phe Ala Lys Lys Trp Val Pro Phe Ser Lys Lys Phe Asn Ile Glu Pro
            420                 425                 430

Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Gln Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp
        435                 440                 445

Lys Val Ala Ala Ser Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu
    450                 455                 460

Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln
465                 470                 475                 480

Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Ser Pro Trp Pro
                485                 490                 495

Gly Asn Asn Val Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly
            500                 505                 510

Gln Ser Gly Gly Arg Asp Val Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val
        515                 520                 525

Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala
    530                 535                 540

Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Ser Asn Ala
545                 550                 555                 560

Ala Tyr Leu Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys
                565                 570                 575

Ala Ile Lys Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Leu Val Gly Lys
            580                 585                 590

Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Lys
        595                 600                 605

Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met
    610                 615                 620

Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys
625                 630                 635                 640

Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Thr Lys
                645                 650                 655

Lys Pro Pro Ser Arg Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Leu Ser
            660                 665                 670

Cys Cys Cys Ser Arg Asn Lys Asn Lys Lys Lys Thr Thr Lys Pro Lys
        675                 680                 685

Thr Glu Lys Lys Lys Arg Leu Phe Phe Lys Lys Ala Glu Asn Pro Ser
    690                 695                 700

Pro Ala Tyr Ala Leu Gly Glu Ile Asp Glu Gly Ala Pro Gly Ala Asp
705                 710                 715                 720

Ile Glu Lys Ala Gly Ile Val Asn Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe
                725                 730                 735
```

```
Gly Gln Ser Ser Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly
            740                 745                 750

Thr Leu Lys Ser Ala Ser Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His
        755                 760                 765

Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Asp Trp Gly Lys Glu Ile
    770                 775                 780

Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Ile Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys
785                 790                 795                 800

Met His Cys His Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Ile Pro Lys Arg Pro
                805                 810                 815

Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Leu Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln
            820                 825                 830

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

Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Phe Leu Glu Arg
    850                 855                 860

Phe Ser Tyr Ile Asn Ser Ile Val Tyr Pro Trp Thr Ser Ile Pro Leu
865                 870                 875                 880

Leu Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe
                885                 890                 895

Ile Thr Pro Glu Leu Thr Asn Val Ala Ser Ile Trp Phe Met Ala Leu
            900                 905                 910

Phe Ile Cys Ile Ser Val Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly
        915                 920                 925

Val Ala Ile Asp Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly
    930                 935                 940

Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val
945                 950                 955                 960

Phe Ala Gly Ile Asp Thr Ser Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Gly Asp
                965                 970                 975

Asp Glu Glu Phe Ser Glu Leu Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu
            980                 985                 990

Ile Pro Pro Thr Thr Leu Leu Leu  Leu Asn Phe Ile Gly  Val Val Ala
        995                 1000                1005

Gly Ile  Ser Asn Ala Ile Asn  Asn Gly Tyr Glu Ser  Trp Gly Pro
    1010                1015                1020

Leu Phe  Gly Lys Leu Phe Phe  Ala Phe Trp Val Ile  Val His Leu
    1025                1030                1035

Tyr Pro  Phe Leu Lys Gly Leu  Val Gly Arg Gln Asn  Arg Thr Pro
    1040                1045                1050

Thr Ile  Val Ile Val Trp Ser  Ile Leu Leu Ala Ser  Ile Phe Ser
    1055                1060                1065

Leu Leu  Trp Val Arg Val Asp  Pro Phe Leu Ala Lys  Ser Asn Gly
```

1070 1075 1080

Pro Leu Leu Glu Glu Cys Gly Leu Asp Cys Asn
1085 1090

<210> 18
<211> 596
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 18

Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Arg Asp His Pro
1 5 10 15

Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Thr Glu
20 25 30

Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro
35 40 45

Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg
50 55 60

Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Gln Tyr Met Leu Asn Leu Asp Cys
65 70 75 80

Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe
85 90 95

Leu Met Asp Pro Asn Leu Gly Arg Ser Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro
100 105 110

Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn
115 120 125

Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Leu Arg Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly
130 135 140

Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Thr Ala Leu Tyr
145 150 155 160

Gly Tyr Glu Pro Pro Ile Lys Gln Lys Lys Gly Gly Phe Leu Ser Ser
165 170 175

Leu Cys Gly Gly Arg Lys Lys Gly Ser Lys Ser Lys Lys Gly Ser Asp
180 185 190

Lys Lys Lys Ser Gln Lys His Val Asp Ser Ser Val Pro Val Phe Asn
195 200 205

Leu Glu Asp Ile Glu Glu Gly Val Glu Gly Ala Gly Phe Asp Asp Glu
210 215 220

Lys Ser Leu Leu Met Ser Gln Met Ser Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln
225 230 235 240

Ser Ala Ala Phe Val Ala Ser Thr Leu Met Glu Tyr Gly Gly Val Pro
245 250 255

Gln Ser Ala Thr Pro Glu Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile
260 265 270

Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Thr Glu Ile Gly Trp

275 280 285

Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His
290 295 300

Ala Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Lys Arg Pro Ala Phe
305 310 315 320

Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu
325 330 335

Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Phe Ser Arg His Cys Pro
340 345 350

Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Arg Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe Ala
355 360 365

Tyr Ile Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Leu Thr Ser Leu Pro Leu Leu Ile
370 375 380

Tyr Cys Ile Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Ile
385 390 395 400

Pro Glu Ile Ser Asn Phe Ala Ser Ile Trp Phe Ile Ser Leu Phe Ile
405 410 415

Ser Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly
420 425 430

Ile Asp Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Ile
435 440 445

Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala
450 455 460

Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp
465 470 475 480

Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Met Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile
485 490 495

Pro Pro Thr Thr Ile Leu Ile Ile Asn Leu Val Gly Val Val Ala Gly
500 505 510

Ile Ser Tyr Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe
515 520 525

Gly Lys Leu Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe
530 535 540

Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Val
545 550 555 560

Val Trp Ala Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg
565 570 575

Ile Asp Pro Phe Thr Thr Arg Val Thr Gly Pro Asp Thr Arg Thr Cys
580 585 590

Gly Ile Asn Cys
595

<210> 19
<211> 1083

<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 19

```
Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1               5                  10                  15

Leu Val Val Ile Arg Arg Asp Gly Asp Pro Gly Pro Lys Pro Pro Pro
            20                  25                  30

Arg Glu Gln Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Asp Val Gly
        35                  40                  45

Leu Ala Pro Gly Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe
    50                  55                  60

Pro Val Cys Arg Asp Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Thr Gln
65                  70                  75                  80

Asn Cys Pro Gln Cys Arg Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Cys Gln
                85                  90                  95

Arg Val Thr Gly Asp Glu Glu Glu Asp Gly Val Asp Asp Leu Asp Asn
            100                 105                 110

Glu Phe Asn Trp Asn Gly His Asp Ser Arg Ser Val Ala Asp Ser Met
        115                 120                 125

Leu Tyr Gly Arg Gly Gly Asp Pro Asn Gly Ala Pro Gln Pro Phe Gln
    130                 135                 140

Leu Asn Pro Asn Val Pro Leu Leu Thr Asn Gly Gln Met Val Asp Asp
145                 150                 155                 160

Ile Pro Pro Glu Gln His Ala Leu Val Pro Ser Phe Met Gly Gly Gly
                165                 170                 175

Gly Lys Arg Ile His Pro Leu Pro Tyr Ala Asp Pro Ser Leu Pro Val
            180                 185                 190

Gln Pro Arg Ser Met Asp Pro Ser Lys Asp Leu Ala Ala Tyr Gly Tyr
        195                 200                 205

Gly Ser Val Ala Trp Lys Glu Arg Val Glu Asn Trp Lys Gln Arg Gln
    210                 215                 220

Glu Arg Met His Gln Thr Arg Asn Asp Gly Gly Gly Asp Asp Gly Asp
225                 230                 235                 240

Asp Ala Asp Leu Pro Leu Met Asp Glu Ser Arg Gln Pro Leu Ser Arg
                245                 250                 255

Lys Ile Pro Leu Pro Ser Ser Gln Ile Asn Pro Tyr Arg Met Ile Ile
            260                 265                 270

Ile Ile Arg Leu Val Val Leu Gly Phe Phe Phe His Tyr Arg Val Met
        275                 280                 285

His Pro Val Asn Asp Ala Phe Ala Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys
    290                 295                 300

Glu Ile Trp Phe Ala Met Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp
305                 310                 315                 320
```

Phe Pro Ile Glu Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu Arg Phe
325 330 335

Asp Lys Glu Gly Gln Pro Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp Phe Phe Val
340 345 350

Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr
355 360 365

Val Leu Ser Ile Leu Ser Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys
370 375 380

Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser
385 390 395 400

Glu Thr Ser Glu Phe Ala Lys Lys Trp Ala Pro Phe Cys Lys Arg Tyr
405 410 415

Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Gln Gln Lys Ile Asp
420 425 430

Tyr Leu Lys Asp Lys Val Ala Ala Asn Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala
435 440 445

Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val
450 455 460

Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly
465 470 475 480

Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Val Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln
485 490 495

Val Phe Leu Gly Gln Ser Gly Gly Leu Asp Cys Glu Gly Asn Glu Leu
500 505 510

Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asn His
515 520 525

His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val
530 535 540

Leu Ser Asn Ala Pro Tyr Leu Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile
545 550 555 560

Asn Asn Ser Lys Ala Ile Lys Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro
565 570 575

Leu Leu Gly Lys Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp
580 585 590

Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe
595 600 605

Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ile Tyr Val
610 615 620

Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Ala
625 630 635 640

Pro Lys Thr Lys Lys Pro Pro Ser Arg Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys
645 650 655

```
Trp Cys Phe Cys Cys Cys Cys Cys Gly Asn Arg Lys His Lys Lys Lys
            660                 665                 670

Thr Thr Lys Pro Lys Thr Glu Lys Lys Lys Leu Leu Phe Phe Lys Lys
        675                 680                 685

Glu Glu Asn Gln Ser Pro Ala Tyr Ala Leu Gly Glu Ile Asp Glu Ala
    690                 695                 700

Ala Pro Gly Ala Glu Asn Glu Lys Ala Gly Ile Val Asn Gln Gln Lys
705                 710                 715                 720

Leu Glu Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ser Val Phe Ala Thr Ser Thr Leu
                725                 730                 735

Leu Glu Asn Gly Gly Thr Leu Lys Ser Ala Ser Pro Ala Ser Leu Leu
            740                 745                 750

Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Asp
        755                 760                 765

Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile
    770                 775                 780

Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys His Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys
785                 790                 795                 800

Ile Pro Lys Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Leu Asn Leu Ser
                805                 810                 815

Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Ile Glu Ile
            820                 825                 830

Phe Phe Ser Asn His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu
        835                 840                 845

Lys Phe Leu Glu Arg Phe Ser Tyr Ile Asn Ser Ile Val Tyr Pro Trp
    850                 855                 860

Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu
865                 870                 875                 880

Leu Thr Gly Lys Phe Ile Thr Pro Glu Leu Asn Asn Val Ala Ser Leu
                885                 890                 895

Trp Phe Met Ser Leu Phe Ile Cys Ile Phe Ala Thr Ser Ile Leu Glu
            900                 905                 910

Met Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Asp Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln
        915                 920                 925

Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ser His Leu Phe Ala Val Phe Gln
    930                 935                 940

Gly Leu Leu Lys Val Ile Ala Gly Val Asp Thr Ser Phe Thr Val Thr
945                 950                 955                 960

Ser Lys Gly Gly Asp Asp Asp Glu Phe Ser Glu Leu Tyr Thr Phe Lys
                965                 970                 975

Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Leu Leu Leu Asn Phe
            980                 985                 990

Ile Gly Val Val Ala Gly Val Ser  Asn Ala Ile Asn Asn  Gly Tyr Glu
```

995 1000 1005

Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ala Phe Trp Val
1010 1015 1020

Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Val Gly Arg Gln
1025 1030 1035

Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val Trp Ser Ile Leu Leu Ala
1040 1045 1050

Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg Ile Asp Pro Phe Leu Ala
1055 1060 1065

Lys Asp Asp Gly Pro Leu Leu Glu Glu Cys Gly Leu Asp Cys Asn
1070 1075 1080

<210> 20
<211> 1079
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 20

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

Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Gly Val Gly Thr Thr Ala Glu Gly
20 25 30

Asp Val Phe Thr Ala Cys Asp Val Cys Gly Phe Pro Val Cys Arg Pro
35 40 45

Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Thr Gln Ala Cys Pro Gln Cys
50 55 60

Lys Asn Lys Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser Pro Ala Ile Arg Gly Glu
65 70 75 80

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

Ala Ser Gly Asn Asp Asp Gln Lys Gln Lys Ile Ala Asp Arg Met Arg
100 105 110

Ser Trp Arg Met Asn Ala Gly Gly Ser Gly Asp Val Gly Arg Pro Lys
115 120 125

Tyr Asp Ser Gly Glu Ile Gly Leu Thr Lys Tyr Asp Ser Gly Glu Ile
130 135 140

Pro Arg Gly Tyr Ile Pro Ser Val Thr Asn Ser Gln Ile Ser Gly Glu
145 150 155 160

Ile Pro Gly Ala Ser Pro Asp His His Met Met Ser Pro Thr Gly Asn
165 170 175

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

Ser Arg Glu Phe Ser Gly Ser Val Gly Asn Val Ala Trp Lys Glu Arg
195 200 205

Val Asp Gly Trp Lys Met Lys Gln Asp Lys Gly Thr Ile Pro Met Thr

```
    210                 215                 220

Asn Gly Thr Ser Ile Ala Pro Ser Glu Gly Arg Gly Val Gly Asp Ile
225                 230                 235                 240

Asp Ala Ser Thr Asp Tyr Asn Met Glu Asp Ala Leu Leu Asn Asp Glu
                245                 250                 255

Thr Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Leu Pro Ser Ser Arg Ile
            260                 265                 270

Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Val Leu Arg Leu Ile Val Leu Ser Ile
        275                 280                 285

Phe Leu His Tyr Arg Ile Thr Asn Pro Val Arg Asn Ala Tyr Pro Leu
    290                 295                 300

Trp Leu Leu Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Leu Ser Trp Ile
305                 310                 315                 320

Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Leu
                325                 330                 335

Asp Arg Leu Ala Leu Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu
            340                 345                 350

Ala Ala Val Asp Ile Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met Lys Glu Pro
        355                 360                 365

Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr
    370                 375                 380

Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met
385                 390                 395                 400

Leu Thr Phe Asp Ala Leu Ala Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Lys Trp
                405                 410                 415

Val Pro Phe Val Lys Lys Tyr Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp
            420                 425                 430

Tyr Phe Ser Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val His Pro Ser
        435                 440                 445

Phe Val Lys Asp Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys
    450                 455                 460

Ile Arg Val Asn Gly Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu
465                 470                 475                 480

Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Arg
                485                 490                 495

Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu
            500                 505                 510

Asp Thr Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu
        515                 520                 525

Lys Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala
    530                 535                 540

Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Gln Tyr Met Leu Asn
545                 550                 555                 560
```

Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala
565 570 575

Met Cys Phe Leu Met Asp Pro Asn Leu Gly Arg Ser Val Cys Tyr Val
580 585 590

Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Asn Asp Arg Tyr Ala
595 600 605

Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Leu Arg Gly Leu Asp Gly
610 615 620

Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Thr
625 630 635 640

Ala Leu Tyr Gly Tyr Glu Pro Pro Ile Lys Gln Lys Lys Gly Gly Phe
645 650 655

Leu Ser Ser Leu Cys Gly Gly Arg Lys Lys Gly Ser Lys Ser Lys Lys
660 665 670

Gly Ser Asp Lys Lys Lys Ser Gln Lys His Val Asp Ser Ser Val Pro
675 680 685

Val Phe Asn Leu Glu Asp Ile Glu Glu Gly Val Glu Gly Ala Gly Phe
690 695 700

Asp Asp Glu Lys Ser Leu Leu Met Ser Gln Met Ser Leu Glu Lys Arg
705 710 715 720

Phe Gly Gln Ser Ala Ala Phe Val Ala Ser Thr Leu Met Glu Tyr Gly
725 730 735

Gly Val Pro Gln Ser Ala Thr Pro Glu Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile
740 745 750

His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Thr Glu
755 760 765

Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe
770 775 780

Lys Met His Ala Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Lys Arg
785 790 795 800

Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn
805 810 815

Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Phe Ser Arg
820 825 830

His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Arg Leu Lys Phe Leu Glu
835 840 845

Arg Phe Ala Tyr Ile Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Leu Thr Ser Leu Pro
850 855 860

Leu Leu Ile Tyr Cys Ile Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys
865 870 875 880

Phe Ile Ile Pro Glu Ile Ser Asn Phe Ala Ser Ile Trp Phe Ile Ser
885 890 895

```
Leu Phe Ile Ser Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser
            900                 905                 910

Gly Val Gly Ile Asp Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile
        915                 920                 925

Gly Gly Ile Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys
    930                 935                 940

Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser
945                 950                 955                 960

Asp Glu Asp Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Met Phe Lys Trp Thr Thr
                965                 970                 975

Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Ile Leu Ile Ile Asn Leu Val Gly Val
            980                 985                 990

Val Ala Gly Ile Ser Tyr Ala Ile  Asn Ser Gly Tyr Gln  Ser Trp Gly
        995                 1000                1005

Pro Leu  Phe Gly Lys Leu Phe  Phe Ala Phe Trp Val  Ile Val His
    1010                1015                1020

Leu Tyr  Pro Phe Leu Lys Gly  Leu Met Gly Arg Gln  Asn Arg Thr
    1025                1030                1035

Pro Thr  Ile Val Val Val Trp  Ala Ile Leu Leu Ala  Ser Ile Phe
    1040                1045                1050

Ser Leu  Leu Trp Val Arg Ile  Asp Pro Phe Thr Thr  Arg Val Thr
    1055                1060                1065

Gly Pro  Asp Thr Arg Thr Cys  Gly Ile Asn Cys
    1070                1075

<210>  21
<211>  983
<212>  PRT
<213>  Zea mays

<400>  21

Met Met Glu Ser Ala Ala Ala Gln Ser Cys Ala Ala Cys Gly Asp Asp
1               5                   10                  15

Ala Arg Ala Ala Cys Arg Ala Cys Ser Tyr Ala Leu Cys Arg Ala Cys
            20                  25                  30

Leu Asp Glu Asp Ala Ala Glu Gly Arg Thr Thr Cys Ala Arg Cys Gly
        35                  40                  45

Gly Asp Tyr Ala Ala Ile Asn Pro Ala Arg Ala Ser Glu Gly Thr Glu
    50                  55                  60

Ala Glu Glu Glu Val Val Glu Asn His His Thr Ala Gly Gly Leu Arg
65                  70                  75                  80

Glu Arg Val Thr Met Gly Ser His Leu Asn Asp Arg Gln Asp Glu Val
                85                  90                  95

Ser His Ala Arg Thr Met Ser Ser Leu Ser Gly Ile Gly Ser Glu Leu
            100                 105                 110
```

```
Asn Asp Glu Ser Gly Lys Pro Ile Trp Lys Asn Arg Val Glu Ser Trp
        115                 120                 125

Lys Glu Lys Lys Asn Glu Lys Lys Ala Ser Ala Lys Lys Thr Ala Ala
    130                 135                 140

Lys Ala Gln Pro Pro Pro Val Glu Glu Gln Ile Met Asp Glu Lys Asp
145                 150                 155                 160

Leu Thr Asp Ala Tyr Glu Pro Leu Ser Arg Val Ile Pro Ile Ser Lys
                165                 170                 175

Asn Lys Leu Thr Pro Tyr Arg Ala Val Ile Ile Met Arg Leu Ile Val
            180                 185                 190

Leu Gly Leu Phe Phe His Tyr Arg Ile Thr Asn Pro Val Asn Ser Ala
        195                 200                 205

Phe Gly Leu Trp Met Thr Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Gly Phe
    210                 215                 220

Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Tyr Pro Ile Asn Arg Glu
225                 230                 235                 240

Thr Tyr Val Asp Arg Leu Ile Ala Arg Tyr Gly Asp Gly Glu Glu Ser
                245                 250                 255

Gly Leu Ala Pro Val Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys
            260                 265                 270

Glu Pro Pro Leu Ile Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val
        275                 280                 285

Asp Tyr Pro Val Glu Lys Ile Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ser
    290                 295                 300

Ala Met Leu Thr Phe Glu Ser Leu Ala Glu Thr Ala Glu Tyr Ala Arg
305                 310                 315                 320

Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Tyr Ala Ile Glu Pro Arg Ala Pro
                325                 330                 335

Glu Phe Tyr Phe Ser Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Ile His
            340                 345                 350

Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Asp Tyr Glu Glu
        355                 360                 365

Tyr Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Thr Pro
    370                 375                 380

Asp Glu Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn
385                 390                 395                 400

Pro Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Glu Thr Gly
                405                 410                 415

Ala Arg Asp Phe Asp Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser
            420                 425                 430

Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met
        435                 440                 445

Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Tyr Ile
```

```
    450                 455                 460

Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Val Asn Asn Ser Lys Ala Val Arg
465                 470                 475                 480

Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Thr Val Gly Arg Asp Val Cys
                485                 490                 495

Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Ser Asp Arg
            500                 505                 510

Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Val Asn Met Lys Gly Leu
        515                 520                 525

Asp Gly Leu Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn
    530                 535                 540

Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Gly Pro Pro Ser Leu Pro Ala Leu Pro
545                 550                 555                 560

Lys Ser Ser Ile Cys Ser Trp Cys Cys Cys Cys Cys Pro Lys Lys Lys
                565                 570                 575

Val Glu Arg Ser Glu Arg Glu Ile Asn Arg Asp Ser Arg Arg Glu Asp
            580                 585                 590

Leu Glu Ser Ala Ile Phe Asn Leu Arg Glu Ile Asp Asn Tyr Asp Glu
        595                 600                 605

Tyr Glu Arg Ser Met Leu Ile Ser Gln Met Ser Phe Glu Lys Ser Phe
    610                 615                 620

Gly Leu Ser Ser Val Phe Ile Glu Ser Thr Leu Met Glu Asn Gly Gly
625                 630                 635                 640

Val Pro Glu Ser Ala Asn Pro Ser Thr Leu Ile Lys Glu Ala Ile His
                645                 650                 655

Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Glu Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile
            660                 665                 670

Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys
        675                 680                 685

Met His Cys Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Val Arg Pro
    690                 695                 700

Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln
705                 710                 715                 720

Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser Arg His
                725                 730                 735

Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Arg Leu Lys Trp Leu Gln
            740                 745                 750

Arg Leu Ser Tyr Ile Asn Thr Ile Val Tyr Pro Phe Thr Ser Leu Pro
        755                 760                 765

Leu Val Ala Tyr Cys Cys Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys
    770                 775                 780

Phe Ile Ile Pro Thr Leu Ser Asn Ala Ala Thr Ile Trp Phe Leu Gly
785                 790                 795                 800
```

```
Leu Phe Met Ser Ile Ile Val Thr Ser Val Leu Glu Leu Arg Trp Ser
                805                 810                 815

Gly Ile Gly Ile Glu Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile
            820                 825                 830

Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Ile Leu Lys
        835                 840                 845

Met Ile Ala Gly Leu Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ala Lys Ala Thr
    850                 855                 860

Asp Asp Thr Glu Phe Gly Glu Leu Tyr Leu Phe Lys Trp Thr Thr Val
865                 870                 875                 880

Leu Ile Pro Pro Thr Ser Ile Leu Val Leu Asn Leu Val Gly Val Val
                885                 890                 895

Ala Gly Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro
            900                 905                 910

Leu Phe Gly Lys Val Phe Phe Ala Met Trp Val Ile Met His Leu Tyr
        915                 920                 925

Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile
    930                 935                 940

Val Val Leu Trp Ser Val Leu Leu Ala Ser Val Phe Ser Leu Leu Trp
945                 950                 955                 960

Val Lys Ile Asp Pro Phe Val Gly Gly Thr Glu Thr Val Asn Thr Asn
                965                 970                 975

Asn Cys Asn Thr Ile Ile Cys
            980

<210>  22
<211>  790
<212>  PRT
<213>  Zea mays

<400>  22

Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1               5                   10                  15

Leu Val Val Ile Arg Arg Glu Ser Gly Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly
            20                  25                  30

Gly Ala Ala Arg Arg Ala Glu Ala Pro Cys Gln Ile Cys Gly Asp Glu
        35                  40                  45

Val Gly Val Gly Phe Asp Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys
    50                  55                  60

Ala Phe Pro Val Cys Arg Ala Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly
65                  70                  75                  80

Ser Gln Ala Cys Pro Gln Cys Arg Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly
                85                  90                  95

Cys Pro Arg Val Ala Gly Asp Glu Glu Glu Asp Gly Val Asp Asp Leu
            100                 105                 110
```

```
Glu Gly Glu Phe Gly Leu Gln Asp Gly Ala Gly His Glu Asp Asp Pro
        115                 120                 125

Gln Tyr Val Ala Glu Ser Met Leu Arg Ala Gln Met Ser Tyr Gly Arg
    130                 135                 140

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

Leu Thr Asn Gly Gln Met Val Asp Asp Ile Pro Pro Glu Gln His Ala
                165                 170                 175

Leu Val Pro Ser Tyr Met Gly Ser Gly Gly Gly Gly Lys Arg Ile His
            180                 185                 190

Pro Leu Pro Phe Ala Asp Ser Asn Leu Pro Val Gln Pro Arg Ser Met
        195                 200                 205

Asp Pro Ser Lys Asp Leu Ala Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp
    210                 215                 220

Lys Glu Arg Met Glu Gly Trp Lys Gln Lys Gln Glu Arg Leu Gln His
225                 230                 235                 240

Val Arg Ser Glu Gly Gly Gly Asp Trp Asp Gly Asp Asn Ala Asp Leu
                245                 250                 255

Pro Leu Met Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile
            260                 265                 270

Ser Ser Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg Met Ile Ile Val Ile Arg Leu
        275                 280                 285

Val Val Leu Gly Phe Phe Phe His Tyr Arg Val Met His Pro Ala Lys
    290                 295                 300

Asp Ala Phe Ala Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe
305                 310                 315                 320

Ala Met Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Leu Pro Ile Glu
                325                 330                 335

Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu Arg Phe Asp Lys Glu Gly
            340                 345                 350

Gln Pro Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp
        355                 360                 365

Pro Thr Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile
    370                 375                 380

Leu Ser Val Asp Tyr Pro Val Glu Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp
385                 390                 395                 400

Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu
                405                 410                 415

Phe Ala Lys Lys Trp Val Pro Phe Ser Lys Lys Phe Asn Ile Glu Pro
            420                 425                 430

Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Gln Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp
        435                 440                 445
```

Lys Val Ala Ala Ser Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu
450 455 460

Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln
465 470 475 480

Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Ser Leu Trp Pro
485 490 495

Gly Asn Asn Val Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly
500 505 510

Gln Ser Gly Gly Arg Asp Val Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val
515 520 525

Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala
530 535 540

Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Ser Asn Ala
545 550 555 560

Pro Tyr Leu Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys
565 570 575

Ala Ile Lys Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Leu Val Gly Lys
580 585 590

Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg
595 600 605

His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met
610 615 620

Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys
625 630 635 640

Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Thr Lys
645 650 655

Lys Pro Pro Ser Arg Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Leu Ser
660 665 670

Cys Cys Cys Ser Arg Asn Lys Asn Lys Lys Lys Thr Thr Lys Pro Lys
675 680 685

Thr Glu Lys Lys Lys Arg Leu Phe Phe Lys Lys Ala Glu Asn Pro Ser
690 695 700

Pro Ala Tyr Ala Leu Gly Glu Ile Glu Glu Gly Ala Pro Gly Ala Asp
705 710 715 720

Ile Glu Lys Ala Gly Ile Val Asn Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe
725 730 735

Gly Gln Ser Ser Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly
740 745 750

Thr Leu Lys Ser Ala Ser Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His
755 760 765

Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Asp Trp Gly Lys Glu Val
770 775 780

Tyr Ile Pro Tyr Ile Thr

785 790

<210> 23
<211> 1075
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 23

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

Phe Val Met Ile Arg His Asp Gly Asp Ala Pro Gly Ser Ala Lys Pro
20 25 30

Thr Lys Ser Ala Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Ser Val
35 40 45

Gly Val Ser Ala Thr Gly Asp Val Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala
50 55 60

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

Gln Cys Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Gln Lys Gly Ser
85 90 95

Pro Arg Val His Gly Asp Glu Asp Glu Glu Asp Val Asp Asp Leu Asp
100 105 110

Asn Glu Phe Asn Tyr Lys Gln Gly Asn Gly Lys Gly Pro Glu Trp Gln
115 120 125

Leu Gln Gly Asp Asp Ala Asp Leu Ser Ser Ser Ala Arg His Glu Pro
130 135 140

His His Arg Ile Pro Arg Leu Thr Ser Gly Gln Gln Ile Ser Gly Glu
145 150 155 160

Ile Pro Asp Ala Ser Pro Asp Arg His Ser Ile Arg Ser Pro Thr Ser
165 170 175

Ser Tyr Val Asp Pro Ser Val Pro Val Pro Val Arg Ile Val Asp Pro
180 185 190

Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly Leu Asn Ser Val Asp Trp Lys Glu
195 200 205

Arg Val Glu Ser Trp Arg Val Lys Gln Asp Lys Asn Met Met Gln Val
210 215 220

Thr Asn Lys Tyr Pro Glu Ala Arg Gly Gly Asp Met Glu Gly Thr Gly
225 230 235 240

Ser Asn Gly Glu Asp Met Gln Met Val Asp Asp Ala Arg Leu Pro Leu
245 250 255

Ser Arg Ile Val Pro Ile Ser Ser Asn Gln Leu Asn Leu Tyr Arg Val
260 265 270

Val Ile Ile Leu Arg Leu Ile Ile Leu Cys Phe Phe Phe Gln Tyr Arg
275 280 285

Val Ser His Pro Val Arg Asn Ala Tyr Gly Leu Trp Leu Val Ser Val

290 295 300

Ile Cys Glu Val Trp Phe Ala Leu Ser Trp Leu Leu Asp Gln Phe Pro
305 310 315 320

Lys Trp Tyr Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala Leu
325 330 335

Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp Val
340 345 350

Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr Ala
355 360 365

Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ser Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val
370 375 380

Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ser Ala Met Leu Thr Phe Glu Ser
385 390 395 400

Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys
405 410 415

Lys His Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Ala Gln Lys
420 425 430

Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Ile Gln Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg
435 440 445

Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala
450 455 460

Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Ala
465 470 475 480

Asp Gly Thr Ala Trp Pro Gly Asn Asn Pro Arg Asp His Pro Gly Met
485 490 495

Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Thr Asp Gly Asn
500 505 510

Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe
515 520 525

Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Ile Arg Val Ser
530 535 540

Ala Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp His
545 550 555 560

Tyr Phe Asn Ser Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met
565 570 575

Asp Pro Ala Leu Gly Arg Lys Thr Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg
580 585 590

Phe Asp Gly Ile Asp Leu His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Ile Val
595 600 605

Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val
610 615 620

Tyr Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr
625 630 635 640

```
Asp Pro Val Leu Thr Glu Ala Asp Leu Glu Pro Asn Ile Val Ile Lys
                645                 650                 655

Ser Cys Cys Gly Arg Arg Lys Lys Lys Asn Lys Ser Tyr Met Asp Ser
            660                 665                 670

Gln Ser Arg Ile Met Lys Arg Thr Glu Ser Ser Ala Pro Ile Phe Asn
        675                 680                 685

Met Glu Asp Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Tyr Glu Asp Glu Arg Ser
    690                 695                 700

Val Leu Met Ser Gln Arg Lys Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Pro
705                 710                 715                 720

Ile Phe Ile Ala Ser Thr Phe Met Thr Gln Gly Gly Ile Pro Pro Ser
                725                 730                 735

Thr Asn Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys
            740                 745                 750

Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr
        755                 760                 765

Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg
    770                 775                 780

Gly Trp Gln Ser Ile Tyr Cys Met Pro Pro Arg Pro Cys Phe Lys Gly
785                 790                 795                 800

Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp
                805                 810                 815

Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Leu Ser Arg His Cys Pro Ile Trp
            820                 825                 830

Tyr Gly Tyr Asn Gly Arg Leu Lys Leu Leu Glu Arg Leu Ala Tyr Ile
        835                 840                 845

Asn Thr Ile Val Tyr Pro Ile Thr Ser Ile Pro Leu Ile Ala Tyr Cys
    850                 855                 860

Val Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Asn Lys Phe Ile Ile Pro Glu
865                 870                 875                 880

Ile Ser Asn Tyr Ala Gly Met Phe Phe Ile Leu Leu Phe Ala Ser Ile
                885                 890                 895

Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Glu
            900                 905                 910

Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Thr Ser Ala
        915                 920                 925

His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile
    930                 935                 940

Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp
945                 950                 955                 960

Phe Ala Glu Leu Tyr Val Phe Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro Pro
                965                 970                 975
```

```
Thr Thr Val Leu Val Ile Asn Leu Val Gly Met Val Ala Gly Ile Ser
            980                 985                 990

Tyr Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln  Ser Trp Gly Pro Leu  Phe Gly Lys
        995                 1000                1005

Leu Phe  Phe Ser Ile Trp Val  Ile Leu His Leu Tyr  Pro Phe Leu
    1010                1015                1020

Lys Gly  Leu Met Gly Arg Gln  Asn Arg Thr Pro Thr  Ile Val Ile
    1025                1030                1035

Val Trp  Ser Ile Leu Leu Ala  Ser Ile Phe Ser Leu  Leu Trp Val
    1040                1045                1050

Lys Ile  Asp Pro Phe Ile Ser  Pro Thr Gln Lys Ala  Ala Ala Leu
    1055                1060                1065

Gly Gln  Cys Gly Val Asn Cys
    1070                1075
```

<210> 24
<211> 1076
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 24

```
Met Asp Gly Gly Asp Ala Thr Asn Ser Gly Lys His Val Ala Gly Gln
1               5                   10                  15

Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Gly Val Gly Thr Ala Ala Asp Gly Asp
            20                  25                  30

Leu Phe Thr Ala Cys Asp Val Cys Gly Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys
        35                  40                  45

Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Thr Gln Ala Cys Pro Gln Cys Lys
    50                  55                  60

Thr Lys Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser Pro Pro Val His Gly Glu Glu
65                  70                  75                  80

Asn Glu Asp Val Asp Ala Asp Asp Val Ser Asp Tyr Asn Tyr Gln Ala
                85                  90                  95

Ser Gly Asn Gln Asp Gln Lys Gln Lys Ile Ala Glu Arg Met Leu Thr
            100                 105                 110

Trp Arg Thr Asn Ser Arg Gly Ser Asp Ile Gly Leu Ala Lys Tyr Asp
        115                 120                 125

Ser Gly Glu Ile Gly His Gly Lys Tyr Asp Ser Gly Glu Ile Pro Arg
    130                 135                 140

Gly Tyr Ile Pro Ser Leu Thr His Ser Gln Ile Ser Gly Glu Ile Pro
145                 150                 155                 160

Gly Ala Ser Pro Asp His Met Met Ser Pro Val Gly Asn Ile Gly Arg
                165                 170                 175

Arg Gly His Gln Phe Pro Tyr Val Asn His Ser Pro Asn Pro Ser Arg
            180                 185                 190
```

```
Glu Phe Ser Gly Ser Leu Gly Asn Val Ala Trp Lys Glu Arg Val Asp
        195                 200                 205

Gly Trp Lys Met Lys Asp Lys Gly Ala Ile Pro Met Thr Asn Gly Thr
    210                 215                 220

Ser Ile Ala Pro Ser Glu Gly Arg Gly Val Ala Asp Ile Asp Ala Ser
225                 230                 235                 240

Thr Asp Tyr Asn Met Glu Asp Ala Leu Leu Asn Asp Glu Thr Arg Gln
                245                 250                 255

Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile Pro Ser Ser Arg Ile Asn Pro Tyr
            260                 265                 270

Arg Met Val Ile Val Leu Arg Leu Ala Val Leu Cys Ile Phe Leu Arg
        275                 280                 285

Tyr Arg Ile Thr His Pro Val Asn Asn Ala Tyr Pro Leu Trp Leu Leu
    290                 295                 300

Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Leu Ser Trp Ile Leu Asp Gln
305                 310                 315                 320

Phe Pro Lys Trp Ser Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu
                325                 330                 335

Ala Leu Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Pro Val
            340                 345                 350

Asp Ile Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met Lys Glu Pro Pro Leu Val
        355                 360                 365

Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp
    370                 375                 380

Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe
385                 390                 395                 400

Asp Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe
                405                 410                 415

Cys Lys Lys Tyr Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Ala
            420                 425                 430

Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Gln Thr Ser Phe Val Lys
        435                 440                 445

Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile
    450                 455                 460

Asn Gly Leu Val Ala Asn Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Ile
465                 470                 475                 480

Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Arg Asp His Pro
                485                 490                 495

Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Val Glu
            500                 505                 510

Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro
        515                 520                 525

Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg
```

```
    530                 535                 540

Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Gln Tyr Met Leu Asn Leu Asp Cys
545                 550                 555                 560

Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe
                565                 570                 575

Leu Met Asp Pro Asn Leu Gly Arg Asn Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro
            580                 585                 590

Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn
        595                 600                 605

Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Leu Arg Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly
    610                 615                 620

Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Thr Ala Leu Tyr
625                 630                 635                 640

Gly Tyr Glu Pro Pro Val Lys Lys Lys Lys Pro Gly Phe Phe Ser Ser
                645                 650                 655

Leu Cys Gly Gly Arg Lys Lys Thr Ser Lys Ser Lys Lys Ser Ser Glu
            660                 665                 670

Lys Lys Lys Ser His Arg His Ala Asp Ser Ser Val Pro Val Phe Asn
        675                 680                 685

Leu Glu Asp Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Ser Gln Phe Asp Asp Glu
    690                 695                 700

Lys Ser Leu Ile Met Ser Gln Met Ser Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln
705                 710                 715                 720

Ser Ser Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Met Glu Tyr Gly Gly Val Pro
                725                 730                 735

Gln Ser Ala Thr Pro Glu Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile
            740                 745                 750

Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Asp Trp Gly Thr Glu Ile Gly Trp
        755                 760                 765

Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His
    770                 775                 780

Ala Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Lys Arg Pro Ala Phe
785                 790                 795                 800

Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu
                805                 810                 815

Arg Trp Ala Leu Gly Ser Ile Glu Ile Leu Phe Ser Arg His Cys Pro
            820                 825                 830

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

Tyr Ile Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Leu Thr Ser Ile Pro Leu Leu Leu
    850                 855                 860

Tyr Cys Ile Leu Pro Ala Val Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Ile
865                 870                 875                 880
```

```
Pro Lys Ile Ser Asn Leu Glu Ser Val Trp Phe Ile Ser Leu Phe Ile
                885                 890                 895

Ser Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly
            900                 905                 910

Ile Asp Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Ile
        915                 920                 925

Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala
    930                 935                 940

Gly Ile Asp Thr Ser Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Thr Asp Glu Glu
945                 950                 955                 960

Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Met Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile
                965                 970                 975

Pro Pro Thr Thr Ile Leu Ile Ile Asn Leu Val Gly Val Val Ala Gly
            980                 985                 990

Ile Ser Tyr Ala Ile Asn Ser Gly  Tyr Gln Ser Trp Gly  Pro Leu Phe
        995                 1000                1005

Gly Lys  Leu Phe Phe Ala Phe  Trp Val Ile Val His  Leu Tyr Pro
    1010                1015                1020

Phe Leu  Lys Gly Leu Met Gly  Lys Gln Asn Arg Thr  Pro Thr Ile
    1025                1030                1035

Val Val  Val Trp Ala Ile Leu  Leu Ala Ser Ile Phe  Ser Leu Met
    1040                1045                1050

Trp Val  Arg Ile Asp Pro Phe  Thr Thr Arg Val Thr  Gly Pro Asp
    1055                1060                1065

Ile Ala  Lys Cys Gly Ile Asn  Cys
    1070                1075
```

<210> 25
<211> 1089
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 25

```
Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1               5                   10                  15

Leu Val Val Ile Arg Arg Asp Gly Glu Pro Gly Pro Lys Pro Met Asp
            20                  25                  30

Gln Arg Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Asp Val Gly Arg
        35                  40                  45

Asn Pro Asp Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro
    50                  55                  60

Ile Cys Arg Asp Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Thr Gln Asn
65                  70                  75                  80

Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Phe Lys Arg Leu Lys Gly Cys Ala Arg
                85                  90                  95
```

```
Val Pro Gly Asp Glu Glu Glu Asp Gly Val Asp Asp Leu Glu Asn Glu
            100                 105                 110

Phe Asn Trp Ser Asp Lys His Asp Ser Gln Tyr Leu Ala Glu Ser Met
        115                 120                 125

Leu His Ala His Met Ser Tyr Gly Arg Gly Ala Asp Leu Asp Gly Val
    130                 135                 140

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

Gln Met Val Asp Asp Ile Pro Pro Asp Gln His Ala Leu Val Pro Ser
                165                 170                 175

Phe Val Gly Gly Gly Gly Lys Arg Ile His Pro Leu Pro Tyr Ala Asp
            180                 185                 190

Pro Asn Leu Pro Val Gln Pro Arg Ser Met Asp Pro Ser Lys Asp Leu
        195                 200                 205

Ala Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys Glu Arg Met Glu Ser
    210                 215                 220

Trp Lys Gln Lys Gln Glu Arg Met His Gln Thr Arg Asn Asp Gly Gly
225                 230                 235                 240

Gly Asp Asp Gly Asp Asp Ala Asp Leu Pro Leu Met Asp Glu Ala Arg
                245                 250                 255

Gln Pro Leu Ser Arg Lys Ile Pro Leu Pro Ser Ser Gln Ile Asn Pro
            260                 265                 270

Tyr Arg Met Ile Ile Ile Ile Arg Leu Val Val Leu Cys Phe Phe Phe
        275                 280                 285

His Tyr Arg Val Met His Pro Val Pro Asp Ala Phe Ala Leu Trp Leu
    290                 295                 300

Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Met Ser Trp Ile Leu Asp
305                 310                 315                 320

Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Glu Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg
                325                 330                 335

Leu Ser Leu Arg Phe Asp Lys Glu Gly His Pro Ser Gln Leu Ala Pro
            340                 345                 350

Val Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu
        355                 360                 365

Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ser Val Asp Tyr Pro Val
    370                 375                 380

Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr
385                 390                 395                 400

Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala Lys Lys Trp Val Pro
                405                 410                 415

Phe Cys Lys Arg Tyr Ser Leu Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe
            420                 425                 430
```

```
Gln Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Ala Pro Asn Phe Val
        435                 440                 445

Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg
    450                 455                 460

Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp
465                 470                 475                 480

Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Val Arg Asp His
                485                 490                 495

Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Ser Gly Gly His Asp Val
            500                 505                 510

Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg
        515                 520                 525

Pro Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val
    530                 535                 540

Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Tyr Leu Leu Asn Leu Asp
545                 550                 555                 560

Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile Lys Glu Ala Met Cys
                565                 570                 575

Phe Met Met Asp Pro Leu Leu Gly Asn Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe
            580                 585                 590

Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg
        595                 600                 605

Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln
    610                 615                 620

Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu
625                 630                 635                 640

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

Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Ile Cys Cys Cys Cys Phe Gly Asn Arg
            660                 665                 670

Lys Thr Lys Lys Lys Thr Lys Thr Ser Lys Pro Lys Phe Glu Lys Ile
        675                 680                 685

Lys Lys Leu Phe Lys Lys Lys Glu Asn Gln Ala Pro Ala Tyr Ala Leu
    690                 695                 700

Gly Glu Ile Asp Glu Ala Ala Pro Gly Ala Glu Asn Glu Lys Ala Ser
705                 710                 715                 720

Ile Val Asn Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ser Val
                725                 730                 735

Phe Val Ala Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly Thr Leu Lys Ser Ala
            740                 745                 750

Ser Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly
        755                 760                 765

Tyr Glu Asp Lys Thr Gly Trp Gly Lys Asp Ile Gly Trp Ile Tyr Gly
```

```
    770                 775                 780

Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys His Gly
785                 790                 795                 800

Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Ile Pro Lys Arg Ala Ala Phe Lys Gly Ser
                805                 810                 815

Ala Pro Leu Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala
            820                 825                 830

Leu Gly Ser Ile Glu Ile Phe Phe Ser Asn His Cys Pro Leu Trp Tyr
        835                 840                 845

Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe Ser Tyr Ile Asn
    850                 855                 860

Ser Ile Val Tyr Pro Trp Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ala Tyr Cys Thr
865                 870                 875                 880

Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Thr Pro Glu Leu
                885                 890                 895

Asn Asn Val Ala Ser Leu Trp Phe Met Ser Leu Phe Ile Cys Ile Phe
            900                 905                 910

Ala Thr Ser Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Asp Asp
        915                 920                 925

Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ser His
    930                 935                 940

Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Ile Ala Gly Val Asp
945                 950                 955                 960

Thr Ser Phe Thr Val Thr Ser Lys Gly Gly Asp Asp Glu Glu Phe Ser
                965                 970                 975

Glu Leu Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr
            980                 985                 990

Leu Leu Leu Leu Asn Phe Ile Gly  Val Val Ala Gly Ile  Ser Asn Ala
        995                 1000                1005

Ile Asn  Asn Gly Tyr Glu Ser  Trp Gly Pro Leu Phe  Gly Lys Leu
    1010                1015                1020

Phe Phe  Ala Phe Trp Val Ile  Val His Leu Tyr Pro  Phe Leu Lys
    1025                1030                1035

Gly Leu  Val Gly Arg Gln Asn  Arg Thr Pro Thr Ile  Val Ile Val
    1040                1045                1050

Trp Ser  Ile Leu Leu Ala Ser  Ile Phe Ser Leu Leu  Trp Val Arg
    1055                1060                1065

Ile Asp  Pro Phe Leu Ala Lys  Asp Asp Gly Pro Leu  Leu Glu Glu
    1070                1075                1080

Cys Gly  Leu Asp Cys Asn
    1085
```

<210> 26
<211> 1033

<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 26

Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1 5 10 15

Leu Val Val Ile His Gly His Glu Glu His Lys Pro Leu Lys Asn Leu
20 25 30

Asp Gly Gln Val Cys Glu Ile Cys Gly Asp Asp Val Gly Leu Thr Val
35 40 45

Asp Gly Asp Leu Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Gly Phe Pro Ala Cys
50 55 60

Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Arg Gln Val Cys Pro
65 70 75 80

Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Ser Pro Arg Val Glu
85 90 95

Gly Asp Asp Asp Glu Glu Asp Val Asp Asp Ile Glu His Glu Phe Asn
100 105 110

Ile Glu Glu Gln Asn Lys His Asn His Ser Ala Glu Ala Met Leu His
115 120 125

Gly Lys Met Ser Tyr Gly Arg Gly Pro Glu Asp Asp Glu Asn Ala Gln
130 135 140

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

Leu Pro Ile Ala Ser His Tyr Gly Asp Gln Met Leu Ala Ser Ser Leu
165 170 175

Gln Asn Arg Ser His Pro Tyr Leu Ala Ser Asp Pro Arg Asn Gly Lys
180 185 190

Leu Asp Glu Ala Lys Glu Asp Arg Met Asp Asp Trp Lys Leu Gln Gln
195 200 205

Gly Asn Leu Gly His Glu Pro Asp Glu Asp Pro Asp Ala Ala Met Leu
210 215 220

Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile Ala Ser Ser
225 230 235 240

Lys Val Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Val Ala Arg Leu Val Ile Leu
245 250 255

Ala Phe Phe Leu Arg Tyr Arg Leu Met Asn Pro Val His Asp Ala Leu
260 265 270

Gly Leu Trp Leu Thr Ser Ile Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Phe Ser
275 280 285

Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Asp Arg Glu Thr
290 295 300

Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Ile Arg Tyr Glu Arg Glu Gly Glu Pro Asn
305 310 315 320

Met Leu Ala Pro Val Asp Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met Lys
325 330 335

Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Met
340 345 350

Asp Tyr Pro Val Asp Lys Ile Ser Cys Tyr Ile Ser Asp Asp Gly Ala
355 360 365

Ser Met Cys Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg
370 375 380

Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro
385 390 395 400

Glu Met Tyr Phe Ser Glu Lys Val Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Gln
405 410 415

Pro Thr Phe Val Lys Asp Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu
420 425 430

Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro
435 440 445

Gln Gly Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn
450 455 460

Thr Lys Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly
465 470 475 480

Gly His Asp Thr Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser
485 490 495

Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met
500 505 510

Asn Ala Leu Ile Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Phe Met
515 520 525

Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Val Asn Asn Ser Lys Ala Ala Arg
530 535 540

Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro Gln Thr Gly Lys Lys Val Cys
545 550 555 560

Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg
565 570 575

Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu
580 585 590

Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ala Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg
595 600 605

Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asn Pro Pro Lys Gly Pro Lys Arg Pro
610 615 620

Lys Met Val Ser Cys Asp Cys Cys Pro Cys Phe Gly Lys Arg Lys Lys
625 630 635 640

Val Lys Tyr Glu Gly Asn Asp Ala Asn Gly Glu Ala Ala Ser Leu Arg
645 650 655

```
Gly Met Asp Asp Asp Lys Glu Val Leu Met Ser Gln Met Asn Phe Glu
            660                 665                 670

Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ser Ile Phe Val Thr Ser Thr Leu Met Glu
        675                 680                 685

Glu Gly Gly Val Pro Pro Ser Ala Ser Pro Ala Ser Gln Leu Lys Glu
    690                 695                 700

Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly
705                 710                 715                 720

Ile Glu Leu Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Ile Thr Glu Asp Ile Leu Thr
                725                 730                 735

Gly Phe Lys Met His Cys Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro
            740                 745                 750

Lys Arg Ala Ala Phe Lys Gly Thr Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg
        755                 760                 765

Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Ile Glu Ile Phe Phe
    770                 775                 780

Ser Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Lys Glu Gly Lys Leu Lys
785                 790                 795                 800

Trp Leu Glu Arg Phe Ala Tyr Ala Asn Thr Thr Val Tyr Pro Phe Thr
                805                 810                 815

Ser Ile Pro Leu Val Ala Tyr Cys Val Leu Pro Ala Val Cys Leu Leu
            820                 825                 830

Thr Asp Lys Phe Ile Met Pro Pro Ile Ser Thr Phe Ala Gly Leu Tyr
        835                 840                 845

Phe Val Ala Leu Phe Ser Ser Ile Ile Ala Thr Gly Leu Leu Glu Leu
    850                 855                 860

Lys Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe
865                 870                 875                 880

Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val Ile Gln Gly
                885                 890                 895

Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser
            900                 905                 910

Lys Ala Ala Asp Asp Glu Glu Phe Gly Glu Leu Tyr Thr Phe Lys Trp
        915                 920                 925

Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Ile Leu Ile Ile Asn Ile Val
    930                 935                 940

Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Asp Ala Ile Asn Asn Gly Tyr Gln Ser
945                 950                 955                 960

Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ser Phe Trp Val Ile Val
                965                 970                 975

His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr
            980                 985                 990

Pro Thr Ile Val Val Ile Trp Ser  Val Leu Leu Ala Ser  Ile Phe Ser
```

```
Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Val Asp Thr Asn Phe Thr
945                 950                 955                 960

Val Thr Ser Lys Ala Ala Asp Asp Gly Glu Phe Ser Asp Leu Tyr Leu
                965                 970                 975

Phe Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro Pro Met Thr Leu Leu Ile Ile
            980                 985                 990

Asn Val Ile Gly Val Ile Val Gly  Val Ser Asp Ala Ile  Ser Asn Gly
        995                 1000                1005

Tyr Asp  Ser Trp Gly Pro Leu  Phe Gly Arg Leu Phe  Phe Ala Leu
    1010                1015                1020

Trp Val  Ile Ile His Leu Tyr  Pro Phe Leu Lys Gly  Leu Leu Gly
    1025                1030                1035

Lys Gln  Asp Arg Met Pro Thr  Ile Ile Val Val Trp  Ser Ile Leu
    1040                1045                1050

Leu Ala  Ser Ile Leu Thr Leu  Leu Trp Val Arg Val  Asn Pro Phe
    1055                1060                1065

Val Ala  Lys Gly Gly Pro Ile  Leu Glu Ile Cys Gly  Leu Asp Cys
    1070                1075                1080

Leu
```

<210> 7
<211> 1026
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 7

```
Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1               5                   10                  15

Leu Val Val Ile His Asn His Glu Glu Pro Lys Pro Leu Lys Asn Leu
            20                  25                  30

Asp Gly Gln Phe Cys Glu Ile Cys Gly Asp Gln Ile Gly Leu Thr Val
        35                  40                  45

Glu Gly Asp Leu Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Gly Phe Pro Ala Cys
    50                  55                  60

Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Thr Gln Asn Cys Pro
65                  70                  75                  80

Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Arg Gly Ser Pro Arg Val Glu
                85                  90                  95

Gly Asp Glu Asp Glu Glu Asp Ile Asp Asp Ile Glu Tyr Glu Phe Asn
            100                 105                 110

Ile Glu His Glu Gln Asp Lys His Lys His Ser Ala Glu Ala Met Leu
        115                 120                 125

Tyr Gly Lys Met Ser Tyr Gly Arg Gly Pro Glu Asp Asp Glu Asn Gly
    130                 135                 140
```

```
Arg Phe Pro Pro Val Ile Ala Gly Gly His Ser Gly Glu Phe Pro Val
145                 150                 155                 160

Gly Gly Gly Tyr Gly Asn Gly Glu His Gly Leu His Lys Arg Val His
                165                 170                 175

Pro Tyr Pro Ser Ser Glu Ala Gly Ser Glu Gly Gly Trp Arg Glu Arg
            180                 185                 190

Met Asp Asp Trp Lys Leu Gln His Gly Asn Leu Gly Pro Glu Pro Asp
        195                 200                 205

Asp Asp Pro Glu Met Gly Leu Ile Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser
    210                 215                 220

Arg Lys Val Pro Ile Ala Ser Ser Lys Ile Asn Pro Tyr Arg Met Val
225                 230                 235                 240

Ile Val Ala Arg Leu Val Ile Leu Ala Val Phe Leu Arg Tyr Arg Leu
                245                 250                 255

Leu Asn Pro Val His Asp Ala Leu Gly Leu Trp Leu Thr Ser Val Ile
            260                 265                 270

Cys Glu Ile Trp Phe Ala Val Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys
        275                 280                 285

Trp Phe Pro Ile Glu Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu Arg
    290                 295                 300

Tyr Glu Arg Glu Gly Glu Pro Asn Met Leu Ala Pro Val Asp Val Phe
305                 310                 315                 320

Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ser Asn
                325                 330                 335

Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Met Asp Tyr Pro Val Glu Lys Ile Ser
            340                 345                 350

Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ser Met Leu Thr Phe Glu Ser Leu
        355                 360                 365

Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys
    370                 375                 380

Phe Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Met Tyr Phe Thr Leu Lys Val
385                 390                 395                 400

Asp Tyr Leu Gln Asp Lys Val His Pro Thr Phe Val Lys Glu Arg Arg
                405                 410                 415

Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Gln
            420                 425                 430

Val Ala Lys Ala Ser Lys Val Pro Leu Glu Gly Trp Ile Met Gln Asp
        435                 440                 445

Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Lys Asp His Pro Gly Met Ile
    450                 455                 460

Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Phe Asp Val Glu Gly His Glu
465                 470                 475                 480

Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln
```

485 490 495

His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ala Gly
500 505 510

Val Leu Thr Asn Ala Pro Phe Met Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr
515 520 525

Val Asn Asn Ser Lys Ala Val Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp
530 535 540

Pro Gln Ile Gly Lys Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe
545 550 555 560

Asp Gly Ile Asp Thr Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe
565 570 575

Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr
580 585 590

Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Lys Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Glu
595 600 605

Pro Pro Lys Gly Pro Lys Arg Pro Lys Met Ile Ser Cys Gly Cys Cys
610 615 620

Pro Cys Phe Gly Arg Arg Arg Lys Asn Lys Lys Phe Ser Lys Asn Asp
625 630 635 640

Met Asn Gly Asp Val Ala Ala Leu Gly Gly Ala Glu Gly Asp Lys Glu
645 650 655

His Leu Met Ser Glu Met Asn Phe Glu Lys Thr Phe Gly Gln Ser Ser
660 665 670

Ile Phe Val Thr Ser Thr Leu Met Glu Glu Gly Gly Val Pro Pro Ser
675 680 685

Ser Ser Pro Ala Val Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys
690 695 700

Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Thr Glu Leu Gly Trp Ile Tyr
705 710 715 720

Gly Ser Ile Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys Arg
725 730 735

Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Lys Arg Pro Ala Phe Lys Gly
740 745 750

Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp
755 760 765

Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser Arg His Ser Pro Leu Trp
770 775 780

Tyr Gly Tyr Lys Gly Gly Lys Leu Lys Trp Leu Glu Arg Phe Ala Tyr
785 790 795 800

Ala Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Phe Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ala Tyr
805 810 815

Cys Ile Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Asp Lys Phe Ile Met Pro
820 825 830

```
Pro Ile Ser Thr Phe Ala Ser Leu Phe Phe Ile Ser Leu Phe Met Ser
        835                 840                 845

Ile Ile Val Thr Gly Ile Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Ser Ile
    850                 855                 860

Glu Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Ile Ser
865                 870                 875                 880

Ala His Leu Phe Ala Val Val Gln Gly Leu Leu Lys Ile Leu Ala Gly
                885                 890                 895

Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Thr Asp Asp Asp Asp
            900                 905                 910

Phe Gly Glu Leu Tyr Ala Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro
        915                 920                 925

Thr Thr Val Leu Ile Ile Asn Ile Val Gly Val Val Ala Gly Ile Ser
    930                 935                 940

Asp Ala Ile Asn Asn Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys
945                 950                 955                 960

Leu Phe Phe Ser Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys
                965                 970                 975

Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Val Ile Trp
            980                 985                 990

Ser Val Leu Leu Ala Ser Ile Phe  Ser Leu Leu Trp Val  Arg Ile Asp
        995                 1000                1005

Pro Phe  Val Leu Lys Thr Lys  Gly Pro Asp Thr Ser  Lys Cys Gly
    1010                1015                1020

Ile Asn  Cys
    1025
```

<210> 8
<211> 985
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 8

```
Met Met Glu Ser Arg Ser Pro Ile Cys Asn Thr Cys Gly Glu Glu Ile
1               5                   10                  15

Gly Val Lys Ser Asn Gly Glu Phe Phe Val Ala Cys His Glu Cys Ser
            20                  25                  30

Phe Pro Ile Cys Lys Ala Cys Leu Glu Tyr Glu Phe Lys Glu Gly Arg
        35                  40                  45

Arg Ile Cys Leu Arg Cys Gly Asn Pro Tyr Asp Glu Asn Val Phe Asp
    50                  55                  60

Asp Val Glu Thr Lys Thr Ser Lys Thr Gln Ser Ile Val Pro Thr Gln
65                  70                  75                  80

Thr Asn Asn Thr Ser Gln Asp Ser Gly Ile His Ala Arg His Ile Ser
                85                  90                  95
```

```
Thr Val Ser Thr Ile Asp Ser Glu Leu Asn Asp Glu Tyr Gly Asn Pro
            100                 105                 110

Ile Trp Lys Asn Arg Val Glu Ser Trp Lys Asp Lys Lys Asp Lys Lys
        115                 120                 125

Ser Lys Lys Lys Lys Lys Asp Pro Lys Ala Thr Lys Ala Glu Gln His
    130                 135                 140

Glu Ala Gln Ile Pro Thr Gln Gln His Met Glu Asp Thr Pro Pro Asn
145                 150                 155                 160

Thr Glu Ser Gly Ala Thr Asp Val Leu Ser Val Val Ile Pro Ile Pro
                165                 170                 175

Arg Thr Lys Ile Thr Ser Tyr Arg Ile Val Ile Ile Met Arg Leu Ile
            180                 185                 190

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

Ala Tyr Gly Leu Trp Leu Thr Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala
    210                 215                 220

Val Ser Trp Val Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Ser Pro Ile Asn Arg
225                 230                 235                 240

Glu Thr Tyr Ile Asp Arg Leu Ser Ala Arg Phe Glu Arg Glu Gly Glu
                245                 250                 255

Gln Ser Gln Leu Ala Ala Val Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro
            260                 265                 270

Leu Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu
        275                 280                 285

Ala Leu Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp
    290                 295                 300

Gly Ala Ala Met Leu Ser Phe Glu Ser Leu Val Glu Thr Ala Asp Phe
305                 310                 315                 320

Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Tyr Ser Ile Glu Pro Arg
                325                 330                 335

Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Ser Leu Lys Ile Asp Tyr Leu Arg Asp Lys
            340                 345                 350

Val Gln Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Asp Tyr
        355                 360                 365

Glu Glu Phe Lys Ile Arg Met Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys
    370                 375                 380

Thr Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Ser Trp Pro Gly
385                 390                 395                 400

Asn Asn Thr Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Tyr
                405                 410                 415

Ser Gly Ala Arg Asp Ile Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr
            420                 425                 430
```

```
Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Gln His His Lys Lys Ala Gly
        435                 440                 445

Ala Glu Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro
    450                 455                 460

Phe Ile Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Val Asn Asn Ser Lys Ala
465                 470                 475                 480

Val Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro Val Val Gly Gln Asp
                485                 490                 495

Val Cys Phe Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Lys Ser
            500                 505                 510

Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Ile Val Phe Phe Asp Val Asn Met Arg
        515                 520                 525

Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Thr Val
    530                 535                 540

Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Ser Pro Pro Ser Lys Pro Arg
545                 550                 555                 560

Ile Leu Pro Gln Ser Ser Ser Ser Ser Cys Cys Cys Leu Thr Lys Lys
                565                 570                 575

Lys Gln Pro Gln Asp Pro Ser Glu Ile Tyr Lys Asp Ala Lys Arg Glu
            580                 585                 590

Glu Leu Asp Ala Ala Ile Phe Asn Leu Gly Asp Leu Asp Asn Tyr Asp
        595                 600                 605

Glu Tyr Asp Arg Ser Met Leu Ile Ser Gln Thr Ser Phe Glu Lys Thr
    610                 615                 620

Phe Gly Leu Ser Thr Val Phe Ile Glu Ser Thr Leu Met Glu Asn Gly
625                 630                 635                 640

Gly Val Pro Asp Ser Val Asn Pro Ser Thr Leu Ile Lys Glu Ala Ile
                645                 650                 655

His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Glu Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu
            660                 665                 670

Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Ile Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe
        675                 680                 685

Lys Met His Cys Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Leu Arg
    690                 695                 700

Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu His
705                 710                 715                 720

Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Leu Ser Arg
                725                 730                 735

His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Cys Ser Gly Gly Arg Leu Lys Leu Leu
            740                 745                 750

Gln Arg Leu Ala Tyr Ile Asn Thr Ile Val Tyr Pro Phe Thr Ser Leu
        755                 760                 765

Pro Leu Val Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly
```

770 775 780

Lys Phe Ile Ile Pro Thr Leu Ser Asn Leu Ala Ser Met Leu Phe Leu
785 790 795 800

Gly Leu Phe Ile Ser Ile Ile Leu Thr Ser Val Leu Glu Leu Arg Trp
805 810 815

Ser Gly Val Ser Ile Glu Asp Leu Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val
820 825 830

Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Phe Leu
835 840 845

Lys Met Leu Ala Gly Leu Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Thr
850 855 860

Ala Asp Asp Leu Glu Phe Gly Glu Leu Tyr Ile Val Lys Trp Thr Thr
865 870 875 880

Leu Leu Ile Pro Pro Thr Ser Leu Leu Ile Ile Asn Leu Val Gly Val
885 890 895

Val Ala Gly Phe Ser Asp Ala Leu Asn Lys Gly Tyr Glu Ala Trp Gly
900 905 910

Pro Leu Phe Gly Lys Val Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile Leu His Leu
915 920 925

Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr
930 935 940

Ile Val Ile Leu Trp Ser Ile Leu Leu Ala Ser Val Phe Ser Leu Val
945 950 955 960

Trp Val Arg Ile Asn Pro Phe Val Ser Lys Thr Asp Thr Thr Ser Leu
965 970 975

Ser Leu Asn Cys Leu Leu Ile Asp Cys
980 985

<210> 9
<211> 1088
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 9

Met Asn Thr Gly Gly Arg Leu Ile Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1 5 10 15

Phe Val Leu Ile Asn Ala Asp Asp Thr Ala Arg Ile Arg Ser Ala Glu
20 25 30

Glu Leu Ser Gly Gln Thr Cys Lys Ile Cys Arg Asp Glu Ile Glu Leu
35 40 45

Thr Asp Asn Gly Glu Pro Phe Ile Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro
50 55 60

Thr Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Asn Gln Ala
65 70 75 80

Cys Pro Gln Cys Gly Thr Arg Tyr Lys Arg Ile Lys Gly Ser Pro Arg

```
                85                  90                  95

Val Glu Gly Asp Glu Glu Asp Asp Asp Ile Asp Asp Leu Glu His Glu
            100                 105                 110

Phe Tyr Gly Met Asp Pro Glu His Val Thr Glu Ala Ala Leu Tyr Tyr
        115                 120                 125

Met Arg Leu Asn Thr Gly Arg Gly Thr Asp Glu Val Ser His Leu Tyr
    130                 135                 140

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Val Pro Leu Leu Thr Tyr Cys Asp Glu
145                 150                 155                 160

Asp Ser Asp Met Tyr Ser Asp Arg His Ala Leu Ile Val Pro Pro Ser
                165                 170                 175

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

Ala Ser Ile His Thr Arg Pro Met Val Pro Gln Lys Asp Leu Thr Val
        195                 200                 205

Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys Asp Arg Met Glu Val Trp Lys
    210                 215                 220

Lys Gln Gln Ile Glu Lys Leu Gln Val Val Lys Asn Glu Arg Val Asn
225                 230                 235                 240

Asp Gly Asp Gly Asp Gly Phe Ile Val Asp Glu Leu Asp Asp Pro Gly
                245                 250                 255

Leu Pro Met Met Asp Glu Gly Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Leu Pro
            260                 265                 270

Ile Arg Ser Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg Met Leu Ile Phe Cys Arg
        275                 280                 285

Leu Ala Ile Leu Gly Leu Phe Phe His Tyr Arg Ile Leu His Pro Val
    290                 295                 300

Asn Asp Ala Phe Gly Leu Trp Leu Thr Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp
305                 310                 315                 320

Phe Ala Val Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Tyr Pro Ile
                325                 330                 335

Glu Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu Arg Tyr Glu Lys Glu
            340                 345                 350

Gly Lys Pro Ser Glu Leu Ala Pro Val Asp Val Phe Val Ser Thr Val
        355                 360                 365

Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser
    370                 375                 380

Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Glu Lys Val Ala Cys Tyr Val Ser
385                 390                 395                 400

Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Tyr Thr Ala
                405                 410                 415

Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe Ser Ile Glu
            420                 425                 430
```

```
Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Ser Gln Lys Met Asp Tyr Leu Lys
        435                 440                 445

His Lys Val Asp Pro Ala Phe Val Met Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg
    450                 455                 460

Asp Tyr Glu Glu Phe Lys Val Lys Ile Asn Ala Leu Val Ser Val Ser
465                 470                 475                 480

Gln Lys Val Pro Glu Asp Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp
                485                 490                 495

Pro Gly Asn Asn Val Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu
            500                 505                 510

Gly His Ser Gly Val Cys Asp Met Asp Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu
        515                 520                 525

Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Asp His His Lys Lys
    530                 535                 540

Ala Gly Ala Met Asn Ser Leu Ile Arg Val Ser Ala Val Leu Ser Asn
545                 550                 555                 560

Ala Pro Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser
                565                 570                 575

Lys Ala Ile Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Gln Ser Gly
            580                 585                 590

Lys Lys Ile Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp
        595                 600                 605

Arg His Asp Arg Tyr Ser Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn
    610                 615                 620

Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly
625                 630                 635                 640

Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Phe Asp Ala Pro Lys Lys
                645                 650                 655

Lys Gln Pro Pro Gly Arg Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Cys
            660                 665                 670

Leu Cys Cys Gly Met Arg Lys Lys Lys Thr Gly Lys Val Lys Asp Asn
        675                 680                 685

Gln Arg Lys Lys Pro Lys Glu Thr Ser Lys Gln Ile His Ala Leu Glu
    690                 695                 700

His Ile Glu Glu Gly Leu Gln Val Thr Asn Ala Glu Asn Asn Ser Glu
705                 710                 715                 720

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

Val Ala Ser Thr Leu Leu Leu Asn Gly Gly Val Pro Ser Asn Val Asn
            740                 745                 750

Pro Ala Ser Leu Leu Arg Glu Ser Ile Gln Val Ile Ser Cys Gly Tyr
        755                 760                 765
```

```
Glu Glu Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser
    770                 775                 780

Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys His Gly Trp
785                 790                 795                 800

Arg Ser Val Tyr Cys Met Pro Lys Arg Ala Ala Phe Lys Gly Ser Ala
                805                 810                 815

Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu
            820                 825                 830

Gly Ser Val Glu Ile Phe Leu Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly
        835                 840                 845

Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Trp Leu Glu Arg Phe Ser Tyr Ile Asn Ser
    850                 855                 860

Val Val Tyr Pro Trp Thr Ser Leu Pro Leu Leu Val Tyr Cys Ser Leu
865                 870                 875                 880

Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Val Pro Glu Ile Ser
                885                 890                 895

Asn Tyr Ala Gly Ile Leu Phe Leu Leu Met Phe Met Ser Ile Ala Val
            900                 905                 910

Thr Gly Ile Leu Glu Met Gln Trp Gly Lys Ile Gly Ile Asp Asp Trp
        915                 920                 925

Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ser His Leu
    930                 935                 940

Phe Ala Leu Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Val Ser Thr
945                 950                 955                 960

Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ala Asp Asp Gly Glu Phe Ser Glu
                965                 970                 975

Leu Tyr Ile Phe Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu
            980                 985                 990

Leu Ile Ile Asn Ile Val Gly Val  Ile Val Gly Val Ser  Asp Ala Ile
        995                 1000                1005

Asn Asn  Gly Tyr Asp Ser Trp  Gly Pro Leu Phe Gly  Arg Leu Phe
    1010                1015                1020

Phe Ala  Leu Trp Val Ile Val  His Leu Tyr Pro Phe  Leu Lys Gly
    1025                1030                1035

Leu Leu  Gly Lys Gln Asp Arg  Val Pro Thr Ile Ile  Leu Val Trp
    1040                1045                1050

Ser Ile  Leu Leu Ala Ser Ile  Leu Thr Leu Leu Trp  Val Arg Val
    1055                1060                1065

Asn Pro  Phe Val Ser Lys Asp  Gly Pro Val Leu Glu  Ile Cys Gly
    1070                1075                1080

Leu Asp  Cys Leu Lys
    1085
```

<210> 10

<211> 1065
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 10

Met Val Ala Gly Ser Tyr Arg Arg Tyr Glu Phe Val Arg Asn Arg Asp
1 5 10 15

Asp Ser Asp Asp Gly Leu Lys Pro Leu Lys Asp Leu Asn Gly Gln Ile
20 25 30

Cys Gln Ile Cys Gly Asp Asp Val Gly Leu Thr Lys Thr Gly Asn Val
35 40 45

Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Gly Phe Pro Leu Cys Gln Ser Cys Tyr
50 55 60

Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Ser Gln Cys Cys Pro Gln Cys Lys Ala
65 70 75 80

Arg Phe Arg Arg His Asn Gly Ser Pro Arg Val Glu Val Asp Glu Lys
85 90 95

Glu Asp Asp Val Asn Asp Ile Glu Asn Glu Phe Asp Tyr Thr Gln Gly
100 105 110

Asn Asn Lys Ala Arg Leu Pro His Arg Ala Glu Glu Phe Ser Ser Ser
115 120 125

Ser Arg His Glu Glu Ser Leu Pro Val Ser Leu Leu Thr His Gly His
130 135 140

Pro Val Ser Gly Glu Ile Pro Thr Pro Asp Arg Asn Ala Thr Leu Ser
145 150 155 160

Pro Cys Ile Asp Pro Gln Leu Pro Gly Ile Tyr Gln Leu Leu Leu Leu
165 170 175

Pro Val Arg Ile Leu Asp Pro Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly Leu
180 185 190

Val Asn Val Asp Trp Lys Lys Arg Ile Gln Gly Trp Lys Leu Lys Gln
195 200 205

Asp Lys Asn Met Ile His Met Thr Gly Lys Tyr His Glu Gly Lys Gly
210 215 220

Gly Glu Phe Glu Gly Thr Gly Ser Asn Gly Asp Glu Leu Gln Met Val
225 230 235 240

Asp Asp Ala Arg Leu Pro Met Ser Arg Val Val His Phe Pro Ser Ala
245 250 255

Arg Met Thr Pro Tyr Arg Ile Val Ile Val Leu Arg Leu Ile Ile Leu
260 265 270

Gly Val Phe Leu His Tyr Arg Thr Thr His Pro Val Lys Asp Ala Tyr
275 280 285

Ala Leu Trp Leu Thr Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Phe Ser
290 295 300

Trp Leu Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Tyr Pro Ile Asn Arg Glu Thr

```
305                 310                 315                 320

Phe Leu Asp Arg Leu Ala Leu Arg Tyr Asp Arg Asp Gly Glu Pro Ser
                325                 330                 335

Gln Leu Ala Pro Val Asp Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met Lys
            340                 345                 350

Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val
        355                 360                 365

Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ala Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ser
    370                 375                 380

Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ser Lys
385                 390                 395                 400

Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro
                405                 410                 415

Glu Phe Tyr Phe Ser Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Ile Gln
            420                 425                 430

Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu
        435                 440                 445

Phe Lys Val Arg Ile Asn Ile Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Ile Pro
    450                 455                 460

Glu Asp Gly Trp Thr Met Glu Asp Gly Thr Ser Trp Pro Gly Asn Asn
465                 470                 475                 480

Pro Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly
                485                 490                 495

Gly Leu Asp Thr Asp Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Ile Tyr Val Ser
            500                 505                 510

Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met
        515                 520                 525

Asn Ala Leu Ile Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr Leu
    530                 535                 540

Leu Asn Val Asp Cys Asp His Tyr Phe Asn Asn Ser Lys Ala Ile Lys
545                 550                 555                 560

Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Ala Ile Gly Lys Lys Cys Cys
                565                 570                 575

Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Leu His Asp Arg
            580                 585                 590

Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Leu Lys Gly Leu
        595                 600                 605

Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn
    610                 615                 620

Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Pro Val Leu Thr Glu Glu Asp Leu
625                 630                 635                 640

Glu Pro Asn Ile Ile Val Lys Ser Cys Phe Gly Ser Arg Lys Lys Gly
                645                 650                 655
```

```
Lys Ser Arg Lys Ile Pro Asn Tyr Glu Asp Asn Arg Ser Ile Lys Arg
            660                 665                 670

Ser Asp Ser Asn Val Pro Leu Phe Asn Met Glu Asp Ile Asp Glu Asp
        675                 680                 685

Val Glu Gly Tyr Glu Asp Glu Met Ser Leu Leu Val Ser Gln Lys Arg
    690                 695                 700

Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Pro Val Phe Ile Ala Ala Thr Phe
705                 710                 715                 720

Met Glu Gln Gly Gly Leu Pro Ser Thr Thr Asn Pro Leu Thr Leu Leu
                725                 730                 735

Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Ala Lys Thr Asp
            740                 745                 750

Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile
        755                 760                 765

Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly Trp Ile Ser Ile Tyr Cys
    770                 775                 780

Val Pro Ser Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser
785                 790                 795                 800

Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Ile Glu Ile
                805                 810                 815

Leu Leu Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Asn Gly Arg Leu
            820                 825                 830

Lys Leu Leu Glu Arg Ile Ala Tyr Ile Asn Thr Ile Val Tyr Pro Ile
        835                 840                 845

Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ala Tyr Cys Met Leu Pro Ala Phe Cys Leu
    850                 855                 860

Ile Thr Asn Thr Phe Ile Ile Pro Glu Ile Ser Asn Leu Ala Ser Leu
865                 870                 875                 880

Cys Phe Met Leu Leu Phe Ala Ser Ile Tyr Ala Ser Ala Ile Leu Glu
                885                 890                 895

Leu Lys Trp Ser Asp Val Ala Leu Glu Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln
            900                 905                 910

Phe Trp Val Ile Gly Gly Thr Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln
        915                 920                 925

Gly Leu Leu Lys Val Phe Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr
    930                 935                 940

Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Val Phe
945                 950                 955                 960

Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Ile Leu Leu Val Asn
                965                 970                 975

Leu Val Gly Ile Val Ala Gly Val Ser Tyr Ala Ile Asn Ser Gly Tyr
            980                 985                 990
```

```
Gln Ser Trp Gly Pro Leu Met Gly  Lys Leu Leu Phe Ala  Phe Trp Val
        995                 1000                1005

Val Ala  His Leu Tyr Pro Phe  Leu Lys Gly Leu Leu  Gly Arg Gln
    1010                1015                1020

Asn Arg  Thr Pro Thr Ile Val  Ile Val Trp Ser Ala  Leu Leu Ala
    1025                1030                1035

Ser Ile  Phe Ser Leu Leu Trp  Val Arg Ile Asn Pro  Phe Val Ser
    1040                1045                1050

Thr Thr  Gly Val Met Ser Asn  Ser Phe Met Gly Glu
    1055                1060                1065
```

<210> 11
<211> 1074
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 11

```
Met Ala Ala Asn Lys Gly Met Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1               5                   10                  15

Phe Val Met Ile Arg His Asp Gly Asp Ala Pro Val Pro Ala Lys Pro
            20                  25                  30

Thr Lys Ser Ala Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Thr Val
        35                  40                  45

Gly Val Ser Ala Thr Gly Asp Val Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala
    50                  55                  60

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

Gln Cys Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Gln Lys Gly Ser
                85                  90                  95

Pro Arg Val His Gly Asp Asp Glu Glu Glu Asp Val Asp Asp Leu Asp
            100                 105                 110

Asn Glu Phe Asn Tyr Lys Gln Gly Asn Gly Lys Gly Pro Glu Trp Gln
        115                 120                 125

Leu Gln Gly Asp Asp Ala Asp Leu Ser Ser Ser Ala Arg His Asp Pro
    130                 135                 140

His His Arg Ile Pro Arg Leu Thr Ser Gly Gln Gln Ile Ser Gly Glu
145                 150                 155                 160

Ile Pro Asp Ala Ser Pro Asp Arg His Ser Ile Arg Ser Pro Thr Ser
                165                 170                 175

Ser Tyr Val Asp Pro Ser Val Pro Val Pro Val Arg Ile Val Asp Pro
            180                 185                 190

Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly Leu Asn Ser Val Asp Trp Lys Glu
        195                 200                 205

Arg Val Glu Ser Trp Arg Val Lys Gln Asp Lys Asn Met Leu Gln Val
    210                 215                 220
```

```
Thr Asn Lys Tyr Pro Glu Ala Arg Gly Asp Met Glu Gly Thr Gly Ser
225                 230                 235                 240

Asn Gly Glu Asp Met Gln Met Val Asp Asp Ala Arg Leu Pro Leu Ser
                245                 250                 255

Arg Ile Val Pro Ile Ser Ser Asn Gln Leu Asn Leu Tyr Arg Ile Val
            260                 265                 270

Ile Ile Leu Arg Leu Ile Ile Leu Cys Phe Phe Phe Gln Tyr Arg Ile
        275                 280                 285

Ser His Pro Val Arg Asn Ala Tyr Gly Leu Trp Leu Val Ser Val Ile
    290                 295                 300

Cys Glu Val Trp Phe Ala Leu Ser Trp Leu Leu Asp Gln Phe Pro Lys
305                 310                 315                 320

Trp Tyr Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala Leu Arg
                325                 330                 335

Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp Val Phe
            340                 345                 350

Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr Ala Asn
        355                 360                 365

Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser
    370                 375                 380

Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ser Ala Met Leu Thr Phe Glu Ser Leu
385                 390                 395                 400

Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys
                405                 410                 415

His Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Ala Gln Lys Ile
            420                 425                 430

Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Ile Gln Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg Arg
        435                 440                 445

Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Ile Arg Ile Asn Ala Leu
    450                 455                 460

Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Ala Asp
465                 470                 475                 480

Gly Thr Ala Trp Pro Gly Asn Asn Pro Arg Asp His Pro Gly Met Ile
                485                 490                 495

Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Thr Asp Gly Asn Glu
            500                 505                 510

Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln
        515                 520                 525

His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Ile Arg Val Ser Ala
    530                 535                 540

Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp His Tyr
545                 550                 555                 560

Phe Asn Ser Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp
```

565 570 575

Pro Ala Leu Gly Arg Lys Thr Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe
580 585 590

Asp Gly Ile Asp Leu His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Ile Val Phe
595 600 605

Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr
610 615 620

Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp
625 630 635 640

Pro Val Leu Thr Glu Ala Asp Leu Glu Pro Asn Ile Val Val Lys Ser
645 650 655

Cys Cys Gly Arg Arg Lys Arg Lys Asn Lys Ser Tyr Met Asp Ser Gln
660 665 670

Ser Arg Ile Met Lys Arg Thr Glu Ser Ser Ala Pro Ile Phe Asn Met
675 680 685

Glu Asp Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Tyr Glu Asp Glu Arg Ser Val
690 695 700

Leu Met Ser Gln Arg Lys Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Pro Ile
705 710 715 720

Phe Ile Ala Ser Thr Phe Met Thr Gln Gly Gly Ile Pro Pro Ser Thr
725 730 735

Asn Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly
740 745 750

Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly
755 760 765

Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly
770 775 780

Trp Gln Ser Ile Tyr Cys Met Pro Pro Arg Pro Cys Phe Lys Gly Ser
785 790 795 800

Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala
805 810 815

Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Leu Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr
820 825 830

Gly Tyr Asn Gly Arg Leu Lys Leu Leu Glu Arg Leu Ala Tyr Ile Asn
835 840 845

Thr Ile Val Tyr Pro Ile Thr Ser Val Pro Leu Ile Ala Tyr Cys Val
850 855 860

Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Asn Lys Phe Ile Ile Pro Glu Ile
865 870 875 880

Ser Asn Tyr Ala Gly Met Phe Phe Ile Leu Leu Phe Ala Ser Ile Phe
885 890 895

Ala Thr Gly Ile Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Glu Asp
900 905 910

```
Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Thr Ser Ala His
        915                 920                 925

Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp
    930                 935                 940

Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp Phe
945                 950                 955                 960

Ala Glu Leu Tyr Val Phe Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro Pro Thr
                965                 970                 975

Thr Val Leu Val Ile Asn Leu Val Gly Met Val Ala Gly Ile Ser Tyr
            980                 985                 990

Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser  Trp Gly Pro Leu Phe  Gly Lys Leu
        995                 1000                1005

Phe Phe  Ser Ile Trp Val Ile  Leu His Leu Tyr Pro  Phe Leu Lys
    1010                1015                1020

Gly Leu  Met Gly Arg Gln Asn  Arg Thr Pro Thr Ile  Val Ile Val
    1025                1030                1035

Trp Ser  Ile Leu Leu Ala Ser  Ile Phe Ser Leu Leu  Trp Val Lys
    1040                1045                1050

Ile Asp  Pro Phe Ile Ser Pro  Thr Gln Lys Ala Ala  Ala Leu Gly
    1055                1060                1065

Gln Cys  Gly Val Asn Cys
    1070
```

<210> 12
<211> 983
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 12

```
Met Met Glu Ser Ala Ala Ala Gln Ser Cys Ala Ala Cys Gly Asp Asp
1               5                   10                  15

Ala Arg Ala Ala Cys Arg Ala Cys Ser Tyr Ala Leu Cys Arg Ala Cys
            20                  25                  30

Leu Asp Glu Asp Ala Ala Glu Gly Arg Thr Thr Cys Ala Arg Cys Gly
        35                  40                  45

Gly Asp Tyr Ala Ala Ile Asn Pro Ala Arg Ala Ser Glu Gly Thr Glu
    50                  55                  60

Ala Glu Glu Glu Val Val Glu Asn His His Thr Ala Gly Gly Leu Arg
65                  70                  75                  80

Glu Arg Val Thr Met Gly Ser His Leu Asn Asp Arg Gln Asp Glu Val
                85                  90                  95

Ser His Ala Arg Thr Met Ser Ser Leu Ser Gly Ile Gly Ser Glu Leu
            100                 105                 110

Asn Asp Glu Ser Gly Lys Pro Ile Trp Lys Asn Arg Val Glu Ser Trp
        115                 120                 125
```

Lys Glu Lys Lys Asn Glu Lys Lys Ala Ser Ala Lys Lys Thr Ala Ala
130 135 140

Lys Ala Gln Pro Pro Pro Val Glu Glu Gln Ile Met Asp Glu Lys Asp
145 150 155 160

Leu Thr Asp Ala Tyr Glu Pro Leu Ser Arg Val Ile Pro Ile Ser Lys
165 170 175

Asn Lys Leu Thr Pro Tyr Arg Ala Val Ile Ile Met Arg Leu Ile Val
180 185 190

Leu Gly Leu Phe Phe His Tyr Arg Ile Thr Asn Pro Val Asn Ser Ala
195 200 205

Phe Gly Leu Trp Met Thr Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Gly Phe
210 215 220

Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Tyr Pro Ile Asn Arg Glu
225 230 235 240

Thr Tyr Val Asp Arg Leu Ile Ala Arg Tyr Gly Asp Gly Glu Glu Ser
245 250 255

Gly Leu Ala Pro Val Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys
260 265 270

Glu Pro Pro Leu Ile Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val
275 280 285

Asp Tyr Pro Val Glu Lys Ile Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ser
290 295 300

Ala Met Leu Thr Phe Glu Ser Leu Ala Glu Thr Ala Glu Tyr Ala Arg
305 310 315 320

Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Tyr Ala Ile Glu Pro Arg Ala Pro
325 330 335

Glu Phe Tyr Phe Ser Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Ile His
340 345 350

Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Asp Tyr Glu Glu
355 360 365

Tyr Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Thr Pro
370 375 380

Asp Glu Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn
385 390 395 400

Pro Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Glu Thr Gly
405 410 415

Ala Arg Asp Phe Asp Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser
420 425 430

Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met
435 440 445

Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Tyr Ile
450 455 460

```
Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Val Asn Asn Ser Lys Ala Val Arg
465                 470                 475                 480

Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Thr Val Gly Arg Asp Val Cys
                485                 490                 495

Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Ser Asp Arg
            500                 505                 510

Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Val Asn Met Lys Gly Leu
        515                 520                 525

Asp Gly Leu Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn
    530                 535                 540

Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Gly Pro Pro Ser Leu Pro Ala Leu Pro
545                 550                 555                 560

Lys Ser Ser Ile Cys Ser Trp Cys Cys Cys Cys Cys Pro Lys Lys Lys
                565                 570                 575

Val Glu Arg Ser Glu Arg Glu Ile Asn Arg Asp Ser Arg Arg Glu Asp
            580                 585                 590

Leu Glu Ser Ala Ile Phe Asn Leu Arg Glu Ile Asp Asn Tyr Asp Glu
        595                 600                 605

Tyr Glu Arg Ser Met Leu Ile Ser Gln Met Ser Phe Glu Lys Ser Phe
    610                 615                 620

Gly Leu Ser Ser Val Phe Ile Glu Ser Thr Leu Met Glu Asn Gly Gly
625                 630                 635                 640

Val Pro Glu Ser Ala Asn Pro Ser Thr Leu Ile Lys Glu Ala Ile His
                645                 650                 655

Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Glu Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile
            660                 665                 670

Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys
        675                 680                 685

Met His Cys Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Val Arg Pro
    690                 695                 700

Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln
705                 710                 715                 720

Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser Arg His
                725                 730                 735

Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Arg Leu Lys Trp Leu Gln
            740                 745                 750

Arg Leu Ser Tyr Ile Asn Thr Ile Val Tyr Pro Phe Thr Ser Leu Pro
        755                 760                 765

Leu Val Ala Tyr Cys Cys Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys
    770                 775                 780

Phe Ile Ile Pro Thr Leu Ser Asn Ala Ala Thr Ile Trp Phe Leu Gly
785                 790                 795                 800

Leu Phe Met Ser Ile Ile Val Thr Ser Val Leu Glu Leu Arg Trp Ser
```

805 810 815

Gly Ile Gly Ile Glu Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile
820 825 830

Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Ile Leu Lys
835 840 845

Met Ile Ala Gly Leu Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ala Lys Ala Thr
850 855 860

Asp Asp Thr Glu Phe Gly Glu Leu Tyr Leu Phe Lys Trp Thr Thr Val
865 870 875 880

Leu Ile Pro Pro Thr Ser Ile Leu Val Leu Asn Leu Val Gly Val Val
885 890 895

Ala Gly Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro
900 905 910

Leu Phe Gly Lys Val Phe Phe Ala Met Trp Val Ile Met His Leu Tyr
915 920 925

Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile
930 935 940

Val Val Leu Trp Ser Val Leu Leu Ala Ser Val Phe Ser Leu Leu Trp
945 950 955 960

Val Lys Ile Asp Pro Phe Val Gly Gly Thr Glu Thr Val Asn Thr Asn
965 970 975

Asn Cys Asn Thr Ile Ile Cys
980

<210> 13
<211> 1074
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 13

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

Thr Ile Arg His Asp Gly Asp Gly Ala Ala Ala Lys Gln Leu Lys Asn
20 25 30

Val Asn Glu Gln Ile Cys Gln Ile Cys Gly Asp Thr Leu Gly Leu Ser
35 40 45

Ala Thr Gly Asp Ile Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro Val
50 55 60

Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Glu Gly Asn Gln Cys Cys
65 70 75 80

Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser Pro Arg Val
85 90 95

Arg Gly Asp Glu Glu Glu Asp Gly Val Asp Asp Leu Asp Asn Glu Phe
100 105 110

Asn Tyr Thr Gln Gly Asn Val Gln Gly Pro Gln Trp Gln Leu Arg Gly

```
        115                 120                 125

Gln Gly Glu Asp Val Asp Ile Ser Ser Ser Ser Arg His Glu Pro His
    130                 135                 140

His Arg Ile Pro Arg Leu Thr Thr Gly Gln Gln Met Ser Gly Asp Ile
145                 150                 155                 160

Pro Asp Ala Ser Pro Asp Arg His Ser Ile Arg Ser Pro Thr Pro Ser
                165                 170                 175

Tyr Val Asp Pro Ser Ile Pro Val Pro Val Arg Ile Val Asp Pro Ser
            180                 185                 190

Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly Val Gly Ser Val Asp Trp Lys Glu Arg
        195                 200                 205

Val Glu Ser Trp Lys Val Arg Gln Asp Lys Asn Met Ile Gln Val Thr
    210                 215                 220

His Lys Tyr Pro Ala Glu Gly Lys Gly Asp Ile Glu Gly Thr Gly Ser
225                 230                 235                 240

Asn Gly Glu Asp Leu Gln Met Ala Asp Asp Ala Arg Leu Pro Leu Ser
                245                 250                 255

Arg Ile Val Pro Ile Ser Pro Asn Glu Leu Asn Leu Tyr Arg Ile Val
            260                 265                 270

Ile Val Leu Arg Leu Ile Ile Leu Cys Phe Phe Phe Gln Tyr Arg Ile
        275                 280                 285

Thr His Pro Val Glu Asp Ala Tyr Gly Leu Trp Leu Val Ser Val Ile
    290                 295                 300

Cys Glu Val Trp Phe Ala Leu Ser Trp Leu Leu Asp Gln Phe Pro Lys
305                 310                 315                 320

Trp Tyr Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala Leu Arg
                325                 330                 335

Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp Val Phe
            340                 345                 350

Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr Gly Asn
        355                 360                 365

Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser
    370                 375                 380

Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ser Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu
385                 390                 395                 400

Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys
                405                 410                 415

His Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Ala Gln Lys Ile
            420                 425                 430

Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Ile Gln Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg Arg
        435                 440                 445

Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu
    450                 455                 460
```

```
Val Ala Lys Ala Gln Lys Ile Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Ala Asp
465                 470                 475                 480

Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Pro Arg Asp His Pro Gly Met Ile
                485                 490                 495

Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Thr Asp Gly Asn Glu
            500                 505                 510

Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln
        515                 520                 525

His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Ile Arg Val Ser Ala
    530                 535                 540

Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp His Tyr
545                 550                 555                 560

Phe Asn Ser Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp
                565                 570                 575

Pro Ala Leu Gly Arg Lys Thr Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe
            580                 585                 590

Asp Gly Ile Asp Leu His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Ile Val Phe
        595                 600                 605

Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr
    610                 615                 620

Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp
625                 630                 635                 640

Pro Val Leu Thr Glu Ala Asp Leu Glu Pro Asn Ile Ile Ile Lys Ser
                645                 650                 655

Cys Cys Gly Gly Arg Lys Lys Lys Asp Lys Ser Tyr Ile Asp Ser Lys
            660                 665                 670

Asn Arg Asp Met Lys Arg Thr Glu Ser Ser Ala Pro Ile Phe Asn Met
        675                 680                 685

Glu Asp Ile Glu Glu Gly Phe Glu Gly Tyr Glu Asp Glu Arg Ser Leu
    690                 695                 700

Leu Met Ser Gln Lys Ser Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Pro Ile
705                 710                 715                 720

Phe Ile Ala Ser Thr Phe Met Thr Gln Gly Gly Ile Pro Pro Ser Thr
                725                 730                 735

Asn Pro Gly Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly
            740                 745                 750

Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly
        755                 760                 765

Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly
    770                 775                 780

Trp Ile Ser Ile Tyr Cys Met Pro Leu Arg Pro Cys Phe Lys Gly Ser
785                 790                 795                 800
```

```
Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala
                805                 810                 815

Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Leu Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr
            820                 825                 830

Gly Tyr Asn Gly Arg Leu Lys Leu Leu Glu Arg Leu Ala Tyr Ile Asn
        835                 840                 845

Thr Ile Val Tyr Pro Ile Thr Ser Ile Pro Leu Val Ala Tyr Cys Val
    850                 855                 860

Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Asn Lys Phe Ile Ile Pro Ala Ile
865                 870                 875                 880

Ser Asn Tyr Ala Gly Ala Phe Phe Ile Leu Leu Phe Ala Ser Ile Phe
                885                 890                 895

Ala Thr Gly Ile Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Glu Asp
            900                 905                 910

Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Thr Ser Ala His
        915                 920                 925

Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp
    930                 935                 940

Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Thr Asp Asp Asp Gly Asp Phe
945                 950                 955                 960

Ala Glu Leu Tyr Val Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr
                965                 970                 975

Thr Val Leu Val Ile Asn Leu Val Gly Ile Val Ala Gly Val Ser Tyr
            980                 985                 990

Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser  Trp Gly Pro Leu Phe  Gly Lys Leu
        995                 1000                1005

Phe Phe  Ala Ile Trp Val Ile  Leu His Leu Tyr Pro  Phe Leu Lys
    1010                1015                1020

Gly Leu  Met Gly Lys Gln Asn  Arg Thr Pro Thr Ile  Val Ile Val
    1025                1030                1035

Trp Ser  Val Leu Leu Ala Ser  Ile Phe Ser Leu Leu  Trp Val Lys
    1040                1045                1050

Ile Asp  Pro Phe Ile Ser Pro  Thr Gln Lys Ala Leu  Ser Arg Gly
    1055                1060                1065

Gln Cys  Gly Val Asn Cys
    1070
```

<210> 14
<211> 1086
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 14

```
Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1               5                   10                  15
```

```
Leu Val Val Ile Arg Arg Asp Gly Asp Pro Gly Pro Lys Pro Pro Arg
            20                  25                  30

Glu Gln Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Asp Val Gly Leu
        35                  40                  45

Ala Pro Gly Gly Asp Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro
    50                  55                  60

Val Cys Arg Asp Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Thr Gln Asn
65                  70                  75                  80

Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Cys Gln Arg
                85                  90                  95

Val Thr Gly Asp Glu Glu Glu Asp Gly Val Asp Asp Leu Asp Asn Glu
            100                 105                 110

Phe Asn Trp Asp Gly His Asp Ser Gln Ser Val Ala Glu Ser Met Leu
        115                 120                 125

Tyr Gly His Met Ser Tyr Gly Arg Gly Gly Asp Pro Asn Gly Ala Pro
    130                 135                 140

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

Met Val Asp Asp Ile Pro Pro Glu Gln His Ala Leu Val Pro Ser Phe
                165                 170                 175

Met Gly Gly Gly Gly Lys Arg Ile His Pro Leu Pro Tyr Ala Asp Pro
            180                 185                 190

Ser Leu Pro Val Gln Pro Arg Ser Met Asp Pro Ser Lys Asp Leu Ala
        195                 200                 205

Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys Glu Arg Met Glu Asn Trp
    210                 215                 220

Lys Gln Arg Gln Glu Arg Met His Gln Thr Gly Asn Asp Gly Gly Gly
225                 230                 235                 240

Asp Asp Gly Asp Asp Ala Asp Leu Pro Leu Met Asp Glu Ala Arg Gln
                245                 250                 255

Gln Leu Ser Arg Lys Ile Pro Leu Pro Ser Ser Gln Ile Asn Pro Tyr
            260                 265                 270

Arg Met Ile Ile Ile Ile Arg Leu Val Val Leu Gly Phe Phe Phe His
        275                 280                 285

Tyr Arg Val Met His Pro Val Asn Asp Ala Phe Ala Leu Trp Leu Ile
    290                 295                 300

Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Met Ser Trp Ile Leu Asp Gln
305                 310                 315                 320

Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Glu Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu
                325                 330                 335

Ser Leu Arg Phe Asp Lys Glu Gly Gln Pro Ser Gln Leu Ala Pro Ile
            340                 345                 350

Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Val
```

355 360 365

Thr Thr Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ser Val Asp Tyr Pro Val Asp
370 375 380

Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe
385 390 395 400

Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala Lys Lys Trp Val Pro Phe
405 410 415

Cys Lys Arg Tyr Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Gln
420 425 430

Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Ala Ala Asn Phe Val Arg
435 440 445

Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile
450 455 460

Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Thr
465 470 475 480

Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Val Arg Asp His Pro
485 490 495

Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Ser Gly Gly Leu Asp Cys Glu
500 505 510

Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro
515 520 525

Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg
530 535 540

Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Tyr Leu Leu Asn Leu Asp Cys
545 550 555 560

Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile Lys Glu Ala Met Cys Phe
565 570 575

Met Met Asp Pro Leu Leu Gly Lys Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro
580 585 590

Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn
595 600 605

Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly
610 615 620

Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr
625 630 635 640

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

Cys Trp Pro Lys Trp Cys Phe Cys Cys Cys Cys Phe Gly Asn Arg Lys
660 665 670

Gln Lys Lys Thr Thr Lys Pro Lys Thr Glu Lys Lys Lys Leu Leu Phe
675 680 685

Phe Lys Lys Glu Glu Asn Gln Ser Pro Ala Tyr Ala Leu Gly Glu Ile
690 695 700

```
Asp Glu Ala Ala Pro Gly Ala Glu Asn Glu Lys Ala Gly Ile Val Asn
705                 710                 715                 720

Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ser Val Phe Val Thr
                725                 730                 735

Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly Thr Leu Lys Ser Ala Ser Pro Ala
            740                 745                 750

Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp
        755                 760                 765

Lys Thr Asp Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr
    770                 775                 780

Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys His Gly Trp Arg Ser
785                 790                 795                 800

Ile Tyr Cys Ile Pro Lys Arg Val Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Leu
                805                 810                 815

Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser
            820                 825                 830

Ile Glu Ile Phe Phe Ser Asn His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly
        835                 840                 845

Gly Gly Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe Ser Tyr Ile Asn Ser Ile Val
    850                 855                 860

Tyr Pro Trp Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala
865                 870                 875                 880

Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Thr Pro Glu Leu Asn Asn Val
                885                 890                 895

Ala Ser Leu Trp Phe Met Ser Leu Phe Ile Cys Ile Phe Ala Thr Ser
            900                 905                 910

Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Asp Asp Trp Trp Arg
        915                 920                 925

Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ser His Leu Phe Ala
    930                 935                 940

Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Ile Ala Gly Val Asp Thr Ser Phe
945                 950                 955                 960

Thr Val Thr Ser Lys Gly Gly Asp Asp Glu Glu Phe Ser Glu Leu Tyr
                965                 970                 975

Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Leu Leu
            980                 985                 990

Leu Asn Phe Ile Gly Val Val Ala  Gly Val Ser Asn Ala  Ile Asn Asn
        995                 1000                1005

Gly Tyr  Glu Ser Trp Gly Pro  Leu Phe Gly Lys Leu  Phe Phe Ala
    1010                1015                1020

Phe Trp  Val Ile Val His Leu  Tyr Pro Phe Leu Lys  Gly Leu Val
    1025                1030                1035
```

Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Val Trp Ser Ile
1040 1045 1050

Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg Ile Asp Pro
1055 1060 1065

Phe Leu Ala Lys Asp Asp Gly Pro Leu Leu Glu Glu Cys Gly Leu
1070 1075 1080

Asp Cys Asn
1085

<210> 15
<211> 1056
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 15

Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1 5 10 15

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

Ser Gly Gln Val Cys Glu Ile Cys Gly Asp Glu Val Gly Leu Thr Val
35 40 45

Asp Gly Asp Leu Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Gly Phe Pro Val Cys
50 55 60

Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Thr Gln Asn Cys Pro
65 70 75 80

Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Thr Pro Arg Val Ala
85 90 95

Gly Asp Asp Asp Glu Glu Asp Ile Asp Asp Leu Glu His Glu Phe Asn
100 105 110

Ile Asp Asp Glu Asn Gln Gln Arg Gln Leu Glu Gly Asn Met Gln Asn
115 120 125

Ser Gln Ile Thr Glu Ala Met Leu His Gly Arg Met Ser Tyr Gly Arg
130 135 140

Gly Pro Asp Asp Gly Asp Gly Asn Asn Thr Pro Gln Ile Pro Pro Ile
145 150 155 160

Ile Thr Gly Ser Arg Ser Val Pro Val Ser Gly Glu Phe Pro Ile Thr
165 170 175

Asn Gly Tyr Gly His Gly Glu Val Ser Ser Ser Leu His Lys Arg Ile
180 185 190

His Pro Tyr Pro Val Ser Glu Pro Gly Ser Ala Lys Trp Asp Glu Lys
195 200 205

Lys Glu Val Ser Trp Lys Glu Arg Met Asp Asp Trp Lys Ser Lys Gln
210 215 220

Gly Ile Leu Gly Gly Gly Ala Asp Pro Glu Asp Met Asp Ala Asp Val
225 230 235 240

```
Ala Leu Asn Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Ser Ile
                245                 250                 255

Ala Ser Ser Lys Val Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Val Val Arg Leu
            260                 265                 270

Val Val Leu Ala Phe Phe Leu Arg Tyr Arg Ile Leu His Pro Val Pro
        275                 280                 285

Asp Ala Ile Gly Leu Trp Leu Val Ser Ile Ile Cys Glu Ile Trp Phe
    290                 295                 300

Ala Ile Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Asp
305                 310                 315                 320

Arg Glu Thr Ser Leu Ser Gly Leu Asp Asp Ala Ala Arg Cys Arg Tyr
                325                 330                 335

Glu Arg Glu Gly Glu Pro Ser Leu Leu Ser Ala Val Asp Leu Phe Val
            340                 345                 350

Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr
        355                 360                 365

Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys
    370                 375                 380

Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ser Met Leu Thr Phe Glu Ser Leu Ser
385                 390                 395                 400

Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe
                405                 410                 415

Gly Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Ser Leu Lys Val Asp
            420                 425                 430

Tyr Leu Lys Asp Lys Val Gln Pro Thr Phe Val Gln Glu Arg Arg Ala
        435                 440                 445

Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val
    450                 455                 460

Ala Lys Ala Met Lys Val Pro Ala Glu Gly Trp Ile Met Lys Asp Gly
465                 470                 475                 480

Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln
                485                 490                 495

Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly His Asp Thr Glu Gly Asn Glu Leu
            500                 505                 510

Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His
        515                 520                 525

His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Ile Arg Val Ser Ala Val
    530                 535                 540

Leu Thr Asn Ala Pro Phe Met Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile
545                 550                 555                 560

Asn Asn Ser Lys Ala Ile Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro
                565                 570                 575

Gln Val Gly Arg Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp
```

580 585 590

Gly Ile Asp Val His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe
595 600 605

Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val
610 615 620

Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asn Pro
625 630 635 640

Pro Lys Gly Pro Lys Arg Pro Lys Met Val Thr Cys Asp Cys Cys Pro
645 650 655

Cys Phe Gly Arg Lys Lys Arg Lys His Ala Lys Asp Gly Leu Pro Glu
660 665 670

Gly Thr Ala Asp Met Gly Val Asp Ser Asp Lys Glu Met Leu Met Ser
675 680 685

His Met Asn Phe Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Ala Ala Phe Val Thr
690 695 700

Ser Thr Leu Met Glu Glu Gly Gly Val Pro Pro Ser Ser Ser Pro Ala
705 710 715 720

Ala Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp
725 730 735

Lys Thr Asp Trp Gly Leu Glu Leu Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Ile Thr
740 745 750

Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys Arg Gly Trp Arg Ser
755 760 765

Val Tyr Cys Met Pro Lys Arg Ala Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile
770 775 780

Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser
785 790 795 800

Val Glu Ile Phe Phe Ser Arg His Ser Pro Leu Leu Tyr Gly Tyr Lys
805 810 815

Asn Gly Asn Leu Lys Trp Leu Glu Arg Phe Ala Tyr Ile Asn Thr Thr
820 825 830

Ile Tyr Pro Phe Thr Ser Leu Pro Leu Leu Ala Tyr Cys Thr Leu Pro
835 840 845

Ala Val Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Met Pro Ser Ile Ser Thr
850 855 860

Phe Ala Ser Leu Phe Phe Ile Ala Leu Phe Met Ser Ile Phe Ala Thr
865 870 875 880

Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu Glu Trp Trp
885 890 895

Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe
900 905 910

Ala Val Val Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn
915 920 925

Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Thr Gly Asp Glu Asp Asp Glu Phe Ala
930 935 940

Glu Leu Tyr Ala Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr
945 950 955 960

Leu Leu Ile Ile Asn Val Ile Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Asp Ala
965 970 975

Ile Asn Asn Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe
980 985 990

Phe Ala Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu
995 1000 1005

Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Val Val Val Ile Trp Ser
1010 1015 1020

Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg Ile Asp
1025 1030 1035

Pro Phe Ile Val Arg Thr Lys Gly Pro Asp Val Arg Gln Cys Gly
1040 1045 1050

Ile Asn Cys
1055

<210> 16
<211> 1077
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 16

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

Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Gly Val Gly Thr Thr Ala Glu Gly
20 25 30

Asp Val Phe Ala Ala Cys Asp Val Cys Gly Phe Pro Val Cys Arg Pro
35 40 45

Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Thr Gln Ala Cys Pro Gln Cys
50 55 60

Lys Thr Lys Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser Pro Ala Ile Arg Gly Glu
65 70 75 80

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

Gly Asn Glu Asp Gln Lys Gln Lys Ile Ala Asp Arg Met Arg Ser Trp
100 105 110

Arg Met Asn Ala Gly Gly Ser Gly Asp Val Gly Arg Pro Lys Tyr Asp
115 120 125

Ser Gly Glu Ile Gly Leu Thr Lys Tyr Asp Ser Gly Glu Ile Pro Arg
130 135 140

Gly Tyr Ile Pro Ser Val Thr Asn Ser Gln Ile Ser Gly Glu Ile Pro
145 150 155 160

```
Gly Ala Ser Pro Asp His His Met Met Ser Pro Thr Gly Asn Ile Gly
                165                 170                 175

Lys Arg Ala Pro Phe Pro Tyr Val Asn His Ser Pro Asn Pro Ser Arg
            180                 185                 190

Glu Phe Ser Gly Ser Ile Gly Asn Val Ala Trp Lys Glu Arg Val Asp
        195                 200                 205

Gly Trp Lys Met Lys Gln Asp Lys Gly Thr Ile Pro Met Thr Asn Gly
    210                 215                 220

Thr Ser Ile Ala Pro Ser Glu Gly Arg Gly Val Gly Asp Ile Asp Ala
225                 230                 235                 240

Ser Thr Asp Tyr Asn Met Glu Asp Ala Leu Leu Asn Asp Glu Thr Arg
                245                 250                 255

Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Leu Pro Ser Ser Arg Ile Asn Pro
            260                 265                 270

Tyr Arg Met Val Ile Val Leu Arg Leu Ile Val Leu Ser Ile Phe Leu
        275                 280                 285

His Tyr Arg Ile Thr Asn Pro Val Arg Asn Ala Tyr Pro Leu Trp Leu
    290                 295                 300

Leu Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Leu Ser Trp Ile Leu Asp
305                 310                 315                 320

Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg
                325                 330                 335

Leu Ala Leu Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Ala
            340                 345                 350

Val Asp Ile Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met Lys Glu Pro Pro Leu
        355                 360                 365

Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val
    370                 375                 380

Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr
385                 390                 395                 400

Phe Asp Ala Leu Ala Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro
                405                 410                 415

Phe Val Lys Lys Tyr Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe
            420                 425                 430

Ser Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val His Pro Ser Phe Val
        435                 440                 445

Lys Asp Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg
    450                 455                 460

Val Asn Gly Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp
465                 470                 475                 480

Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Arg Asp His
                485                 490                 495
```

```
Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Thr
            500                 505                 510

Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg
        515                 520                 525

Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val
    530                 535                 540

Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Gln Tyr Met Leu Asn Leu Asp
545                 550                 555                 560

Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys
                565                 570                 575

Phe Leu Met Asp Pro Asn Leu Gly Arg Ser Val Cys Tyr Val Gln Phe
            580                 585                 590

Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg
        595                 600                 605

Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Leu Arg Gly Leu Asp Gly Ile Gln
    610                 615                 620

Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Thr Ala Leu
625                 630                 635                 640

Tyr Gly Tyr Glu Pro Pro Ile Lys Gln Lys Lys Gly Gly Phe Leu Ser
                645                 650                 655

Ser Leu Cys Gly Gly Arg Lys Lys Ala Ser Lys Ser Lys Lys Gly Ser
            660                 665                 670

Asp Lys Lys Lys Ser Gln Lys His Val Asp Ser Ser Val Pro Val Phe
        675                 680                 685

Asn Leu Glu Asp Ile Glu Glu Gly Val Glu Gly Ala Gly Phe Asp Asp
    690                 695                 700

Glu Lys Ser Leu Leu Met Ser Gln Met Ser Leu Glu Lys Arg Phe Gly
705                 710                 715                 720

Gln Ser Ala Ala Phe Val Ala Ser Thr Leu Met Glu Tyr Gly Gly Val
                725                 730                 735

Pro Gln Ser Ala Thr Pro Glu Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val
            740                 745                 750

Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Thr Glu Ile Gly
        755                 760                 765

Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met
    770                 775                 780

His Ala Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Lys Arg Pro Ala
785                 790                 795                 800

Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val
                805                 810                 815

Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Phe Ser Arg His Cys
            820                 825                 830

Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Arg Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe
```

995 1000 1005

Leu Leu Trp Val Arg Ile Asp Pro Phe Val Leu Lys Thr Lys Gly
1010 1015 1020

Pro Asp Thr Lys Leu Cys Gly Ile Asn Cys
1025 1030

<210> 27
<211> 1078
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 27

Met Asp Thr Lys Gly Arg Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1 5 10 15

Phe Val Leu Ile Asn Ala Asp Glu Thr Ala Arg Val Ala Val Thr Glu
20 25 30

Leu Ser Gly Gln Ile Cys Gln Ile Cys Gly Asp Glu Leu Glu Val Thr
35 40 45

Val Asn Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro Val
50 55 60

Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Asn Gln Val Cys
65 70 75 80

Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Ile Lys Gly Ser Pro Arg Val
85 90 95

Glu Gly Asp Glu Glu Glu Asp Asp Ser Asp Asp Leu Glu Ser Glu Phe
100 105 110

Asp Ile Gly Ser Val Phe Ser Ala Arg Leu Asn Tyr Gly Ser Gln Val
115 120 125

Asn Gly Ser Val Ile His Ala Pro Ser Glu Phe Asp Ala Ala Ser Val
130 135 140

Ala Ser Glu Ile Pro Leu Leu Thr Tyr Gly Gln Glu Asp Val Gly Ile
145 150 155 160

Ser Ala Asp Lys His Ala Leu Ile Leu Pro Pro Phe Thr Ala Arg Gly
165 170 175

Lys Arg Val His Pro Met Pro Phe Pro Asp Ser Ser Val Pro Val Gln
180 185 190

Pro Arg Pro Met Asp Pro Lys Lys Asp Ile Ala Val Tyr Gly Tyr Gly
195 200 205

Ser Val Ala Trp Lys Glu Arg Met Glu Asp Trp Lys Lys Lys Gln Ser
210 215 220

Glu Lys Leu Gln Val Val Arg His Glu Gly Gly Lys Asp Ser Asp Glu
225 230 235 240

Leu Asp Asp Pro Asp Leu Pro Lys Met Asp Glu Gly Arg Gln Pro Leu
245 250 255

Trp Arg Lys Leu Pro Ile Ser Ser Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg Ile

```
            260                 265                 270

Ile Ile Val Leu Arg Ile Ala Ile Leu Cys Leu Phe Phe His Tyr Arg
        275                 280                 285

Ile Leu His Pro Val Asn Asp Ala Tyr Ala Leu Trp Leu Thr Ser Val
    290                 295                 300

Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Val Ser Trp Ile Phe Asp Gln Phe Pro
305                 310                 315                 320

Lys Trp Ser Pro Ile Leu Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu
                325                 330                 335

Arg Tyr Glu Lys Glu Gly Lys Pro Ser Leu Leu Ala Asp Ile Asp Val
            340                 345                 350

Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr Ala
        355                 360                 365

Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val
    370                 375                 380

Ala Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala
385                 390                 395                 400

Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys
                405                 410                 415

Lys Phe Cys Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Ala Gln Lys
            420                 425                 430

Val Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Asp Ala Thr Phe Ile Arg Glu Arg
        435                 440                 445

Arg Ala Ile Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala
    450                 455                 460

Leu Val Ala Leu Ala Gln Lys Val Pro Glu Asp Gly Trp Thr Met Gln
465                 470                 475                 480

Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Val Arg Asp His Pro Gly Met
                485                 490                 495

Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Asn Gly Val Arg Asp Ile Glu Gly Asn
            500                 505                 510

Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr
        515                 520                 525

Asp His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser
    530                 535                 540

Ala Ile Ile Thr Asn Ala Pro Tyr Val Leu Asn Val Asp Cys Asp His
545                 550                 555                 560

Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met
                565                 570                 575

Asp Pro Thr Ser Gly Lys Lys Ile Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg
            580                 585                 590

Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr Ser Asn Arg Asn Val Val
        595                 600                 605
```

```
Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ile
    610                 615                 620

Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Phe Tyr Gly Tyr
625                 630                 635                 640

Asp Ala Pro Thr Ser Lys Lys Ala Pro Arg Lys Thr Cys Asn Cys Trp
                645                 650                 655

Pro Lys Trp Cys Cys Cys Leu Cys Cys Gly Ser Lys Lys Lys Lys Ile
            660                 665                 670

Lys Ala Lys Ser Ser Val Lys Lys Lys Ile Lys Asn Lys Asp Asp Ile
        675                 680                 685

Lys Gln Met His Ala Leu Glu Asn Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Ile
    690                 695                 700

Asp Asn Glu Lys Ser Ser Leu Met Ser Gln Ser Lys Phe Glu Lys Lys
705                 710                 715                 720

Phe Gly Gln Ser Ser Val Phe Ile Ala Ser Thr Leu Leu Glu Asp Gly
                725                 730                 735

Gly Val Pro Lys Ala Ala Ser Ser Ala Thr Leu Leu Lys Glu Ala Ile
            740                 745                 750

His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu
        755                 760                 765

Val Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe
    770                 775                 780

Lys Met His Cys His Gly Trp Arg Ser Val Tyr Cys Met Pro Lys Arg
785                 790                 795                 800

Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu His
                805                 810                 815

Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser Arg
            820                 825                 830

His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Ser Leu Glu
        835                 840                 845

Arg Phe Ser Tyr Ile Asn Ser Val Val Tyr Pro Leu Thr Ser Ile Pro
    850                 855                 860

Leu Ile Ala Tyr Cys Ala Leu Pro Ala Val Cys Leu Leu Thr Gly Lys
865                 870                 875                 880

Phe Ile Val Pro Glu Ile Ser Asn Tyr Ala Ser Ile Ile Phe Met Ala
                885                 890                 895

Leu Phe Ile Ser Ile Ala Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Gln Trp Gly
            900                 905                 910

Gly Val Gly Ile His Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile
        915                 920                 925

Gly Gly Ala Ser Ser His Leu Phe Ala Leu Phe Gln Gly Leu Leu Lys
    930                 935                 940
```

```
Val Leu Ala Gly Val Asn Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ala
945                 950                 955                 960

Asp Asp Gly Glu Phe Ala Asp Leu Tyr Ile Phe Lys Trp Thr Ser Leu
                965                 970                 975

Leu Ile Pro Pro Leu Thr Leu Leu Ile Ile Asn Ile Ile Gly Val Ile
            980                 985                 990

Val Gly Val Ser Asp Ala Ile Asn  Asn Gly Tyr Asp Ser  Trp Gly Pro
        995                 1000                1005

Leu Phe  Gly Arg Leu Phe Phe  Ala Leu Trp Val Ile  Val His Leu
    1010                1015                1020

Tyr Pro  Phe Leu Lys Gly Val  Met Gly Lys Gln Glu  Gly Val Pro
    1025                1030                1035

Thr Ile  Ile Leu Val Trp Ala  Ile Leu Leu Ser Ser  Ile Leu Thr
    1040                1045                1050

Leu Leu  Trp Val Arg Ile Asn  Pro Phe Leu Ala Lys  Ser Asp Val
    1055                1060                1065

Val Leu  Glu Ile Cys Gly Leu  Asn Cys Asp
    1070                1075
```

<210> 28
<211> 1079
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 28

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

Ala Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Gly Val Gly Lys Thr Val Asp
            20                  25                  30

Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asp Val Cys Ala Phe Pro Val Cys Arg
        35                  40                  45

Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Asn Gln Ser Cys Pro Gln
    50                  55                  60

Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser Pro Ala Ile Leu Gly
65                  70                  75                  80

Asp Met Glu Glu Asp Gly Ala Ala Ala Ala Asp Ala Ser Asp Phe Asn
                85                  90                  95

Tyr Asp Ser Glu Asn Gln Asn Gln Asn Gln Asn Gln Lys Gln Lys Ile
            100                 105                 110

Ser Glu Arg Met Leu Ser Trp Gln Leu Thr Tyr Pro Arg Gly Glu Glu
        115                 120                 125

Val Gly Ala Pro Asn Tyr Asp Lys Asp Val Ser His Asn His Ile Pro
    130                 135                 140

Leu Leu Thr Ser Gly Gln Glu Val Ser Gly Glu Leu Ser Ala Ala Ser
145                 150                 155                 160
```

```
Pro Glu Arg Leu Ser Met Ala Ser Pro Ala Val Gly Gly Gly Lys Arg
                165                 170                 175

Val His Asn Ile Pro Tyr Ser Ser Asp Ile Asn Gln Ser Pro Asn Ile
            180                 185                 190

Arg Ala Gly Asp Pro Gly Leu Gly Asn Val Ala Trp Lys Glu Arg Val
        195                 200                 205

Asp Gly Trp Lys Met Lys Gln Glu Lys Asn Val Val Pro Met Ser Thr
    210                 215                 220

Gly Gln Ala Ala Ser Glu Arg Gly Ala Gly Asp Ile Asp Ala Ser Thr
225                 230                 235                 240

Asp Val Leu Val Asp Asp Ser Leu Leu Asn Asp Glu Ala Arg Gln Pro
                245                 250                 255

Leu Ser Arg Lys Val Ser Ile Pro Ser Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg
            260                 265                 270

Met Val Ile Met Leu Arg Leu Val Ile Leu Cys Ile Phe Leu His Tyr
        275                 280                 285

Arg Ile Thr Asn Pro Val Pro Asn Ala Tyr Pro Leu Trp Leu Val Ser
    290                 295                 300

Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Ile Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe
305                 310                 315                 320

Pro Lys Trp Leu Pro Val Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala
                325                 330                 335

Leu Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Ala Val Asp
            340                 345                 350

Ile Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr
        355                 360                 365

Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys
    370                 375                 380

Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu
385                 390                 395                 400

Ala Leu Ala Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Ser
                405                 410                 415

Lys Lys Tyr Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Ser Gln
            420                 425                 430

Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val His Pro Ser Phe Val Lys Asp
        435                 440                 445

Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn
    450                 455                 460

Gly Leu Val Ser Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Val Met
465                 470                 475                 480

Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Arg Asp His Pro Gly
                485                 490                 495

Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Ser Gly Gly Leu Asp Thr Glu Gly
```

```
                500                 505                 510

Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly
        515                 520                 525

Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val
    530                 535                 540

Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Pro Phe Leu Leu Asn Leu Asp Cys Asp
545                 550                 555                 560

His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met
                565                 570                 575

Met Asp Pro Asn Leu Gly Lys His Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln
            580                 585                 590

Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr
        595                 600                 605

Val Phe Phe Asp Ile Asn Leu Arg Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro
    610                 615                 620

Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Thr Ala Leu Tyr Gly
625                 630                 635                 640

Tyr Glu Pro Pro Leu Lys Pro Lys His Lys Lys Pro Gly Leu Leu Ser
                645                 650                 655

Ser Leu Cys Gly Gly Thr Arg Lys Lys Ser Ser Lys Ser Ser Lys Lys
            660                 665                 670

Gly Ser Asp Lys Lys Lys Ser Ser Lys His Val Asp Pro Thr Val Pro
        675                 680                 685

Ile Phe Asn Leu Glu Asp Ile Glu Glu Gly Val Glu Gly Thr Gly Phe
    690                 695                 700

Asp Asp Glu Lys Ser Leu Leu Met Ser Gln Met Ser Leu Glu Lys Arg
705                 710                 715                 720

Phe Gly Gln Ser Ala Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Met Glu Asn Gly
                725                 730                 735

Gly Val Pro Gln Ser Ala Thr Pro Glu Thr Leu Leu Lys Glu Ala Ile
            740                 745                 750

His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Asp Trp Gly Ser Glu
        755                 760                 765

Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe
    770                 775                 780

Lys Met His Ala Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Lys Arg
785                 790                 795                 800

Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn
                805                 810                 815

Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Phe Ser Arg
            820                 825                 830

His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Arg Leu Lys Trp Leu Glu
        835                 840                 845
```

```
Arg Phe Ala Tyr Val Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Val Thr Ala Ile Pro
    850                 855                 860

Leu Leu Ile Tyr Cys Ile Leu Pro Ala Val Cys Leu Leu Thr Asn Lys
865                 870                 875                 880

Phe Ile Ile Pro Gln Ile Ser Asn Leu Ala Ser Ile Trp Phe Ile Ser
                885                 890                 895

Leu Phe Leu Ser Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser
            900                 905                 910

Gly Val Gly Ile Asp Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile
        915                 920                 925

Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys
    930                 935                 940

Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser
945                 950                 955                 960

Asp Glu Asp Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Met Phe Lys Trp Thr Thr
                965                 970                 975

Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Leu Ile Ile Asn Leu Val Gly Val
            980                 985                 990

Val Ala Gly Ile Ser Tyr Ala Ile  Asn Ser Gly Tyr Gln  Ser Trp Gly
        995                 1000                1005

Pro Leu  Phe Gly Lys Leu Phe  Phe Ala Phe Trp Val  Ile Ile His
    1010                1015                1020

Leu Tyr  Pro Phe Leu Lys Gly  Leu Met Gly Arg Gln  Asn Arg Thr
    1025                1030                1035

Pro Thr  Ile Val Val Val Trp  Ser Val Leu Leu Ala  Ser Ile Phe
    1040                1045                1050

Ser Leu  Leu Trp Val Arg Ile  Asp Pro Phe Thr Thr  Arg Val Thr
    1055                1060                1065

Gly Pro  Asp Val Glu Glu Cys  Gly Ile Asn Cys
    1070                1075
```

<210> 29
<211> 973
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 29

```
Met Glu Ala Cys Thr Gly Leu Phe Ala Gly Thr Pro Asn Ser Asn Glu
1               5                   10                  15

Leu Val Val Ile Gln Gly His Asp Glu Pro Lys Pro Val Lys Asn Leu
            20                  25                  30

Asp Gly Gln Leu Cys Glu Ile Cys Gly Asp Ser Val Gly Leu Thr Val
        35                  40                  45

Asp Gly Asp Leu Phe Val Ala Cys Glu Glu Cys Gly Phe Pro Val Cys
    50                  55                  60
```

```
Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Thr Gln Val Cys Pro
65                  70                  75                  80

Gln Cys His Thr Arg Tyr Lys Arg Ile Lys Gly Ser Pro Arg Val Leu
                85                  90                  95

Gly Asp Glu Asp Glu Asp Asp Val Asp Asp Ile Glu His Glu Phe Lys
            100                 105                 110

His Glu Glu Met Leu Gln Gly Asn Met Thr His Gly Asp Ser Glu Gly
        115                 120                 125

Asn Ser Lys Ser Lys Pro Val Gly Leu Ala Lys Val Asn Gly Glu Leu
    130                 135                 140

Pro Val Ser Ser His Ser Val Gly Glu Pro Gly Ala Lys Leu Asp Asp
145                 150                 155                 160

Lys Glu Lys Val Asp Glu Trp Met Leu His Gln Gly Asn Leu Trp Pro
                165                 170                 175

Glu Thr Asp Ala Ser Val Asp Pro Glu Lys Ala Met Lys Glu Pro Leu
            180                 185                 190

Ser Arg Lys Val Pro Ile Pro Ser Gly Arg Leu Ser Pro Tyr Arg Met
        195                 200                 205

Met Val Val Ala Arg Leu Leu Leu Leu Leu Leu Phe Phe Gln Tyr Arg
    210                 215                 220

Ile Phe His Pro Val Pro Asp Ala Ile Gly Leu Trp Phe Ile Ser Val
225                 230                 235                 240

Thr Cys Glu Ile Trp Leu Ala Leu Ser Trp Met Ile Asp Gln Leu Pro
                245                 250                 255

Lys Trp Phe Pro Ile Asp Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Ile
            260                 265                 270

Arg Phe Glu Pro Glu Asn Lys Pro Asn Met Leu Ser Pro Ile Asp Ile
        275                 280                 285

Ile Val Thr Thr Val Asp Pro Ile Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala
    290                 295                 300

Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Leu Asp Tyr Pro Ala Asp Lys Ile
305                 310                 315                 320

Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ser Met Leu Thr Phe Glu Ala
                325                 330                 335

Leu Gln Glu Thr Ala Glu Phe Ser Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys
            340                 345                 350

Thr Phe Ser Val Glu Pro Arg Ala Pro Glu Lys Tyr Phe Ser Glu Lys
        355                 360                 365

Ile Asp Phe Leu Lys Asp Lys Leu Gln Ser Thr Tyr Val Lys Glu Arg
    370                 375                 380

Arg Thr Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala
385                 390                 395                 400
```

```
Leu Val Ala Lys Ser Met Arg Val Pro Pro Glu Gly Trp Thr Met Lys
                405                 410                 415

Asp Glu Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Ser Lys Asp His Pro Ser Met
            420                 425                 430

Ile Gln Val Leu Leu Pro His Asn Val Gly Asn Glu Leu Pro Cys Leu
        435                 440                 445

Val Tyr Thr Ser Arg Glu Lys Arg Pro Ala Phe Gln His His Asn Lys
    450                 455                 460

Ala Gly Ala Ile Asn Ala Met Leu Arg Val Ser Ala Val Leu Ser Asn
465                 470                 475                 480

Ala Pro Phe Val Leu Asn Leu Asp Cys Asn His Tyr Val Asn Asn Ser
                485                 490                 495

Lys Val Val Arg Glu Ala Met Cys Phe Phe Met Asp Ile Gln Leu Gly
            500                 505                 510

Asn Gly Ile Ala Phe Val Gln Phe Pro Leu Arg Phe Asp Ser Leu Asp
        515                 520                 525

Arg Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Lys Asn Thr Val Leu Phe Asp Ile Asn
    530                 535                 540

Leu Arg Cys Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ala Tyr Ile Gly Ser Ala
545                 550                 555                 560

Cys Ile Phe Arg Arg Lys Ala Leu Thr Gly Phe Asp Ser Pro Lys Thr
                565                 570                 575

Ser Lys Arg Pro Ser Met Val Gln Val His Ser Lys Gln Asp Glu Asn
            580                 585                 590

Gly Glu Glu Ala Ser Ile Thr Gly Glu Asp Lys Glu Leu Leu Lys Ser
        595                 600                 605

Glu Met Asn Asp Glu Asn Lys Phe Gly Lys Ser Ile Leu Phe Met Asn
    610                 615                 620

Ser Ala Leu Ala Glu Glu Gly Gly Val Asp Pro Ser Ser Ser Gln Glu
625                 630                 635                 640

Ala Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Met Ser Ser Arg Tyr Glu Asp
                645                 650                 655

Arg Thr Leu Trp Gly Tyr Glu Val Gly Leu Ser Tyr Gly Ser Ile Ala
            660                 665                 670

Ala Asp Thr Leu Thr Ser Leu Lys Met His Cys Gly Gly Trp Arg Ser
        675                 680                 685

Val Tyr Cys Met Pro Lys Arg Asp Pro Phe Arg Gly Thr Ala Pro Ile
    690                 695                 700

Asn Leu Thr Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Val Gly Ser
705                 710                 715                 720

Leu Gln Ile Leu Phe Ser Ser His Cys Pro Leu Leu Tyr Gly Gly Arg
                725                 730                 735

Leu Lys Gly Leu Gln Arg Ile Ala Tyr Ile Asn Ser Thr Val Tyr Pro
```

740 745 750

Phe Ser Ser Ile Pro Leu Leu Ile Tyr Cys Ile Ile Pro Ala Ile Cys
755 760 765

Leu Leu Thr Asp Lys Phe Ile Thr Pro Ser Val Gly Thr Phe Ala Ser
770 775 780

Leu Ile Phe Ile Ala Leu Phe Ile Ser Ile Phe Ala Ser Ala Ile Leu
785 790 795 800

Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Ser Leu Glu Glu Trp Trp Arg Ser Gln
805 810 815

Gln Phe Trp Val Ile Gly Ser Val Ser Ala Asn Leu Phe Ala Leu Leu
820 825 830

Gln Gly Ile Met Arg Ala Leu Pro Leu Gly Arg Val Asn Thr Asn Phe
835 840 845

Ser Ile Val Ser Lys Ala Pro Asp Asp Val Glu Phe Arg Glu Leu Tyr
850 855 860

Ala Ile Arg Trp Thr Ala Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Ile Ile Ile
865 870 875 880

Ile Asn Leu Ile Gly Ile Val Ala Gly Phe Thr Asp Ala Ile Asn Ser
885 890 895

Gly Glu His Ser Trp Gly Ala Leu Leu Gly Lys Leu Phe Phe Ser Leu
900 905 910

Trp Val Val Ile His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg
915 920 925

Gln Asn Arg Thr Pro Thr Leu Ile Val Ile Trp Ser Val Leu Leu Ala
930 935 940

Ser Ile Phe Ser Leu Val Trp Val Arg Val Asp Pro Phe Val Leu Lys
945 950 955 960

Thr Lys Gly Pro Asp Val Lys Gln Cys Gly Ile Ser Cys
965 970

<210> 30
<211> 975
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 30

Met Met Glu Ser Gly Ala His Phe Cys Asn Ser Cys Gly Glu Gln Ile
1 5 10 15

Gly Leu Asp Ala Asn Gly Glu Val Phe Val Ala Cys His Glu Cys Tyr
20 25 30

Phe Pro Ile Cys Lys Ala Cys Phe Glu Tyr Glu Ile Asn Glu Gly Arg
35 40 45

Lys Val Cys Leu Arg Cys Ala Thr Pro Tyr Ala Asp Arg Ala Lys Asp
50 55 60

Asn Asn Asp Thr Lys Val Tyr Glu Asn Gln Ser Thr Thr Ala Ala Gln

65 70 75 80

Ile Asn Val Ser Gln Asp Val Gly Leu His Ala Arg His Val Ser Thr
85 90 95

Val Ser Thr Val Asp Ser Glu Leu Asn Asp Glu Ser Gly Asn Pro Ile
100 105 110

Trp Lys Asn Arg Val Glu Ser Trp Lys Glu Lys Asp Lys Lys Lys Lys
115 120 125

Lys Lys Lys Ser Ala Pro Lys Ala Glu Asn Glu Ala Pro Ile Pro Pro
130 135 140

Glu Gln Gln Met Glu Glu Met Gln Ser Ser Glu Ala Ala Ala Ala Glu
145 150 155 160

Pro Leu Ser Met Val Ile Pro Ile Ser Lys Thr Arg Leu Ala Pro Tyr
165 170 175

Arg Thr Val Ile Ile Val Arg Leu Ile Ile Leu Gly Leu Phe Phe His
180 185 190

Tyr Arg Val Thr Asn Pro Val Asp Ser Ala Phe Gly Leu Trp Leu Thr
195 200 205

Ser Ile Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Phe Ser Trp Val Leu Asp Gln
210 215 220

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

Ser Leu Arg Tyr Glu Arg Pro Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Ala Val
245 250 255

Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Ile
260 265 270

Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp
275 280 285

Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Ser Phe
290 295 300

Glu Ser Leu Val Glu Thr Ala Asp Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe
305 310 315 320

Cys Lys Lys Phe Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Ser
325 330 335

Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Gln Pro Ser Phe Val Lys
340 345 350

Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Val
355 360 365

Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Thr Pro Asp Glu Gly Trp Thr
370 375 380

Met Gln Asp Gly Thr Ser Trp Pro Gly Asn Asn Ser Arg Asp His Pro
385 390 395 400

Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Ala His Asp Ile Glu
405 410 415

```
Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro
            420                 425                 430

Gly Tyr Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Glu Asn Ala Leu Val Arg
        435                 440                 445

Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Phe Ile Leu Asn Leu Asp Cys
    450                 455                 460

Asp His Tyr Val Asn Asn Ser Lys Ala Val Arg Glu Ala Met Cys Phe
465                 470                 475                 480

Leu Met Asp Pro Val Val Gly Arg Asp Leu Cys Tyr Val Gln Phe Pro
                485                 490                 495

Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Ser Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn
            500                 505                 510

Thr Val Phe Phe Asp Val Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly
        515                 520                 525

Pro Met Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr
    530                 535                 540

Gly Tyr Ser Pro Pro Ser Met Pro Lys Leu Pro Lys Ser Ser Ser Cys
545                 550                 555                 560

Cys Cys Cys Pro Ser Lys Lys Gln Thr Lys Asp Val Ser Glu Leu Tyr
                565                 570                 575

Arg Asp Ala Lys Arg Glu Glu Leu Asp Ala Ala Ile Phe Asn Leu Arg
            580                 585                 590

Glu Ile Asp Asn Tyr Asp Glu Tyr Glu Arg Ser Met Leu Ile Ser Gln
        595                 600                 605

Met Ser Phe Glu Lys Thr Phe Gly Leu Ser Thr Val Phe Ile Glu Ser
    610                 615                 620

Thr Leu Met Glu Asn Gly Gly Leu Pro Glu Ser Ala Asp Pro Ser Met
625                 630                 635                 640

Leu Ile Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Glu Lys
                645                 650                 655

Thr Ala Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu
            660                 665                 670

Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met Gln Cys Arg Gly Trp Arg Ser Val
        675                 680                 685

Tyr Cys Met Pro Leu Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn
    690                 695                 700

Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val
705                 710                 715                 720

Glu Ile Phe Phe Ser Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Phe Ala Gly
                725                 730                 735

Gly Arg Leu Lys Trp Leu Gln Arg Leu Ala Tyr Ile Asn Thr Ile Val
            740                 745                 750
```

```
Tyr Pro Phe Thr Ser Leu Pro Leu Val Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala
        755                 760                 765

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

Ala Ser Ala Leu Phe Leu Gly Leu Phe Leu Ser Ile Ile Val Thr Ser
785                 790                 795                 800

Val Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Thr Ile Glu Ala Leu Trp Arg
                805                 810                 815

Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala
            820                 825                 830

Val Phe Gln Gly Phe Leu Lys Met Leu Ala Gly Val Asp Thr Asn Phe
        835                 840                 845

Thr Val Thr Ala Lys Ala Ala Asp Asp Thr Glu Phe Gly Asp Leu Tyr
    850                 855                 860

Ile Ile Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Ile Ile
865                 870                 875                 880

Ile Asn Met Val Gly Val Val Ala Gly Phe Ser Asp Ala Leu Asn Gly
                885                 890                 895

Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Val Phe Phe Ala Phe
            900                 905                 910

Trp Val Ile Phe His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg
        915                 920                 925

Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Leu Trp Ser Val Leu Leu Ala
    930                 935                 940

Ser Val Phe Ser Leu Val Trp Val Lys Ile Asn Pro Phe Ile Ser Arg
945                 950                 955                 960

Pro Asp Ser Ala Ser Ile Ser Gln Thr Cys Ile Ser Ile Asp Cys
                965                 970                 975
```

<210> 31
<211> 1039
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 31

```
Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1               5                   10                  15

Leu Val Val Ile His Gly His Glu Glu Pro Lys Ala Leu Lys Asn Leu
            20                  25                  30

Asp Gly Gln Val Cys Glu Ile Cys Gly Asp Gly Val Gly Leu Thr Val
        35                  40                  45

Asp Gly Asp Leu Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Gly Phe Pro Val Cys
    50                  55                  60

Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Ser His Leu Cys Pro
65                  70                  75                  80
```

```
Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Ser Pro Arg Val Glu
                85                  90                  95

Gly Asp Asp Asp Glu Glu Asp Val Asp Asp Ile Glu His Glu Phe Asn
            100                 105                 110

Ile Asp Glu Gln Lys Asn Lys His Gly Gln Val Ala Glu Ala Met Leu
        115                 120                 125

His Gly Arg Met Ser Tyr Gly Arg Gly Pro Glu Asp Asp Asp Asn Ser
    130                 135                 140

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

Gly Glu Phe Pro Ile Ser Ser Asn Ala Tyr Gly Asp Gln Met Leu Ser
                165                 170                 175

Ser Ser Leu His Lys Arg Val His Pro Tyr Pro Val Ser Glu Pro Gly
            180                 185                 190

Ser Ala Arg Trp Asp Glu Lys Lys Glu Asp Gly Trp Lys Asp Arg Met
        195                 200                 205

Asp Asp Trp Lys Leu Gln Gln Gly Asn Leu Gly Pro Glu Pro Asp Glu
    210                 215                 220

Asp Pro Asp Ala Ala Met Leu Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg
225                 230                 235                 240

Lys Val Pro Ile Ala Ser Ser Lys Ile Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile
                245                 250                 255

Val Ala Arg Leu Val Ile Leu Ala Phe Phe Leu Arg Tyr Arg Leu Met
            260                 265                 270

Asn Pro Val His Asp Ala Leu Gly Leu Trp Leu Thr Ser Ile Ile Cys
        275                 280                 285

Glu Ile Trp Phe Ala Phe Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp
    290                 295                 300

Phe Pro Ile Asp Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Ile Arg Tyr
305                 310                 315                 320

Glu Arg Glu Gly Glu Pro Asn Met Leu Ala Pro Val Asp Val Phe Val
                325                 330                 335

Ser Thr Val Asp Pro Met Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr
            340                 345                 350

Val Leu Ser Ile Leu Ala Met Asp Tyr Pro Val Asp Lys Ile Ser Cys
        355                 360                 365

Tyr Ile Ser Asp Asp Gly Ala Ser Met Cys Thr Phe Glu Ser Leu Ser
    370                 375                 380

Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe
385                 390                 395                 400

Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Met Tyr Phe Ser Glu Lys Ile Asp
                405                 410                 415

Tyr Leu Lys Asp Lys Val Gln Pro Thr Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala
```

```
            420                 425                 430

Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val
        435                 440                 445

Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Gln Gly Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly
    450                 455                 460

Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Lys Asp His Pro Gly Met Ile Gln
465                 470                 475                 480

Val Phe Leu Gly Ser Ser Gly Gly Leu Asp Thr Glu Gly Asn Gln Leu
                485                 490                 495

Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His
            500                 505                 510

His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val
        515                 520                 525

Leu Thr Asn Ala Pro Phe Met Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Val
    530                 535                 540

Asn Asn Ser Lys Ala Ala Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro
545                 550                 555                 560

Gln Thr Gly Lys Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp
                565                 570                 575

Gly Ile Asp Thr His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe
            580                 585                 590

Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val
        595                 600                 605

Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asn Pro
    610                 615                 620

Pro Lys Gly Pro Lys Arg Pro Lys Met Val Ser Cys Asp Cys Cys Pro
625                 630                 635                 640

Cys Phe Gly Ser Arg Lys Lys Tyr Lys Glu Lys Asn Asp Ala Asn Gly
                645                 650                 655

Glu Ala Ala Ser Leu Lys Gly Met Asp Asp Asp Lys Glu Val Leu Met
            660                 665                 670

Ser Gln Met Asn Phe Glu Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ser Ile Phe Val
        675                 680                 685

Thr Ser Thr Leu Met Glu Glu Gly Gly Val Pro Pro Ser Ser Ser Pro
    690                 695                 700

Ala Ala Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu
705                 710                 715                 720

Asp Lys Thr Glu Trp Gly Leu Glu Leu Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Ile
                725                 730                 735

Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys Arg Gly Trp Arg
            740                 745                 750

Ser Ile Tyr Cys Met Pro Lys Arg Ala Ala Phe Lys Gly Thr Ala Pro
        755                 760                 765
```

```
Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly
    770                 775                 780

Ser Ile Glu Ile Phe Phe Ser His His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Phe
785                 790                 795                 800

Lys Glu Lys Lys Leu Lys Trp Leu Glu Arg Phe Ala Tyr Ala Asn Thr
                805                 810                 815

Thr Val Tyr Pro Phe Thr Ser Ile Pro Leu Val Ala Tyr Cys Ile Leu
            820                 825                 830

Pro Ala Val Cys Leu Leu Thr Asp Lys Phe Ile Met Pro Pro Ile Ser
        835                 840                 845

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

Thr Gly Ile Leu Glu Leu Lys Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu Glu Trp
865                 870                 875                 880

Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu
                885                 890                 895

Phe Ala Val Ile Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr
            900                 905                 910

Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Thr Asp Asp Glu Glu Phe Gly Glu
        915                 920                 925

Leu Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Ile
    930                 935                 940

Leu Ile Ile Asn Ile Val Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Asp Ala Ile
945                 950                 955                 960

Asn Asn Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe
                965                 970                 975

Ser Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met
            980                 985                 990

Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr  Ile Val Val Ile Trp  Ser Val Leu
        995                 1000                1005

Leu Ala  Ser Ile Phe Ser Leu  Leu Trp Val Arg Ile  Asp Pro Phe
    1010                1015                1020

Val Leu  Lys Thr Lys Gly Pro  Asp Thr Lys Leu Cys  Gly Ile Asn
    1025                1030                1035

Cys
```

<210> 32
<211> 967
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 32

```
Met Glu Thr Asn Leu Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Ser Asn Glu
1               5                   10                  15
```

```
Phe Ile Ile Ile Arg Gln Asp Gly Asp Phe Ala Gln Arg Glu Leu Gln
            20                  25                  30

Pro Leu Leu His Gly Lys Ile Cys Gln Leu Cys Gly Asp Asp Ile Gly
        35                  40                  45

Val Asn Glu Asp Gly Asp Leu Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe
    50                  55                  60

Pro Val Cys Lys Ser Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Asn Gln
65                  70                  75                  80

Val Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Phe Lys Arg Leu Lys Gly Cys Ala
                85                  90                  95

Arg Val Glu Gly Asp Glu Glu Glu Asp Ile Asp Asp Asp Leu Glu Asn
            100                 105                 110

Glu Phe Asp Phe Asp Asp Gly Gln Ser Lys Leu His Asp Met Lys Thr
        115                 120                 125

Ser Met Ser His Glu Glu Gln Gly Glu Glu Thr Ser Gln Glu His Asn
    130                 135                 140

Ala Leu Val Thr Ser Ser Ser Thr Ile Leu Gly Lys Glu Ile Val Ala
145                 150                 155                 160

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

Tyr Gly Ser Ile Ala Trp Lys Glu Lys Met Lys Ile Trp Lys Gln Arg
            180                 185                 190

Gln Met Lys Ile Ser Asp Met Lys Lys Glu Asn Asp Asn Glu Asp Pro
        195                 200                 205

Asp Asn Thr Val Glu Asp Asp Asp Thr Glu Phe Leu Ile Thr Tyr Leu
    210                 215                 220

Asp Arg Leu Ser Leu Arg Tyr Glu Lys Glu Gly Lys Pro Ser Gln Leu
225                 230                 235                 240

Ser Pro Ile Asp Ile Phe Val Ile Ser Met Asp Pro Leu Lys Glu Pro
                245                 250                 255

Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Ile Asp Tyr
            260                 265                 270

Pro Ala Glu Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met
        275                 280                 285

Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala Lys Lys Trp
    290                 295                 300

Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Arg
305                 310                 315                 320

Tyr Phe Ala Glu Lys Ile Asn Phe Leu Asp Asp Lys Val Gln Pro Ser
                325                 330                 335

Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Arg
            340                 345                 350
```

```
Val Arg Ile Asn Thr Leu Val Ala Lys Ser Arg Lys Val Pro Glu Glu
        355                 360                 365

Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Val Arg
    370                 375                 380

Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Glu Thr Gly Gly Cys
385                 390                 395                 400

Asp Met Asp Gly Lys Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu
                405                 410                 415

Lys Arg Pro Lys Phe Asn His Gln Lys Lys Ala Gly Ala Leu Asn Ala
            420                 425                 430

Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Ser Asn Ala Pro Phe Val Leu Asn
        435                 440                 445

Leu Asp Tyr Asn His Cys Ile Asn Asn Ser Lys Val Val Arg Glu Ala
    450                 455                 460

Met Cys Phe Met Met Asp Pro Leu Leu Gly Lys Gly Ala Ser Tyr Val
465                 470                 475                 480

Gln Phe Ser Gln Arg Phe Asp Gly Ile Ala Ser Asp Glu Gln Tyr Ala
                485                 490                 495

Asn Gln Thr Asn Gly Phe Ile Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly
            500                 505                 510

Ile Gln Gly Pro Thr Tyr Ile Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln
        515                 520                 525

Ala Leu Tyr Gly Phe Asp Ser Pro Arg Lys Lys Lys Pro Pro Thr Lys
    530                 535                 540

Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Cys Phe Gly Cys Cys Phe Met
545                 550                 555                 560

Gly Lys Arg Lys Lys Lys Lys Leu Lys Lys Pro Lys Phe Glu Ile Thr
                565                 570                 575

Glu Thr Ser His Arg Lys Val His Ser Glu Ser Ser Ile Val Glu Gly
            580                 585                 590

Lys Glu Asp Glu Thr Ser Ala His Leu Ser Asn Pro Lys Phe Val Lys
        595                 600                 605

Lys Tyr Gly Gln Ser Pro Ile Phe Ile Ala Ser Ile Gln Leu Val Asp
    610                 615                 620

Gly Glu Thr Leu Lys His Gly Asn Leu Ala Ser Gln Leu Thr Glu Ala
625                 630                 635                 640

Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Glu Lys Thr Glu Trp Gly Lys
                645                 650                 655

Glu Val Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly
            660                 665                 670

Phe Lys Met His Cys His Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Thr Pro Arg
        675                 680                 685

Arg Pro Gly Phe Lys Val Ser Thr Pro Arg Asn Leu Ser Asn Gly Leu
```

690 695 700

Gln Gln Val Phe Gln Trp Ala Leu Gly Ser Ile Glu Ile Phe Met Ser
705 710 715 720

Lys His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Trp Leu
725 730 735

Gln Arg Ile Ser Tyr Ile Asn Ala Ile Val Tyr Pro Trp Thr Ser Ile
740 745 750

Pro Leu Val Val Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly
755 760 765

Lys Phe Ile Ile Pro Glu Leu Ser Asn Ala Ala Gly Met Trp Phe Val
770 775 780

Ser Leu Phe Phe Cys Ile Phe Thr Thr Ser Val Leu Glu Met Arg Trp
785 790 795 800

Ser Gly Val Thr Val Asp Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val
805 810 815

Ile Gly Gly Val Ser Ala His Phe Leu Ala Val Phe Leu Gly Met Phe
820 825 830

Lys Val Leu Ala Gly Val Lys Thr Asn Phe Ile Val Ala Ser Lys Val
835 840 845

Asp Asp Lys Glu His Ser Asn Met Phe Ala Leu Lys Trp Thr Thr Leu
850 855 860

Leu Ile Ile Pro Thr Thr Leu Leu Val Leu Asn Ile Ile Ala Val Val
865 870 875 880

Ala Gly Val Ser Tyr Ala Ile Asn Asn Gly Phe Glu Ser Trp Gly Pro
885 890 895

Leu Leu Gly Lys Leu Leu Phe Ser Leu Trp Val Ile Leu His Leu Tyr
900 905 910

Pro Phe Leu Lys Gly Met Ile Gly Arg His Asn Arg Thr Pro Thr Ile
915 920 925

Val Leu Val Trp Ala Ile Leu Leu Ala Ser Phe Phe Ser Val Leu Trp
930 935 940

Val Lys Ile Asp Pro Phe Leu Pro Lys Ser Asp Gly Pro Ile Leu Glu
945 950 955 960

Glu Cys Gly Leu Asp Cys Asn
965

<210> 33
<211> 990
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 33

Met Arg Thr Pro Thr Ser Leu Thr His Ala Tyr Leu His Trp Phe His
1 5 10 15

Ser Pro Leu Thr Met Glu Ala Ser Thr Gly Leu Phe Ala Gly Thr Pro

```
            20                  25                  30

Asn Ser Asn Glu Leu Val Val Ile Gln Gly His Asp Glu Pro Lys Pro
        35                  40                  45

Val Lys Asn Leu Asp Gly Gln Leu Cys Glu Ile Cys Gly Asp Ser Val
    50                  55                  60

Gly Leu Thr Val Asp Gly Asp Leu Phe Val Ala Cys Glu Glu Cys Gly
65                  70                  75                  80

Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Thr
                85                  90                  95

Gln Val Cys Pro Gln Cys His Thr Arg Tyr Lys Arg Thr Lys Gly Ser
            100                 105                 110

Pro Arg Val Leu Gly Asp Glu Asp Glu Asp Asp Val Asp Asp Ile Glu
        115                 120                 125

His Glu Phe Lys His Glu Glu Met Leu Gln Gly Asn Lys Thr His Arg
    130                 135                 140

Asp Ser Asp Val Gly Leu Ala Lys Val Asn Gly Glu Leu Pro Ile Ser
145                 150                 155                 160

Ser Asn Ser Val Glu Glu Pro Gly Ala Lys Leu Asp Asp Lys Glu Lys
                165                 170                 175

Val Asp Glu Trp Met Leu His Gln Gly Asn Leu Trp Pro Glu Thr Asp
            180                 185                 190

Ala Ser Asp Asp Pro Val Lys Ala Met Lys Glu Pro Leu Ser Arg Lys
        195                 200                 205

Val Pro Ile Pro Ser Gly Arg Leu Ser Pro Tyr Arg Met Met Val Val
    210                 215                 220

Ala Arg Leu Leu Leu Leu Leu Leu Phe Phe Gln Tyr Arg Ile Phe His
225                 230                 235                 240

Pro Val Pro Asp Ala Ile Gly Leu Trp Phe Ile Ser Val Thr Cys Glu
                245                 250                 255

Ile Trp Leu Ala Leu Ser Trp Met Ile Asp Gln Leu Pro Lys Trp Phe
            260                 265                 270

Pro Ile Asp Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Ile Arg Phe Glu
        275                 280                 285

Pro Glu Asn Lys Pro Asn Met Leu Ser Pro Ile Asp Ile Ile Val Thr
    290                 295                 300

Thr Val Asp Pro Ile Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val
305                 310                 315                 320

Leu Ser Ile Leu Ala Leu Asp Tyr Pro Ala Asp Lys Ile Ser Cys Tyr
                325                 330                 335

Val Ser Asp Asp Gly Ala Ser Met Leu Thr Phe Glu Val Leu Gln Glu
            340                 345                 350

Thr Ala Glu Phe Ser Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe Ser
        355                 360                 365
```

Val Glu Pro Arg Ala Pro Glu Lys Tyr Leu Thr Glu Lys Ile Asp Phe
370 375 380

Leu Lys Asp Lys Leu Gln Ser Thr Tyr Val Lys Glu Arg Arg Thr Met
385 390 395 400

Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala
405 410 415

Lys Ser Met Arg Val Pro Pro Glu Gly Trp Thr Met Lys Asp Glu Thr
420 425 430

Pro Trp Pro Gly Asn Asn Ser Lys Asp His Pro Ser Met Ile Gln Val
435 440 445

Leu Leu Pro His Asn Val Gly Asn Glu Leu Pro Cys Leu Val Tyr Thr
450 455 460

Ser Arg Glu Lys Arg Pro Ala Phe Gln His His Asn Lys Ala Gly Ala
465 470 475 480

Ile Asn Ala Met Leu Arg Val Ser Ala Val Leu Asn Asn Ala Pro Phe
485 490 495

Val Leu Asn Leu Asp Cys Asn His Tyr Val Asn Asn Ser Lys Val Val
500 505 510

Arg Glu Ala Met Cys Phe Phe Met Asp Ile Gln Leu Gly Asn Gly Ile
515 520 525

Gly Phe Val Gln Phe Pro Leu Arg Phe Asp Ser Leu Asp Arg Asn Asp
530 535 540

Arg Tyr Ala Asn Lys Asn Thr Val Leu Phe Asp Ile Asn Leu Arg Cys
545 550 555 560

Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ala Tyr Val Gly Ser Ala Cys Ile Phe
565 570 575

Arg Arg Lys Ala Leu Thr Gly Phe Asp Ser Pro Lys Ala Ser Lys Arg
580 585 590

Pro Ser Met Val Gln Val His Ser Lys Gln Asp Glu Asn Gly Glu Glu
595 600 605

Ala Ser Lys Thr Ala Ala Ala Thr Asp Glu Asp Lys Glu Leu Leu Lys
610 615 620

Ser Glu Asn Lys Phe Gly Met Ser Thr Ile Phe Met Asn Ser Ser Trp
625 630 635 640

Thr Glu Glu Gly Gly Val Asp Pro Ser Ser Ser Gln Glu Ala Leu Leu
645 650 655

Lys Glu Ala Ile His Val Met Asn Ser Arg Tyr Glu Asp Arg Thr Leu
660 665 670

Trp Gly Tyr Glu Val Gly Leu Ser Tyr Gly Ser Ile Ala Thr Asp Thr
675 680 685

Leu Thr Ser Met Lys Met His Cys Gly Gly Trp Arg Ser Val Tyr Cys
690 695 700

```
Met Pro Lys Arg Asp Pro Phe Arg Gly Thr Ala Pro Ile Asn Leu Thr
705                 710                 715                 720

Glu Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Val Gly Ser Leu Gln Ile
                725                 730                 735

Leu Phe Ser Ser His Cys Pro Leu Val Tyr Gly Leu Asn Gly Gly Arg
            740                 745                 750

Leu Lys Gly Leu Gln Arg Ile Ala Tyr Ile Asn Ser Thr Val Tyr Pro
        755                 760                 765

Phe Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ile Tyr Cys Thr Ile Pro Ala Ile Cys
    770                 775                 780

Leu Leu Thr Asp Lys Phe Ile Thr Pro Ser Val Gly Thr Phe Ala Ser
785                 790                 795                 800

Leu Ile Phe Ile Ala Leu Phe Ile Ser Ile Phe Ala Ser Ala Ile Leu
                805                 810                 815

Glu Leu Arg Trp Ser Arg Val Ser Leu Glu Glu Trp Trp Arg Ser Gln
            820                 825                 830

Gln Phe Trp Val Ile Gly Ser Val Ser Ala Asn Leu Phe Ala Val Leu
        835                 840                 845

Gln Gly Ile Met Gly Ala Leu Pro Leu Ser Ser Arg Val Asn Lys Asn
    850                 855                 860

Phe Ser Ile Val Ser Lys Ala Pro Asp Glu Val Glu Phe Arg Glu Leu
865                 870                 875                 880

Tyr Ala Ile Arg Trp Thr Ala Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Ile Ile
                885                 890                 895

Ile Ile Asn Leu Ile Gly Ile Val Ala Gly Phe Thr Asp Ala Ile Asn
            900                 905                 910

Ser Gly Glu His Ser Trp Gly Ala Leu Leu Gly Lys Leu Phe Phe Ser
        915                 920                 925

Leu Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly
    930                 935                 940

Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Leu Ile Val Ile Trp Ser Val Leu Leu
945                 950                 955                 960

Ala Ser Ile Phe Ser Leu Val Trp Val Arg Val Asp Pro Phe Val Leu
                965                 970                 975

Lys Thr Lys Gly Pro Asp Val Lys Gln Cys Gly Ile Ser Cys
            980                 985                 990
```

<210> 34
<211> 1084
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 34

```
Met Glu Ala Ser Ala Gly Met Val Ala Gly Ser His Lys Arg Asn Glu
1               5                   10                  15
```

```
Leu Val Arg Ile Arg His Asp Ser Ser Asp Ser Gly Ser Lys Pro Leu
            20                  25                  30

Lys Ser Leu Asn Gly Gln Ile Cys Gln Ile Cys Gly Asp Thr Val Gly
        35                  40                  45

Leu Thr Ala Thr Gly Asp Val Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe
    50                  55                  60

Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Asn Gln
65                  70                  75                  80

Ser Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg His Arg Gly Ser Pro
                85                  90                  95

Arg Val Glu Gly Asp Glu Asp Glu Asp Asp Ser Asp Asp Ile Glu Asn
            100                 105                 110

Glu Phe Asn Tyr Ala Gln Gly Lys Ala Lys Ala Arg Arg Gln Trp Glu
        115                 120                 125

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

Ile Pro Leu Leu Thr Asn Gly Gln Thr Met Ser Gly Glu Ile Pro Cys
145                 150                 155                 160

Ala Thr Pro Asp Thr Gln Ser Val Arg Thr Thr Ser Gly Pro Leu Gly
                165                 170                 175

Pro Ser Glu Lys Val His Ser Leu Pro Tyr Val Asp Pro Arg Gln Pro
            180                 185                 190

Val Pro Val Arg Ile Val Asp Pro Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly
        195                 200                 205

Leu Gly Asn Val Asp Trp Lys Glu Arg Val Glu Gly Trp Lys Leu Lys
    210                 215                 220

Gln Glu Lys Asn Met Val Gln Met Thr Gly Arg Tyr Thr Glu Gly Lys
225                 230                 235                 240

Gly Gly Asp Val Glu Gly Thr Gly Ser Asn Gly Glu Glu Leu Gln Met
                245                 250                 255

Val Asp Asp Ala Arg Gln Pro Met Ser Arg Val Val Pro Ile Pro Ser
            260                 265                 270

Ser Gln Leu Thr Pro Tyr Arg Val Val Ile Ile Leu Arg Leu Ile Ile
        275                 280                 285

Leu Gly Phe Phe Leu Gln Tyr Arg Val Thr His Pro Val Lys Asp Ala
    290                 295                 300

Tyr Pro Leu Trp Leu Thr Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Leu
305                 310                 315                 320

Ser Trp Leu Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Ser Pro Ile Asn Arg Glu
                325                 330                 335

Thr Tyr Leu Glu Arg Leu Ala Leu Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro
            340                 345                 350

Ser Gln Leu Asp Pro Val Asp Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu
```

```
        355                 360                 365

Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ser
    370                 375                 380

Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly
385                 390                 395                 400

Ser Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala
                405                 410                 415

Lys Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys His Asn Ile Glu Pro Arg Ala
            420                 425                 430

Pro Glu Phe Tyr Phe Ala Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Ile
        435                 440                 445

Gln Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu
    450                 455                 460

Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Met
465                 470                 475                 480

Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Ala Trp Pro Gly Asn
                485                 490                 495

Asn Pro Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser
            500                 505                 510

Gly Gly Leu Asp Thr Asp Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val
        515                 520                 525

Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala
    530                 535                 540

Met Asn Ala Leu Ile Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr
545                 550                 555                 560

Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp His Tyr Phe Asn Asn Ser Lys Ala Leu
                565                 570                 575

Lys Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Val Ile Gly Lys Lys Thr
            580                 585                 590

Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Leu His Asp
        595                 600                 605

Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Ile Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly
    610                 615                 620

Gln Asp Gly Val Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe
625                 630                 635                 640

Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Pro Val Leu Thr Glu Glu Asp
                645                 650                 655

Leu Glu Pro Asn Ile Ile Val Lys Ser Cys Trp Gly Ser Arg Lys Lys
            660                 665                 670

Gly Lys Gly Gly Asn Lys Lys Tyr Ser Asp Lys Lys Lys Ala Met Gly
        675                 680                 685

Arg Thr Glu Ser Thr Val Pro Ile Phe Asn Met Glu Asp Ile Glu Glu
    690                 695                 700
```

```
Gly Val Glu Gly Tyr Asp Asp Glu Arg Thr Leu Leu Met Ser Gln Lys
705                 710                 715                 720

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

Phe Met Glu Gln Gly Gly Ile Pro Pro Ser Thr Asn Pro Ala Thr Leu
            740                 745                 750

Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr
        755                 760                 765

Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp
    770                 775                 780

Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly Trp Ile Ser Ile Tyr
785                 790                 795                 800

Cys Met Pro Pro Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu
                805                 810                 815

Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Ile Glu
            820                 825                 830

Ile Phe Leu Ser Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Asn Gly Lys
        835                 840                 845

Leu Lys Pro Leu Met Arg Leu Ala Tyr Ile Asn Thr Ile Val Tyr Pro
    850                 855                 860

Phe Thr Ser Ile Pro Leu Ile Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Phe Cys
865                 870                 875                 880

Leu Leu Thr Asn Lys Phe Ile Ile Pro Glu Ile Ser Asn Phe Ala Ser
                885                 890                 895

Met Trp Phe Ile Leu Leu Phe Val Ser Ile Phe Thr Thr Ser Ile Leu
            900                 905                 910

Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu Asp Trp Trp Arg Asn Glu
        915                 920                 925

Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Thr Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe
    930                 935                 940

Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val
945                 950                 955                 960

Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Val
                965                 970                 975

Phe Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Val Leu Ile Val
            980                 985                 990

Asn Leu Val Gly Ile Val Ala Gly  Val Ser Tyr Ala Ile  Asn Ser Gly
        995                 1000                1005

Tyr Gln  Ser Trp Gly Pro Leu  Phe Gly Lys Leu Phe  Phe Ala Ile
    1010                1015                1020

Trp Val  Ile Ala His Leu Tyr  Pro Phe Leu Lys Gly  Leu Leu Gly
    1025                1030                1035
```

```
Arg Gln  Asn Arg Thr Pro Thr  Ile Val Ile Val Trp  Ser Val Leu
    1040                1045                1050

Leu Ala  Ser Ile Phe Ser Leu  Leu Trp Val Arg Ile  Asp Pro Phe
    1055                1060                1065

Thr Ser  Asp Ser Asn Lys Leu  Thr Asn Gly Gln Cys  Gly Ile Asn
    1070                1075                1080

Cys
```

<210> 35
<211> 1084
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 35

```
Met Glu Ala Ser Ala Gly Met Val Ala Gly Ser His Lys Arg Asn Glu
1               5                  10                  15

Leu Val Arg Ile Arg His Asp Ser Ser Asp Ser Gly Ser Lys Pro Met
            20                  25                  30

Lys Asn Leu Asn Gly Gln Ile Cys Gln Ile Cys Gly Asp Thr Val Gly
        35                  40                  45

Leu Thr Ala Thr Gly Asp Val Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe
    50                  55                  60

Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Asn Gln
65                  70                  75                  80

Ser Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg His Arg Gly Ser Pro
                85                  90                  95

Arg Val Glu Gly Asp Glu Asp Glu Asp Asp Ser Asp Asp Ile Glu Asn
            100                 105                 110

Glu Phe Asn Tyr Ala Gln Gly Lys Ala Lys Ala Arg Arg Gln Trp Glu
        115                 120                 125

Asp Asp Pro Asp Leu Ser Ser Ser Ser Arg Arg Glu Ser Gln Gln Pro
    130                 135                 140

Ile Pro Leu Leu Thr Asn Gly Gln Thr Met Ser Gly Glu Ile Pro Cys
145                 150                 155                 160

Ala Thr Pro Asp Thr Gln Ser Val Arg Thr Thr Ser Gly Pro Leu Gly
                165                 170                 175

Pro Ser Glu Lys Val His Ser Leu Pro Tyr Val Asp Pro Arg Gln Pro
            180                 185                 190

Val Pro Val Arg Ile Val Asp Pro Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly
        195                 200                 205

Leu Gly Asn Val Asp Trp Lys Glu Arg Val Glu Gly Trp Lys Leu Lys
    210                 215                 220

Gln Glu Lys Asn Met Val Gln Met Thr Gly Arg Tyr Ala Glu Gly Lys
225                 230                 235                 240
```

```
Gly Gly Asp Val Glu Gly Thr Gly Ser Asn Gly Glu Glu Leu Gln Met
                245                 250                 255

Val Asp Asp Ala Arg Gln Pro Met Ser Arg Val Val Pro Ile Pro Ser
            260                 265                 270

Ser Gln Leu Thr Pro Tyr Arg Val Val Ile Ile Leu Arg Leu Ile Ile
        275                 280                 285

Leu Gly Phe Phe Leu Gln Tyr Arg Val Thr His Pro Val Lys Asp Ala
    290                 295                 300

Tyr Pro Leu Trp Leu Thr Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Leu
305                 310                 315                 320

Ser Trp Leu Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Ser Pro Ile Asn Arg Glu
                325                 330                 335

Thr Tyr Leu Glu Arg Leu Ala Leu Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro
            340                 345                 350

Ser Gln Leu Asp Pro Val Asp Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu
        355                 360                 365

Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ser
    370                 375                 380

Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly
385                 390                 395                 400

Ser Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala
                405                 410                 415

Lys Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys His Asn Ile Glu Pro Arg Ala
            420                 425                 430

Pro Glu Phe Tyr Phe Ala Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Ile
        435                 440                 445

Gln Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu
    450                 455                 460

Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Met
465                 470                 475                 480

Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn
                485                 490                 495

Asn Pro Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser
            500                 505                 510

Gly Gly Leu Asp Thr Asp Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val
        515                 520                 525

Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala
    530                 535                 540

Met Asn Ala Leu Ile Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr
545                 550                 555                 560

Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp His Tyr Phe Asn Asn Ser Lys Ala Leu
                565                 570                 575

Lys Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Val Leu Gly Lys Lys Thr
```

```
            580                 585                 590

Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Leu His Asp
        595                 600                 605

Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Ile Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly
    610                 615                 620

Gln Asp Gly Val Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe
625                 630                 635                 640

Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Pro Val Leu Thr Glu Glu Asp
                645                 650                 655

Leu Glu Pro Asn Ile Ile Val Lys Ser Cys Cys Gly Ser Arg Lys Lys
            660                 665                 670

Gly Lys Gly Gly Asn Lys Lys Tyr Ser Asp Lys Lys Lys Ala Met Gly
        675                 680                 685

Arg Thr Glu Ser Thr Val Pro Ile Phe Asn Met Glu Asp Ile Glu Glu
    690                 695                 700

Gly Val Glu Gly Tyr Asp Asp Glu Arg Thr Leu Leu Met Ser Gln Lys
705                 710                 715                 720

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

Phe Met Glu Gln Gly Gly Ile Pro Pro Ser Thr Asn Pro Ala Thr Leu
            740                 745                 750

Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr
        755                 760                 765

Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp
    770                 775                 780

Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly Trp Ile Ser Ile Tyr
785                 790                 795                 800

Cys Met Pro Pro Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu
                805                 810                 815

Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Ile Glu
            820                 825                 830

Ile Phe Leu Ser Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Asn Gly Lys
        835                 840                 845

Leu Lys Pro Leu Met Arg Leu Ala Tyr Ile Asn Thr Ile Val Tyr Pro
    850                 855                 860

Phe Thr Ser Ile Pro Leu Ile Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Phe Cys
865                 870                 875                 880

Leu Leu Thr Asn Lys Phe Ile Ile Pro Glu Ile Ser Asn Phe Ala Ser
                885                 890                 895

Met Trp Phe Ile Leu Leu Phe Val Ser Ile Phe Thr Thr Ser Ile Leu
            900                 905                 910

Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu Asp Trp Trp Arg Asn Glu
        915                 920                 925
```

```
Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Thr Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe
    930                 935                 940

Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val
945                 950                 955                 960

Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Val
                965                 970                 975

Phe Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Val Leu Ile Val
            980                 985                 990

Asn Leu Val Gly Ile Val Ala Gly  Val Ser Tyr Ala Ile  Asn Ser Gly
        995                 1000                1005

Tyr Gln  Ser Trp Gly Pro Leu  Phe Gly Lys Leu Phe  Phe Ala Ile
    1010                1015                1020

Trp Val  Ile Ala His Leu Tyr  Pro Phe Leu Lys Gly  Leu Leu Gly
    1025                1030                1035

Arg Gln  Asn Arg Thr Pro Thr  Ile Val Ile Val Trp  Ser Val Leu
    1040                1045                1050

Leu Ala  Ser Ile Phe Ser Leu  Leu Trp Val Arg Ile  Asp Pro Phe
    1055                1060                1065

Thr Ser  Asp Ser Asn Lys Leu  Thr Asn Gly Gln Cys  Gly Ile Asn
    1070                1075                1080

Cys
```

<210> 36
<211> 976
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 36

```
Met Met Glu Ser Gly Ala His Phe Cys Asn Ser Cys Gly Glu Gln Ile
1               5                   10                  15

Gly Leu Asp Ala Asn Gly Glu Leu Phe Val Ala Cys His Glu Cys Tyr
            20                  25                  30

Phe Pro Ile Cys Lys Ala Cys Phe Glu Tyr Glu Ile Asn Glu Gly Arg
        35                  40                  45

Lys Val Cys Leu Arg Cys Ala Thr Pro Tyr Ser Asp Arg Val Lys Asp
    50                  55                  60

Asn Asp Gly Thr Lys Val Tyr Glu Asn Gln Ser Thr Thr Ala Ala Gln
65                  70                  75                  80

Ile Asn Val Ser Gln Asp Val Gly Leu His Ala Arg His Val Ser Thr
                85                  90                  95

Val Ser Thr Val Asp Ser Glu Leu Asn Asp Glu Ser Gly Asn Pro Ile
            100                 105                 110

Trp Lys Asn Arg Val Glu Ser Trp Lys Glu Lys Asp Lys Lys Lys Lys
        115                 120                 125
```

```
Lys Lys Lys Lys Ser Val Pro Lys Ala Glu Asn Glu Ala Pro Ile Pro
    130                 135                 140

Pro Glu Gln Gln Met Glu Glu Ile Gln Ser Ser Glu Ala Ser Ala Ala
145                 150                 155                 160

Glu Pro Leu Ser Met Val Ile Pro Ile Ser Lys Thr Arg Leu Ala Pro
                165                 170                 175

Tyr Arg Thr Val Ile Ile Val Arg Leu Ile Ile Leu Gly Leu Phe Phe
            180                 185                 190

His Tyr Arg Val Thr Asn Pro Val Asp Ser Ala Phe Gly Leu Trp Leu
        195                 200                 205

Thr Ser Ile Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Phe Ser Trp Val Leu Asp
    210                 215                 220

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

Leu Ser Ala Arg Tyr Glu Arg Pro Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Ala
                245                 250                 255

Val Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu
            260                 265                 270

Ile Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val
        275                 280                 285

Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr
    290                 295                 300

Phe Glu Ser Leu Val Glu Thr Ala Asp Phe Ala Arg Met Trp Val Pro
305                 310                 315                 320

Phe Cys Lys Lys Phe Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe
                325                 330                 335

Ser Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Gln Pro Ser Phe Val
            340                 345                 350

Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg
        355                 360                 365

Val Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Thr Pro Asp Glu Gly Trp
    370                 375                 380

Thr Met Gln Asp Gly Thr Ser Trp Pro Gly Asn Asn Ser Arg Asp His
385                 390                 395                 400

Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Ala His Asp Val
                405                 410                 415

Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg
            420                 425                 430

Pro Gly Tyr Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Glu Asn Ala Leu Val
        435                 440                 445

Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Phe Ile Leu Asn Leu Asp
    450                 455                 460
```

Cys Asp His Tyr Val Asn Asn Ser Lys Ala Val Arg Glu Ala Met Cys
465 470 475 480

Phe Leu Met Asp Pro Val Val Gly Arg Asp Leu Cys Tyr Val Gln Phe
485 490 495

Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Ser Asp Arg Tyr Ala Asn Arg
500 505 510

Asn Thr Val Phe Phe Asp Val Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln
515 520 525

Gly Pro Met Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Gln Ala Leu
530 535 540

Tyr Gly Tyr Ser Pro Pro Ser Met Pro Lys Leu Pro Lys Ser Ser Ser
545 550 555 560

Cys Cys Cys Cys Pro Ser Lys Lys Gln Thr Lys Asp Val Ser Glu Leu
565 570 575

Tyr Arg Asp Ala Lys Arg Glu Glu Leu Asp Ala Ala Ile Phe Asn Leu
580 585 590

Arg Glu Ile Asp Asn Tyr Asp Glu Tyr Glu Arg Ser Met Leu Ile Ser
595 600 605

Gln Met Ser Phe Glu Lys Thr Phe Gly Leu Ser Thr Val Phe Ile Glu
610 615 620

Ser Thr Leu Met Glu Asn Gly Gly Leu Pro Glu Ser Ser Asp Pro Ser
625 630 635 640

Met Leu Ile Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Glu
645 650 655

Lys Thr Ala Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr
660 665 670

Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met Gln Cys Arg Gly Trp Arg Ser
675 680 685

Val Tyr Cys Met Pro Leu Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile
690 695 700

Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser
705 710 715 720

Val Glu Ile Phe Phe Ser Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Phe Ala
725 730 735

Gly Gly Arg Leu Lys Trp Leu Gln Arg Leu Ala Tyr Ile Asn Thr Ile
740 745 750

Val Tyr Pro Phe Thr Ser Leu Pro Leu Val Ala Tyr Cys Thr Leu Pro
755 760 765

Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Ile Pro Thr Leu Ser Asn
770 775 780

Leu Ala Ser Ala Leu Phe Leu Gly Leu Phe Leu Ser Ile Ile Val Thr
785 790 795 800

Ser Val Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Thr Ile Glu Ala Leu Trp

805 810 815

Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe
820 825 830

Ala Val Phe Gln Gly Phe Leu Lys Met Leu Ala Gly Val Asp Thr Asn
835 840 845

Phe Thr Val Thr Ala Lys Ala Ala Asp Asp Thr Glu Phe Gly Glu Leu
850 855 860

Tyr Ile Ile Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Ile
865 870 875 880

Ile Ile Asn Ile Val Gly Val Val Ala Gly Phe Ser Asp Ala Leu Asn
885 890 895

Gly Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Val Phe Phe Ala
900 905 910

Phe Trp Val Ile Phe His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly
915 920 925

Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Leu Trp Ser Val Leu Leu
930 935 940

Ala Ser Val Phe Ser Leu Val Trp Val Lys Ile Asn Pro Phe Ile Ser
945 950 955 960

Arg Pro Asp Ser Ala Ser Ile Ser Gln Thr Cys Ile Ser Ile Asp Cys
965 970 975

<210> 37
<211> 1039
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 37

Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1 5 10 15

Leu Val Val Ile His Gly His Glu Glu Pro Lys Ala Leu Lys Asn Leu
20 25 30

Asp Gly Gln Val Cys Glu Ile Cys Gly Asp Gly Val Gly Leu Thr Val
35 40 45

Asp Gly Asp Leu Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Gly Phe Pro Val Cys
50 55 60

Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Ser Gln Leu Cys Pro
65 70 75 80

Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Ser Pro Arg Val Glu
85 90 95

Gly Asp Asp Asp Glu Glu Asp Val Asp Asp Ile Glu His Glu Phe Asn
100 105 110

Ile Asp Glu Gln Thr Asn Lys His Gly Gln Val Ala Glu Ala Met Leu
115 120 125

His Gly Lys Met Ser Tyr Gly Arg Gly Pro Glu Asp Asp Glu Asn Ser

```
    130                 135                 140

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

Gly Glu Phe Pro Leu Ser Ser Asn Val Tyr Gly Asp Gln Met Leu Ser
                165                 170                 175

Ser Ser Leu His Lys Arg Val His Pro Tyr Pro Val Ser Glu Pro Gly
            180                 185                 190

Ser Ala Arg Trp Asp Glu Lys Lys Glu Asp Gly Trp Lys Asp Arg Met
        195                 200                 205

Asp Asp Trp Lys Leu Gln Gln Gly Asn Leu Gly Pro Glu Pro Asp Glu
    210                 215                 220

Asp Pro Asp Ala Ala Met Leu Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg
225                 230                 235                 240

Lys Val Pro Ile Ala Ser Ser Lys Ile Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile
                245                 250                 255

Val Ala Arg Leu Val Ile Leu Ala Phe Phe Leu Arg Tyr Arg Leu Met
            260                 265                 270

Asn Pro Val His Asp Ala Leu Gly Leu Trp Leu Thr Ser Ile Ile Cys
        275                 280                 285

Glu Ile Trp Phe Ala Phe Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp
    290                 295                 300

Phe Pro Ile Asp Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Ile Arg Tyr
305                 310                 315                 320

Glu Arg Glu Gly Glu Pro Asn Met Leu Ala Pro Val Asp Val Phe Val
                325                 330                 335

Ser Thr Val Asp Pro Met Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr
            340                 345                 350

Val Leu Ser Ile Leu Ala Met Asp Tyr Pro Val Asp Lys Ile Ser Cys
        355                 360                 365

Tyr Ile Ser Asp Asp Gly Ala Ser Met Cys Thr Phe Glu Ser Leu Ser
    370                 375                 380

Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe
385                 390                 395                 400

Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Met Tyr Phe Ser Glu Lys Ile Asp
                405                 410                 415

Tyr Leu Lys Asp Lys Val Gln Pro Thr Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala
            420                 425                 430

Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val
        435                 440                 445

Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Gln Gly Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly
    450                 455                 460

Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Lys Asp His Pro Gly Met Ile Gln
465                 470                 475                 480
```

```
Val Phe Leu Gly Ser Ser Gly Gly Leu Asp Thr Glu Gly Asn Gln Leu
                485                 490                 495

Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His
            500                 505                 510

His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val
        515                 520                 525

Leu Thr Asn Ala Pro Phe Met Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Val
    530                 535                 540

Asn Asn Ser Lys Ala Ala Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro
545                 550                 555                 560

Gln Thr Gly Lys Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp
                565                 570                 575

Gly Ile Asp Thr His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe
            580                 585                 590

Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val
        595                 600                 605

Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asn Pro
    610                 615                 620

Pro Lys Gly Pro Lys Arg Pro Lys Met Val Ser Cys Asp Cys Cys Pro
625                 630                 635                 640

Cys Phe Gly Ser Arg Lys Lys Tyr Lys Glu Lys Ser Asn Ala Asn Gly
                645                 650                 655

Glu Ala Ala Arg Leu Lys Gly Met Asp Asp Asp Lys Glu Val Leu Met
            660                 665                 670

Ser Gln Met Asn Phe Asp Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ser Ile Phe Val
        675                 680                 685

Thr Ser Thr Leu Met Glu Glu Gly Gly Val Pro Pro Ser Ser Ser Pro
    690                 695                 700

Ala Ala Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu
705                 710                 715                 720

Asp Lys Thr Glu Trp Gly Leu Glu Leu Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Ile
                725                 730                 735

Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys Arg Gly Trp Arg
            740                 745                 750

Ser Ile Tyr Cys Met Pro Lys Arg Ala Ala Phe Lys Gly Thr Ala Pro
        755                 760                 765

Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly
    770                 775                 780

Ser Ile Glu Ile Phe Phe Ser His His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Phe
785                 790                 795                 800

Lys Glu Lys Lys Leu Lys Trp Leu Glu Arg Phe Ala Tyr Ala Asn Thr
                805                 810                 815
```

```
Thr Val Tyr Pro Phe Thr Ser Ile Pro Leu Val Ala Tyr Cys Ile Leu
            820                 825                 830

Pro Ala Val Cys Leu Leu Thr Asp Lys Phe Ile Met Pro Pro Ile Ser
        835                 840                 845

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

Thr Gly Ile Leu Glu Leu Lys Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu Glu Trp
865                 870                 875                 880

Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu
                885                 890                 895

Phe Ala Val Ile Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr
            900                 905                 910

Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Thr Asp Asp Glu Glu Phe Gly Glu
        915                 920                 925

Leu Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Ile
    930                 935                 940

Leu Ile Ile Asn Ile Val Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Asp Ala Ile
945                 950                 955                 960

Asn Asn Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe
                965                 970                 975

Ser Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met
            980                 985                 990

Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr  Ile Val Val Ile Trp  Ser Val Leu
        995                 1000                1005

Leu Ala  Ser Ile Phe Ser Leu  Leu Trp Val Arg Ile  Asp Pro Phe
    1010                1015                1020

Val Leu  Lys Asn Lys Gly Pro  Asp Thr Lys Leu Cys  Gly Ile Asn
    1025                1030                1035

Cys
```

<210> 38
<211> 1097
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 38

```
Met His Thr Gly Gly Arg Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1               5                   10                  15

Phe Val Leu Ile Asn Ala Asp Glu Asn Gly Arg Ile Lys Ser Val Arg
            20                  25                  30

Glu Leu Ser Gly Gln Ile Cys Gln Ile Cys Gly Asp Glu Ile Glu Ile
        35                  40                  45

Thr Val Asp Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro
    50                  55                  60
```

```
Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Asn Gln Ala
65                  70                  75                  80

Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Ile Lys Gly Ser Pro Arg
                85                  90                  95

Val Glu Gly Asp Glu Glu Glu Asp Asp Thr Asp Asp Leu Asp Asn Glu
            100                 105                 110

Phe Asp Tyr Gly Asp Ile Asp Ala Leu Gly Pro Gln Pro Met Ser Glu
        115                 120                 125

Ser Leu Tyr Ser Gly Arg Pro Asn Thr Gly Arg Gly Ala Asn Asn Gly
    130                 135                 140

Ser Gly Leu Ala Thr Asn Leu Glu His Gly Ser Ser Ala Leu Asn Ser
145                 150                 155                 160

Asp Ile Pro Leu Leu Thr Tyr Gly Glu Glu Asp Pro Glu Ile Ser Ser
                165                 170                 175

Asp Arg His Ala Leu Ile Val Pro Pro Tyr Val Asn His Gly Ser Arg
            180                 185                 190

Val His Pro Met Pro Tyr Thr Asp Pro Ser Ile Pro Leu Gln Pro Arg
        195                 200                 205

Pro Met Val Pro Lys Lys Asp Ile Ala Val Tyr Gly Tyr Gly Ser Val
    210                 215                 220

Ala Trp Lys Asp Arg Met Glu Asp Trp Lys Lys Arg Gln Ser Asp Lys
225                 230                 235                 240

Leu Gln Val Val Lys His Glu Gly Ser Asn Asp Gly Asn Phe Gly Asp
                245                 250                 255

Asp Phe Glu Asp Pro Asp Leu Pro Met Met Asp Glu Gly Arg Gln Pro
            260                 265                 270

Leu Ser Arg Lys Leu Pro Ile Pro Ser Ser Lys Ile Asn Pro Tyr Arg
        275                 280                 285

Met Ile Ile Ile Leu Arg Leu Val Val Leu Gly Leu Phe Phe His Tyr
    290                 295                 300

Arg Ile Leu His Pro Val Asn Asp Ala Tyr Gly Leu Trp Leu Thr Ser
305                 310                 315                 320

Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Val Ser Trp Ile Met Asp Gln Phe
                325                 330                 335

Pro Lys Trp Tyr Pro Ile Gln Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser
            340                 345                 350

Leu Arg Tyr Glu Lys Glu Gly Lys Pro Ser Glu Leu Ser Ser Val Asp
        355                 360                 365

Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr
    370                 375                 380

Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys
385                 390                 395                 400

Val Ala Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu
```

405 410 415

Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Arg Trp Val Pro Phe Cys
420 425 430

Lys Lys Tyr Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Gly Gln
435 440 445

Lys Met Asp Tyr Leu Lys Asn Lys Val His Pro Ala Phe Val Arg Glu
450 455 460

Arg Arg Ala Met Lys Arg Asp Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn
465 470 475 480

Ser Leu Val Ala Thr Ala Gln Lys Val Pro Glu Asp Gly Trp Thr Met
485 490 495

Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Val Arg Asp His Pro Gly
500 505 510

Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Asp Gly Val Arg Asp Val Glu Gly
515 520 525

Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly
530 535 540

Phe Asp His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Ala
545 550 555 560

Ser Ala Ile Ile Thr Asn Ala Pro Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp
565 570 575

His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met
580 585 590

Met Asp Pro Gln Leu Gly Lys Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln
595 600 605

Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr Ser Asn Arg Asn Val
610 615 620

Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro
625 630 635 640

Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Tyr Ala Leu Tyr Gly
645 650 655

Tyr Asp Ala Pro Ala Lys Lys Lys Pro Pro Ser Lys Thr Cys Asn Cys
660 665 670

Trp Pro Lys Trp Cys Cys Leu Cys Cys Gly Ser Arg Lys Lys Lys Asn
675 680 685

Ala Asn Ser Lys Lys Glu Lys Lys Arg Lys Val Lys His Ser Glu Ala
690 695 700

Ser Lys Gln Ile His Ala Leu Glu Asn Ile Glu Ala Gly Asn Glu Gly
705 710 715 720

Thr Asn Asn Glu Lys Thr Ser Asn Leu Thr Gln Thr Lys Leu Glu Lys
725 730 735

Arg Phe Gly Gln Ser Pro Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Leu Asp Asp
740 745 750

```
Gly Gly Val Pro His Gly Val Ser Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala
        755                 760                 765

Ile Gln Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys
    770                 775                 780

Glu Val Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly
785                 790                 795                 800

Phe Lys Met His Cys His Gly Trp Arg Ser Val Tyr Cys Ile Pro Lys
                805                 810                 815

Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu
            820                 825                 830

His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser
        835                 840                 845

Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Leu Leu
    850                 855                 860

Glu Arg Phe Ser Tyr Ile Asn Ser Val Val Tyr Pro Trp Thr Ser Leu
865                 870                 875                 880

Pro Leu Leu Val Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly
                885                 890                 895

Lys Phe Ile Val Pro Glu Ile Ser Asn Tyr Ala Ser Leu Val Phe Met
            900                 905                 910

Ala Leu Phe Ile Ser Ile Ala Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Gln Trp
        915                 920                 925

Gly Gly Val Ser Ile Asp Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val
    930                 935                 940

Ile Gly Gly Val Ser Ser His Leu Phe Ala Leu Phe Gln Gly Leu Leu
945                 950                 955                 960

Lys Val Leu Ala Gly Val Asn Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala
                965                 970                 975

Ala Asp Asp Gly Glu Phe Ser Glu Leu Tyr Ile Phe Lys Trp Thr Ser
            980                 985                 990

Leu Leu Ile Pro Pro Met Thr Leu  Leu Ile Met Asn Ile  Val Gly Val
        995                 1000                1005

Val Val  Gly Ile Ser Asp Ala  Ile Asn Asn Gly Tyr  Asp Ser Trp
    1010                1015                1020

Gly Pro  Leu Phe Gly Arg Leu  Phe Phe Ala Leu Trp  Val Ile Leu
    1025                1030                1035

His Leu  Tyr Pro Phe Leu Lys  Gly Leu Leu Gly Lys  Gln Asp Arg
    1040                1045                1050

Met Pro  Thr Ile Ile Leu Val  Trp Ser Ile Leu Leu  Ala Ser Ile
    1055                1060                1065

Leu Thr  Leu Met Trp Val Arg  Ile Asn Pro Phe Val  Ser Arg Asp
    1070                1075                1080
```

Gly Pro Val Leu Glu Ile Cys Gly Leu Asn Cys Asp Glu Ser
1085 1090 1095

<210> 39
<211> 989
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 39

Met Val Gln Ser Ser Val Pro Leu Cys Asn Thr Cys Gly Glu Gln Val
1 5 10 15

Gly Leu Asn Asp Asn Gly Glu Val Phe Val Ala Cys His Glu Cys Asn
20 25 30

Phe Pro Ile Cys Lys Asp Cys Phe Glu His Glu Ile Asn Glu Asp His
35 40 45

Arg Val Cys Met Arg Cys Gly Thr Pro Tyr Glu Glu Arg Thr Lys Glu
50 55 60

Glu Asp Asp Phe His Glu Ile Lys Val His Glu Asn Glu Asp Asp Asp
65 70 75 80

Phe His Glu Ile Lys Val His Glu Asn Gln Ser Ala Thr Pro Ser Glu
85 90 95

Ile Ser Asn Ser Gln Asp Val Gly Leu His Ala Arg His Val Ser Thr
100 105 110

Val Ser Ala Val Asp Ser Glu Val Asn Glu Glu Ser Gly Lys Ser Ile
115 120 125

Trp Lys Asn Arg Val Glu Ser Trp Lys Gly Lys Asp Lys Lys Asn Lys
130 135 140

Lys Lys Lys Ser Ala Pro Lys Glu Glu Lys Glu Ala Ser Ile Pro Pro
145 150 155 160

Glu Gln Gln Met Glu Glu Thr Arg Pro Ala Glu Ala Ala Ala Ala Pro
165 170 175

Leu Ser Val Val Ile Pro Met Ser Lys Ser Lys Ile Ala Pro Tyr Arg
180 185 190

Thr Val Ile Ile Met Arg Leu Ile Ile Leu Gly Leu Phe Phe His Tyr
195 200 205

Arg Val Thr Asn Pro Val Glu Ser Ala Phe Pro Leu Trp Leu Thr Ser
210 215 220

Ile Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Phe Ser Trp Val Leu Asp Gln Phe
225 230 235 240

Pro Lys Trp Ser Pro Ile Asn Arg Gln Thr Phe Ile Asp Asn Leu Ser
245 250 255

Ala Arg Phe Glu Arg Glu Gly Glu Pro Asn Glu Leu Ala Ala Val Asp
260 265 270

Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr
275 280 285

```
Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys
    290                 295                 300

Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu
305                 310                 315                 320

Ser Leu Val Glu Thr Ala Asp Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys
                325                 330                 335

Lys Lys Phe Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Ser Gln
            340                 345                 350

Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Gln Pro Ser Phe Val Lys Glu
        355                 360                 365

Arg Arg Ala Met Lys Arg Asp Tyr Glu Glu Tyr Lys Val Arg Val Asn
    370                 375                 380

Ala Met Val Ala Lys Ala Gln Lys Thr Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met
385                 390                 395                 400

Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Ser Arg Asp His Pro Gly
                405                 410                 415

Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Thr Gly Ala Arg Asp Ile Glu Gly
            420                 425                 430

Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly
        435                 440                 445

Tyr Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Glu Asn Ala Leu Val Arg Val
    450                 455                 460

Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Phe Ile Leu Asn Leu Asp Cys Asp
465                 470                 475                 480

His Tyr Val Asn Asn Ser Lys Ala Val Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu
                485                 490                 495

Met Asp Pro Glu Val Gly Arg Asp Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln
            500                 505                 510

Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Ser Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr
        515                 520                 525

Val Phe Phe Asp Val Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro
    530                 535                 540

Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly
545                 550                 555                 560

Tyr Ser Pro Pro Ser Met Pro Ser Val Pro Arg Ser Ser Cys Cys Cys
                565                 570                 575

Phe Pro Ser Lys Lys Ser Thr Asn Asp Val Ser Asp Phe Gln Arg Asn
            580                 585                 590

Ala Lys Arg Glu Glu Leu Glu Ala Ala Ile Phe Asn Leu Lys Glu Leu
        595                 600                 605

Asp Asn Tyr Asp Glu His Glu Arg Ser Met Leu Ile Ser Gln Met Ser
    610                 615                 620

Phe Glu Lys Thr Phe Gly Leu Ser Thr Val Phe Ile Glu Ser Thr Leu
```

625 630 635 640

Met Glu Asn Gly Gly Val Pro Glu Ser Ala Asp Pro Ser Met Leu Ile
645 650 655

Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Glu Lys Thr Leu
660 665 670

Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile
675 680 685

Leu Ser Gly Phe Lys Met Gln Cys Arg Gly Trp Lys Ser Ile Tyr Cys
690 695 700

Met Pro Leu Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser
705 710 715 720

Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Ile Glu Ile
725 730 735

Phe Leu Ser Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Phe Ser Gly Gly Arg
740 745 750

Leu Lys Trp Leu Gln Arg Met Ala Tyr Ile Asn Thr Ile Val Tyr Pro
755 760 765

Phe Thr Ser Leu Pro Leu Ile Ala Tyr Cys Ser Leu Pro Ala Ile Cys
770 775 780

Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Ile Pro Thr Leu Ser Asn Val Ala Ser
785 790 795 800

Val Leu Phe Leu Gly Leu Phe Leu Ser Ile Ile Ile Thr Ser Val Leu
805 810 815

Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu Asp Leu Trp Arg Asn Glu
820 825 830

Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe
835 840 845

Gln Gly Leu Leu Lys Met Leu Ala Gly Val Asp Thr Asn Phe Thr Val
850 855 860

Thr Ala Lys Ala Ala Glu Asp Ser Glu Phe Gly Glu Leu Tyr Leu Val
865 870 875 880

Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Ile Val Val Asn
885 890 895

Met Val Gly Val Val Ala Gly Phe Ser Asp Ala Leu Asn Gly Gly Tyr
900 905 910

Glu Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Val Phe Phe Ala Phe Trp Val
915 920 925

Ile Phe His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn
930 935 940

Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile Leu Trp Ser Val Leu Leu Ala Ser Val
945 950 955 960

Phe Ser Leu Ile Trp Val Lys Ile Asn Pro Phe Val Asn Thr Val Asp
965 970 975

Ser Glu Thr Ile Ala Glu Thr Cys Ile Ala Ile Asp Cys
980 985

<210> 40
<211> 1033
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 40

Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1 5 10 15

Leu Val Val Ile His Gly His Glu Glu His Lys Pro Leu Lys Asn Leu
20 25 30

Asp Gly Gln Val Cys Glu Ile Cys Gly Asp Asp Val Gly Leu Thr Val
35 40 45

Asp Gly Asp Leu Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Gly Phe Pro Ala Cys
50 55 60

Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Arg Gln Val Cys Pro
65 70 75 80

Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Ser Pro Arg Val Glu
85 90 95

Gly Asp Asp Glu Glu Glu Asp Val Asp Asp Ile Glu His Glu Phe Asn
100 105 110

Ile Glu Glu Gln Lys Lys His Asn His Ser Ala Glu Ala Met Leu His
115 120 125

Gly Lys Met Ser Tyr Gly Arg Gly Pro Glu Asp Asp Glu Asn Ala Gln
130 135 140

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

Phe Pro Ile Ala Ser His Tyr Gly Asp Gln Met Leu Ala Ser Ser Leu
165 170 175

Gln Asn Arg Val His Pro Tyr Pro Ala Ser Asp Pro Arg Asn Gly Lys
180 185 190

Trp Asp Glu Ala Lys Glu Asp Arg Met Asp Asp Trp Lys Leu Gln Gln
195 200 205

Gly Asn Leu Gly Pro Glu Pro Asp Glu Asp Pro Asp Ala Ala Met Leu
210 215 220

Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile Ala Ser Ser
225 230 235 240

Lys Val Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Val Ala Arg Leu Val Ile Leu
245 250 255

Ala Phe Phe Leu Arg Tyr Arg Leu Met Asn Pro Val His Asp Ala Leu
260 265 270

Gly Leu Trp Leu Thr Ser Ile Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Phe Ser
275 280 285

```
Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Tyr Pro Ile Asp Arg Glu Thr
    290                 295                 300

Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Ile Arg Tyr Glu Arg Glu Gly Glu Pro Asn
305                 310                 315                 320

Met Leu Ala Pro Val Asp Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met Lys
                325                 330                 335

Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Met
            340                 345                 350

Asp Tyr Pro Val Ala Lys Ile Ser Cys Tyr Ile Ser Asp Asp Gly Ala
        355                 360                 365

Ser Met Cys Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg
    370                 375                 380

Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro
385                 390                 395                 400

Glu Met Tyr Phe Ser Glu Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Gln
                405                 410                 415

Pro Thr Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu
            420                 425                 430

Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro
        435                 440                 445

Gln Gly Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn
    450                 455                 460

Thr Lys Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly
465                 470                 475                 480

Gly His Asp Thr Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser
                485                 490                 495

Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met
            500                 505                 510

Asn Ala Leu Ile Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Phe Met
        515                 520                 525

Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Val Asn Asn Ser Lys Ala Ala Arg
    530                 535                 540

Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro Gln Thr Gly Lys Lys Val Cys
545                 550                 555                 560

Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg
                565                 570                 575

Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu
            580                 585                 590

Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ala Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg
        595                 600                 605

Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asn Pro Pro Lys Gly Pro Lys Arg Pro
    610                 615                 620
```

```
Lys Met Val Ser Cys Asp Cys Cys Pro Cys Phe Gly Lys Arg Lys Lys
625                 630                 635                 640

Val Lys Tyr Glu Gly Asn Asp Ala Asn Gly Glu Ala Ala Ser Leu Arg
                645                 650                 655

Gly Val Asp Asp Asp Lys Glu Val Leu Met Ser Gln Met Asn Phe Glu
            660                 665                 670

Lys Lys Phe Gly Gln Ser Ser Ile Phe Val Thr Ser Thr Leu Met Glu
        675                 680                 685

Glu Gly Gly Val Pro Pro Ser Ala Ser Ser Ala Ser Gln Leu Lys Glu
    690                 695                 700

Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly
705                 710                 715                 720

Ile Glu Leu Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Ile Thr Glu Asp Ile Leu Thr
                725                 730                 735

Gly Phe Lys Met His Cys Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro
            740                 745                 750

Lys Arg Ala Ala Phe Lys Gly Thr Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg
        755                 760                 765

Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Ile Glu Ile Phe Phe
    770                 775                 780

Ser Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Lys Glu Gly Lys Leu Lys
785                 790                 795                 800

Trp Leu Glu Arg Phe Ala Tyr Ala Asn Thr Thr Val Tyr Pro Phe Thr
                805                 810                 815

Ser Ile Pro Leu Val Ala Tyr Cys Val Leu Pro Ala Val Cys Leu Leu
            820                 825                 830

Thr Asp Lys Phe Ile Met Pro Pro Ile Ser Thr Phe Ala Gly Leu Tyr
        835                 840                 845

Phe Val Ala Leu Phe Ser Ser Ile Ile Ala Thr Gly Leu Leu Glu Leu
    850                 855                 860

Lys Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe
865                 870                 875                 880

Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val Ile Gln Gly
                885                 890                 895

Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser
            900                 905                 910

Lys Ala Ala Asp Asp Glu Glu Phe Gly Glu Leu Tyr Thr Phe Lys Trp
        915                 920                 925

Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Ile Leu Ile Ile Asn Ile Val
    930                 935                 940

Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Asp Ala Ile Asn Asn Gly Tyr Gln Ser
945                 950                 955                 960

Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ser Phe Trp Val Ile Val
```

965 970 975

His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr
980 985 990

Pro Thr Ile Val Val Ile Trp Ser Val Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser
995 1000 1005

Leu Leu Trp Val Arg Ile Asp Pro Phe Val Leu Lys Thr Lys Gly
1010 1015 1020

Pro Asp Thr Lys Leu Cys Gly Ile Asn Cys
1025 1030

<210> 41
<211> 1080
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 41

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

Ala Gln Val Cys Gln Ile Cys Ser Asp Gly Val Gly Lys Thr Val Asp
20 25 30

Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asp Val Cys Ala Phe Pro Val Cys Arg
35 40 45

Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Asn Gln Ser Cys Pro Gln
50 55 60

Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser Pro Ala Ile Leu Gly
65 70 75 80

Asp Met Glu Glu Asp Gly Ala Pro Ala Ala Asp Gly Ala Ser Asp Phe
85 90 95

Asn Tyr Asp Ser Glu Asn Gln Asn Gln Asn Gln Asn Gln Lys Gln Lys
100 105 110

Ile Ser Glu Arg Met Leu Ser Trp Gln Leu Thr Tyr Ser Arg Gly Glu
115 120 125

Glu Val Gly Ala Pro Asn Tyr Asp Lys Asp Val Ser His Asn His Ile
130 135 140

Pro Leu Leu Thr Ser Gly Gln Glu Val Ser Gly Glu Leu Ser Ala Ala
145 150 155 160

Ser Pro Glu Arg Leu Ser Met Ala Ser Pro Ala Val Gly Gly Gly Lys
165 170 175

Arg Val His Asn Ile Pro Tyr Ser Ser Asp Ile Asn Gln Ser Pro Asn
180 185 190

Ile Arg Ala Gly Asp Pro Gly Leu Gly Asn Val Ala Trp Lys Glu Arg
195 200 205

Val Asp Gly Trp Lys Met Lys Gln Glu Lys Asn Val Val Pro Met Ser
210 215 220

Thr Gly Leu Ala Ala Ser Glu Arg Gly Ala Gly Asp Val Asp Ala Ser

225 230 235 240

Thr Asp Val Leu Val Asp Asp Ser Leu Leu Asn Asp Glu Ala Arg Gln
245 250 255

Pro Leu Ser Arg Lys Val Ser Ile Pro Ser Ser Arg Ile Asn Pro Tyr
260 265 270

Arg Met Val Ile Met Leu Arg Leu Val Ile Leu Cys Ile Phe Leu His
275 280 285

Tyr Arg Ile Thr Asn Pro Val Pro Asn Ala Tyr Pro Leu Trp Leu Val
290 295 300

Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Ile Ser Trp Ile Leu Asp Gln
305 310 315 320

Phe Pro Lys Trp Leu Pro Val Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu
325 330 335

Ala Leu Arg Tyr Asp Gln Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Ala Val
340 345 350

Asp Ile Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Val
355 360 365

Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp
370 375 380

Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe
385 390 395 400

Glu Ala Leu Ala Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe
405 410 415

Ser Lys Lys Tyr Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Ala
420 425 430

Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val His Pro Ser Phe Val Lys
435 440 445

Asp Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Val
450 455 460

Asn Gly Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Val
465 470 475 480

Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Ile Arg Asp His Pro
485 490 495

Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Ser Gly Gly Leu Asp Thr Glu
500 505 510

Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro
515 520 525

Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg
530 535 540

Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Pro Phe Leu Leu Asn Leu Asp Cys
545 550 555 560

Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe
565 570 575

```
Met Met Asp Pro Asn Leu Gly Lys His Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro
            580                 585                 590

Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn
        595                 600                 605

Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Leu Arg Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly
    610                 615                 620

Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Thr Ala Leu Tyr
625                 630                 635                 640

Gly Tyr Glu Pro Pro Leu Lys Pro Lys His Lys Lys Pro Gly Leu Leu
                645                 650                 655

Ser Ser Leu Cys Gly Gly Asn Arg Lys Lys Ser Ser Lys Ser Ser Lys
            660                 665                 670

Lys Gly Thr Asp Lys Lys Lys Ser Asn Lys His Val Asp Pro Thr Val
        675                 680                 685

Pro Ile Phe Asn Leu Glu Asp Ile Glu Glu Gly Val Glu Gly Thr Gly
    690                 695                 700

Phe Asp Asp Glu Lys Ser Leu Leu Met Ser Gln Met Ser Leu Glu Lys
705                 710                 715                 720

Arg Phe Gly Gln Ser Ala Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Met Glu Asn
                725                 730                 735

Gly Gly Val Pro Gln Ser Ala Thr Pro Glu Thr Leu Leu Lys Glu Ala
            740                 745                 750

Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Asp Trp Gly Ser
        755                 760                 765

Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly
    770                 775                 780

Phe Lys Met His Ala Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Lys
785                 790                 795                 800

Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu
                805                 810                 815

Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Phe Ser
            820                 825                 830

Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Arg Leu Lys Trp Leu
        835                 840                 845

Glu Arg Phe Ala Tyr Val Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Val Thr Ala Ile
    850                 855                 860

Pro Leu Leu Ile Tyr Cys Ile Leu Pro Ala Val Cys Leu Leu Thr Asn
865                 870                 875                 880

Lys Phe Ile Ile Pro Gln Ile Ser Asn Leu Ala Ser Ile Trp Phe Ile
                885                 890                 895

Ser Leu Phe Leu Ser Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp
            900                 905                 910
```

```
Ser Gly Val Gly Ile Asp Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val
        915                 920                 925

Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu
    930                 935                 940

Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala
945                 950                 955                 960

Ser Asp Glu Asp Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Met Phe Lys Trp Thr
                965                 970                 975

Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Leu Ile Ile Asn Met Ile Gly
            980                 985                 990

Val Val Ala Gly Ile Ser Tyr Ala  Ile Asn Ser Gly Tyr  Gln Ser Trp
        995                 1000                1005

Gly Pro  Leu Phe Gly Lys Leu  Phe Phe Ala Phe Trp  Val Ile Ile
    1010                1015                1020

His Leu  Tyr Pro Phe Leu Lys  Gly Leu Met Gly Arg  Gln Asn Arg
    1025                1030                1035

Thr Pro  Thr Ile Val Val Val  Trp Ser Ile Leu Leu  Ala Ser Ile
    1040                1045                1050

Phe Ser  Leu Leu Trp Val Arg  Ile Asp Pro Phe Thr  Thr Arg Val
    1055                1060                1065

Thr Gly  Pro Asp Val Glu Glu  Cys Gly Ile Asn Cys
    1070                1075                1080
```

<210> 42
<211> 958
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 42

```
Met Val Gln Ser Ser Val Pro Leu Cys Asn Thr Cys Gly Glu Gln Val
1               5                   10                  15

Gly Leu Asn Ala Asn Gly Glu Val Phe Val Ala Cys His Glu Cys Asn
            20                  25                  30

Phe Pro Ile Cys Lys Asp Cys Phe Glu His Glu Ile Asn Glu Asp His
        35                  40                  45

Arg Val Cys Met Arg Cys Gly Thr Pro His Glu Glu Arg Thr Lys Glu
    50                  55                  60

Glu Glu Glu Asp Phe His Glu Ile Lys Val His Glu Asn Glu Asp Asp
65                  70                  75                  80

Asp Phe His Glu Ile Lys Val His Glu Asn Gln Ser Thr Thr Pro Phe
                85                  90                  95

Gln Ile Asn Asn Ser Gln Asp Val Gly Leu His Ala Arg His Val Ser
            100                 105                 110

Thr Val Ser Thr Val Asp Ser Val Glu Ser Trp Lys Glu Lys Asp Lys
        115                 120                 125
```

```
Lys Asn Lys Lys Lys Lys Ala Ala Pro Lys Glu Glu Lys Asp Ala Ser
    130                 135                 140

Ile Pro Pro Glu Gln Gln Met Glu Glu Thr Arg Pro Thr Glu Ala Ala
145                 150                 155                 160

Ala Ala Ala Pro Leu Ser Val Val Ile Pro Met Ser Lys Ser Lys Ile
                165                 170                 175

Ala Pro Tyr Arg Thr Val Ile Ile Met Arg Leu Ile Ile Leu Gly Leu
            180                 185                 190

Phe Phe His Tyr Arg Val Thr Asn Pro Val Glu Ser Ala Phe Pro Leu
        195                 200                 205

Trp Leu Thr Ser Ile Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Phe Ser Trp Val
    210                 215                 220

Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Ser Pro Ile Asn Arg Gln Thr Phe Ile
225                 230                 235                 240

Asp Asn Leu Ser Ala Arg Phe Glu Arg Glu Gly Glu Pro Asn Glu Leu
                245                 250                 255

Ala Ala Val Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro
            260                 265                 270

Pro Leu Ile Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr
        275                 280                 285

Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met
    290                 295                 300

Leu Thr Phe Glu Ser Leu Val Glu Thr Ala Asp Phe Ala Arg Lys Trp
305                 310                 315                 320

Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe
                325                 330                 335

Tyr Phe Ser Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Gln Pro Ser
            340                 345                 350

Phe Val Lys Glu Pro Arg Ala Met Arg Asp Tyr Glu Glu Tyr Lys Val
        355                 360                 365

Arg Val Asn Ala Met Val Ala Lys Ala Gln Lys Thr Pro Glu Glu Gly
    370                 375                 380

Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Ser Arg Asp
385                 390                 395                 400

His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Thr Gly Ala Arg Asp
                405                 410                 415

Ile Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys
            420                 425                 430

Arg Pro Gly Tyr Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Glu Asn Ala Leu
        435                 440                 445

Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Phe Ile Leu Asn Leu
    450                 455                 460

Asp Cys Asp His Tyr Val Asn Asn Ser Lys Ala Val Arg Glu Ala Met
```

```
465                 470                 475                 480

Cys Phe Leu Met Asp Pro Glu Val Gly Arg Asp Val Cys Tyr Val Gln
                485                 490                 495

Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Ser Asp Arg Tyr Ala Asn
            500                 505                 510

Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Val Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile
        515                 520                 525

Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Gln Ala
    530                 535                 540

Leu Tyr Gly Tyr Ser Pro Pro Ser Met Pro Ser Leu Pro Arg Ser Ser
545                 550                 555                 560

Cys Cys Cys Phe Pro Ser Lys Lys Ser Thr Asn Asp Val Ser Asp Phe
                565                 570                 575

Gln Arg Asn Ala Lys Arg Glu Glu Leu Glu Ala Ala Ile Phe Asn Leu
            580                 585                 590

Lys Glu Leu Asp Asn Tyr Asp Glu His Glu Arg Ser Met Leu Ile Ser
        595                 600                 605

Gln Met Ser Phe Glu Lys Thr Phe Gly Leu Ser Thr Val Phe Ile Glu
    610                 615                 620

Ser Thr Leu Met Glu Asn Gly Gly Val Pro Glu Ala Ala Asp Pro Ser
625                 630                 635                 640

Met Leu Ile Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Glu
                645                 650                 655

Lys Thr Leu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr
            660                 665                 670

Glu Asp Ile Leu Ser Gly Phe Lys Met Gln Cys Arg Gly Trp Lys Ser
        675                 680                 685

Ile Tyr Cys Met Pro Leu Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile
    690                 695                 700

Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser
705                 710                 715                 720

Ile Glu Ile Phe Leu Ser Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Phe Ser
                725                 730                 735

Gly Gly Arg Leu Lys Trp Leu Gln Arg Met Ala Tyr Ile Asn Thr Ile
            740                 745                 750

Val Tyr Pro Phe Thr Ser Leu Pro Leu Val Ala Tyr Cys Ser Leu Pro
        755                 760                 765

Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Ile Pro Thr Leu Ser Asn
    770                 775                 780

Val Ala Ser Val Leu Phe Leu Gly Leu Phe Leu Ser Ile Ile Ile Thr
785                 790                 795                 800

Ser Val Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu Asp Leu Trp
                805                 810                 815
```

Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe
820 825 830

Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Met Leu Ala Gly Val Asp Thr Asn
835 840 845

Phe Thr Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu Ile Ile Val
850 855 860

Asn Met Val Gly Val Val Ala Gly Phe Ser Asp Ala Leu Asn Gly Gly
865 870 875 880

Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Val Phe Phe Ala Phe Trp
885 890 895

Val Ile Phe His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln
900 905 910

Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Val Leu Trp Ser Val Leu Leu Ala Ser
915 920 925

Val Phe Ser Leu Val Trp Val Lys Ile Asn Pro Phe Val Asn Thr Val
930 935 940

Asp Ser Glu Thr Ile Ala Glu Thr Cys Ile Ala Ile Asp Cys
945 950 955

<210> 43
<211> 1097
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 43

Met His Thr Gly Gly Arg Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1 5 10 15

Phe Val Leu Ile Asn Ala Asp Asp Asn Gly Arg Ile Lys Ser Val Arg
20 25 30

Glu Leu Ser Gly Gln Ile Cys Gln Ile Cys Gly Asp Glu Ile Glu Ile
35 40 45

Thr Val Asp Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro
50 55 60

Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Ile Gln Ala
65 70 75 80

Cys Pro Gln Cys Asn Thr Arg Tyr Lys Arg Ile Lys Gly Ser Pro Arg
85 90 95

Val Glu Gly Asp Glu Glu Glu Asp Asp Thr Asp Asp Leu Asp Asn Glu
100 105 110

Phe Asp Tyr Gly Asp Val Asp Ala Leu Gly Pro Gln Pro Met Ser Glu
115 120 125

Ser Leu Tyr Ser Gly Arg Pro Asn Thr Gly Arg Gly Ala Asn Asn Gly
130 135 140

Ser Gly Met Ala Thr Asn Leu Glu His Gly Ser Ala Pro Gln Asn Ser
145 150 155 160

```
Asp Ile Pro Leu Leu Thr Tyr Gly Glu Glu Asp Pro Glu Ile Ser Ser
                165                 170                 175

Asn Ser His Ala Leu Ile Val Pro Ser His Met Asn His Gly Asn Arg
            180                 185                 190

Val His Pro Met Pro Tyr Asn Asp Pro Ser Ile Pro Leu Gln Pro Arg
        195                 200                 205

Pro Met Ala Pro Lys Lys Asp Ile Ala Val Tyr Gly Tyr Gly Ser Val
    210                 215                 220

Ala Trp Lys Asp Arg Met Glu Glu Trp Lys Lys Arg Gln Ser Asp Lys
225                 230                 235                 240

Leu Gln Val Val Lys His Glu Gly Ser Asn Asp Gly Asn Phe Gly Asp
                245                 250                 255

Asp Phe Glu Asp Ser Asp Leu Pro Met Met Asp Glu Gly Arg Gln Pro
            260                 265                 270

Leu Ser Arg Lys Leu Pro Ile Pro Ser Ser Lys Ile Asn Pro Tyr Arg
        275                 280                 285

Met Ile Ile Val Leu Arg Leu Val Val Leu Gly Leu Phe Phe His Tyr
    290                 295                 300

Arg Ile Leu His Pro Val Asn Asp Ala Tyr Gly Leu Trp Leu Thr Ser
305                 310                 315                 320

Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Val Ser Trp Ile Met Asp Gln Phe
                325                 330                 335

Pro Lys Trp Tyr Pro Ile Gln Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser
            340                 345                 350

Leu Arg Tyr Glu Lys Glu Gly Lys Pro Ser Glu Leu Ser Ser Val Asp
        355                 360                 365

Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr
    370                 375                 380

Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys
385                 390                 395                 400

Val Ala Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu
                405                 410                 415

Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Arg Trp Val Pro Phe Cys
            420                 425                 430

Lys Lys Tyr Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Gly Gln
        435                 440                 445

Lys Met Asp Tyr Leu Lys Asn Lys Val His Pro Ala Phe Val Arg Glu
    450                 455                 460

Arg Arg Ala Met Lys Arg Asp Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn
465                 470                 475                 480

Ser Leu Val Ala Thr Ala Gln Lys Val Pro Glu Asp Gly Trp Thr Met
                485                 490                 495
```

```
Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Val Arg Asp His Pro Gly
            500                 505                 510

Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Asp Gly Val Arg Asp Val Glu Gly
        515                 520                 525

Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly
    530                 535                 540

Phe Asp His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Ala
545                 550                 555                 560

Ser Ala Ile Ile Thr Asn Ala Pro Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp
                565                 570                 575

His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met
            580                 585                 590

Met Asp Pro Gln Leu Gly Lys Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln
        595                 600                 605

Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr Ser Asn Arg Asn Val
    610                 615                 620

Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro
625                 630                 635                 640

Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Tyr Ala Leu Tyr Gly
                645                 650                 655

Tyr Asp Ala Pro Ala Lys Lys Lys Pro Pro Ser Lys Thr Cys Asn Cys
            660                 665                 670

Trp Pro Lys Trp Cys Cys Leu Cys Cys Gly Ser Arg Lys Lys Lys Asn
        675                 680                 685

Ala Asn Thr Lys Lys Glu Lys Lys Arg Lys Val Lys His Ser Glu Ala
    690                 695                 700

Ser Lys Gln Ile His Ala Leu Glu Asn Ile Glu Ala Gly Asn Glu Gly
705                 710                 715                 720

Thr Asn Asn Glu Lys Thr Ser Asn Leu Thr Gln Thr Lys Leu Glu Lys
                725                 730                 735

Arg Phe Gly Gln Ser Pro Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Leu Asp Asn
            740                 745                 750

Gly Gly Val Pro Gln Gly Val Ser Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala
        755                 760                 765

Ile Gln Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys
    770                 775                 780

Glu Val Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly
785                 790                 795                 800

Phe Lys Met His Cys His Gly Trp Arg Ser Val Tyr Cys Ile Pro Lys
                805                 810                 815

Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu
            820                 825                 830

His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser
```

```
        835                 840                 845

Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Trp Leu
    850                 855                 860

Glu Arg Phe Ser Tyr Ile Asn Ser Val Val Tyr Pro Trp Thr Ser Leu
865                 870                 875                 880

Pro Leu Leu Val Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly
                885                 890                 895

Lys Phe Ile Val Pro Glu Ile Ser Asn Tyr Ala Ser Ile Val Phe Met
            900                 905                 910

Ala Leu Phe Ile Ser Ile Ala Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Gln Trp
        915                 920                 925

Gly Gly Val Ser Ile Asp Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val
    930                 935                 940

Ile Gly Gly Val Ser Ser His Leu Phe Ala Leu Phe Gln Gly Leu Leu
945                 950                 955                 960

Lys Val Leu Ala Gly Val Asn Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala
                965                 970                 975

Ala Asp Asp Gly Glu Phe Ser Glu Leu Tyr Ile Phe Lys Trp Thr Ser
            980                 985                 990

Leu Leu Ile Pro Pro Met Thr Leu  Leu Ile Met Asn Ile  Val Gly Val
        995                 1000                1005

Val Val  Gly Val Ser Asp Ala  Ile Asn Asn Gly Tyr  Asp Ser Trp
    1010                1015                1020

Gly Pro  Leu Phe Gly Arg Leu  Phe Phe Ala Leu Trp  Val Ile Leu
    1025                1030                1035

His Leu  Tyr Pro Phe Leu Lys  Gly Leu Leu Gly Lys  Gln Asp Arg
    1040                1045                1050

Met Pro  Thr Ile Ile Leu Val  Trp Ser Ile Leu Leu  Ala Ser Ile
    1055                1060                1065

Leu Thr  Leu Met Trp Val Arg  Ile Asn Pro Phe Val  Ser Arg Asp
    1070                1075                1080

Gly Pro  Val Leu Glu Ile Cys  Gly Leu Asn Cys Asp  Glu Ser
    1085                1090                1095

<210>  44
<211>  1073
<212>  PRT
<213>  Glycine max

<400>  44

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

Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Asn Ile Gly Asn Asn Val Asn
            20                  25                  30

Gly Asp Pro Phe Ile Ala Cys Asp Val Cys Ala Phe Pro Val Cys Arg
```

```
        35                  40                  45

Ala Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Asn Gln Ser Cys Pro Gln
    50                  55                  60

Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser Pro Ala Ile Leu Gly
65                  70                  75                  80

Asp Gln Glu Glu Asp Gly Gly Ala Asp Glu Gly Ala Ser Asp Leu Asn
                85                  90                  95

Tyr Asn Ser Glu Asn Gln Asn Glu Lys Gln Lys Ile Glu Arg Met Leu
            100                 105                 110

Gly Trp Gln Met Ala His Gly Arg Ala Glu Glu Ala Val Ala Pro Asn
        115                 120                 125

Tyr Asp Lys Glu Val Ser His Asn His Ile Pro Leu Leu Ser Gly Gly
    130                 135                 140

Gln Glu Val Ser Gly Glu Leu Ser Ala Ala Ser Pro Glu Arg Leu Ser
145                 150                 155                 160

Met Ala Ser Pro Gly Gly Arg Gly Lys Arg Val His Asn Leu Gln Tyr
                165                 170                 175

Ser Ser Asp Leu Asn Gln Ser Pro Asn Ile Arg Val Gly Asp Pro Gly
            180                 185                 190

Leu Gly Asn Val Ala Trp Lys Glu Arg Val Asp Gly Trp Lys Met Lys
        195                 200                 205

Gln Asp Lys Asn Val Ala Pro Met Ser Thr Gly Gln Ala Thr Ser Glu
    210                 215                 220

Arg Gly Ala Gly Asp Ile Asp Ala Ser Thr Asp Val Leu Val Asp Asp
225                 230                 235                 240

Ser Leu Leu Asn Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Ser
                245                 250                 255

Ile Pro Ser Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Ala Leu Arg
            260                 265                 270

Leu Val Ile Leu Cys Ile Phe Leu His Tyr Arg Ile Thr Asn Pro Val
        275                 280                 285

Pro Asn Ala Tyr Ala Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp
    290                 295                 300

Phe Ala Ile Ser Trp Ile Phe Asp Gln Phe Pro Lys Trp Leu Pro Val
305                 310                 315                 320

Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala Leu Arg Tyr Asp Gln Glu
                325                 330                 335

Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Ala Val Asp Ile Phe Val Ser Thr Val
            340                 345                 350

Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser
        355                 360                 365

Ile Leu Ser Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser
    370                 375                 380
```

```
Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ala Glu Thr Ser
385                 390                 395                 400

Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Ser Lys Lys Tyr Asn Ile Glu
                405                 410                 415

Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Ala Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys
            420                 425                 430

Asp Lys Val Gln Pro Ser Phe Val Lys Asp Arg Arg Ala Met Lys Arg
        435                 440                 445

Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Ile Arg Val Asn Gly Leu Val Ala Lys Ala
    450                 455                 460

Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Val Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp
465                 470                 475                 480

Pro Gly Asn Asn Thr Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu
                485                 490                 495

Gly Gln Ser Gly Gly Leu Asp Thr Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu
            500                 505                 510

Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys
        515                 520                 525

Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn
    530                 535                 540

Gly Pro Phe Leu Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser
545                 550                 555                 560

Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Asn Leu Gly
                565                 570                 575

Lys Asn Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp
            580                 585                 590

Arg Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn
        595                 600                 605

Leu Arg Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly
    610                 615                 620

Cys Val Phe Asn Arg Thr Ala Leu Tyr Gly Tyr Glu Pro Pro Ile Lys
625                 630                 635                 640

Pro Lys His Lys Lys Pro Gly Leu Leu Ser Ser Leu Cys Gly Gly Asn
                645                 650                 655

Arg Lys Lys Arg Ser Lys Ser Ser Lys Lys Gly Ser Asp Lys Lys Lys
            660                 665                 670

Ser Ser Lys Asn Val Asp Pro Thr Val Pro Ile Phe Ser Leu Glu Asp
        675                 680                 685

Ile Glu Glu Gly Val Glu Gly Ala Gly Phe Asp Asp Glu Lys Ser Leu
    690                 695                 700

Leu Met Ser Gln Met Ser Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Ala Val
705                 710                 715                 720
```

```
Phe Val Ala Ser Thr Leu Met Glu Asn Gly Gly Val Pro Gln Ser Ala
                725                 730                 735

Thr Pro Glu Thr Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly
            740                 745                 750

Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Ser Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly
        755                 760                 765

Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly
    770                 775                 780

Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Lys Leu Pro Ala Phe Lys Gly Ser
785                 790                 795                 800

Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala
                805                 810                 815

Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Phe Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr
            820                 825                 830

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

Thr Thr Ile Tyr Pro Val Thr Ser Ile Pro Leu Leu Met Tyr Cys Thr
    850                 855                 860

Leu Pro Ala Val Cys Leu Leu Thr Asn Lys Phe Ile Ile Pro Gln Ile
865                 870                 875                 880

Ser Asn Ile Ala Ser Ile Trp Phe Ile Ser Leu Phe Leu Ser Ile Phe
                885                 890                 895

Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Asp Glu
            900                 905                 910

Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His
        915                 920                 925

Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp
    930                 935                 940

Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp Phe
945                 950                 955                 960

Ala Glu Leu Tyr Leu Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr
                965                 970                 975

Thr Leu Leu Ile Ile Asn Leu Val Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Tyr
            980                 985                 990

Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser  Trp Gly Pro Leu Phe  Gly Lys Leu
        995                 1000                1005

Phe Phe  Ala Phe Trp Val Ile  Ile His Leu Tyr Pro  Phe Leu Lys
    1010                1015                1020

Gly Leu  Met Gly Arg Gln Asn  Arg Thr Pro Thr Ile  Val Val Val
    1025                1030                1035

Trp Ser  Ile Leu Leu Ala Ser  Ile Phe Ser Leu Leu  Trp Val Arg
    1040                1045                1050

Ile Asp  Pro Phe Thr Thr Arg  Val Thr Gly Pro Asp  Val Glu Gln
```

1055 1060 1065

Cys Gly Ile Asn Cys
1070

<210> 45
<211> 1074
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 45

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

Gly Gly Lys Ile Cys Gln Ile Cys Gly Asp Asn Ile Gly Asn Asn Ala
20 25 30

Asn Gly Asp Pro Phe Ile Ala Cys Asp Val Cys Ala Phe Pro Val Cys
35 40 45

Arg Ala Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Asn Gln Ser Cys Pro
50 55 60

Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser Pro Ala Ile Leu
65 70 75 80

Gly Asp Arg Glu Glu Asp Gly Gly Ala Asp Asp Gly Ala Ser Asp Phe
85 90 95

Asn Tyr Asn Ser Glu Asn Gln Asn Glu Lys Gln Lys Ile Glu His Met
100 105 110

Leu Gly Trp Gln Met Ala Tyr Gly Arg Ala Glu Glu Ala Ile Ala Pro
115 120 125

Asn Tyr Asp Lys Glu Val Ser His Asn His Ile Pro Leu Leu Ser Gly
130 135 140

Gly Gln Glu Val Ser Gly Glu Leu Ser Ala Ala Ser Pro Glu Arg Leu
145 150 155 160

Ser Met Ala Ser Pro Gly Gly Arg Gly Lys Arg Ala His Asn Leu Gln
165 170 175

Tyr Ser Ser Asp Leu Asn His Ser Pro Asn Ile Arg Val Gly Asp Pro
180 185 190

Gly Leu Gly Asn Val Ala Trp Lys Glu Arg Val Asp Gly Trp Lys Met
195 200 205

Lys Gln Asp Lys Asn Val Ala Pro Met Ser Thr Gly Gln Ala Thr Ser
210 215 220

Glu Arg Gly Ala Gly Asp Ile Asp Ala Ser Thr Asp Val Leu Val Asp
225 230 235 240

Asp Ser Leu Leu Asn Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val
245 250 255

Ser Ile Pro Ser Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Ala Leu
260 265 270

Arg Leu Val Ile Leu Cys Ile Phe Leu His Tyr Arg Ile Thr Asn Pro

```
        275                 280                 285

Val Pro Asn Ala Tyr Ala Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile
    290                 295                 300

Trp Phe Ala Ile Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Leu Pro
305                 310                 315                 320

Val Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala Leu Arg Tyr Asp Arg
                325                 330                 335

Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Ala Val Asp Ile Phe Val Ser Thr
            340                 345                 350

Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu
        355                 360                 365

Ser Ile Leu Ser Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val
    370                 375                 380

Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ala Glu Thr
385                 390                 395                 400

Ser Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Ser Lys Lys Tyr Asn Ile
                405                 410                 415

Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Ala Gln Lys Ile Asp Tyr Leu
            420                 425                 430

Lys Asp Lys Val Gln Pro Ser Phe Val Lys Asp Arg Arg Ala Met Lys
        435                 440                 445

Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Ile Arg Ile Asn Gly Leu Val Ala Lys
    450                 455                 460

Ala Gln Lys Ile Pro Glu Glu Gly Trp Val Met Gln Asp Gly Thr Pro
465                 470                 475                 480

Trp Pro Gly Asn Asn Thr Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe
                485                 490                 495

Leu Gly Gln Ser Gly Gly Leu Asp Thr Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg
            500                 505                 510

Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys
        515                 520                 525

Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr
    530                 535                 540

Asn Gly Pro Phe Leu Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn
545                 550                 555                 560

Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Asn Leu
                565                 570                 575

Gly Lys Asn Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile
            580                 585                 590

Asp Arg Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile
        595                 600                 605

Asn Leu Arg Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr
    610                 615                 620
```

Gly Cys Val Phe Asn Arg Thr Ala Leu Tyr Gly Tyr Glu Pro Pro Ile
625 630 635 640

Lys Pro Lys His Lys Lys Pro Gly Phe Leu Ser Ser Leu Cys Gly Gly
645 650 655

Asn Arg Lys Lys Arg Ser Lys Ser Ser Lys Lys Gly Ser Asp Lys Lys
660 665 670

Lys Ser Ser Lys Asn Val Asp Pro Thr Val Pro Ile Phe Ser Leu Glu
675 680 685

Asp Ile Glu Glu Gly Val Glu Gly Ala Gly Phe Asp Asp Glu Lys Ser
690 695 700

Leu Leu Met Ser Gln Met Ser Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Ala
705 710 715 720

Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Met Glu Asn Gly Gly Val Pro Gln Ser
725 730 735

Ala Thr Pro Glu Thr Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys
740 745 750

Gly Tyr Glu Asp Lys Ser Glu Trp Gly Ser Glu Ile Gly Trp Ile Tyr
755 760 765

Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg
770 775 780

Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Lys Leu Pro Ala Phe Lys Gly
785 790 795 800

Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp
805 810 815

Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Phe Ser Arg His Cys Pro Ile Trp
820 825 830

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

Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Val Thr Ser Ile Pro Leu Leu Met Tyr Cys
850 855 860

Thr Leu Pro Ala Val Cys Leu Leu Thr Asn Lys Phe Ile Ile Pro Gln
865 870 875 880

Ile Ser Asn Ile Ala Ser Ile Trp Phe Ile Ser Leu Phe Leu Ser Ile
885 890 895

Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Asp
900 905 910

Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala
915 920 925

His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile
930 935 940

Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp
945 950 955 960

```
Phe Ala Glu Leu Tyr Met Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro
                965                 970                 975

Thr Thr Leu Leu Ile Ile Asn Leu Val Gly Val Val Ala Gly Ile Ser
            980                 985                 990

Tyr Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln  Ser Trp Gly Pro Leu  Phe Gly Lys
        995                 1000                1005

Leu Phe  Phe Ala Phe Trp Val  Ile Ile His Leu Tyr  Pro Phe Leu
    1010                1015                1020

Lys Gly  Leu Met Gly Arg Gln  Asn Arg Thr Pro Thr  Ile Val Val
    1025                1030                1035

Val Trp  Ser Ile Leu Leu Ala  Ser Ile Phe Ser Leu  Leu Trp Val
    1040                1045                1050

Arg Ile  Asp Pro Phe Thr Thr  Arg Val Thr Gly Pro  Asp Val Glu
    1055                1060                1065

Gln Cys  Gly Ile Asn Cys
    1070
```

<210> 46
<211> 1095
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 46

```
Met Asp Thr Lys Gly Arg Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1               5                   10                  15

Phe Val Leu Ile Asn Ala Asp Glu Thr Ala Arg Val Asn Ala Val Thr
            20                  25                  30

Glu Leu Ser Gly Gln Ile Cys Gln Ile Cys Gly Asp Glu Ile Glu Val
        35                  40                  45

Thr Val Asp Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro
    50                  55                  60

Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Asn Lys Ile
65                  70                  75                  80

Cys Pro Gln Cys Lys Thr Ile Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Ser Pro Arg
                85                  90                  95

Val Glu Gly Asp Glu Glu Glu Glu Asp Ile Asp Asp Leu Glu Asn Glu
            100                 105                 110

Phe Asp Ile Gly Ser Asn Ile Arg His Asp Pro His His Val Ala Glu
        115                 120                 125

Ala Leu Leu Ser Ala Arg Leu Asn Ala Ala Arg Gly Ser Gln Met Asn
    130                 135                 140

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

Ala Asp Ile Pro Leu Leu Thr Tyr Asp His Glu Asp Val Gly Ile Ser
                165                 170                 175
```

```
Ala Asp Lys His Ala Leu Ile Ile Pro Pro Phe Met His His Gly Lys
            180                 185                 190

Arg Val His Pro Met Pro Pro Asp Ser Ser Val Pro Val Gln Pro Arg
        195                 200                 205

Pro Met Asp Pro Lys Lys Asp Leu Ala Val Tyr Gly Tyr Gly Ser Val
    210                 215                 220

Ala Trp Lys Glu Arg Met Glu Glu Trp Lys Lys Arg Gln Asn Glu Lys
225                 230                 235                 240

Ile Glu Val Val Lys His Glu Gly Gly Asn Asp Gly Gly Lys Asn Gly
                245                 250                 255

Asp Glu Leu Asp Asp Pro Asp Leu Pro Lys Met Asp Glu Gly Arg Gln
            260                 265                 270

Pro Leu Trp Arg Lys Leu Pro Ile Ser Pro Ser Lys Ile Asn Pro Tyr
        275                 280                 285

Arg Ile Ile Ile Val Leu Arg Ile Ala Val Leu Gly Leu Phe Phe His
    290                 295                 300

Tyr Arg Ile Leu His Pro Val Asn Asp Ala Tyr Ala Leu Trp Leu Thr
305                 310                 315                 320

Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Val Ser Trp Ile Leu Asp Gln
                325                 330                 335

Phe Pro Lys Trp Cys Pro Ile Glu Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu
            340                 345                 350

Ser Ser Arg Tyr Glu Lys Glu Gly Lys Pro Ser Glu Leu Ala Asp Ile
        355                 360                 365

Asp Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met Lys Glu Pro Pro Leu Ile
    370                 375                 380

Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Glu
385                 390                 395                 400

Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe
                405                 410                 415

Glu Ala Ile Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe
            420                 425                 430

Cys Lys Lys Phe Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Ala
        435                 440                 445

Gln Lys Val Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Asp Ala Thr Phe Ile Arg
    450                 455                 460

Glu Arg Arg Ala Ile Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile
465                 470                 475                 480

Asn Ala Leu Val Ala Met Ala Gln Lys Val Pro Glu Asp Gly Trp Thr
                485                 490                 495

Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Ser Val Arg Asp His Pro
            500                 505                 510

Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Asn Gly Ile His Asn Ile Glu
```

```
        515                 520                 525

Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro
    530                 535                 540

Gly Tyr Glu His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg
545                 550                 555                 560

Val Ser Ala Val Ile Ser Asn Ala Pro Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys
                565                 570                 575

Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe
            580                 585                 590

Met Met Asp Pro Thr Ser Gly Lys Lys Ile Cys Tyr Val Gln Phe Pro
        595                 600                 605

Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr Ser Asn Arg Asn
    610                 615                 620

Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly
625                 630                 635                 640

Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr
                645                 650                 655

Gly Tyr Asp Ala Pro Ala Thr Lys Lys Pro Pro Arg Lys Thr Cys Asn
            660                 665                 670

Cys Trp Pro Lys Trp Cys Cys Leu Cys Cys Gly Ser Arg Asn Lys Asn
        675                 680                 685

Arg Lys Val Lys Ser Gly Pro Arg Lys Lys Ile Lys Asn Lys Asp Ala
    690                 695                 700

Thr Lys Gln Ile His Ala Leu Glu Asn Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly
705                 710                 715                 720

Ile Asp Ser Glu Lys Ser Trp Leu Met Ser Gln Leu Lys Phe Glu Lys
                725                 730                 735

Lys Phe Gly Gln Ser Ala Val Phe Ile Ala Ser Thr Leu Met Glu Asp
            740                 745                 750

Gly Gly Ile Leu Lys Gly Ala Thr Ser Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala
        755                 760                 765

Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys
    770                 775                 780

Glu Val Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly
785                 790                 795                 800

Phe Lys Met His Cys His Gly Trp Arg Ser Val Tyr Cys Met Pro Lys
                805                 810                 815

Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu
            820                 825                 830

His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Leu Ser
        835                 840                 845

Lys His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Gly Cys Gly Leu Lys Trp Leu
    850                 855                 860
```

```
Glu Arg Phe Ser Tyr Ile Asn Ser Val Ile Tyr Pro Leu Thr Ser Leu
865                 870                 875                 880

Pro Leu Ile Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Val Cys Leu Leu Thr Gly
                885                 890                 895

Lys Phe Ile Val Pro Glu Ile Ser Asn Tyr Ala Ser Ile Ile Phe Met
            900                 905                 910

Ala Leu Phe Ile Ser Ile Ala Val Thr Ser Ile Leu Glu Met Gln Trp
        915                 920                 925

Gly Gly Val Gly Ile His Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val
    930                 935                 940

Ile Gly Gly Ala Ser Ser His Leu Phe Ala Leu Phe Gln Gly Leu Leu
945                 950                 955                 960

Lys Val Leu Ala Gly Val Asn Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala
                965                 970                 975

Ala Asp Gly Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Leu Phe Lys Trp Thr Ser
            980                 985                 990

Leu Leu Ile Pro Pro Leu Thr Leu  Leu Ile Ile Asn Ile  Ile Gly Val
        995                 1000                1005

Ile Val  Gly Val Ser Asp Ala  Ile Asn Asn Gly Tyr  Asp Ser Trp
    1010                1015                1020

Gly Pro  Leu Phe Gly Lys Leu  Phe Phe Ala Leu Trp  Val Ile Val
    1025                1030                1035

His Leu  Tyr Pro Phe Leu Lys  Gly Val Met Gly Lys  Gln Glu Gly
    1040                1045                1050

Val Pro  Thr Ile Ile Leu Val  Trp Ala Ile Leu Leu  Ala Ser Ile
    1055                1060                1065

Phe Ser  Leu Leu Trp Val Arg  Ile Asn Pro Phe Leu  Ser Lys Gly
    1070                1075                1080

Gly Ile  Val Leu Glu Leu Cys  Gly Leu Asn Cys Asp
    1085                1090                1095

<210>  47
<211>  1078
<212>  PRT
<213>  Glycine max

<400>  47

Met Asp Thr Lys Gly Arg Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1               5                   10                  15

Phe Val Leu Ile Asn Ala Asp Glu Thr Ala Arg Val Ala Val Thr Glu
            20                  25                  30

Leu Ser Gly Gln Ile Cys Gln Ile Cys Gly Asp Glu Leu Glu Val Thr
        35                  40                  45

Val Asn Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro Val
    50                  55                  60
```

```
Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Asn Gln Val Cys
65                  70                  75                  80

Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Ile Lys Gly Ser Pro Arg Val
                85                  90                  95

Glu Gly Asp Glu Glu Glu Asp Asp Thr Asp Asp Leu Glu Ser Glu Phe
            100                 105                 110

Asp Ile Gly Ser Val Phe Ser Ala Arg Leu Asn Tyr Gly Ser Gln Val
        115                 120                 125

Asn Gly Ser Val Ile His Ala Pro Ser Glu Phe Asp Ala Ala Ser Val
    130                 135                 140

Ala Ser Glu Ile Pro Leu Leu Thr Tyr Gly Gln Glu Asp Val Gly Ile
145                 150                 155                 160

Ser Ala Asp Lys His Ala Leu Ile Leu Pro Pro Phe Thr Ala Arg Gly
                165                 170                 175

Lys Arg Val Tyr Pro Met Pro Phe Pro Asp Ser Ser Val Pro Val Gln
            180                 185                 190

Pro Arg Pro Met Asp Pro Lys Lys Asp Ile Ala Val Tyr Gly Tyr Gly
        195                 200                 205

Ser Val Ala Trp Lys Glu Arg Met Glu Asp Trp Lys Lys Lys Gln Ser
    210                 215                 220

Glu Lys Leu Gln Val Val Arg His Glu Gly Asp Lys Asp Ser Asp Glu
225                 230                 235                 240

Leu Asp Asp Pro Asp Leu Pro Lys Met Asp Glu Gly Arg Gln Pro Leu
                245                 250                 255

Trp Arg Lys Leu Pro Ile Ser Ser Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg Ile
            260                 265                 270

Ile Ile Val Leu Arg Ile Ala Ile Leu Cys Leu Phe Phe His Tyr Arg
        275                 280                 285

Ile Leu His Pro Val Asn Asp Ala Tyr Ala Leu Trp Leu Thr Ser Val
    290                 295                 300

Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Val Ser Trp Ile Phe Asp Gln Phe Pro
305                 310                 315                 320

Lys Trp Ser Pro Ile Leu Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu
                325                 330                 335

Arg Tyr Glu Lys Glu Gly Lys Pro Ser Gln Leu Ser Asp Ile Asp Val
            340                 345                 350

Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr Ala
        355                 360                 365

Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val
    370                 375                 380

Ala Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala
385                 390                 395                 400
```

```
Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys
                405                 410                 415

Lys Phe Cys Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Ala Gln Lys
            420                 425                 430

Val Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Asp Ala Thr Phe Ile Arg Glu Arg
        435                 440                 445

Arg Ala Ile Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala
    450                 455                 460

Leu Val Ala Leu Ala Gln Lys Val Pro Glu Asp Gly Trp Thr Met Gln
465                 470                 475                 480

Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Val Arg Asp His Pro Gly Met
                485                 490                 495

Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Asn Gly Val Arg Asp Ile Glu Gly Asn
            500                 505                 510

Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr
        515                 520                 525

Asp His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser
    530                 535                 540

Ala Ile Ile Thr Asn Ala Pro Tyr Val Leu Asn Val Asp Cys Asp His
545                 550                 555                 560

Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met
                565                 570                 575

Asp Pro Thr Ser Gly Lys Lys Ile Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg
            580                 585                 590

Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr Ser Asn Arg Asn Val Val
        595                 600                 605

Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ile
    610                 615                 620

Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Phe Tyr Gly Cys
625                 630                 635                 640

Asp Ala Pro Thr Ser Lys Lys Ala Pro Arg Lys Thr Cys Asn Cys Trp
                645                 650                 655

Pro Lys Trp Cys Cys Cys Leu Cys Cys Gly Ser Arg Lys Lys Lys Ile
            660                 665                 670

Lys Ala Lys Ser Ser Val Lys Lys Lys Ile Lys Asn Lys Asp Asp Leu
        675                 680                 685

Lys Gln Met His Ala Leu Glu Asn Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Ile
    690                 695                 700

Asp Asn Glu Lys Ser Ser Leu Met Ser Gln Ser Lys Phe Glu Lys Lys
705                 710                 715                 720

Phe Gly Gln Ser Ser Val Phe Ile Ala Ser Thr Leu Leu Glu Asp Gly
                725                 730                 735

Gly Val Pro Lys Ala Ala Ser Ser Ala Thr Leu Leu Lys Glu Ala Ile
```

740 745 750

His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu
755 760 765

Val Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe
770 775 780

Lys Met His Cys His Gly Trp Arg Ser Val Tyr Cys Met Pro Lys Arg
785 790 795 800

Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu His
805 810 815

Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser Arg
820 825 830

His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Ser Leu Glu
835 840 845

Arg Phe Ser Tyr Ile Asn Ser Val Val Tyr Pro Leu Thr Ser Ile Pro
850 855 860

Leu Ile Ala Tyr Cys Ala Leu Pro Ala Val Cys Leu Leu Thr Gly Lys
865 870 875 880

Phe Ile Val Pro Glu Ile Ser Asn Tyr Ala Ser Ile Ile Phe Met Ala
885 890 895

Leu Phe Ile Ser Ile Ala Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Gln Trp Gly
900 905 910

Gly Val Gly Ile His Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile
915 920 925

Gly Gly Ala Ser Ser His Leu Phe Ala Leu Phe Gln Gly Leu Leu Lys
930 935 940

Val Leu Ala Gly Val Asn Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ala
945 950 955 960

Asp Asp Gly Glu Phe Ala Glu Leu Tyr Ile Phe Lys Trp Thr Ser Leu
965 970 975

Leu Ile Pro Pro Leu Thr Leu Leu Ile Leu Asn Ile Ile Gly Val Ile
980 985 990

Val Gly Val Ser Asp Ala Ile Asn Asn Gly Tyr Asp Ser Trp Gly Pro
995 1000 1005

Leu Phe Gly Arg Leu Phe Phe Ala Leu Trp Val Ile Val His Leu
1010 1015 1020

Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Val Met Gly Lys Gln Glu Gly Val Pro
1025 1030 1035

Thr Ile Ile Leu Val Trp Ala Ile Leu Leu Ala Ser Ile Leu Thr
1040 1045 1050

Leu Leu Trp Val Arg Ile Asn Pro Phe Leu Ala Lys Asn Asp Val
1055 1060 1065

Val Leu Glu Ile Cys Gly Leu Asn Cys Asp
1070 1075

<210> 48
<211> 989
<212> PRT
<213> hoăcyza sativa

<400> 48

Met Met Glu Ser Gly Val Pro Pro Cys Ala Ala Cys Gly Asp Asp Ala
1 5 10 15

His Ala Ala Cys Arg Ala Cys Ser Tyr Ala Leu Cys Lys Ala Cys Leu
20 25 30

Asp Glu Asp Ala Ala Glu Gly Arg Thr Thr Cys Ala Arg Cys Gly Gly
35 40 45

Glu Tyr Gly Ala Pro Asp Pro Ala His Gly Gln Gly Ala Val Val Glu
50 55 60

Glu Glu Val Glu Glu Ser His Glu Pro Ala Ala Gly Gly Val Arg Glu
65 70 75 80

Arg Val Thr Met Ala Ser Gln Leu Ser Asp His Gln Asp Glu Gly Val
85 90 95

His Ala Arg Thr Met Ser Thr His Ala Arg Thr Ile Ser Ser Val Ser
100 105 110

Gly Val Gly Ser Glu Leu Asn Asp Glu Ser Gly Lys Pro Ile Trp Lys
115 120 125

Asn Arg Val Glu Ser Trp Lys Glu Lys Lys Lys Glu Lys Lys Ala Ser
130 135 140

Ala Lys Lys Ala Ala Ala Lys Ala Gln Ala Pro Pro Val Glu Glu Gln
145 150 155 160

Ile Met Asp Glu Lys Asp Leu Thr Asp Ala Tyr Glu Pro Leu Ser Arg
165 170 175

Ile Ile Pro Ile Ser Lys Asn Lys Leu Thr Pro Tyr Arg Ala Val Ile
180 185 190

Ile Met Arg Leu Val Val Leu Gly Leu Phe Phe His Tyr Arg Ile Thr
195 200 205

Asn Pro Val Tyr Ser Ala Phe Gly Leu Trp Met Thr Ser Val Ile Cys
210 215 220

Glu Ile Trp Phe Gly Phe Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp
225 230 235 240

Cys Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Val Asp Arg Leu Ile Ala Arg Tyr
245 250 255

Gly Asp Gly Glu Asp Ser Gly Leu Ala Pro Val Asp Phe Phe Val Ser
260 265 270

Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr Ala Asn Thr Val
275 280 285

Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Glu Lys Ile Ser Cys Tyr
290 295 300

Val Ser Asp Asp Gly Ser Ala Met Leu Thr Phe Glu Ser Leu Ala Glu
305 310 315 320

Thr Ala Glu Phe Ala Arg Arg Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Tyr Ser
325 330 335

Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Ser Gln Lys Ile Asp Tyr
340 345 350

Leu Lys Asp Lys Ile His Pro Ser Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met
355 360 365

Lys Arg Asp Tyr Glu Glu Tyr Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala
370 375 380

Lys Ala Gln Lys Thr Pro Glu Glu Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly Thr
385 390 395 400

Pro Trp Pro Gly Asn Asn Pro Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val
405 410 415

Phe Leu Gly Glu Thr Gly Ala Arg Asp Phe Asp Gly Asn Glu Leu Pro
420 425 430

Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Gln His His
435 440 445

Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu
450 455 460

Thr Asn Ala Pro Tyr Ile Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Val Asn
465 470 475 480

Asn Ser Lys Ala Val Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Ser
485 490 495

Val Gly Arg Asp Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly
500 505 510

Ile Asp Arg Ser Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp
515 520 525

Val Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Leu Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly
530 535 540

Thr Gly Cys Cys Phe Tyr Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Gly Pro Pro
545 550 555 560

Ser Leu Pro Ala Leu Pro Lys Ser Ser Val Cys Ser Trp Cys Cys Cys
565 570 575

Cys Cys Pro Lys Lys Lys Ala Glu Lys Ser Glu Lys Glu Met His Arg
580 585 590

Asp Ser Arg Arg Glu Asp Leu Glu Ser Ala Ile Phe Asn Leu Arg Glu
595 600 605

Ile Asp Asn Tyr Asp Glu Tyr Glu Arg Ser Met Leu Ile Ser Gln Met
610 615 620

Ser Phe Glu Lys Ser Phe Gly Leu Ser Ser Val Phe Ile Glu Ser Thr
625 630 635 640

```
Leu Met Glu Asn Gly Gly Val Pro Glu Ser Ala Asn Pro Ser Thr Leu
                645                 650                 655

Ile Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Glu Lys Thr
            660                 665                 670

Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp
        675                 680                 685

Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr
    690                 695                 700

Cys Met Pro Ile Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu
705                 710                 715                 720

Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu
                725                 730                 735

Ile Phe Leu Ser Arg His Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly
            740                 745                 750

Arg Leu Lys Trp Leu Gln Arg Leu Ser Tyr Ile Asn Thr Ile Val Tyr
        755                 760                 765

Pro Phe Thr Ser Leu Pro Leu Ile Ala Tyr Cys Cys Leu Pro Ala Ile
    770                 775                 780

Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Ile Pro Thr Leu Ser Asn Ala Ala
785                 790                 795                 800

Thr Ile Trp Phe Leu Gly Leu Phe Ile Ser Ile Ile Val Thr Ser Val
                805                 810                 815

Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Ile Gly Ile Glu Asp Trp Trp Arg Asn
            820                 825                 830

Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val
        835                 840                 845

Phe Gln Gly Ile Leu Lys Met Ile Ala Gly Leu Asp Thr Asn Phe Thr
    850                 855                 860

Val Thr Ala Lys Ala Thr Asp Asp Thr Glu Phe Gly Glu Leu Tyr Val
865                 870                 875                 880

Phe Lys Trp Thr Thr Val Leu Ile Pro Pro Thr Ser Ile Leu Val Leu
                885                 890                 895

Asn Leu Val Gly Val Val Ala Gly Phe Ser Asp Ala Leu Asn Ser Gly
            900                 905                 910

Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Val Phe Phe Ala Met Trp
        915                 920                 925

Val Ile Met His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln
    930                 935                 940

Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Val Leu Trp Ser Val Leu Leu Ala Ser
945                 950                 955                 960

Val Phe Ser Leu Leu Trp Val Lys Ile Asp Pro Phe Ile Gly Ser Ser
                965                 970                 975

Glu Thr Thr Thr Thr Asn Ser Cys Ala Asn Phe Asp Cys
```

980 985

<210> 49
<211> 1073
<212> PRT
<213> hoăcyza sativa

<400> 49

Met Asp Gly Ala Lys Ser Gly Lys Gln Cys His Val Cys Gln Ile Cys
1 5 10 15

Gly Asp Gly Val Gly Thr Ala Ala Asp Gly Glu Leu Phe Thr Ala Cys
20 25 30

Asp Val Cys Gly Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg
35 40 45

Lys Asp Gly Ser Gln Ala Cys Pro Gln Cys Lys Thr Lys Tyr Lys Arg
50 55 60

His Lys Gly Ser Pro Pro Ile Leu Gly Asp Glu Ser Asp Asp Val Asp
65 70 75 80

Ala Asp Asp Ala Ser Asp Val Asn Tyr Pro Thr Ser Gly Asn Gln Asp
85 90 95

His Lys His Lys Ile Ala Glu Arg Met Leu Thr Trp Arg Met Asn Ser
100 105 110

Gly Arg Asn Asp Asp Ile Val His Ser Lys Tyr Asp Ser Gly Glu Ile
115 120 125

Gly His Pro Lys Tyr Asp Ser Gly Glu Ile Pro Arg Ile Tyr Ile Pro
130 135 140

Ser Leu Thr His Ser Gln Ile Ser Gly Glu Ile Pro Gly Ala Ser Pro
145 150 155 160

Asp His Met Met Ser Pro Val Gly Asn Ile Gly Arg Arg Gly His Pro
165 170 175

Phe Pro Tyr Val Asn His Ser Pro Asn Pro Ser Arg Glu Phe Ser Gly
180 185 190

Ser Leu Gly Asn Val Ala Trp Lys Glu Arg Val Asp Gly Trp Lys Met
195 200 205

Lys Asp Lys Gly Ala Ile Pro Met Ala Asn Gly Thr Ser Ile Ala Pro
210 215 220

Ser Glu Gly Arg Gly Val Gly Asp Ile Asp Ala Ser Thr Asp Tyr Asn
225 230 235 240

Met Glu Asp Ala Leu Leu Asn Asp Glu Thr Arg Gln Pro Leu Ser Arg
245 250 255

Lys Val Pro Ile Ser Ser Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile
260 265 270

Val Leu Arg Leu Ile Val Leu Cys Ile Phe Leu His Tyr Arg Ile Thr
275 280 285

Asn Pro Val Arg Asn Ala Tyr Pro Leu Trp Leu Leu Ser Val Ile Cys

290 295 300

Glu Ile Trp Phe Ala Leu Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp
305 310 315 320

Ser Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala Leu Arg Tyr
325 330 335

Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Pro Val Asp Ile Phe Val
340 345 350

Ser Thr Val Asp Pro Met Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr
355 360 365

Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys
370 375 380

Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Asp Ala Leu Ala
385 390 395 400

Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Tyr
405 410 415

Ser Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Ala Gln Lys Ile Asp
420 425 430

Tyr Leu Lys Asp Lys Val Gln Ala Ser Phe Val Lys Asp Arg Arg Ala
435 440 445

Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Val Asn Ala Leu Val
450 455 460

Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly
465 470 475 480

Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln
485 490 495

Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Thr Glu Gly Asn Glu Leu
500 505 510

Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His
515 520 525

His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val
530 535 540

Leu Thr Asn Gly Gln Tyr Leu Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile
545 550 555 560

Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro
565 570 575

Asn Leu Gly Arg Arg Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp
580 585 590

Gly Ile Asp Arg Asn Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe
595 600 605

Asp Ile Asn Leu Arg Gly Leu Asp Gly Leu Gln Gly Pro Val Tyr Val
610 615 620

Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Thr Ala Leu Tyr Gly Tyr Glu Pro
625 630 635 640

```
Pro Ile Lys Gln Lys Arg Pro Gly Tyr Phe Ser Ser Leu Cys Gly Gly
                645                 650                 655

Arg Lys Lys Thr Lys Lys Ser Lys Glu Lys Ser Thr Glu Lys Lys Lys
            660                 665                 670

Ser His Lys His Val Asp Ser Ser Val Pro Val Phe Asn Leu Glu Asp
        675                 680                 685

Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Ser Gly Phe Asp Asp Glu Lys Ser Leu
    690                 695                 700

Leu Met Ser Gln Met Ser Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Ser Val
705                 710                 715                 720

Phe Val Ala Ser Thr Leu Met Glu Tyr Gly Gly Val Pro Gln Ser Ala
                725                 730                 735

Thr Pro Glu Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly
            740                 745                 750

Tyr Glu Asp Lys Ser Asp Trp Gly Thr Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly
        755                 760                 765

Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly
    770                 775                 780

Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro Lys Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser
785                 790                 795                 800

Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala
                805                 810                 815

Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Phe Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr
            820                 825                 830

Gly Tyr Gly Gly Arg Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe Ala Tyr Ile Asn
        835                 840                 845

Thr Thr Ile Tyr Pro Leu Thr Ser Ile Pro Leu Leu Leu Tyr Cys Ile
    850                 855                 860

Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Ile Pro Glu Ile
865                 870                 875                 880

Ser Asn Phe Ala Ser Ile Trp Phe Ile Ser Leu Phe Leu Ser Ile Phe
                885                 890                 895

Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile Asp Glu
            900                 905                 910

Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Ile Ser Ala His
        915                 920                 925

Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp
    930                 935                 940

Thr Ser Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Glu Gly Asp Phe
945                 950                 955                 960

Ala Glu Leu Tyr Met Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr
                965                 970                 975
```

Thr Ile Leu Ile Ile Asn Leu Val Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Tyr
980 985 990

Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu
995 1000 1005

Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys
1010 1015 1020

Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Val Val
1025 1030 1035

Trp Ala Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg
1040 1045 1050

Ile Asp Pro Phe Thr Thr Arg Val Thr Gly Pro Asp Thr Gln Lys
1055 1060 1065

Cys Gly Ile Asn Cys
1070

<210> 50
<211> 1092
<212> PRT
<213> hoăcyza sativa

<400> 50

Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1 5 10 15

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

His Thr Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Asp Val Gly Leu
35 40 45

Thr Pro Asp Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro
50 55 60

Val Cys Arg Asp Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Thr Gln Asn
65 70 75 80

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

Val Pro Gly Asp Glu Glu Glu Glu Asp Val Asp Asp Leu Glu Asn Glu
100 105 110

Phe Asn Trp Arg Asp Lys Thr Asp Ser Gln Tyr Val Ala Glu Ser Met
115 120 125

Leu His Gly His Met Ser Tyr Gly Arg Gly Gly Asp Leu Asp Gly Val
130 135 140

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

Glu Met Ala Asp Asp Ile Pro Pro Glu Gln His Ala Leu Val Pro Ser
165 170 175

Phe Met Gly Gly Gly Gly Lys Arg Ile His Pro Leu Pro Tyr Ala Asp
180 185 190

```
Pro Asn Leu Pro Val Gln Pro Arg Ser Met Asp Pro Ser Lys Asp Leu
        195                 200                 205

Ala Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys Glu Arg Met Glu Ser
    210                 215                 220

Trp Lys Gln Lys Gln Glu Arg Leu His Gln Met Arg Asn Asp Gly Gly
225                 230                 235                 240

Gly Lys Asp Trp Asp Gly Asp Gly Asp Asp Ala Asp Leu Pro Leu Met
                245                 250                 255

Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Ile Pro Ile Ser Ser Ser
            260                 265                 270

Leu Val Asn Pro Tyr Arg Met Ile Ile Ile Ile Arg Leu Val Val Leu
        275                 280                 285

Gly Phe Phe Phe His Tyr Arg Val Met His Pro Val Pro Asp Ala Phe
    290                 295                 300

Ala Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Met Ser
305                 310                 315                 320

Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Glu Arg Glu Thr
                325                 330                 335

Tyr Leu Asp Arg Leu Thr Leu Arg Phe Asp Lys Glu Gly Gln Gln Ser
            340                 345                 350

Gln Leu Ala Pro Val Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met Lys
        355                 360                 365

Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val
    370                 375                 380

Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala
385                 390                 395                 400

Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala Lys
                405                 410                 415

Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Arg Tyr Ser Leu Glu Pro Arg Ala Pro
            420                 425                 430

Glu Trp Tyr Phe Gln Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Ala
        435                 440                 445

Pro Asn Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu
    450                 455                 460

Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro
465                 470                 475                 480

Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn
                485                 490                 495

Val Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Ser Gly
            500                 505                 510

Gly His Asp Val Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser
        515                 520                 525

Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala Gly Ala Met
```

```
    530                 535                 540

Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Tyr Met
545                 550                 555                 560

Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile Lys
                565                 570                 575

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

Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg
        595                 600                 605

Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu
    610                 615                 620

Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Arg
625                 630                 635                 640

Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Ser Lys Lys Pro Pro
                645                 650                 655

Ser Arg Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Ile Cys Cys Cys Cys
            660                 665                 670

Phe Gly Asn Arg Thr Asn Lys Lys Lys Thr Ala Lys Pro Lys Thr Glu
        675                 680                 685

Lys Lys Lys Arg Leu Phe Phe Lys Arg Ala Glu Asn Gln Ser Pro Ala
    690                 695                 700

Tyr Ala Leu Gly Glu Ile Asp Glu Gly Ala Pro Gly Ala Glu Asn Glu
705                 710                 715                 720

Lys Ala Gly Ile Val Asn Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe Gly Gln
                725                 730                 735

Ser Ser Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly Thr Leu
            740                 745                 750

Lys Ser Ala Ser Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile
        755                 760                 765

Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Asp Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp
    770                 775                 780

Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His
785                 790                 795                 800

Cys His Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Ile Pro Lys Arg Ala Ala Phe
                805                 810                 815

Lys Gly Ser Ala Pro Leu Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu
            820                 825                 830

Arg Trp Ala Leu Gly Ser Ile Glu Ile Phe Phe Ser Asn His Cys Pro
        835                 840                 845

Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Cys Leu Glu Arg Phe Ser
    850                 855                 860

Tyr Ile Asn Ser Ile Val Tyr Pro Trp Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ala
865                 870                 875                 880
```

```
Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Thr
                885                 890                 895

Pro Glu Leu Thr Asn Ile Ala Ser Leu Trp Phe Met Ser Leu Phe Ile
            900                 905                 910

Cys Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Gly
        915                 920                 925

Ile Asp Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val
    930                 935                 940

Ser Ser His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Ile Ala
945                 950                 955                 960

Gly Ile Asp Thr Ser Phe Thr Val Thr Ser Lys Gly Gly Asp Asp Glu
                965                 970                 975

Glu Phe Ser Glu Leu Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro
            980                 985                 990

Pro Thr Thr Leu Leu Leu Leu Asn  Phe Ile Gly Val Val  Ala Gly Val
        995                 1000                1005

Ser Asn  Ala Ile Asn Asn Gly  Tyr Glu Ser Trp Gly  Pro Leu Phe
    1010                1015                1020

Gly Lys  Leu Phe Phe Ala Phe  Trp Val Ile Val His  Leu Tyr Pro
    1025                1030                1035

Phe Leu  Lys Gly Leu Val Gly  Arg Gln Asn Arg Thr  Pro Thr Ile
    1040                1045                1050

Val Ile  Val Trp Ser Ile Leu  Leu Ala Ser Ile Phe  Ser Leu Leu
    1055                1060                1065

Trp Val  Arg Ile Asp Pro Phe  Leu Ala Lys Asn Asp  Gly Pro Leu
    1070                1075                1080

Leu Glu  Glu Cys Gly Leu Asp  Cys Asn
    1085                1090
```

<210> 51
<211> 1076
<212> PRT
<213> hoăcyza sativa

<400> 51

```
Met Ala Ala Asn Ala Gly Met Val Ala Gly Ser Arg Asn Arg Asn Glu
1               5                   10                  15

Phe Val Met Ile Arg Pro Asp Gly Asp Ala Pro Pro Pro Ala Lys Pro
            20                  25                  30

Gly Lys Ser Val Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Thr Val
        35                  40                  45

Gly Val Ser Ala Thr Gly Asp Val Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala
    50                  55                  60

Phe Pro Val Cys Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Glu Gly Asn
65                  70                  75                  80
```

Gln Cys Cys Pro Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser
85 90 95

Pro Arg Val Gln Gly Asp Glu Glu Glu Glu Asp Val Asp Asp Leu Asp
100 105 110

Asn Glu Phe Asn Tyr Lys His Gly Asn Gly Lys Gly Pro Glu Trp Gln
115 120 125

Ile Gln Arg Gln Gly Glu Asp Val Asp Leu Ser Ser Ser Ser Arg His
130 135 140

Glu Gln His Arg Ile Pro Arg Leu Thr Ser Gly Gln Gln Ile Ser Gly
145 150 155 160

Glu Ile Pro Asp Ala Ser Pro Asp Arg His Ser Ile Arg Ser Gly Thr
165 170 175

Ser Ser Tyr Val Asp Pro Ser Val Pro Val Pro Val Arg Ile Val Asp
180 185 190

Pro Ser Lys Asp Leu Asn Ser Tyr Gly Ile Asn Ser Val Asp Trp Gln
195 200 205

Glu Arg Val Ala Ser Trp Arg Asn Lys Gln Asp Lys Asn Met Met Gln
210 215 220

Val Ala Asn Lys Tyr Pro Glu Ala Arg Gly Gly Asp Met Glu Gly Thr
225 230 235 240

Gly Ser Asn Gly Glu Asp Met Gln Met Val Asp Asp Ala Arg Leu Pro
245 250 255

Leu Ser Arg Ile Val Pro Ile Pro Ser Asn Gln Leu Asn Leu Tyr Arg
260 265 270

Ile Val Ile Ile Leu Arg Leu Ile Ile Leu Met Phe Phe Phe Gln Tyr
275 280 285

Arg Val Thr His Pro Val Arg Asp Ala Tyr Gly Leu Trp Leu Val Ser
290 295 300

Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Leu Ser Trp Leu Leu Asp Gln Phe
305 310 315 320

Pro Lys Trp Tyr Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala
325 330 335

Leu Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp
340 345 350

Val Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Ile Thr
355 360 365

Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys
370 375 380

Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ser Ala Met Leu Thr Phe Glu
385 390 395 400

Ala Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys
405 410 415

```
Lys Lys His Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Ala Gln
            420                 425                 430

Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Ile Gln Pro Ser Phe Val Lys Glu
        435                 440                 445

Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn
    450                 455                 460

Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met
465                 470                 475                 480

Ala Asp Gly Thr Ala Trp Pro Gly Asn Asn Pro Arg Asp His Pro Gly
                485                 490                 495

Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu Asp Thr Asp Gly
            500                 505                 510

Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly
        515                 520                 525

Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Ile Arg Val
    530                 535                 540

Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr Leu Leu Asn Val Asp Cys Asp
545                 550                 555                 560

His Tyr Phe Asn Ser Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met
                565                 570                 575

Met Asp Pro Ala Leu Gly Arg Lys Thr Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln
            580                 585                 590

Arg Phe Asp Gly Ile Asp Leu His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Ile
        595                 600                 605

Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro
    610                 615                 620

Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Cys Phe Asn Arg Gln Ala Leu Tyr Gly
625                 630                 635                 640

Tyr Asp Pro Val Leu Thr Glu Ala Asp Leu Glu Pro Asn Ile Val Val
                645                 650                 655

Lys Ser Cys Cys Gly Gly Arg Lys Lys Lys Ser Lys Ser Tyr Met Asp
            660                 665                 670

Ser Lys Asn Arg Met Met Lys Arg Thr Glu Ser Ser Ala Pro Ile Phe
        675                 680                 685

Asn Met Glu Asp Ile Glu Glu Gly Ile Glu Gly Tyr Glu Asp Glu Arg
    690                 695                 700

Ser Val Leu Met Ser Gln Lys Arg Leu Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser
705                 710                 715                 720

Pro Ile Phe Ile Ala Ser Thr Phe Met Thr Gln Gly Gly Ile Pro Pro
                725                 730                 735

Ser Thr Asn Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser
            740                 745                 750

Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Ile
```

```
        755                 760                 765

Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Ala
    770                 775                 780

Arg Gly Trp Ile Ser Ile Tyr Cys Met Pro Pro Arg Pro Cys Phe Lys
785                 790                 795                 800

Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg
                805                 810                 815

Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Leu Ser Arg His Cys Pro Ile
            820                 825                 830

Trp Tyr Gly Tyr Asn Gly Arg Leu Lys Leu Leu Glu Arg Leu Ala Tyr
        835                 840                 845

Ile Asn Thr Ile Val Tyr Pro Ile Thr Ser Ile Pro Leu Ile Ala Tyr
    850                 855                 860

Cys Val Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Asn Lys Phe Ile Ile Pro
865                 870                 875                 880

Glu Ile Ser Asn Tyr Ala Gly Met Phe Phe Ile Leu Leu Phe Ala Ser
                885                 890                 895

Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly Val Gly Ile
            900                 905                 910

Glu Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Thr Ser
        915                 920                 925

Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly
    930                 935                 940

Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ser Asp Glu Asp Gly
945                 950                 955                 960

Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Val Phe Lys Trp Thr Ser Leu Leu Ile Pro
                965                 970                 975

Pro Thr Thr Val Leu Val Ile Asn Leu Val Gly Met Val Ala Gly Ile
            980                 985                 990

Ser Tyr Ala Ile Asn Ser Gly Tyr  Gln Ser Trp Gly Pro  Leu Phe Gly
        995                 1000                1005

Lys Leu  Phe Phe Ser Ile Trp  Val Ile Leu His Leu  Tyr Pro Phe
    1010                1015                1020

Leu Lys  Gly Leu Met Gly Arg  Gln Asn Arg Thr Pro  Thr Ile Val
    1025                1030                1035

Ile Val  Trp Ser Ile Leu Leu  Ala Ser Ile Phe Ser  Leu Leu Trp
    1040                1045                1050

Val Lys  Ile Asp Pro Phe Ile  Ser Pro Thr Gln Lys  Ala Val Ala
    1055                1060                1065

Leu Gly  Gln Cys Gly Val Asn  Cys
    1070                1075

<210>  52
<211>  1170
```

<212> PRT
<213> hoăcyza sativa

<400> 52

Met Ala Ser Ser Gly Gly Gly Gly Leu Arg His Ser Asn Ser Ser Arg
1 5 10 15

Leu Ser Arg Met Ser Tyr Ser Gly Glu Asp Gly Arg Ala Gln Ala Pro
20 25 30

Gly Gly Gly Gly Asp Arg Pro Met Val Thr Phe Ala Arg Arg Thr His
35 40 45

Ser Gly Arg Tyr Val Ser Tyr Ser Arg Asp Asp Leu Asp Ser Glu Leu
50 55 60

Gly Asn Ser Gly Asp Met Ser Pro Glu Ser Gly Gln Glu Phe Leu Asn
65 70 75 80

Tyr His Val Thr Ile Pro Ala Thr Pro Asp Asn Gln Pro Met Asp Pro
85 90 95

Ala Ile Ser Ala Arg Val Glu Glu Gln Tyr Val Ser Asn Ser Leu Phe
100 105 110

Thr Gly Gly Phe Asn Ser Val Thr Arg Ala His Leu Met Asp Lys Val
115 120 125

Ile Glu Ser Glu Ala Ser His Pro Gln Met Ala Gly Ala Lys Gly Ser
130 135 140

Ser Cys Ala Ile Asn Gly Cys Asp Ala Lys Val Met Ser Asp Glu Arg
145 150 155 160

Gly Asp Asp Ile Leu Pro Cys Glu Cys Asp Phe Lys Ile Cys Ala Asp
165 170 175

Cys Phe Ala Asp Ala Val Lys Asn Gly Gly Ala Cys Pro Gly Cys Lys
180 185 190

Asp Pro Tyr Lys Ala Thr Glu Leu Asp Asp Val Val Gly Ala Arg Pro
195 200 205

Thr Leu Ser Leu Pro Pro Pro Pro Gly Gly Leu Pro Ala Ser Arg Met
210 215 220

Glu Arg Arg Leu Ser Ile Met Arg Ser Gln Lys Ala Met Thr Arg Ser
225 230 235 240

Gln Thr Gly Asp Trp Asp His Asn Arg Trp Leu Phe Glu Thr Lys Gly
245 250 255

Thr Tyr Gly Tyr Gly Asn Ala Ile Trp Pro Lys Glu Asn Glu Val Asp
260 265 270

Asn Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Leu Gly Gly Gly Asp Gly
275 280 285

Gln Pro Ala Glu Phe Thr Ser Lys Pro Trp Arg Pro Leu Thr Arg Lys
290 295 300

Leu Lys Ile Pro Ala Gly Val Leu Ser Pro Tyr Arg Leu Leu Ile Leu
305 310 315 320

Ile Arg Met Ala Val Leu Gly Leu Phe Leu Ala Trp Arg Ile Lys His
325 330 335

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

Leu Trp Phe Gly Leu Ser Trp Leu Leu Asp Gln Leu Pro Lys Leu Cys
355 360 365

Pro Val Asn Arg Ala Thr Asp Leu Ala Val Leu Lys Asp Lys Phe Glu
370 375 380

Thr Pro Thr Pro Ser Asn Pro Asn Gly Arg Ser Asp Leu Pro Gly Leu
385 390 395 400

Asp Ile Phe Val Ser Thr Ala Asp Pro Glu Lys Glu Pro Pro Leu Val
405 410 415

Thr Ala Asn Thr Ile Leu Ser Ile Leu Ala Ala Asp Tyr Pro Val Glu
420 425 430

Lys Leu Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Gly Ala Leu Leu Thr Phe
435 440 445

Glu Ala Met Ala Glu Ala Ala Ser Phe Ala Asn Met Trp Val Pro Phe
450 455 460

Cys Arg Lys His Asp Ile Glu Pro Arg Asn Pro Glu Ser Tyr Phe Asn
465 470 475 480

Leu Lys Arg Asp Pro Tyr Lys Asn Lys Val Arg Ser Asp Phe Val Lys
485 490 495

Asp Arg Arg Arg Val Lys Arg Glu Tyr Asp Glu Phe Lys Val Arg Ile
500 505 510

Asn Ser Leu Pro Asp Ser Ile Arg Arg Arg Ser Asp Ala Tyr His Ala
515 520 525

Arg Glu Glu Ile Lys Ala Met Lys Arg Gln Arg Glu Ala Ala Leu Asp
530 535 540

Asp Val Val Glu Ala Val Lys Ile Pro Lys Ala Thr Trp Met Ala Asp
545 550 555 560

Gly Thr His Trp Pro Gly Thr Trp Ile Gln Pro Ser Ala Glu His Ala
565 570 575

Arg Gly Asp His Ala Gly Ile Ile Gln Val Met Leu Lys Pro Pro Ser
580 585 590

Asp Asp Pro Leu Tyr Gly Thr Ser Gly Glu Glu Gly Arg Pro Leu Asp
595 600 605

Phe Thr Glu Val Asp Ile Arg Leu Pro Met Leu Val Tyr Val Ser Arg
610 615 620

Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asp His Asn Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn
625 630 635 640

Ala Leu Val Arg Ser Ser Ala Val Met Ser Asn Gly Pro Phe Ile Leu
645 650 655

```
Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Val Tyr Asn Ser Gln Ala Phe Arg Glu
            660                 665                 670

Gly Met Cys Phe Met Met Asp Arg Gly Gly Asp Arg Ile Gly Tyr Val
        675                 680                 685

Gln Phe Pro Gln Arg Phe Glu Gly Ile Asp Pro Ser Asp Arg Tyr Ala
    690                 695                 700

Asn His Asn Thr Val Phe Phe Asp Val Asn Met Arg Ala Leu Asp Gly
705                 710                 715                 720

Ile Met Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Leu Phe Arg Arg Ile
                725                 730                 735

Ala Leu Tyr Gly Phe Asp Pro Pro Arg Ser Lys Glu His Ser Gly Cys
            740                 745                 750

Cys Ser Cys Cys Phe Pro Gln Arg Arg Lys Val Lys Thr Ser Thr Val
        755                 760                 765

Ala Ser Glu Glu Arg Gln Ala Leu Arg Met Ala Asp Phe Asp Asp Glu
    770                 775                 780

Glu Met Asn Met Ser Gln Phe Pro Lys Lys Phe Gly Asn Ser Asn Phe
785                 790                 795                 800

Leu Ile Asn Ser Ile Pro Ile Ala Glu Phe Gln Gly Arg Pro Leu Ala
                805                 810                 815

Asp His Pro Gly Val Lys Asn Gly Arg Pro Pro Gly Ala Leu Thr Val
            820                 825                 830

Pro Arg Asp Leu Leu Asp Ala Ser Thr Val Ala Glu Ala Ile Ser Val
        835                 840                 845

Ile Ser Cys Trp Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly Gln Arg Val Gly
    850                 855                 860

Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Val Val Thr Gly Tyr Arg Met
865                 870                 875                 880

His Asn Arg Gly Trp Lys Ser Val Tyr Cys Val Thr Lys Arg Asp Ala
                885                 890                 895

Phe Arg Gly Thr Ala Pro Ile Asn Leu Thr Asp Arg Leu His Gln Val
            900                 905                 910

Leu Arg Trp Ala Thr Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser Arg Asn Asn
        915                 920                 925

Ala Leu Leu Ala Ser Arg Lys Met Lys Phe Leu Gln Arg Ile Ala Tyr
    930                 935                 940

Leu Asn Val Gly Ile Tyr Pro Phe Thr Ser Ile Phe Leu Ile Val Tyr
945                 950                 955                 960

Cys Phe Leu Pro Ala Leu Ser Leu Phe Ser Gly Gln Phe Ile Val Arg
                965                 970                 975

Thr Leu Asn Val Thr Phe Leu Thr Tyr Leu Leu Val Ile Thr Leu Thr
            980                 985                 990

Met Cys Met Leu Ala Val Leu Glu  Ile Lys Trp Ser Gly  Ile Ser Leu
```

995 1000 1005

Glu Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Leu Ile Gly Gly Thr
1010 1015 1020

Ser Ala His Leu Ala Ala Val Leu Gln Gly Leu Leu Lys Val Ile
1025 1030 1035

Ala Gly Ile Glu Ile Ser Phe Thr Leu Thr Ser Lys Ser Gly Gly
1040 1045 1050

Asp Glu Ala Asp Asp Glu Phe Ala Asp Leu Tyr Ile Val Lys Trp
1055 1060 1065

Thr Ser Leu Met Ile Pro Pro Ile Val Ile Met Met Val Asn Leu
1070 1075 1080

Ile Ala Ile Ala Val Gly Phe Ser Arg Thr Ile Tyr Ser Glu Ile
1085 1090 1095

Pro Gln Trp Ser Lys Leu Leu Gly Gly Val Phe Phe Ser Phe Trp
1100 1105 1110

Val Leu Ala His Leu Tyr Pro Phe Ala Lys Gly Leu Met Gly Arg
1115 1120 1125

Arg Gly Arg Thr Pro Thr Ile Val Phe Val Trp Ser Gly Leu Leu
1130 1135 1140

Ala Ile Thr Ile Ser Leu Leu Trp Val Ala Ile Asn Pro Pro Ser
1145 1150 1155

Gln Asn Ser Gln Ile Gly Gly Ser Phe Thr Phe Pro
1160 1165 1170

<210> 53
<211> 1012
<212> PRT
<213> hoăcyza sativa

<400> 53

Met Ser Val Asp Tyr Ala Asn Tyr Thr Val Leu Met Pro Pro Thr Pro
1 5 10 15

Asp Asn Gln Pro Ser Gly Gly Ala Pro Pro Ala Ala Pro Ser Ala Gly
20 25 30

Gly Ala Arg Pro Gly Asp Leu Pro Leu Pro Pro Tyr Gly Ser Ser Ser
35 40 45

Ser Ser Arg Leu Val Asn Arg Arg Gly Gly Gly Asp Asp Gly Ala Lys
50 55 60

Met Asp Arg Arg Leu Ser Thr Ala Arg Val Pro Ala Pro Ser Ser Asn
65 70 75 80

Lys Ser Leu Leu Val Arg Ser Gln Thr Gly Asp Phe Asp His Asn Arg
85 90 95

Trp Leu Phe Glu Thr Lys Gly Thr Tyr Gly Ile Gly Asn Ala Tyr Trp
100 105 110

Pro Gln Asp Asn Val Tyr Gly Asp Asp Gly Gly Gly Gly Ala Val Lys

```
        115                 120                 125

Met Glu Asp Leu Val Glu Lys Pro Trp Lys Pro Leu Ser Arg Lys Val
    130                 135                 140

Pro Ile Pro Pro Gly Ile Leu Ser Pro Tyr Arg Leu Leu Val Leu Val
145                 150                 155                 160

Arg Phe Val Ala Leu Phe Leu Phe Leu Val Trp Arg Val Thr Asn Pro
                165                 170                 175

Asn Met Asp Ala Leu Trp Leu Trp Gly Ile Ser Ile Val Cys Glu Phe
            180                 185                 190

Trp Phe Ala Phe Ser Trp Leu Leu Asp Gln Met Pro Lys Leu Asn Pro
        195                 200                 205

Ile Asn Arg Ala Ala Asp Leu Ala Ala Leu Lys Glu Lys Phe Glu Ser
    210                 215                 220

Pro Ser Pro Thr Asn Pro Thr Gly Arg Ser Asp Leu Pro Gly Leu Asp
225                 230                 235                 240

Val Phe Ile Ser Thr Ala Asp Pro Tyr Lys Glu Pro Thr Leu Val Thr
                245                 250                 255

Ala Asn Thr Leu Leu Ser Ile Leu Ala Thr Glu Tyr Pro Val Glu Lys
            260                 265                 270

Leu Phe Val Tyr Ile Ser Asp Asp Gly Gly Ala Leu Leu Thr Phe Glu
        275                 280                 285

Ser Met Ala Glu Ala Cys Ala Phe Ala Lys Val Trp Val Pro Phe Cys
    290                 295                 300

Arg Lys His Ser Ile Glu Pro Arg Asn Pro Asp Ser Tyr Phe Thr Gln
305                 310                 315                 320

Lys Gly Asp Pro Thr Lys Gly Lys Lys Arg Pro Asp Phe Val Lys Asp
                325                 330                 335

Arg Arg Trp Ile Lys Arg Glu Tyr Asp Glu Phe Lys Ile Arg Val Asn
            340                 345                 350

Ser Leu Pro Asp Leu Ile Arg Arg Arg Ala Asn Ala Leu Asn Ala Arg
        355                 360                 365

Glu Arg Lys Leu Ala Arg Asp Lys Gln Ala Ala Gly Asp Ala Asp Ala
    370                 375                 380

Leu Ala Ser Val Lys Ala Ala Thr Trp Met Ala Asp Gly Thr His Trp
385                 390                 395                 400

Pro Gly Thr Trp Leu Asp Pro Ser Pro Asp His Ala Lys Gly Asp His
                405                 410                 415

Ala Ser Ile Val Gln Val Met Ile Lys Asn Pro His His Asp Val Val
            420                 425                 430

Tyr Gly Glu Ala Gly Asp His Pro Tyr Leu Asp Met Thr Asp Val Asp
        435                 440                 445

Met Arg Ile Pro Met Phe Ala Tyr Leu Ser Arg Glu Lys Arg Ala Gly
    450                 455                 460
```

Tyr Asp His Asn Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Met Val Arg Ala
465 470 475 480

Ser Ala Ile Leu Ser Asn Gly Pro Phe Met Leu Asn Phe Asp Cys Asp
485 490 495

His Tyr Ile Tyr Asn Cys Gln Ala Ile Arg Glu Ala Met Cys Tyr Met
500 505 510

Leu Asp Arg Gly Gly Asp Arg Ile Cys Tyr Ile Gln Phe Pro Gln Arg
515 520 525

Phe Glu Gly Ile Asp Pro Ser Asp Arg Tyr Ala Asn His Asn Thr Val
530 535 540

Phe Phe Asp Gly Asn Met Arg Ala Leu Asp Gly Leu Gln Gly Pro Met
545 550 555 560

Tyr Val Gly Thr Gly Cys Leu Phe Arg Arg Tyr Ala Ile Tyr Gly Phe
565 570 575

Asn Pro Pro Arg Ala Ile Glu Tyr Arg Gly Thr Tyr Gly Gln Thr Lys
580 585 590

Val Pro Ile Asp Pro Arg Gln Gly Ser Glu Ala Met Pro Gly Ala Gly
595 600 605

Gly Gly Arg Ser Gly Gly Gly Ser Val Gly Gly Asp His Glu Leu Gln
610 615 620

Ala Leu Ser Thr Ala His Pro Asp His Glu Ala Pro Gln Lys Phe Gly
625 630 635 640

Lys Ser Lys Met Phe Ile Glu Ser Ile Ala Val Ala Glu Tyr Gln Gly
645 650 655

Arg Pro Leu Gln Asp His Pro Ser Val Leu Asn Gly Arg Pro Pro Gly
660 665 670

Ala Leu Leu Met Pro Arg Pro Pro Leu Asp Ala Ala Thr Val Ala Glu
675 680 685

Ser Val Ser Val Ile Ser Cys Trp Tyr Glu Asp Asn Thr Glu Trp Gly
690 695 700

Gln Arg Val Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Val Val Thr
705 710 715 720

Gly Tyr Arg Met His Asn Arg Gly Trp Arg Ser Val Tyr Cys Ile Thr
725 730 735

Arg Arg Asp Ala Phe Arg Gly Thr Ala Pro Ile Asn Leu Thr Asp Arg
740 745 750

Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Thr Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe
755 760 765

Ser Lys Asn Asn Ala Val Leu Ala Ser Arg Arg Leu Lys Phe Leu Gln
770 775 780

Arg Met Ala Tyr Leu Asn Val Gly Ile Tyr Pro Phe Thr Ser Leu Phe
785 790 795 800

```
Leu Ile Met Tyr Cys Leu Leu Pro Ala Leu Ser Leu Phe Ser Gly Gln
                805                 810                 815

Phe Ile Val Ala Thr Leu Asp Pro Thr Phe Leu Ser Tyr Leu Leu Leu
            820                 825                 830

Ile Thr Ile Thr Leu Met Leu Leu Cys Leu Leu Glu Val Lys Trp Ser
        835                 840                 845

Gly Ile Gly Leu Glu Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile
    850                 855                 860

Gly Gly Thr Ser Ala His Leu Ala Ala Val Leu Gln Gly Leu Leu Lys
865                 870                 875                 880

Val Val Ala Gly Ile Glu Ile Ser Phe Thr Leu Thr Ala Lys Ala Ala
                885                 890                 895

Ala Glu Asp Asp Asp Asp Pro Phe Ala Glu Leu Tyr Leu Ile Lys Trp
            900                 905                 910

Thr Ser Leu Phe Ile Pro Pro Leu Ala Val Ile Gly Ile Asn Ile Ile
        915                 920                 925

Ala Leu Val Val Gly Val Ser Arg Thr Val Tyr Ala Glu Ile Pro Gln
    930                 935                 940

Tyr Ser Lys Leu Leu Gly Gly Gly Phe Phe Ser Phe Trp Val Leu Ala
945                 950                 955                 960

His Tyr Tyr Pro Phe Ala Lys Gly Leu Met Gly Arg Arg Gly Arg Thr
                965                 970                 975

Pro Thr Ile Val Tyr Val Trp Ala Gly Leu Ile Ser Ile Thr Val Ser
            980                 985                 990

Leu Leu Trp Ile Thr Ile Ser Pro  Pro Asp Asp Ser Val  Ala Gln Gly
        995                 1000                1005

Gly Ile  Asp Val
    1010
```

<210> 54
<211> 860
<212> PRT
<213> hoăcyza sativa

<400> 54

```
Met Asp Gly Glu Ser Pro Glu Ile Met Pro Val Glu Cys Pro Asp Pro
1               5                   10                  15

Glu Pro Ala Ser Ser Glu Ser Gly Asp Asp His Asp Ile Pro Glu Pro
            20                  25                  30

Leu Ser Ser Arg Leu Ser Val Pro Ser Gly Glu Leu Asn Leu Tyr Arg
        35                  40                  45

Ala Ala Val Ala Leu Arg Leu Val Leu Leu Ala Ala Phe Phe Arg Tyr
    50                  55                  60

Arg Val Thr Arg Pro Val Ala Asp Ala His Ala Leu Trp Val Thr Ser
65                  70                  75                  80
```

```
Val Ala Cys Glu Leu Trp Leu Ala Ala Ser Trp Leu Ile Ala Gln Leu
                85                  90                  95

Pro Lys Leu Ser Pro Ala Asn Arg Val Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ala
            100                 105                 110

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

Val Phe Val Ala Ala Ala Asp Ala Ala Arg Glu Pro Pro Leu Ala Thr
    130                 135                 140

Ala Asn Thr Val Leu Ser Val Leu Ala Ala Asp Tyr Pro Ala Gly Gly
145                 150                 155                 160

Val Ala Cys Tyr Val His Asp Asp Gly Ala Asp Met Leu Val Phe Glu
                165                 170                 175

Ser Leu Phe Glu Ala Ala Gly Phe Ala Arg Arg Trp Ile Pro Phe Cys
            180                 185                 190

Arg Arg His Gly Val Glu Pro Arg Ala Pro Glu Leu Tyr Phe Ala Arg
        195                 200                 205

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

Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Met Asn
225                 230                 235                 240

His Leu Ala Ala Arg Ala Arg Lys Val Pro Glu Glu Gly Trp Ile Met
                245                 250                 255

Ser Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Ser Arg Asp His Pro Ala
            260                 265                 270

Met Ile Gln Val Leu Leu Gly His Pro Gly Asp Arg Asp Val Asp Gly
        275                 280                 285

Gly Glu Leu Pro Arg Leu Phe Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly
    290                 295                 300

Phe Arg His His Gly Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Leu Arg Val
305                 310                 315                 320

Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Ala Tyr Val Leu Asn Leu Asp Cys Asp
                325                 330                 335

His Cys Val Asn Asn Ser Ser Ala Leu Arg Glu Ala Met Cys Phe Met
            340                 345                 350

Met Asp Pro Val Ala Gly Asn Arg Thr Cys Phe Val Gln Phe Ala Leu
        355                 360                 365

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

Cys Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Ser Gly Cys Cys
385                 390                 395                 400

Phe Ser Arg Lys Ala Leu Tyr Gly Phe Glu Pro Ala Ala Ala Ala Asp
                405                 410                 415

Asp Gly Asp Asp Met Asp Thr Ala Ala Asp Trp Arg Arg Met Cys Cys
```

```
            420                 425                 430

Phe Gly Arg Gly Lys Arg Met Asn Ala Met Arg Arg Ser Met Ser Ala
        435                 440                 445

Val Pro Leu Leu Asp Ser Glu Asp Asp Ser Asp Glu Gln Glu Glu Glu
    450                 455                 460

Glu Ala Ala Gly Arg Arg Arg Arg Leu Arg Ala Tyr Arg Ala Ala Leu
465                 470                 475                 480

Glu Arg His Phe Gly Gln Ser Pro Ala Phe Ile Ala Ser Ala Phe Glu
                485                 490                 495

Glu Gln Gly Arg Arg Arg Gly Gly Asp Gly Gly Ser Pro Asp Ala Thr
            500                 505                 510

Val Ala Pro Ala Arg Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Val Ser
        515                 520                 525

Cys Ala Phe Glu Glu Arg Thr Arg Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp Met
    530                 535                 540

Tyr Gly Gly Gly Val Ala Thr Gly Phe Arg Met His Ala Arg Gly Trp
545                 550                 555                 560

Ser Ser Ala Tyr Cys Ser Pro Ala Arg Pro Ala Phe Arg Arg Tyr Ala
                565                 570                 575

Arg Ala Ser Pro Ala Asp Val Leu Ala Gly Ala Ser Arg Arg Ala Val
            580                 585                 590

Ala Ala Met Gly Ile Leu Leu Ser Arg Arg His Ser Pro Val Trp Ala
        595                 600                 605

Gly Arg Arg Leu Gly Leu Leu Gln Arg Leu Gly Tyr Val Ala Arg Ala
    610                 615                 620

Ser Tyr Pro Leu Ala Ser Leu Pro Leu Thr Val Tyr Cys Ala Leu Pro
625                 630                 635                 640

Ala Val Cys Leu Leu Thr Gly Lys Ser Thr Phe Pro Ser Asp Val Ser
                645                 650                 655

Tyr Tyr Asp Gly Val Leu Leu Ile Leu Leu Leu Phe Ser Val Ala Ala
            660                 665                 670

Ser Val Ala Leu Glu Leu Arg Trp Ser Arg Val Pro Leu Arg Ala Trp
        675                 680                 685

Trp Arg Asp Glu Lys Leu Trp Met Val Thr Ala Thr Ser Ala Ser Leu
    690                 695                 700

Ala Ala Val Phe Gln Gly Ile Leu Ser Ala Cys Thr Gly Ile Asp Val
705                 710                 715                 720

Ala Phe Ser Thr Glu Thr Ala Ala Ser Pro Pro Lys Arg Pro Ala Ala
                725                 730                 735

Gly Asn Asp Asp Gly Glu Glu Glu Ala Ala Leu Ala Ser Glu Ile Thr
            740                 745                 750

Met Arg Trp Thr Asn Leu Leu Val Ala Pro Thr Ser Val Val Val Ala
        755                 760                 765
```

Asn Leu Ala Gly Val Val Ala Ala Val Ala Tyr Gly Val Asp His Gly
770 775 780

Tyr Tyr Gln Ser Trp Gly Ala Leu Gly Ala Lys Leu Ala Leu Ala Gly
785 790 795 800

Trp Val Val Ala His Leu Gln Gly Phe Leu Arg Gly Leu Leu Ala Pro
805 810 815

Arg Asp Arg Ala Pro Pro Thr Ile Ala Val Leu Trp Ser Val Val Phe
820 825 830

Val Ser Val Ala Ser Leu Leu Trp Val His Ala Ala Ser Phe Ser Ala
835 840 845

Pro Thr Ala Ala Pro Thr Thr Glu Gln Pro Ile Leu
850 855 860

<210> 55
<211> 1081
<212> PRT
<213> hoăcyza sativa

<400> 55

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

Gln Ala Cys Gln Ile Cys Gly Asp Gly Val Gly Thr Thr Ala Glu Gly
20 25 30

Asp Val Phe Ala Ala Cys Asp Val Cys Gly Phe Pro Val Cys Arg Pro
35 40 45

Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Lys Asp Gly Thr Gln Ala Cys Pro Gln Cys
50 55 60

Lys Thr Lys Tyr Lys Arg His Lys Gly Ser Pro Ala Ile Arg Gly Glu
65 70 75 80

Glu Gly Glu Asp Thr Asp Ala Asp Asp Val Ser Asp Tyr Asn Tyr Pro
85 90 95

Ala Ser Gly Ser Ala Asp Gln Lys Gln Lys Ile Ala Asp Arg Met Arg
100 105 110

Ser Trp Arg Met Asn Ala Gly Gly Gly Gly Asp Val Gly Arg Pro Lys
115 120 125

Tyr Asp Ser Gly Glu Ile Gly Leu Thr Lys Tyr Asp Ser Gly Glu Ile
130 135 140

Pro Arg Gly Tyr Ile Pro Ser Val Thr Asn Ser Gln Ile Ser Gly Glu
145 150 155 160

Ile Pro Gly Ala Ser Pro Asp His His Met Met Ser Pro Thr Gly Asn
165 170 175

Ile Gly Lys Arg Ala Pro Phe Pro Tyr Val Asn His Ser Pro Asn Pro
180 185 190

Ser Arg Glu Phe Ser Gly Ser Ile Gly Asn Val Ala Trp Lys Glu Arg
195 200 205

```
Val Asp Gly Trp Lys Leu Lys Gln Asp Lys Gly Ala Ile Pro Met Thr
    210                 215                 220

Asn Gly Thr Ser Ile Ala Pro Ser Glu Gly Arg Gly Val Gly Asp Ile
225                 230                 235                 240

Asp Ala Ser Thr Asp Tyr Asn Met Glu Asp Ala Leu Leu Asn Asp Glu
                245                 250                 255

Thr Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Leu Pro Ser Ser Arg Ile
            260                 265                 270

Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Val Leu Arg Leu Val Val Leu Ser Ile
        275                 280                 285

Phe Leu His Tyr Arg Ile Thr Asn Pro Val Arg Asn Ala Tyr Pro Leu
    290                 295                 300

Trp Leu Leu Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Leu Ser Trp Ile
305                 310                 315                 320

Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Asn Arg Glu Thr Tyr Leu
                325                 330                 335

Asp Arg Leu Ala Leu Arg Tyr Asp Arg Glu Gly Glu Pro Ser Gln Leu
            340                 345                 350

Ala Ala Val Asp Ile Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Met Lys Glu Pro
        355                 360                 365

Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr
    370                 375                 380

Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ala Met
385                 390                 395                 400

Leu Thr Phe Asp Ala Leu Ala Glu Thr Ser Glu Phe Ala Arg Lys Trp
                405                 410                 415

Val Pro Phe Val Lys Lys Tyr Asn Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu Trp
            420                 425                 430

Tyr Phe Ser Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val His Pro Ser
        435                 440                 445

Phe Val Lys Asp Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys
    450                 455                 460

Val Arg Ile Asn Gly Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val Pro Glu Glu
465                 470                 475                 480

Gly Trp Ile Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr Arg
                485                 490                 495

Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly His Ser Gly Gly Leu
            500                 505                 510

Asp Thr Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu
        515                 520                 525

Lys Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala
    530                 535                 540
```

```
Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Gly Gln Tyr Met Leu Asn
545                 550                 555                 560

Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Leu Arg Glu Ala
                565                 570                 575

Met Cys Phe Leu Met Asp Pro Asn Leu Gly Arg Ser Val Cys Tyr Val
            580                 585                 590

Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg Asn Asp Arg Tyr Ala
        595                 600                 605

Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Leu Arg Gly Leu Asp Gly
    610                 615                 620

Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe Asn Arg Thr
625                 630                 635                 640

Ala Leu Tyr Gly Tyr Glu Pro Pro Ile Lys Gln Lys Lys Lys Gly Ser
                645                 650                 655

Phe Leu Ser Ser Leu Cys Gly Gly Arg Lys Lys Ala Ser Lys Ser Lys
            660                 665                 670

Lys Lys Ser Ser Asp Lys Lys Lys Ser Asn Lys His Val Asp Ser Ala
        675                 680                 685

Val Pro Val Phe Asn Leu Glu Asp Ile Glu Glu Gly Val Glu Gly Ala
    690                 695                 700

Gly Phe Asp Asp Glu Lys Ser Leu Leu Met Ser Gln Met Ser Leu Glu
705                 710                 715                 720

Lys Arg Phe Gly Gln Ser Ala Ala Phe Val Ala Ser Thr Leu Met Glu
                725                 730                 735

Tyr Gly Gly Val Pro Gln Ser Ala Thr Pro Glu Ser Leu Leu Lys Glu
            740                 745                 750

Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Glu Trp Gly
        755                 760                 765

Thr Glu Ile Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr
    770                 775                 780

Gly Phe Lys Met His Ala Arg Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Met Pro
785                 790                 795                 800

Lys Arg Pro Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg
                805                 810                 815

Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Leu Phe
            820                 825                 830

Ser Arg His Cys Pro Ile Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Arg Leu Lys Phe
        835                 840                 845

Leu Glu Arg Phe Ala Tyr Ile Asn Thr Thr Ile Tyr Pro Leu Thr Ser
    850                 855                 860

Ile Pro Leu Leu Ile Tyr Cys Val Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr
865                 870                 875                 880

Gly Lys Phe Ile Ile Pro Glu Ile Ser Asn Phe Ala Ser Ile Trp Phe
```

885 890 895

Ile Ser Leu Phe Ile Ser Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg
900 905 910

Trp Ser Gly Val Gly Ile Asp Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp
915 920 925

Val Ile Gly Gly Ile Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu
930 935 940

Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys
945 950 955 960

Ala Ser Asp Glu Asp Gly Asp Phe Ala Glu Leu Tyr Met Phe Lys Trp
965 970 975

Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Ile Leu Ile Ile Asn Leu Val
980 985 990

Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Tyr Ala Ile Asn Ser Gly Tyr Gln Ser
995 1000 1005

Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile
1010 1015 1020

Val His Leu Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn
1025 1030 1035

Arg Thr Pro Thr Ile Val Val Val Trp Ala Ile Leu Leu Ala Ser
1040 1045 1050

Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg Ile Asp Pro Phe Thr Thr Arg
1055 1060 1065

Val Thr Gly Pro Asp Thr Gln Thr Cys Gly Ile Asn Cys
1070 1075 1080

<210> 56
<211> 1092
<212> PRT
<213> hoăcyza sativa

<400> 56

Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1 5 10 15

Leu Val Val Ile Arg Arg Asp Gly Gly Gly Gly Gly Gly Val Gly Gly
20 25 30

Arg Arg Ala Ala Glu Ala Lys Ala Ala Cys Gln Ile Cys Gly Asp Asp
35 40 45

Val Gly Glu Gly Pro Asp Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys
50 55 60

Ala Phe Pro Val Cys Arg Asn Cys Tyr Asp Tyr Glu Arg Arg Glu Gly
65 70 75 80

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

Cys Pro Arg Val Ala Gly Asp Glu Glu Glu Asp Gly Val Asp Asp Leu

```
                100                 105                 110

Glu Gly Glu Phe Gly Leu Asp Gly Arg Glu Asp Asp Pro Gln Tyr Ile
        115                 120                 125

Ala Glu Ser Met Leu Arg Ala Asn Met Ser Tyr Gly Arg Gly Gly Asp
    130                 135                 140

Leu Gln Pro Phe Gln Pro Ile Pro Asn Val Pro Leu Leu Thr Asn Gly
145                 150                 155                 160

Gln Met Val Asp Asp Ile Pro Pro Glu Gln His Ala Leu Val Pro Ser
                165                 170                 175

Tyr Met Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Lys Arg Ile His Pro Leu Pro
            180                 185                 190

Phe Ala Asp Pro Ser Val Pro Val Gln Pro Arg Ser Met Asp Pro Ser
        195                 200                 205

Lys Asp Leu Ala Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys Glu Arg
    210                 215                 220

Met Glu Gly Trp Lys Gln Lys Gln Glu Arg Met Gln Gln Leu Arg Ser
225                 230                 235                 240

Glu Gly Gly Gly Asp Trp Asp Gly Asp Gly Asp Ala Asp Leu Pro Leu
                245                 250                 255

Met Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile Ser Ser
            260                 265                 270

Ser Arg Ile Asn Pro Tyr Arg Met Ile Ile Ile Ile Arg Leu Val Val
        275                 280                 285

Leu Gly Phe Phe Phe His Tyr Arg Val Met His Pro Val Asn Asp Ala
    290                 295                 300

Phe Ala Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Met
305                 310                 315                 320

Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Leu Pro Ile Glu Arg Glu
                325                 330                 335

Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu Arg Phe Asp Lys Glu Gly Gln Pro
            340                 345                 350

Ser Gln Leu Ala Pro Val Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Ser
        355                 360                 365

Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ser
    370                 375                 380

Val Asp Tyr Pro Val Glu Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly
385                 390                 395                 400

Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala
                405                 410                 415

Lys Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe Asn Ile Glu Pro Arg Ala
            420                 425                 430

Pro Glu Trp Tyr Phe Gln Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val
        435                 440                 445
```

```
Ala Ala Ser Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Asp Tyr Glu
    450                 455                 460

Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val
465                 470                 475                 480

Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Ser Pro Trp Pro Gly Asn
                485                 490                 495

Asn Val Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Ser
            500                 505                 510

Gly Gly Arg Asp Val Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val
        515                 520                 525

Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala Gly Ala
    530                 535                 540

Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Ser Asn Ala Pro Tyr
545                 550                 555                 560

Leu Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile
                565                 570                 575

Arg Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Leu Val Gly Lys Lys Val
            580                 585                 590

Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp
        595                 600                 605

Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly
    610                 615                 620

Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe
625                 630                 635                 640

Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Thr Lys Lys Pro
                645                 650                 655

Pro Ser Arg Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Cys Cys Cys Cys
            660                 665                 670

Cys Gly Asn Arg His Thr Lys Lys Lys Thr Thr Lys Pro Lys Pro Glu
        675                 680                 685

Lys Lys Lys Arg Leu Phe Phe Lys Lys Ala Glu Asn Gln Ser Pro Ala
    690                 695                 700

Tyr Ala Leu Gly Glu Ile Glu Glu Gly Ala Pro Gly Ala Glu Thr Asp
705                 710                 715                 720

Lys Ala Gly Ile Val Asn Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe Gly Gln
                725                 730                 735

Ser Ser Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly Thr Leu
            740                 745                 750

Lys Ser Ala Ser Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile
        755                 760                 765

Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Asp Trp Gly Lys Glu Ile Gly Trp
    770                 775                 780
```

```
Ile Tyr Gly Ser Ile Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His
785                 790                 795                 800

Cys His Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Ile Pro Lys Arg Pro Ala Phe
                805                 810                 815

Lys Gly Ser Ala Pro Leu Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val Leu
            820                 825                 830

Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser Lys His Cys Pro
        835                 840                 845

Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Phe Leu Glu Arg Phe Ser
    850                 855                 860

Tyr Ile Asn Ser Ile Val Tyr Pro Trp Thr Ser Ile Pro Leu Leu Ala
865                 870                 875                 880

Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Thr
                885                 890                 895

Pro Glu Leu Thr Asn Val Ala Ser Leu Trp Phe Met Ser Leu Phe Ile
            900                 905                 910

Cys Ile Phe Val Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Ala
        915                 920                 925

Ile Asp Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val
    930                 935                 940

Ser Ser His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala
945                 950                 955                 960

Gly Val Asp Thr Ser Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Gly Asp Asp Glu
                965                 970                 975

Glu Phe Ser Glu Leu Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro
            980                 985                 990

Pro Thr Thr Leu Leu Leu Leu Asn  Phe Ile Gly Val Val  Ala Gly Val
        995                 1000                1005

Ser Asn  Ala Ile Asn Asn Gly  Tyr Glu Ser Trp Gly  Pro Leu Phe
    1010                1015                1020

Gly Lys  Leu Phe Phe Ala Phe  Trp Val Ile Val His  Leu Tyr Pro
    1025                1030                1035

Phe Leu  Lys Gly Leu Val Gly  Arg Gln Asn Arg Thr  Pro Thr Ile
    1040                1045                1050

Val Ile  Val Trp Ser Ile Leu  Leu Ala Ser Ile Phe  Ser Leu Leu
    1055                1060                1065

Trp Val  Arg Ile Asp Pro Phe  Leu Ala Lys Asn Asn  Gly Pro Leu
    1070                1075                1080

Leu Glu  Glu Cys Gly Leu Asp  Cys Asn
    1085                1090
```

<210> 57
<211> 1093
<212> PRT
<213> hoăcyza sativa

<400> 57

Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1 5 10 15

Leu Val Val Ile Arg Arg Asp Gly Asp Pro Gly Pro Lys Pro Leu Arg
20 25 30

Gln Gln Asn Gly Gln Val Cys Gln Ile Cys Gly Asp Asp Val Gly Leu
35 40 45

Asn Pro Asp Gly Glu Pro Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Ala Phe Pro
50 55 60

Val Cys Arg Asp Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Thr Gln Asn
65 70 75 80

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

Val Pro Gly Asp Glu Glu Glu Asp Gly Val Asp Asp Leu Glu Asn Glu
100 105 110

Phe Asn Trp Arg Asp Arg Asn Asp Ser Gln Tyr Val Ala Glu Ser Met
115 120 125

Leu His Ala His Met Ser Tyr Gly Arg Gly Gly Val Asp Val Asn Gly
130 135 140

Val Pro Gln Pro Phe Gln Pro Asn Pro Asn Val Pro Leu Leu Thr Asp
145 150 155 160

Gly Gln Met Val Asp Asp Ile Pro Pro Glu Gln His Ala Leu Val Pro
165 170 175

Ser Phe Met Gly Gly Gly Gly Lys Arg Ile His Pro Leu Pro Tyr Ala
180 185 190

Asp Pro Asn Leu Pro Val Gln Pro Arg Ser Met Asp Pro Ser Lys Asp
195 200 205

Leu Ala Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys Glu Arg Met Glu
210 215 220

Ser Trp Lys Gln Lys Gln Glu Arg Leu His Gln Met Arg Asn Asp Gly
225 230 235 240

Gly Gly Lys Asp Trp Asp Gly Asp Gly Asp Asp Gly Asp Leu Pro Leu
245 250 255

Met Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile Pro Ser
260 265 270

Ser Gln Ile Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Ile Ile Arg Leu Val Val
275 280 285

Leu Gly Phe Phe Phe His Tyr Arg Val Met His Pro Val Pro Asp Ala
290 295 300

Phe Ala Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Met
305 310 315 320

Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Glu Arg Glu

325 330 335

Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Thr Leu Arg Phe Asp Lys Glu Gly Gln Thr
340 345 350

Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu
355 360 365

Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala
370 375 380

Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly
385 390 395 400

Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala
405 410 415

Lys Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Tyr Ser Ile Glu Pro Arg Ala
420 425 430

Pro Glu Trp Tyr Phe Gln Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val
435 440 445

Ala Pro Tyr Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu
450 455 460

Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Val
465 470 475 480

Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn
485 490 495

Asn Val Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Ser
500 505 510

Gly Gly His Asp Ile Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val
515 520 525

Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala Gly Ala
530 535 540

Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Tyr
545 550 555 560

Met Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile
565 570 575

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

Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp
595 600 605

Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly
610 615 620

Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe
625 630 635 640

Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Thr Lys Lys Pro
645 650 655

Pro Ser Arg Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Ile Cys Cys Cys
660 665 670

```
Cys Phe Gly Asp Arg Lys Ser Lys Lys Lys Thr Thr Lys Pro Lys Thr
        675                 680                 685

Glu Lys Lys Lys Arg Ser Phe Phe Lys Arg Ala Glu Asn Gln Ser Pro
    690                 695                 700

Ala Tyr Ala Leu Gly Glu Ile Glu Glu Gly Ala Pro Gly Ala Glu Asn
705                 710                 715                 720

Glu Lys Ala Gly Ile Val Asn Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe Gly
                725                 730                 735

Gln Ser Ser Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly Thr
            740                 745                 750

Leu Lys Ser Ala Ser Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val
        755                 760                 765

Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Asp Trp Gly Lys Glu Ile Gly
    770                 775                 780

Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met
785                 790                 795                 800

His Cys His Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Ile Pro Lys Leu Pro Ala
                805                 810                 815

Phe Lys Gly Ser Ala Pro Leu Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val
            820                 825                 830

Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser Asn His Cys
        835                 840                 845

Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Cys Leu Glu Arg Phe
    850                 855                 860

Ser Tyr Ile Asn Ser Ile Val Tyr Pro Phe Thr Ser Ile Pro Leu Leu
865                 870                 875                 880

Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile
                885                 890                 895

Thr Pro Glu Leu Thr Asn Val Ala Ser Leu Trp Phe Met Ser Leu Phe
            900                 905                 910

Ile Cys Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val
        915                 920                 925

Gly Ile Asp Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly
    930                 935                 940

Val Ser Ser His Leu Phe Ala Leu Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Ile
945                 950                 955                 960

Ala Gly Ile Asp Thr Ser Phe Thr Val Thr Ser Lys Gly Gly Asp Asp
                965                 970                 975

Glu Glu Phe Ser Glu Leu Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile
            980                 985                 990

Pro Pro Thr Thr Leu Leu Leu Leu  Asn Phe Ile Gly Val  Val Ala Gly
        995                 1000                1005
```

Val Ser Asn Ala Ile Asn Asn Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu
1010 1015 1020

Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr
1025 1030 1035

Pro Phe Leu Lys Gly Leu Val Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr
1040 1045 1050

Ile Val Ile Val Trp Ser Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu
1055 1060 1065

Leu Trp Val Arg Ile Asp Pro Phe Leu Ala Lys Asn Asp Gly Pro
1070 1075 1080

Leu Leu Glu Glu Cys Gly Leu Asp Cys Asn
1085 1090

<210> 58
<211> 837
<212> PRT
<213> hoăcyza sativa

<400> 58

Met Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile Pro Ser
1 5 10 15

Ser Gln Ile Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Ile Ile Arg Leu Val Val
20 25 30

Leu Gly Phe Phe Phe His Tyr Arg Val Met His Pro Val Pro Asp Ala
35 40 45

Phe Ala Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala Met
50 55 60

Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Glu Arg Glu
65 70 75 80

Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Thr Leu Arg Phe Asp Lys Glu Gly Gln Thr
85 90 95

Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu
100 105 110

Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala
115 120 125

Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly
130 135 140

Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe Ala
145 150 155 160

Lys Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Tyr Ser Ile Glu Pro Arg Ala
165 170 175

Pro Glu Trp Tyr Phe Gln Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val
180 185 190

Ala Pro Tyr Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu
195 200 205

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

Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn
225 230 235 240

Asn Val Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln Ser
245 250 255

Gly Gly His Asp Ile Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val
260 265 270

Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala Gly Ala
275 280 285

Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Tyr
290 295 300

Met Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala Ile
305 310 315 320

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

Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp
340 345 350

Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly
355 360 365

Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val Phe
370 375 380

Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Thr Lys Lys Pro
385 390 395 400

Pro Ser Arg Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Ile Cys Cys Cys
405 410 415

Cys Phe Gly Asp Arg Lys Ser Lys Lys Lys Thr Thr Lys Pro Lys Thr
420 425 430

Glu Lys Lys Lys Arg Ser Phe Phe Lys Arg Ala Glu Asn Gln Ser Pro
435 440 445

Ala Tyr Ala Leu Gly Glu Ile Glu Glu Gly Ala Pro Gly Ala Glu Asn
450 455 460

Glu Lys Ala Gly Ile Val Asn Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe Gly
465 470 475 480

Gln Ser Ser Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly Thr
485 490 495

Leu Lys Ser Ala Ser Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val
500 505 510

Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Asp Trp Gly Lys Glu Ile Gly
515 520 525

Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met
530 535 540

His Cys His Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Ile Pro Lys Leu Pro Ala

545 550 555 560

Phe Lys Gly Ser Ala Pro Leu Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln Val
565 570 575

Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser Asn His Cys
580 585 590

Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Cys Leu Glu Arg Phe
595 600 605

Ser Tyr Ile Asn Ser Ile Val Tyr Pro Phe Thr Ser Ile Pro Leu Leu
610 615 620

Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile
625 630 635 640

Thr Pro Glu Leu Thr Asn Val Ala Ser Leu Trp Phe Met Ser Leu Phe
645 650 655

Ile Cys Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val
660 665 670

Gly Ile Asp Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly
675 680 685

Val Ser Ser His Leu Phe Ala Leu Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val Ile
690 695 700

Ala Gly Ile Asp Thr Ser Phe Thr Val Thr Ser Lys Gly Gly Asp Asp
705 710 715 720

Glu Glu Phe Ser Glu Leu Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile
725 730 735

Pro Pro Thr Thr Leu Leu Leu Leu Asn Phe Ile Gly Val Val Ala Gly
740 745 750

Val Ser Asn Ala Ile Asn Asn Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu Phe
755 760 765

Gly Lys Leu Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro Phe
770 775 780

Leu Lys Gly Leu Val Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val Ile
785 790 795 800

Val Trp Ser Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg
805 810 815

Ile Asp Pro Phe Leu Ala Lys Asn Asp Gly Pro Leu Leu Glu Glu Cys
820 825 830

Gly Leu Asp Cys Asn
835

<210> 59
<211> 966
<212> PRT
<213> hoăcyza sativa

<400> 59

Met Leu His Ala His Met Ser Tyr Gly Arg Gly Gly Val Asp Val Asn

```
1               5                   10                  15

Gly Val Pro Gln Pro Phe Gln Pro Asn Pro Asn Val Pro Leu Leu Thr
            20                  25                  30

Asp Gly Gln Met Val Asp Asp Ile Pro Pro Glu Gln His Ala Leu Val
        35                  40                  45

Pro Ser Phe Met Gly Gly Gly Gly Lys Arg Ile His Pro Leu Pro Tyr
    50                  55                  60

Ala Asp Pro Asn Leu Pro Val Gln Pro Arg Ser Met Asp Pro Ser Lys
65                  70                  75                  80

Asp Leu Ala Ala Tyr Gly Tyr Gly Ser Val Ala Trp Lys Glu Arg Met
                85                  90                  95

Glu Ser Trp Lys Gln Lys Gln Glu Arg Leu His Gln Met Arg Asn Asp
            100                 105                 110

Gly Gly Gly Lys Asp Trp Asp Gly Asp Gly Asp Asp Gly Asp Leu Pro
        115                 120                 125

Leu Met Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val Pro Ile Pro
    130                 135                 140

Ser Ser Gln Ile Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Ile Ile Arg Leu Val
145                 150                 155                 160

Val Leu Gly Phe Phe Phe His Tyr Arg Val Met His Pro Val Pro Asp
                165                 170                 175

Ala Phe Ala Leu Trp Leu Ile Ser Val Ile Cys Glu Ile Trp Phe Ala
            180                 185                 190

Met Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Phe Pro Ile Glu Arg
        195                 200                 205

Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Thr Leu Arg Phe Asp Lys Glu Gly Gln
    210                 215                 220

Thr Ser Gln Leu Ala Pro Ile Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro
225                 230                 235                 240

Leu Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu
                245                 250                 255

Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp
            260                 265                 270

Gly Ala Ala Met Leu Thr Phe Glu Ala Leu Ser Glu Thr Ser Glu Phe
        275                 280                 285

Ala Lys Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Tyr Ser Ile Glu Pro Arg
    290                 295                 300

Ala Pro Glu Trp Tyr Phe Gln Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys
305                 310                 315                 320

Val Ala Pro Tyr Phe Val Arg Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr
                325                 330                 335

Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys
            340                 345                 350
```

```
Val Pro Glu Glu Gly Trp Thr Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly
        355                 360                 365

Asn Asn Val Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe Leu Gly Gln
    370                 375                 380

Ser Gly Gly His Asp Ile Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr
385                 390                 395                 400

Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala Gly
                405                 410                 415

Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro
            420                 425                 430

Tyr Met Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn Ser Lys Ala
        435                 440                 445

Ile Lys Glu Ala Met Cys Phe Met Met Asp Pro Leu Val Gly Lys Lys
    450                 455                 460

Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His
465                 470                 475                 480

Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Val Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys
                485                 490                 495

Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Ile Tyr Val Gly Thr Gly Cys Val
            500                 505                 510

Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Ala Pro Lys Thr Lys Lys
        515                 520                 525

Pro Pro Ser Arg Thr Cys Asn Cys Trp Pro Lys Trp Cys Ile Cys Cys
    530                 535                 540

Cys Cys Phe Gly Asp Arg Lys Ser Lys Lys Lys Thr Thr Lys Pro Lys
545                 550                 555                 560

Thr Glu Lys Lys Lys Arg Ser Phe Phe Lys Arg Ala Glu Asn Gln Ser
                565                 570                 575

Pro Ala Tyr Ala Leu Gly Glu Ile Glu Glu Gly Ala Pro Gly Ala Glu
            580                 585                 590

Asn Glu Lys Ala Gly Ile Val Asn Gln Gln Lys Leu Glu Lys Lys Phe
        595                 600                 605

Gly Gln Ser Ser Val Phe Val Ala Ser Thr Leu Leu Glu Asn Gly Gly
    610                 615                 620

Thr Leu Lys Ser Ala Ser Pro Ala Ser Leu Leu Lys Glu Ala Ile His
625                 630                 635                 640

Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys Thr Asp Trp Gly Lys Glu Ile
                645                 650                 655

Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys
            660                 665                 670

Met His Cys His Gly Trp Arg Ser Ile Tyr Cys Ile Pro Lys Leu Pro
        675                 680                 685
```

```
Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Leu Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln
    690                 695                 700

Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser Asn His
705                 710                 715                 720

Cys Pro Leu Trp Tyr Gly Tyr Gly Gly Gly Leu Lys Cys Leu Glu Arg
                725                 730                 735

Phe Ser Tyr Ile Asn Ser Ile Val Tyr Pro Phe Thr Ser Ile Pro Leu
            740                 745                 750

Leu Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala Ile Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe
        755                 760                 765

Ile Thr Pro Glu Leu Thr Asn Val Ala Ser Leu Trp Phe Met Ser Leu
    770                 775                 780

Phe Ile Cys Ile Phe Ala Thr Gly Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly
785                 790                 795                 800

Val Gly Ile Asp Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly
                805                 810                 815

Gly Val Ser Ser His Leu Phe Ala Leu Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val
            820                 825                 830

Ile Ala Gly Ile Asp Thr Ser Phe Thr Val Thr Ser Lys Gly Gly Asp
        835                 840                 845

Asp Glu Glu Phe Ser Glu Leu Tyr Thr Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu
    850                 855                 860

Ile Pro Pro Thr Thr Leu Leu Leu Leu Asn Phe Ile Gly Val Val Ala
865                 870                 875                 880

Gly Val Ser Asn Ala Ile Asn Asn Gly Tyr Glu Ser Trp Gly Pro Leu
                885                 890                 895

Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ala Phe Trp Val Ile Val His Leu Tyr Pro
            900                 905                 910

Phe Leu Lys Gly Leu Val Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro Thr Ile Val
        915                 920                 925

Ile Val Trp Ser Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val
    930                 935                 940

Arg Ile Asp Pro Phe Leu Ala Lys Asn Asp Gly Pro Leu Leu Glu Glu
945                 950                 955                 960

Cys Gly Leu Asp Cys Asn
                965
```

<210> 60
<211> 1115
<212> PRT
<213> hoăcyza sativa

<400> 60

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

```
Gly Gly Gly Ala Gly Pro Ser Ala Gly Gly Pro Arg Gly Pro Ala Gly
            20                  25                  30

Gln Ala Val Lys Phe Ala Arg Arg Thr Ser Ser Gly Arg Tyr Val Ser
        35                  40                  45

Leu Ser Arg Glu Asp Ile Asp Met Glu Gly Glu Leu Ala Ala Asp Tyr
    50                  55                  60

Thr Asn Tyr Thr Val Gln Ile Pro Pro Thr Pro Asp Asn Gln Pro Met
65                  70                  75                  80

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

Tyr Val Ser Asn Ser Leu Phe Thr Gly Gly Phe Asn Ser Ala Thr Arg
            100                 105                 110

Ala His Leu Met Asp Lys Val Ile Glu Ser Ser Val Ser His Pro Gln
        115                 120                 125

Met Ala Gly Ala Lys Gly Ser Arg Cys Ala Met Pro Ala Cys Asp Gly
    130                 135                 140

Ser Ala Met Arg Asn Glu Arg Gly Glu Asp Val Asp Pro Cys Glu Cys
145                 150                 155                 160

His Phe Lys Ile Cys Arg Asp Cys Tyr Leu Asp Ala Gln Lys Asp Gly
                165                 170                 175

Cys Ile Cys Pro Gly Cys Lys Glu His Tyr Lys Ile Gly Glu Tyr Ala
            180                 185                 190

Asp Asp Asp Pro His Asp Gly Lys Leu His Leu Pro Gly Pro Gly Gly
        195                 200                 205

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

His Asn Arg Trp Leu Phe Glu Ser Ser Gly Thr Tyr Gly Tyr Gly Asn
225                 230                 235                 240

Ala Phe Trp Pro Lys Gly Gly Met Tyr Asp Asp Asp Leu Asp Asp Asp
                245                 250                 255

Val Asp Lys Leu Gly Gly Asp Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Pro
            260                 265                 270

Leu Pro Glu Gln Lys Pro Phe Lys Pro Leu Thr Arg Lys Ile Pro Met
        275                 280                 285

Pro Thr Ser Val Ile Ser Pro Tyr Arg Ile Phe Ile Val Ile Arg Met
    290                 295                 300

Phe Val Leu Leu Phe Tyr Leu Thr Trp Arg Ile Arg Asn Pro Asn Met
305                 310                 315                 320

Glu Ala Leu Trp Leu Trp Gly Met Ser Ile Val Cys Glu Leu Trp Phe
                325                 330                 335

Ala Phe Ser Trp Leu Leu Asp Met Leu Pro Lys Val Asn Pro Val Asn
            340                 345                 350

Arg Ser Thr Asp Leu Ala Val Leu Lys Glu Lys Phe Glu Thr Pro Ser
```

```
        355                 360                 365

Pro Ser Asn Pro His Gly Arg Ser Asp Leu Pro Gly Leu Asp Val Phe
    370                 375                 380

Val Ser Thr Ala Asp Pro Glu Lys Glu Pro Val Leu Thr Thr Ala Thr
385                 390                 395                 400

Thr Ile Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Glu Lys Leu Ala
                405                 410                 415

Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Gly Ala Leu Leu Thr Phe Glu Ala Met
            420                 425                 430

Ala Glu Ala Ala Ser Phe Ala Asn Val Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys
        435                 440                 445

His Asp Ile Glu Pro Arg Asn Pro Asp Ser Tyr Phe Ser Val Lys Gly
    450                 455                 460

Asp Pro Thr Lys Gly Lys Arg Arg Asn Asp Phe Val Lys Asp Arg Arg
465                 470                 475                 480

Arg Val Lys Arg Glu Phe Asp Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Gly Leu
                485                 490                 495

Pro Asp Ser Ile Arg Arg Arg Ser Asp Ala Phe Asn Ala Arg Glu Asp
            500                 505                 510

Met Lys Met Leu Lys His Leu Arg Glu Thr Gly Ala Asp Pro Ser Glu
        515                 520                 525

Gln Pro Lys Val Lys Lys Ala Thr Trp Met Ala Asp Gly Ser His Trp
    530                 535                 540

Pro Gly Thr Trp Ala Ala Ser Ala Pro Asp His Ala Lys Gly Asn His
545                 550                 555                 560

Ala Gly Ile Leu Gln Val Met Leu Lys Pro Pro Ser Pro Asp Pro Leu
                565                 570                 575

Tyr Gly Met His Asp Asp Asp Gln Met Ile Asp Phe Ser Asp Val Asp
            580                 585                 590

Ile Arg Leu Pro Met Leu Val Tyr Met Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly
        595                 600                 605

Tyr Asp His Asn Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Cys
    610                 615                 620

Ser Ala Val Met Ser Asn Gly Pro Phe Met Leu Asn Phe Asp Cys Asp
625                 630                 635                 640

His Tyr Ile Asn Asn Ala Gln Ala Val Arg Glu Ala Met Cys Phe Phe
                645                 650                 655

Met Asp Arg Gly Gly Glu Arg Ile Ala Tyr Ile Gln Phe Pro Gln Arg
            660                 665                 670

Phe Glu Gly Ile Asp Pro Ser Asp Arg Tyr Ala Asn Asn Asn Thr Val
        675                 680                 685

Phe Phe Asp Gly Asn Met Arg Ala Leu Asp Gly Leu Gln Gly Pro Met
    690                 695                 700
```

```
Tyr Val Gly Thr Gly Cys Met Phe Arg Arg Phe Ala Val Tyr Gly Phe
705                 710                 715                 720

Asp Pro Pro Arg Thr Ala Glu Tyr Thr Gly Trp Leu Phe Thr Lys Lys
                725                 730                 735

Lys Val Thr Thr Phe Lys Asp Pro Glu Ser Asp Thr Gln Thr Leu Lys
            740                 745                 750

Ala Glu Asp Phe Asp Ala Glu Leu Thr Ser His Leu Val Pro Arg Arg
        755                 760                 765

Phe Gly Asn Ser Ser Pro Phe Met Ala Ser Ile Pro Val Ala Glu Phe
    770                 775                 780

Gln Ala Arg Pro Leu Ala Asp His Pro Ala Val Leu His Gly Arg Pro
785                 790                 795                 800

Ser Gly Ala Leu Thr Val Pro Arg Pro Pro Leu Asp Pro Pro Thr Val
                805                 810                 815

Ala Glu Ala Val Ser Val Ile Ser Cys Trp Tyr Glu Asp Lys Thr Glu
            820                 825                 830

Trp Gly Asp Arg Val Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Val
        835                 840                 845

Val Thr Gly Tyr Arg Met His Asn Arg Gly Trp Arg Ser Val Tyr Cys
    850                 855                 860

Ile Thr Lys Arg Asp Ala Phe Leu Gly Thr Ala Pro Ile Asn Leu Thr
865                 870                 875                 880

Asp Arg Leu His Gln Val Leu Arg Trp Ala Thr Gly Ser Val Glu Ile
                885                 890                 895

Phe Phe Ser Arg Asn Asn Ala Phe Leu Ala Ser Arg Lys Leu Met Leu
            900                 905                 910

Leu Gln Arg Ile Ser Tyr Leu Asn Val Gly Ile Tyr Pro Phe Thr Ser
        915                 920                 925

Ile Phe Leu Leu Val Tyr Cys Phe Ile Pro Ala Leu Ser Leu Phe Ser
    930                 935                 940

Gly Phe Phe Ile Val Gln Lys Leu Asp Ile Ala Phe Leu Cys Tyr Leu
945                 950                 955                 960

Leu Thr Met Thr Ile Thr Leu Val Ala Leu Gly Ile Leu Glu Gly Leu
                965                 970                 975

Leu Lys Val Met Ala Gly Ile Glu Ile Ser Phe Thr Leu Thr Ala Lys
            980                 985                 990

Ala Ala Ala Asp Asp Asn Glu Asp  Ile Tyr Ala Asp Leu  Tyr Ile Val
        995                 1000                1005

Lys Trp  Ser Ser Leu Leu Ile  Pro Pro Ile Thr Ile  Gly Met Val
    1010                1015                1020

Asn Ile  Ile Ala Ile Ala Phe  Ala Phe Ala Arg Thr  Ile Tyr Ser
    1025                1030                1035
```

```
Asp Asn  Pro Arg Trp Gly Lys  Phe Ile Gly Gly Gly  Phe Phe Ser
    1040                1045                1050

Phe Trp  Val Leu Ala His Leu  Asn Pro Phe Ala Lys  Gly Leu Met
    1055                1060                1065

Gly Arg  Arg Gly Lys Thr Pro  Thr Ile Val Phe Val  Trp Ser Gly
    1070                1075                1080

Leu Leu  Ser Ile Thr Val Ser  Leu Leu Trp Val Ala  Ile Ser Pro
    1085                1090                1095

Pro Glu  Ala Asn Ser Asn Gly  Gly Ala Arg Gly Gly  Gly Phe Gln
    1100                1105                1110

Phe Pro
    1115

<210>  61
<211>  1055
<212>  PRT
<213>  hoăcyza sativa

<400>  61

Met Glu Ala Ser Ala Gly Leu Val Ala Gly Ser His Asn Arg Asn Glu
1               5                   10                  15

Leu Val Leu Ile Arg Gly His Glu Glu Pro Lys Pro Leu Arg Ala Leu
            20                  25                  30

Ser Gly Gln Val Cys Glu Ile Cys Gly Asp Glu Val Gly Arg Thr Val
        35                  40                  45

Asp Gly Asp Leu Phe Val Ala Cys Asn Glu Cys Gly Phe Pro Val Cys
    50                  55                  60

Arg Pro Cys Tyr Glu Tyr Glu Arg Arg Glu Gly Thr Gln Asn Cys Pro
65                  70                  75                  80

Gln Cys Lys Thr Arg Tyr Lys Arg Leu Lys Gly Ser Pro Arg Val Pro
                85                  90                  95

Gly Asp Glu Asp Glu Glu Asp Ile Asp Asp Leu Glu His Glu Phe Asn
            100                 105                 110

Ile Asp Asp Glu Lys Gln Lys Gln Leu Gln Gln Asp Gln Asp Gly Met
        115                 120                 125

Gln Asn Ser His Ile Thr Glu Ala Met Leu His Gly Lys Met Ser Tyr
    130                 135                 140

Gly Arg Gly Pro Asp Asp Gly Asp Gly Asn Ser Thr Pro Leu Pro Pro
145                 150                 155                 160

Ile Ile Thr Gly Ala Arg Ser Val Pro Val Ser Gly Glu Phe Pro Ile
                165                 170                 175

Ser Asn Ser His Gly His Gly Glu Phe Ser Ser Ser Leu His Lys Arg
            180                 185                 190

Ile His Pro Tyr Pro Val Ser Glu Pro Gly Ser Ala Lys Trp Asp Glu
        195                 200                 205
```

```
Lys Lys Glu Val Ser Trp Lys Glu Arg Met Asp Asp Trp Lys Ser Lys
    210                 215                 220

Gln Gly Ile Val Ala Gly Gly Ala Pro Asp Pro Asp Asp Tyr Asp Ala
225                 230                 235                 240

Asp Val Pro Leu Asn Asp Glu Ala Arg Gln Pro Leu Ser Arg Lys Val
                245                 250                 255

Ser Ile Ala Ser Ser Lys Val Asn Pro Tyr Arg Met Val Ile Ile Leu
            260                 265                 270

Arg Leu Val Val Leu Gly Phe Phe Leu Arg Tyr Arg Ile Leu His Pro
        275                 280                 285

Val Pro Asp Ala Ile Pro Leu Trp Leu Thr Ser Ile Ile Cys Glu Ile
    290                 295                 300

Trp Phe Ala Val Ser Trp Ile Leu Asp Gln Phe Pro Lys Trp Tyr Pro
305                 310                 315                 320

Ile Asp Arg Glu Thr Tyr Leu Asp Arg Leu Ser Leu Arg Tyr Glu Arg
                325                 330                 335

Glu Gly Glu Pro Ser Leu Leu Ser Ala Val Asp Leu Phe Val Ser Thr
            340                 345                 350

Val Asp Pro Leu Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Val Leu
        355                 360                 365

Ser Ile Leu Ala Val Asp Tyr Pro Val Asp Lys Val Ser Cys Tyr Val
    370                 375                 380

Ser Asp Asp Gly Ala Ser Met Leu Thr Phe Glu Ser Leu Ser Glu Thr
385                 390                 395                 400

Ala Glu Phe Ala Arg Lys Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe Ser Ile
                405                 410                 415

Glu Pro Arg Ala Pro Glu Phe Tyr Phe Ser Gln Lys Val Asp Tyr Leu
            420                 425                 430

Lys Asp Lys Val His Pro Asn Phe Val Gln Glu Arg Arg Ala Met Lys
        435                 440                 445

Arg Glu Tyr Glu Glu Phe Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys
    450                 455                 460

Ala Gln Lys Val Pro Ala Glu Gly Trp Ile Met Lys Asp Gly Thr Pro
465                 470                 475                 480

Trp Pro Gly Asn Asn Thr Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Phe
                485                 490                 495

Leu Gly His Ser Gly Gly His Asp Thr Glu Gly Asn Glu Leu Pro Arg
            500                 505                 510

Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Phe Gln His His Lys
        515                 520                 525

Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Ile Arg Val Ser Ala Val Leu Thr
    530                 535                 540

Asn Ala Pro Phe Met Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Ile Asn Asn
```

545 550 555 560

Ser Lys Ala Ile Arg Glu Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Pro Gln Val
565 570 575

Gly Arg Lys Val Cys Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile
580 585 590

Asp Val His Asp Arg Tyr Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile
595 600 605

Asn Met Lys Gly Leu Asp Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr
610 615 620

Gly Cys Val Phe Arg Arg Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asn Pro Pro Lys
625 630 635 640

Gly Pro Lys Arg Pro Lys Met Val Thr Cys Asp Cys Cys Pro Cys Phe
645 650 655

Gly Arg Lys Lys Arg Lys His Gly Lys Asp Gly Leu Pro Glu Ala Val
660 665 670

Ala Ala Asp Gly Gly Met Asp Ser Asp Lys Glu Met Leu Met Ser Gln
675 680 685

Met Asn Phe Glu Lys Arg Phe Gly Gln Ser Ala Ala Phe Val Thr Ser
690 695 700

Thr Leu Met Glu Glu Gly Gly Val Pro Pro Ser Ser Ser Pro Ala Ala
705 710 715 720

Leu Leu Lys Glu Ala Ile His Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Asp Lys
725 730 735

Thr Asp Trp Gly Leu Glu Leu Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Ile Thr Glu
740 745 750

Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys Met His Cys Arg Gly Trp Arg Ser Val
755 760 765

Tyr Cys Met Pro Lys Arg Ala Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn
770 775 780

Leu Ser Asp Arg Leu Asn Gln Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val
785 790 795 800

Glu Ile Phe Phe Ser Arg His Ser Pro Leu Leu Tyr Gly Tyr Lys Asn
805 810 815

Gly Asn Leu Lys Trp Leu Glu Arg Phe Ser Tyr Ile Asn Thr Thr Ile
820 825 830

Tyr Pro Phe Thr Ser Leu Pro Leu Leu Ala Tyr Cys Thr Leu Pro Ala
835 840 845

Val Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe Ile Met Pro Pro Ile Ser Thr Phe
850 855 860

Ala Ser Leu Phe Phe Ile Ala Leu Phe Ile Ser Ile Phe Ala Thr Gly
865 870 875 880

Ile Leu Glu Met Arg Trp Ser Gly Val Ser Ile Glu Glu Trp Trp Arg
885 890 895

```
Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala
            900                 905                 910

Val Val Gln Gly Leu Leu Lys Val Leu Ala Gly Ile Asp Thr Asn Phe
        915                 920                 925

Thr Val Thr Ser Lys Ala Thr Gly Asp Glu Asp Asp Glu Phe Ala Glu
    930                 935                 940

Leu Tyr Ala Phe Lys Trp Thr Thr Leu Leu Ile Pro Pro Thr Thr Leu
945                 950                 955                 960

Leu Ile Leu Asn Ile Ile Gly Val Val Ala Gly Val Ser Asp Ala Ile
                965                 970                 975

Asn Asn Gly Ser Glu Ala Trp Gly Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe
            980                 985                 990

Ala Phe Trp Val Ile Val His Leu  Tyr Pro Phe Leu Lys  Gly Leu Met
        995                 1000                1005

Gly Arg  Gln Asn Arg Thr Pro  Thr Ile Val Val Ile  Trp Ser Val
    1010                1015                1020

Leu Leu  Ala Ser Ile Phe Ser  Leu Leu Trp Val Arg  Ile Asp Pro
    1025                1030                1035

Phe Thr  Ile Lys Ala Arg Gly  Pro Asp Val Arg Gln  Cys Gly Ile
    1040                1045                1050

Asn Cys
    1055

<210>  62
<211>  1063
<212>  PRT
<213>  hoặcyza sativa

<400>  62

Met Asp Thr Ala Ser Val Thr Gly Gly Glu His Lys Gly Lys Glu Lys
1               5                   10                  15

Thr Cys Arg Val Cys Gly Glu Glu Val Ala Ala Arg Glu Asp Gly Lys
            20                  25                  30

Pro Phe Val Ala Cys Ala Glu Cys Gly Phe Pro Val Cys Lys Pro Cys
        35                  40                  45

Tyr Glu Tyr Glu Arg Ser Glu Gly Thr Gln Cys Cys Pro Gln Cys Asn
    50                  55                  60

Thr Arg Tyr Lys Arg His Lys Gly Cys Pro Arg Val Glu Gly Asp Glu
65                  70                  75                  80

Asp Asp Gly Gly Asp Met Asp Asp Phe Glu Glu Glu Phe Gln Ile Lys
                85                  90                  95

Ser Pro Thr Lys Gln Lys Pro Pro His Glu Pro Val Asn Phe Asp Val
            100                 105                 110

Tyr Ser Glu Asn Gly Glu Gln Pro Ala Gln Lys Trp Arg Pro Gly Gly
        115                 120                 125
```

```
Pro Ala Leu Ser Ser Phe Thr Gly Ser Val Ala Gly Lys Asp Leu Glu
    130                 135                 140

Gln Glu Arg Glu Met Glu Gly Gly Met Glu Trp Lys Asp Arg Ile Asp
145                 150                 155                 160

Lys Trp Lys Thr Lys Gln Glu Lys Arg Gly Lys Leu Asn Arg Asp Asp
                165                 170                 175

Ser Asp Asp Asp Asp Asp Lys Asn Asp Asp Glu Tyr Met Leu Leu Ala
            180                 185                 190

Glu Ala Arg Gln Pro Leu Trp Arg Lys Val Pro Ile Pro Ser Ser Lys
        195                 200                 205

Ile Asn Pro Tyr Arg Ile Val Ile Val Leu Arg Leu Val Val Leu Cys
    210                 215                 220

Phe Phe Leu Lys Phe Arg Ile Thr Thr Pro Ala Met Asp Ala Val Pro
225                 230                 235                 240

Leu Trp Leu Ala Ser Val Ile Cys Glu Leu Trp Phe Ala Leu Ser Trp
                245                 250                 255

Ile Leu Asp Gln Leu Pro Lys Trp Ser Pro Val Thr Arg Glu Thr Tyr
            260                 265                 270

Leu Asp Arg Leu Ala Leu Arg Tyr Glu Arg Asp Gly Glu Pro Cys Arg
        275                 280                 285

Leu Ala Pro Ile Asp Phe Phe Val Ser Thr Val Asp Pro Leu Lys Glu
    290                 295                 300

Pro Pro Ile Ile Thr Ala Asn Thr Val Leu Ser Ile Leu Ala Val Asp
305                 310                 315                 320

Tyr Pro Val Asp Arg Val Ser Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Ala Ser
                325                 330                 335

Met Leu Leu Phe Asp Thr Leu Ser Glu Thr Ala Glu Phe Ala Arg Arg
            340                 345                 350

Trp Val Pro Phe Cys Lys Lys Phe Thr Ile Glu Pro Arg Ala Pro Glu
        355                 360                 365

Phe Tyr Phe Ser Gln Lys Ile Asp Tyr Leu Lys Asp Lys Val Gln Pro
    370                 375                 380

Thr Phe Val Lys Glu Arg Arg Ala Met Lys Arg Glu Tyr Glu Glu Phe
385                 390                 395                 400

Lys Val Arg Ile Asn Ala Leu Val Ala Lys Ala Gln Lys Lys Pro Glu
                405                 410                 415

Glu Gly Trp Val Met Gln Asp Gly Thr Pro Trp Pro Gly Asn Asn Thr
            420                 425                 430

Arg Asp His Pro Gly Met Ile Gln Val Tyr Leu Gly Ser Gln Gly Ala
        435                 440                 445

Leu Asp Val Glu Gly Ser Glu Leu Pro Arg Leu Val Tyr Val Ser Arg
    450                 455                 460
```

```
Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asn His His Lys Lys Ala Gly Ala Met Asn
465                 470                 475                 480

Ser Leu Val Arg Val Ser Ala Val Leu Thr Asn Ala Pro Phe Ile Leu
                485                 490                 495

Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Val Asn Asn Ser Lys Ala Val Arg Glu
            500                 505                 510

Ala Met Cys Phe Leu Met Asp Lys Gln Leu Gly Lys Lys Leu Cys Tyr
        515                 520                 525

Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Asp Gly Ile Asp Arg His Asp Arg Tyr
    530                 535                 540

Ala Asn Arg Asn Thr Val Phe Phe Asp Ile Asn Met Lys Gly Leu Asp
545                 550                 555                 560

Gly Ile Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Thr Val Phe Asn Arg
                565                 570                 575

Gln Ala Leu Tyr Gly Tyr Asp Pro Pro Arg Pro Glu Lys Arg Pro Lys
            580                 585                 590

Met Thr Cys Asp Cys Trp Pro Ser Trp Cys Cys Cys Cys Cys Cys Phe
        595                 600                 605

Gly Gly Gly Lys Arg Gly Lys Ser His Lys Asn Lys Lys Gly Gly Gly
    610                 615                 620

Gly Gly Glu Gly Gly Gly Leu Asp Glu Pro Arg Arg Gly Leu Leu Gly
625                 630                 635                 640

Phe Tyr Lys Lys Arg Ser Lys Lys Asp Lys Leu Gly Gly Gly Ala Ala
                645                 650                 655

Ser Leu Ala Gly Gly Lys Lys Gly Tyr Arg Lys His Gln Arg Gly Phe
            660                 665                 670

Glu Leu Glu Glu Ile Glu Glu Gly Leu Glu Gly Tyr Asp Glu Leu Glu
        675                 680                 685

Arg Ser Ser Leu Met Ser Gln Lys Ser Phe Glu Lys Arg Phe Gly Gln
    690                 695                 700

Ser Pro Val Phe Ile Ala Ser Thr Leu Val Glu Asp Gly Gly Leu Pro
705                 710                 715                 720

Gln Gly Ala Ala Ala Asp Pro Ala Ala Leu Ile Lys Glu Ala Ile His
                725                 730                 735

Val Ile Ser Cys Gly Tyr Glu Glu Lys Thr Glu Trp Gly Lys Glu Ile
            740                 745                 750

Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Ile Leu Thr Gly Phe Lys
        755                 760                 765

Met His Cys Arg Gly Trp Lys Ser Val Tyr Cys Thr Pro Ala Arg Ala
    770                 775                 780

Ala Phe Lys Gly Ser Ala Pro Ile Asn Leu Ser Asp Arg Leu His Gln
785                 790                 795                 800

Val Leu Arg Trp Ala Leu Gly Ser Val Glu Ile Phe Met Ser Arg His
```

805 810 815

Cys Pro Leu Trp Tyr Ala Tyr Gly Gly Arg Leu Lys Trp Leu Glu Arg
820 825 830

Phe Ala Tyr Thr Asn Thr Ile Val Tyr Pro Phe Thr Ser Ile Pro Leu
835 840 845

Leu Ala Tyr Cys Thr Ile Pro Ala Val Cys Leu Leu Thr Gly Lys Phe
850 855 860

Ile Ile Pro Thr Leu Asn Asn Leu Ala Ser Ile Trp Phe Ile Ala Leu
865 870 875 880

Phe Leu Ser Ile Ile Ala Thr Gly Val Leu Glu Leu Arg Trp Ser Gly
885 890 895

Val Ser Ile Glu Asp Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Val Ile Gly
900 905 910

Gly Val Ser Ala His Leu Phe Ala Val Phe Gln Gly Leu Leu Lys Val
915 920 925

Leu Gly Gly Val Asp Thr Asn Phe Thr Val Thr Ser Lys Ala Ala Ala
930 935 940

Asp Glu Thr Asp Ala Phe Gly Glu Leu Tyr Leu Phe Lys Trp Thr Thr
945 950 955 960

Leu Leu Val Pro Pro Thr Thr Leu Ile Ile Ile Asn Met Val Gly Ile
965 970 975

Val Ala Gly Val Ser Asp Ala Val Asn Asn Gly Tyr Gly Ser Trp Gly
980 985 990

Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe Ser Phe Trp Val Ile Leu His Leu
995 1000 1005

Tyr Pro Phe Leu Lys Gly Leu Met Gly Arg Gln Asn Arg Thr Pro
1010 1015 1020

Thr Ile Val Val Leu Trp Ser Ile Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser
1025 1030 1035

Leu Val Trp Val Arg Ile Asp Pro Phe Ile Pro Lys Pro Lys Gly
1040 1045 1050

Pro Val Leu Lys Pro Cys Gly Val Ser Cys
1055 1060

<210> 63
<211> 1127
<212> PRT
<213> hoăcyza sativa

<400> 63

Met Ala Ser Lys Gly Ile Leu Lys Asn Gly Gly Lys Pro Pro Thr Ala
1 5 10 15

Pro Ser Ser Ala Ala Pro Thr Val Val Phe Gly Arg Arg Thr Asp Ser
20 25 30

Gly Arg Phe Ile Ser Tyr Ser Arg Asp Asp Leu Asp Ser Glu Ile Ser

```
        35                  40                  45

Ser Val Asp Phe Gln Asp Tyr His Val His Ile Pro Met Thr Pro Asp
    50                  55                  60

Asn Gln Pro Met Asp Pro Ala Ala Gly Asp Glu Gln Gln Tyr Val Ser
65                  70                  75                  80

Ser Ser Leu Phe Thr Gly Gly Phe Asn Ser Val Thr Arg Ala His Val
                85                  90                  95

Met Glu Lys Gln Ala Ser Ser Ala Arg Ala Thr Val Ser Ala Cys Met
            100                 105                 110

Val Gln Gly Cys Gly Ser Lys Ile Met Arg Asn Gly Arg Gly Ala Asp
        115                 120                 125

Ile Leu Pro Cys Glu Cys Asp Phe Lys Ile Cys Val Asp Cys Phe Thr
    130                 135                 140

Asp Ala Val Lys Gly Gly Gly Gly Val Cys Pro Gly Cys Lys Glu Pro
145                 150                 155                 160

Tyr Lys His Ala Glu Trp Glu Glu Val Val Ser Ala Ser Asn His Asp
                165                 170                 175

Ala Ile Asn Arg Ala Leu Ser Leu Pro His Gly His Gly His Gly Pro
            180                 185                 190

Lys Met Glu Arg Arg Leu Ser Leu Val Lys Gln Asn Gly Gly Ala Pro
        195                 200                 205

Gly Glu Phe Asp His Asn Arg Trp Leu Phe Glu Thr Lys Gly Thr Tyr
    210                 215                 220

Gly Tyr Gly Asn Ala Ile Trp Pro Glu Asp Asp Gly Val Ala Gly His
225                 230                 235                 240

Pro Lys Glu Leu Met Ser Lys Pro Trp Arg Pro Leu Thr Arg Lys Leu
                245                 250                 255

Arg Ile Gln Ala Ala Val Ile Ser Pro Tyr Arg Leu Leu Val Leu Ile
            260                 265                 270

Arg Leu Val Ala Leu Gly Leu Phe Leu Met Trp Arg Ile Lys His Gln
        275                 280                 285

Asn Glu Asp Ala Ile Trp Leu Trp Gly Met Ser Ile Val Cys Glu Leu
    290                 295                 300

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

Ile Asn Arg Ala Thr Asp Leu Ser Val Leu Lys Asp Lys Phe Glu Thr
                325                 330                 335

Pro Thr Pro Ser Asn Pro Thr Gly Lys Ser Asp Leu Pro Gly Ile Asp
            340                 345                 350

Ile Phe Val Ser Thr Ala Asp Pro Glu Lys Glu Pro Val Leu Val Thr
        355                 360                 365

Ala Asn Thr Ile Leu Ser Ile Leu Ala Ala Asp Tyr Pro Val Asp Lys
    370                 375                 380
```

```
Leu Ala Cys Tyr Val Ser Asp Asp Gly Gly Ala Leu Leu Thr Phe Glu
385                 390                 395                 400

Ala Met Ala Glu Ala Ala Ser Phe Ala Asn Leu Trp Val Pro Phe Cys
                405                 410                 415

Arg Lys His Glu Ile Glu Pro Arg Asn Pro Asp Ser Tyr Phe Asn Leu
            420                 425                 430

Lys Arg Asp Pro Phe Lys Asn Lys Val Lys Gly Asp Phe Val Lys Asp
        435                 440                 445

Arg Arg Arg Val Lys Arg Glu Tyr Asp Glu Phe Lys Val Arg Val Asn
    450                 455                 460

Gly Leu Pro Asp Ala Ile Arg Arg Arg Ser Asp Ala Tyr His Ala Arg
465                 470                 475                 480

Glu Glu Ile Gln Ala Met Asn Leu Gln Arg Glu Lys Met Lys Ala Gly
                485                 490                 495

Gly Asp Glu Gln Gln Leu Glu Pro Ile Lys Ile Pro Lys Ala Thr Trp
            500                 505                 510

Met Ala Asp Gly Thr His Trp Pro Gly Thr Trp Leu Gln Ala Ser Pro
        515                 520                 525

Glu His Ala Arg Gly Asp His Ala Gly Ile Ile Gln Val Met Leu Lys
    530                 535                 540

Pro Pro Ser Pro Ser Pro Ser Ser Ser Gly Gly Asp Met Glu Lys Arg
545                 550                 555                 560

Val Asp Leu Ser Gly Val Asp Thr Arg Leu Pro Met Leu Val Tyr Val
                565                 570                 575

Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asp His Asn Lys Lys Ala Gly Ala
            580                 585                 590

Met Asn Ala Leu Val Arg Ala Ser Ala Ile Met Ser Asn Gly Pro Phe
        595                 600                 605

Ile Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Val Tyr Asn Ser Lys Ala Phe
    610                 615                 620

Arg Glu Gly Met Cys Phe Met Met Asp Arg Gly Gly Asp Arg Leu Cys
625                 630                 635                 640

Tyr Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Glu Gly Ile Asp Pro Ser Asp Arg
                645                 650                 655

Tyr Ala Asn His Asn Thr Val Phe Phe Asp Val Asn Met Arg Ala Leu
            660                 665                 670

Asp Gly Leu Gln Gly Pro Val Tyr Val Gly Thr Gly Cys Leu Phe Arg
        675                 680                 685

Arg Ile Ala Leu Tyr Gly Phe Asp Pro Pro Arg Ser Lys Asp His Thr
    690                 695                 700

Thr Pro Trp Ser Cys Cys Leu Pro Arg Arg Arg Arg Thr Arg Ser Gln
705                 710                 715                 720
```

```
Pro Gln Pro Gln Glu Glu Glu Glu Glu Thr Met Ala Leu Arg Met Asp
                725                 730                 735

Met Asp Gly Ala Met Asn Met Ala Ser Phe Pro Lys Lys Phe Gly Asn
            740                 745                 750

Ser Ser Phe Leu Ile Asp Ser Ile Pro Val Ala Glu Phe Gln Gly Arg
        755                 760                 765

Pro Leu Ala Asp His Pro Ser Val Lys Asn Gly Arg Pro Pro Gly Ala
    770                 775                 780

Leu Thr Ile Pro Arg Glu Thr Leu Asp Ala Ser Ile Val Ala Glu Ala
785                 790                 795                 800

Ile Ser Val Val Ser Cys Trp Tyr Glu Glu Lys Thr Glu Trp Gly Thr
                805                 810                 815

Arg Val Gly Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Val Val Thr Gly
            820                 825                 830

Tyr Arg Met His Asn Arg Gly Trp Lys Ser Val Tyr Cys Val Thr His
        835                 840                 845

Arg Asp Ala Phe Arg Gly Thr Ala Pro Ile Asn Leu Thr Asp Arg Leu
    850                 855                 860

His Gln Val Leu Arg Trp Ala Thr Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser
865                 870                 875                 880

Arg Asn Asn Ala Leu Phe Ala Ser Ser Lys Met Lys Val Leu Gln Arg
                885                 890                 895

Ile Ala Tyr Leu Asn Val Gly Ile Tyr Pro Phe Thr Ser Val Phe Leu
            900                 905                 910

Ile Val Tyr Cys Phe Leu Pro Ala Leu Ser Leu Phe Ser Gly Gln Phe
        915                 920                 925

Ile Val Gln Thr Leu Asn Val Thr Phe Leu Thr Tyr Leu Leu Ile Ile
    930                 935                 940

Thr Ile Thr Leu Cys Leu Leu Ala Met Leu Glu Ile Lys Trp Ser Gly
945                 950                 955                 960

Ile Ala Leu Glu Glu Trp Trp Arg Asn Glu Gln Phe Trp Leu Ile Gly
                965                 970                 975

Gly Thr Ser Ala His Leu Ala Ala Val Leu Gln Gly Leu Leu Lys Val
            980                 985                 990

Ile Ala Gly Ile Glu Ile Ser Phe  Thr Leu Thr Ser Lys  Gln Leu Gly
        995                 1000                1005

Asp Asp  Val Asp Asp Glu Phe  Ala Glu Leu Tyr Ala  Val Lys Trp
    1010                1015                1020

Thr Ser  Leu Met Ile Pro Pro  Leu Thr Ile Ile Met  Ile Asn Leu
    1025                1030                1035

Val Ala  Ile Ala Val Gly Phe  Ser Arg Thr Ile Tyr  Ser Thr Ile
    1040                1045                1050

Pro Gln  Trp Ser Lys Leu Leu  Gly Gly Val Phe Phe  Ser Phe Trp
```

1055 1060 1065

Val Leu Ala His Leu Tyr Pro Phe Ala Lys Gly Leu Met Gly Arg
1070 1075 1080

Arg Gly Arg Thr Pro Thr Ile Val Tyr Val Trp Ser Gly Leu Val
1085 1090 1095

Ala Ile Thr Ile Ser Leu Leu Trp Ile Ala Ile Lys Pro Pro Ser
1100 1105 1110

Ala Gln Ala Asn Ser Gln Leu Gly Gly Ser Phe Ser Phe Pro
1115 1120 1125

<210> 64
<211> 1215
<212> PRT
<213> hoặcyza sative

<400> 64

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

Val Ser Pro Val Arg Ser Pro Gly Gly Asp Ala Val Val Arg Arg Gly
20 25 30

Ser Gly Leu Thr Ser Pro Val Pro Arg His Ser Leu Gly Ser Ser Thr
35 40 45

Ala Thr Leu Gln Val Ser Pro Val Arg Arg Ser Gly Gly Ser Arg Tyr
50 55 60

Leu Gly Ala Ser Arg Asp Gly Gly Ala Asp Glu Ser Ala Glu Phe Val
65 70 75 80

His Tyr Thr Val His Ile Pro Pro Thr Pro Asp Arg Ala Thr Ala Ser
85 90 95

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

Pro Gln Arg Ser Tyr Ile Ser Gly Thr Ile Phe Thr Gly Gly Leu Asn
115 120 125

Cys Ala Thr Arg Gly His Val Leu Asn Phe Ser Gly Glu Gly Gly Ala
130 135 140

Thr Ala Ala Ser Arg Ala Ala Ala Ser Gly Asn Met Ser Cys Lys Met
145 150 155 160

Arg Gly Cys Asp Met Pro Ala Phe Leu Asn Gly Gly Arg Pro Pro Cys
165 170 175

Asp Cys Gly Phe Met Ile Cys Lys Glu Cys Tyr Ala Glu Cys Ala Ala
180 185 190

Gly Asn Cys Pro Gly Cys Lys Glu Ala Phe Ser Ala Gly Ser Asp Thr
195 200 205

Asp Glu Ser Asp Ser Val Thr Asp Asp Asp Asp Asp Glu Ala Val Ser
210 215 220

Ser Ser Glu Glu Arg Asp Gln Leu Pro Leu Thr Ser Met Ala Arg Lys

225 230 235 240

Phe Ser Val Val His Ser Met Lys Val Pro Gly Ala Ala Ala Asn Gly
245 250 255

Asn Gly Lys Pro Ala Glu Phe Asp His Ala Arg Trp Leu Phe Glu Thr
260 265 270

Lys Gly Thr Tyr Gly Tyr Gly Asn Ala Leu Trp Pro Lys Asp Gly His
275 280 285

Ala His Ser Gly Ala Gly Phe Val Ala Ala Asp Glu Pro Pro Asn Phe
290 295 300

Gly Ala Arg Cys Arg Arg Pro Leu Thr Arg Lys Thr Ser Val Ser Gln
305 310 315 320

Ala Ile Leu Ser Pro Tyr Arg Leu Leu Ile Ala Ile Arg Leu Val Ala
325 330 335

Leu Gly Phe Phe Leu Ala Trp Arg Ile Arg His Pro Asn Pro Glu Ala
340 345 350

Val Trp Leu Trp Ala Met Ser Val Ala Cys Glu Val Trp Phe Ala Phe
355 360 365

Ser Trp Leu Leu Asp Ser Leu Pro Lys Leu Cys Pro Val His Arg Ala
370 375 380

Ala Asp Leu Ala Val Leu Ala Glu Arg Phe Glu Ser Pro Thr Ala Arg
385 390 395 400

Asn Pro Lys Gly Arg Ser Asp Leu Pro Gly Ile Asp Val Phe Val Thr
405 410 415

Ser Ala Asp Pro Glu Lys Glu Pro Pro Leu Val Thr Ala Asn Thr Ile
420 425 430

Leu Ser Ile Leu Ala Ala Asp Tyr Pro Val Glu Lys Leu Ala Cys Tyr
435 440 445

Leu Ser Asp Asp Gly Gly Ala Leu Leu Ser Phe Glu Ala Leu Ala Glu
450 455 460

Thr Ala Ser Phe Ala Arg Thr Trp Val Pro Phe Cys Arg Lys His Gly
465 470 475 480

Val Glu Pro Arg Cys Pro Glu Ala Tyr Phe Gly Gln Lys Arg Asp Phe
485 490 495

Leu Lys Asn Lys Val Arg Val Asp Phe Val Arg Glu Arg Arg Lys Val
500 505 510

Lys Arg Glu Tyr Asp Glu Phe Lys Val Arg Val Asn Ser Leu Pro Glu
515 520 525

Ala Ile Arg Arg Arg Ser Asp Ala Tyr Asn Ala Gly Glu Glu Leu Arg
530 535 540

Ala Arg Arg Arg Gln Gln Glu Glu Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Gly
545 550 555 560

Asn Gly Glu Leu Gly Ala Ala Ala Val Glu Thr Ala Ala Val Lys Ala
565 570 575

```
Thr Trp Met Ser Asp Gly Ser His Trp Pro Gly Thr Trp Thr Cys Pro
            580                 585                 590

Ala Ala Asp His Ala Arg Gly Asp His Ala Gly Ile Ile Gln Ala Met
        595                 600                 605

Leu Ala Pro Pro Thr Ser Glu Pro Val Met Gly Gly Glu Ala Ala Glu
    610                 615                 620

Cys Gly Gly Leu Ile Asp Thr Thr Gly Val Asp Val Arg Leu Pro Met
625                 630                 635                 640

Leu Val Tyr Val Ser Arg Glu Lys Arg Pro Gly Tyr Asp His Asn Lys
                645                 650                 655

Lys Ala Gly Ala Met Asn Ala Leu Val Arg Thr Ser Ala Ile Met Ser
            660                 665                 670

Asn Gly Pro Phe Ile Leu Asn Leu Asp Cys Asp His Tyr Val His Asn
        675                 680                 685

Ser Ser Ala Leu Arg Glu Gly Met Cys Phe Met Leu Asp Arg Gly Gly
    690                 695                 700

Asp Arg Val Cys Phe Val Gln Phe Pro Gln Arg Phe Glu Gly Val Asp
705                 710                 715                 720

Pro Ser Asp Arg Tyr Ala Asn His Asn Leu Val Phe Phe Asp Val Ser
                725                 730                 735

Met Arg Ala Met Asp Gly Leu Gln Gly Pro Met Tyr Val Gly Thr Gly
            740                 745                 750

Cys Val Phe Arg Arg Thr Ala Leu Tyr Gly Phe Ser Pro Pro Arg Ala
        755                 760                 765

Thr Glu His His Gly Trp Leu Gly Arg Arg Lys Ile Lys Leu Phe Leu
    770                 775                 780

Thr Lys Lys Lys Ser Met Gly Lys Lys Thr Asp Arg Ala Glu Asp Asp
785                 790                 795                 800

Thr Glu Met Met Leu Pro Pro Ile Glu Asp Asp Asp Gly Gly Ala Asp
                805                 810                 815

Ile Glu Ala Ser Ala Met Leu Pro Lys Arg Phe Gly Gly Ser Ala Thr
            820                 825                 830

Phe Val Ala Ser Ile Pro Val Ala Glu Tyr Gln Gly Arg Leu Leu Gln
        835                 840                 845

Asp Thr Pro Gly Cys His His Gly Arg Pro Ala Gly Ala Leu Ala Val
    850                 855                 860

Pro Arg Glu Pro Leu Asp Ala Ala Thr Val Ala Glu Ala Ile Gly Val
865                 870                 875                 880

Ile Ser Cys Phe Tyr Glu Glu Lys Thr Glu Trp Gly Arg Arg Ile Gly
                885                 890                 895

Trp Ile Tyr Gly Ser Val Thr Glu Asp Val Val Thr Gly Tyr Arg Met
            900                 905                 910
```

```
His Asn Arg Gly Trp Arg Ser Val Tyr Cys Val Thr Pro Arg Arg Asp
        915                 920                 925

Ala Phe Arg Gly Thr Ala Pro Ile Asn Leu Thr Asp Arg Leu His Gln
    930                 935                 940

Val Leu Arg Trp Ala Thr Gly Ser Val Glu Ile Phe Phe Ser Arg Asn
945                 950                 955                 960

Asn Ala Leu Phe Ala Ser Pro Arg Met Lys Leu Leu Gln Arg Val Ala
                965                 970                 975

Tyr Phe Asn Ala Gly Met Tyr Pro Phe Thr Ser Val Phe Leu Leu Ala
            980                 985                 990

Tyr Cys Leu Leu Pro Ala Val Ser  Leu Phe Ser Gly Lys  Phe Ile Val
        995                 1000                1005

Gln Arg  Leu Ser Ala Thr Phe  Leu Ala Phe Leu Leu  Val Ile Thr
    1010                1015                1020

Leu Thr  Leu Cys Leu Leu Ala  Leu Leu Glu Ile Lys  Trp Ser Gly
    1025                1030                1035

Ile Thr  Leu His Glu Trp Trp  Arg Asn Glu Gln Phe  Trp Val Ile
    1040                1045                1050

Gly Gly  Thr Ser Ala His Pro  Ala Ala Val Leu Gln  Gly Leu Leu
    1055                1060                1065

Lys Val  Ile Ala Gly Val Asp  Ile Ser Phe Thr Leu  Thr Ser Lys
    1070                1075                1080

Pro Gly  Asn Gly Gly Gly Asp  Gly Gly Val Gly Gly  Glu Gly Asn
    1085                1090                1095

Asp Asp  Glu Ala Phe Ala Glu  Leu Tyr Glu Val Arg  Trp Ser Tyr
    1100                1105                1110

Leu Met  Val Pro Pro Val Thr  Ile Met Met Val Asn  Ala Val Ala
    1115                1120                1125

Ile Ala  Val Ala Ala Ala Arg  Thr Leu Tyr Ser Glu  Phe Pro Gln
    1130                1135                1140

Trp Ser  Lys Leu Leu Gly Gly  Ala Phe Phe Ser Phe  Trp Val Leu
    1145                1150                1155

Cys His  Leu Tyr Pro Phe Ala  Lys Gly Leu Leu Gly  Arg Arg Gly
    1160                1165                1170

Arg Val  Pro Thr Ile Val Phe  Val Trp Ser Gly Leu  Ile Ser Met
    1175                1180                1185

Ile Ile  Ser Leu Leu Trp Val  Tyr Ile Asn Pro Pro  Ala Gly Ala
    1190                1195                1200

Arg Glu  Arg Ile Gly Gly Gly  Gly Phe Ser Phe Pro
    1205                1210                1215
```

<210> 65
<211> 3255
<212> ADN
<213> Glycine max

<400> 65

atggaagcaa gtgcgggaat ggttgccggt tcgcataaac ggaacgagct cgttcggatt 60
cgccacgatt cttctgacag cgggtctaaa cccatgaaga atttgaatgg gcaaatctgt 120
caaatatgcg gtgatactgt tggattaact gctactggtg atgtgtttgt tgcttgcaac 180
gagtgtgctt tccctgtgtg tcgtccttgt tatgaatatg agcggaagga tgggaaccag 240
tcttgtccac agtgcaagac tagatacaag aggcacagag ggagtcctcg agttgagggt 300
gatgaagatg aagatgattc tgatgatatc gagaatgagt tcaattatgc ccaaggaaaa 360
gccaaggcca ggcggcagtg ggaagacgat cctgacctgt cgtcgtcttc tagacgtgaa 420
tctcaacagc caattcccct cctcaccaat ggccaaacga tgtctggtga gattccatgt 480
gccacacctg atactcaatc tgtgcgaact acttcaggtc ctctgggccc atctgaaaag 540
gttcactcac ttccctatgt tgatccaagg caaccagttc cagtaagaat tgtggaccca 600
tcaaaggact tgaattctta tggtctggga aatgttgact ggaaagaaag ggttgaaggt 660
tggaagctta agcaggagaa aaatatggtg caaatgactg gtagatacgc tgaagggaaa 720
ggtggagatg ttgaagggac tggttctaat ggagaagaac ttcaaatggt agatgatgct 780
cgacaaccta tgagtcgtgt tgtgccaatt ccttcatctc agctgacgcc ttatcgtgtt 840
gttatcatcc tccggctgat tattcttggc ttcttcttac aatatcgtgt aactcatcct 900
gtgaaagatg catacccact gtggttgaca tcagttattt gtgagatttg gtttgcctta 960
tcctggctct tggatcagtt tccaaaatgg tctcccatta atcgtgagac ttatcttgaa 1020
cggcttgctt taaggtatga tcgtgaagga gaaccatcac agttagatcc tgttgatgtg 1080
tttgttagta cagtggatcc cctcaaagag ccacctcttg ttactgcaaa caccgttttg 1140
tctatacttt ctgttgatta ccctgtcgac aaagtttcct gctatgtatc agatgatggt 1200
tcagctatgt tgacctttga agcactatct gaaacagctg agtttgcgaa gaagtgggtg 1260
ccctttgca aaaagcacaa tattgaacca agagccccag agttttattt tgcccagaag 1320
attgattact taaaggacaa gattcagccc tcgtttgtaa aagagcgacg ggcaatgaag 1380
agagaatatg aagaattcaa agtacggatc aatgcccttg tagccaaagc tcagaagatg 1440
ccagaggaag gttggacaat gcaggatgga actccttggc ctggaaataa tcctagggat 1500
catccgggaa tgattcaggt gtttttaggt catagtgggg ggctggatac agatggaaat 1560
gagctgccta gacttgttta tgtttctcgt gagaagcgac caggcttcca acatcacaag 1620
aaggctggag ctatgaatgc tttgattcga gtttctgctg tcttgaccaa tggtgcatat 1680
cttctgaatg tggattgtga tcactatttc aataatagca aagccctcaa agaagccatg 1740
tgtttcatga tggatcctgt tcttggaaag aagacatgct atgttcaatt tcctcagaga 1800
tttgacggca ttgacttgca cgatcgatat gccaatcgca atattgtgtt ctttgatatc 1860
aacatgaaag gtcaggatgg tgttcagggc ccagtctatg tgggaactgg ttgttgtttc 1920
aataggcaag ctttgtatgg ttatgatcct gttttgactg aggaagattt ggaacctaac 1980
attattgtaa agagttgttg cggttctaga aagaagggaa agggtggcaa taagaagtac 2040
agtgacaaga agaaggcgat gggaagaact gaatccactg tacccatatt taatatggaa 2100
gacatagagg agggtgttga aggttatgat gatgaaagga cactacttat gtctcaaaag 2160
agcttggaga agcgttttgg tcagtctcca gtttttattg ctgccacttt catggagcag 2220
ggtggcattc caccttcaac gaaccctgca actcttctta aggaagcaat ccatgttatc 2280
agctgtggtt acgaagacaa gacagaatgg ggcaaagaga ttggatggat ctatggctct 2340
gtgacagaag atatcttgac tgggttcaag atgcatgctc gtggttggat ttccatctat 2400
tgcatgccac ctcgcccagc atttaagggt tctgctccta tcaatctttc tgatcgtctc 2460
aatcaggtgc ttcggtgggc cttgggttca attgagatct ttctaagcag gcattgtccc 2520
ttgtggtatg gctacaatgg gaagttgaag cctctgatga ggcttgctta tattaacacc 2580
attgtctacc cgtttacctc aatcccattg attgcttact gtacgcttcc tgcattttgt 2640
cttctcacaa ataaatttat tattcctgag ataagcaact ttgccagtat gtggttcatt 2700
cttctctttg tctccatttt taccacttca attcttgagc ttaggtggag tggggtcagt 2760
atagaagact ggtggagaaa tgaacagttc tgggttatcg gtgggacatc tgcgcatctc 2820
tttgctgtgt tccaggggct tctaaaagtg cttgctggga tcgatacaaa ttttactgtt 2880
acatcgaagg catcggacga ggatggggac tttgccgagc tttatgtgtt taaatggaca 2940
tcacttctca tccctcctac aacagtgctt attgtgaatt tggttgggat tgtggctggt 3000
gtatcctatg ccataaacag tggttaccag tcttggggtc cactatttgg caagctgttc 3060

```
tttgctatct gggtcattgc ccatctatac ccattcttga agggtctctt gggcaggcaa     3120
aatcgtaccc caaccattgt tattgtttgg tccgttcttc ttgcttcaat attctccttg     3180
ctgtgggtga ggattgatcc cttcacctct gactccaaca aattaaccaa tggtcaatgt     3240
ggcatcaact gttag                                                     3255
```

<210> 66
<211> 3225
<212> ADN
<213> Glycine max

<400> 66

```
atgatggagt cagaaggaga agctggggca aagccaatga aaacattggg tggcaaaatc       60
tgccagatct gtggtgataa tattgggaac aatgcgaatg gcgatccttt cattgcctgc      120
gatgtttgcg ctttccctgt ctgcagggcg tgctatgaat atgaaaggaa ggatggaaat      180
cagtcttgcc ctcagtgcaa gacccggtac aagaggcaca aaggaagtcc tgcaattctt      240
ggagaccgag aagaggatgg gggtgctgat gatggtgcca gtgacttcaa ttacaattca      300
gagaatcaga atgaaaagca gaagattgag catatgttgg gctggcaaat ggcatatggg      360
cgtgcagagg aggccattgc tccgaattat gataaggaag tttctcacaa tcacattcct      420
ctgctctccg gtggacaaga ggtttctgga gaattatctg ctgcctcacc tgagaggctg      480
tcaatggcat ccccaggtgg ccgagggaag cgtgcccata atcttcaata ttcgtctgac      540
cttaatcatt caccaaatat cagggttggg gatcctggat tgggcaatgt ggcatggaaa      600
gaaagagttg atggctggaa aatgaagcaa gataagaatg ttgctccaat gagcacgggc      660
caagctactt ctgaaagagg agctggagat attgatgcta gtactgatgt gcttgtggac      720
gattccttgt tgaatgatga ggctcggcaa cccctctcta ggaaggtttc tattccatca      780
tctaggatca atccataccg tatggtcatt gctctgcggt tggttatcct atgcattttt      840
ctgcattatc gaataacaaa tcctgtgccc aatgcatatg cattgtggtt gatatcagtt      900
atatgtgaga tttggtttgc catatcttgg atattggatc aattccccaa gtggctccct      960
gtgaaccgtg aaacatatct tgacagactt gcactaagat atgatcggga aggggaacca     1020
tcacagctag cagctgttga cattttgtc agtactgttg atccattaaa agaaccccg      1080
cttgtgactg ctaacactgt cctatctatt ctttctgttg actacccagt ggataaggtc     1140
tcctgttatg tctctgatga tggtgctgct atgttgacat ttgaagctct ggctgagaca     1200
tcagaatttg ctaggaaatg ggttcctttc agcaagaaat ataatatcga acctcgggca     1260
cctgagtggt attttgcaca gaagattgac tacttgaaag ataaggttca accatcattt     1320
gtcaaagatc gtagagcaat gaagagagaa tatgaagaat ttaaaattcg catcaatgga     1380
cttgttgcaa aggcacaaaa gattcctgaa gaaggatggg tgatgcaaga tggtacgcca     1440
tggcctggaa acaacactag agaccatcca ggaatgattc aggttttctt gggccaaagt     1500
ggaggacttg acactgaggg taatgaactt ccacgtttag tctatgtttc tcgtgaaaag     1560
cgtccagggt tccaacatca caagaaggct ggtgccatga atgcacttgt tcgagtgtca     1620
gcagtcctta ctaatggacc tttcttattg aatcttgatt gtgatcacta cataaacaac     1680
agtaaagcct tgagggaagc tatgtgcttt atgatggatc ccaaccttgg gaaaaatgtt     1740
tgctatgtcc agtttccaca gaggtttgat ggtattgata ggaatgatcg atatgccaat     1800
cgcaatactg ttttctttga tataaacttg agaggtttgg atggcattca aggtcctgtt     1860
tatgtgggta ctggatgtgt ctttaataga acagctttgt atggctacga acctcctatt     1920
aaacccaagc ataaaaagcc tgggtttctt tcttcactct gtggtggtaa ccgaaagaag     1980
agatcaaaat ctagcaagaa aggctcagac aagaaaaaat ctagcaagaa tgttgaccca     2040
actgtgccca tctttagtct tgaggatata gaagaggggg tggaaggtgc tggatttgat     2100
gatgagaaat cactacttat gtcacaaatg agcctcgaga aaaggtttgg tcagtctgct     2160
gtctttgttg cctctacact catggagaat ggtggcgttc ctcagtctgc aactccagaa     2220
actcttctta aggaagctat tcatgttatc agttgtggtt acgaggataa atcagaatgg     2280
ggaagtgaga taggatggat ctatggttct gtcacagaag atattcttac tggattcaag     2340
atgcatgccc gaggttggag gtctatttac tgcatgccca agctcccagc gtttaaaggt     2400
tctgctccta tcaatctttc agatcgtctg aaccaagtgc ttcgatgggc tttaggttcg     2460
gtggaaattc tttttagtcg acattgtccc atctggtatg gttatagtgg aaggctaaag     2520
tggctcgaga ggttcgcata tgtgaacacc acaatctatc cagtcacttc cattcccctt     2580
```

```
ctcatgtatt gtaccttacc tgctgtctgt ctcctgacta acaagttcat tattccacag     2640
attagtaaca ttgcaagtat atggtttatc tctctctttc tttccatctt tgccacgggt     2700
atccttgaga tgaggtggag tggtgttgga attgatgagt ggtggagaaa tgaacaattt     2760
tgggttatcg gtggtgtctc ggcccatctt tttgccgtgt tccaaggttt actcaaagtg     2820
cttgctggaa ttgacactaa cttcactgtt acctcaaaag catcagatga ggatggagac     2880
tttgcagaac tctacatgtt caaatggaca acccttctca tcccacccac gacgcttctc     2940
atcataaacc tggtgggggt tgttgcaggc atctcctatg ccatcaacag tggctaccaa     3000
tcatggggtc ccctctttgg taagcttttc tttgcatttt gggtgatcat ccatctctac     3060
cctttcctca aaggtctcat gggtcgccag aacagaacac caaccattgt ggtggtctgg     3120
tccattcttc ttgcatctat cttctctctg ttgtgggtcc gaattgaccc gtttacgaca     3180
agagtcactg gtcctgatgt tgagcagtgt ggaatcaact gctag                     3225
```

<210> 67
<211> 3240
<212> ADN
<213> Glycine max

<400> 67

```
atggaatcag aaggggaagc tggggcaaag ccagtgacag cattgggtgc ccaagtgtgc       60
cagatttgtg gtgatggtgt tgggaagact gtggatggtg aaccgttcgt tgcgtgcgat      120
gtttgcgctt tccctgtctg caggccttgc tatgagtatg agaggaagga tgggaatcaa      180
tcttgccccc agtgcaaaac ccggtacaag aggcacaagg gaagtcctgc aattcttgga      240
gacatggaag aggatggtgc tgctgctgct gatgccagtg acttcaatta tgattcagaa      300
aatcaaaatc aaaatcaaaa ccaaaagcag aagatttcag agcgcatgtt aagctggcaa      360
ttgacatacc cacgaggaga ggaggttggt gctccaaatt atgataagga tgtttctcac      420
aaccacattc ctctgctgac cagtggacaa gaggtatctg gagagttgtc tgcagcctca      480
cctgagaggc tctcaatggc atctcctgca gttggtggtg gaaagcgtgt ccataatatt      540
ccatattcat ctgacattaa tcaatctcca aatatcaggg ctggggatcc aggattgggc      600
aatgttgcat ggaaagaaag agttgatggc tggaagatga agcaagaaaa gaatgttgtt      660
ccaatgagca caggccaggc tgcttctgaa agaggagctg gagatattga tgctagtact      720
gatgtgcttg tagatgattc tttattgaat gatgaagctc gacagcctct ttccaggaag      780
gtttctattc catcttctag gataaatcca tatcgtatgg tcattatgct gcggctggtt      840
atcctttgca ttttcttgca ttatcggata acaaatcctg ttcccaatgc atatccattg      900
tggttggtat cagttatatg tgagatttgg tttgccatat cttggatatt ggatcaattt      960
cccaagtggc ttcctgtaaa ccgtgaaaca tatcttgaca ggcttgcact gaggtatgat     1020
cgggaaggag aaccgtcaca actagctgct gttgacattt ttgtcagtac tgttgatcca     1080
ttaaaggagc ctccacttgt gactgccaat accgtactat ctattcttgc agttgactat     1140
ccagtggata aggtctcctg ctatgtgtct gatgatggtg ctgctatgtt gacatttgaa     1200
gcacttgctg agacatcgga atttgcaagg aaatgggttc cttttagcaa gaagtatagc     1260
attgaacccc gtgcgcctga gtggtatttt tctcaaaaga ttgactactt gaaagataag     1320
gttcatccat catttgtcaa ggatcgtaga gcaatgaaga gagaatatga ggaatttaaa     1380
gttcgtatta atggacttgt ttcaaaggca cagaaagttc ctgaagaagg atgggttatg     1440
caagatggta ccccgtggcc tggaaataac accagagacc atccaggaat gatccaggtt     1500
ttcttgggcc aaagtggagg acttgacact gagggtaatg aacttccacg tttagtctat     1560
gtttctcgtg aaaagcgtcc agggttccaa catcacaaga aagctggtgc catgaatgcc     1620
cttgttcgag tatctgcagt ccttaccaat ggacctttct tattgaatct tgattgtgat     1680
cactacataa acaacagcaa ggccttgagg gaagctatgt gctttatgat ggatcccaat     1740
cttggtaaac atgtttgcta tgtccagttt ccgcagaggt ttgacggtat tgataggaat     1800
gatcgatatg ccaatcgtaa tacagttttc tttgatataa acttgagagg tttggatggc     1860
attcaaggtc ctgtttatgt gggtactgga tgtgtcttca acaggacagc tttatatggt     1920
tatgaacctc ctcttaaacc caagcataaa aagcctgggt tgttatcatc actctgtggt     1980
ggaactcgga agaagagttc aaaatctagt aagaaaggat cagacaagaa aaaatctagc     2040
aagcatgttg acccaactgt gcccattttc aatttagagg atatagaaga aggagtagaa     2100
ggtactggat ttgatgatga gaaatcacta cttatgtcac aaatgagtct tgagaaaagg     2160
```

```
tttggtcagt ccgctgtctt tgttgcctct acgcttatgg agaatggtgg tgttcctcaa     2220
tctgctactc cagaaactct tcttaaggag gctattcatg ttatcagctg tggttacgag     2280
gataaaactg attggggaag tgagatagga tggatttatg gttctgtcac agaagatatt     2340
cttaccggat ttaagatgca tgcccggggt tggcggtcta tatactgcat gcctaagcgc     2400
ccagcgttta aaggttctgc tcccatcaat ctttcggatc gtctaaacca agtgcttcga     2460
tgggctttag gttccgtgga aattcttttc agccgacact gtcccatctg gtatggttat     2520
ggtggaaggt taaagtggct tgaaaggttt gcttatgtga acaccaccat ctatccagtc     2580
actgccattc cccttctcat ttattgtatc ttgcctgctg tctgtctgct gactaataag     2640
ttcattattc cacagatcag caaccttgct agcatatggt tcatctccct ctttctgtcc     2700
atctttgcta ctggaatcct ggagatgagg tggagtggtg tcggaatcga cgagtggtgg     2760
aggaatgaac agttttgggt catcggtggt gtctcggcac atctctttgc tgttttccaa     2820
ggcttgctca aagtgcttgc tggaattgac accaacttca ctgtcacctc caaggcctcg     2880
gatgaagacg gagactttgc cgaactatac atgttcaaat ggaccaccct tcttattcct     2940
ccaacaaccc ttctcataat aaacttggtg ggggtggttg ctggcatctc ctatgccatc     3000
aacagtggct accaatcttg gggacccctc tttggtaagc ttttctttgc attttgggtg     3060
atcatccatc tatacccttt cctcaaaggt ctcatggggc gccaaaacag aacaccaacc     3120
attgtggtgg tgtggtccgt tctgcttgca tccattttct cactcttgtg ggttagaatt     3180
gatccattca ccacaagggt cactggtcct gatgttgagg agtgtggcat taactgctag     3240
```

<210> 68
<211> 3228
<212> ADN
<213> Zea mays

<400> 68

```
atggcggcca acaaggggat ggtggcgggc tcgcacaacc gcaacgagtt cgtcatgatc       60
cgccacgacg gcgatgcgcc gggctcggct aagcccacaa agagtgcgaa tgggcaggtc      120
tgccagattt gtggtgactc tgtgggtgtt tcagccactg gtgatgtctt tgttgcctgc      180
aatgagtgtg ccttccctgt ctgccgccca tgctatgagt atgagcgcaa ggaggggaac      240
caatgctgcc cccagtgcaa gactagatac aagagacaga aaggtagccc tcgagttcat      300
ggtgatgagg atgaggaaga tgttgatgac ctagacaatg aattcaacta caagcaaggc      360
aatgggaaag gcccagagtg gcaactgcaa ggagatgatg ctgatctgtc ttcatctgct      420
cgccatgagc cacatcatcg gattccacgc ctgacaagcg gtcaacagat atctggagag      480
attcctgatg cttcccctga ccgtcattct atccgcagtc caacatcgag ctatgttgat      540
ccaagcgtcc cagttcctgt gaggattgtg gacccctcga aggacttgaa ttcctatggg      600
cttaatagtg ttgactggaa ggaaagagtt gagagctgga gggttaaaca ggacaaaaat      660
atgatgcaag tgactaataa atatccagag gctagaggag gagacatgga ggggactggc      720
tcaaatggag aagatatgca aatggttgat gatgcacggc tacctttgag ccgtatcgtg      780
ccaatttcct caaaccagct caacctttac cgggtagtga tcattctccg tcttatcatc      840
ctgtgcttct tcttccagta tcgtgtcagt catccagtgc gtaatgctta tggattatgg      900
ctagtatctg ttatctgcga ggtctggttt gccttgtctt ggcttctaga tcagttccca      960
aaatggtatc caatcaaccg tgagacatat cttgacaggc ttgcattgag gtatgataga     1020
gagggagagc catcacagct ggctcccatt gatgtcttcg tcagtacagt ggatccattg     1080
aaggaacctc cactgatcac agccaacact gttttgtcca ttctttctgt ggattaccct     1140
gttgacaaag tgtcatgcta tgtttctgat gatggttcag ctatgctgac ttttgagtct     1200
ctctcagaaa ccgcagaatt tgctagaaag tgggttccct tttgtaagaa gcacaatatt     1260
gaaccaagag ctccagaatt ttactttgct caaaaaatag attacctgaa ggacaaaatt     1320
caaccttcat ttgttaagga aagacgcgca atgaagaggg agtatgaaga attcaaagta     1380
agaatcaatg cccttgttgc caaagcacag aaagtgcctg aagaggggtg gaccatggct     1440
gatggaactg catggcctgg gaataatcct agggaccatc ctggcatgat tcaggttttc     1500
ttggggcaca gtggtgggct cgacactgat ggaaatgagt taccacgtct tgtctatgtc     1560
tctcgtgaaa agagaccagg ctttcagcat cacaagaagg ctggtgcaat gaatgcgctg     1620
attcgtgtat ctgctgtgct gacaaatggt gcctatcttc tcaatgtgga ttgcgaccat     1680
tacttcaata gcagcaaagc tcttagagaa gcaatgtgct tcatgatgga tccggctcta     1740
```

```
ggaaggaaaa cttgttatgt acaatttcca cagagatttg atggcattga cttgcacgat     1800
cgatatgcta atcggaacat agttttcttt gatatcaaca tgaaaggtct ggatggcatt     1860
cagggtccag tttacgtggg aacaggatgc tgtttcaata gacaggcttt gtatggatac     1920
gatcctgttt tgactgaagc tgatctggag ccaaacattg ttattaagag ctgctgtggt     1980
agaaggaaga aaaagaacaa gagttatatg gatagtcaaa gccgtattat gaagagaaca     2040
gaatcttcag ctcccatctt caatatggaa gacatcgaag agggtattga aggttatgag     2100
gatgaaaggt cagtgcttat gtcccagagg aaattggaga aacgctttgg tcagtctcct     2160
attttcattg catccacctt tatgacacaa ggtggcatac caccttcaac aaacccagct     2220
tctctactaa aggaagctat ccatgtcatc agttgtggat atgaggacaa aactgaatgg     2280
ggaaaagaga ttggctggat ctatggttca gtaacggagg atattctgac tgggtttaaa     2340
atgcatgcaa ggggctggca atcaatctac tgcatgccac cacgaccttg tttcaagggt     2400
tctgcaccaa tcaatctttc cgatcgtctt aatcaggtgc tccgttgggc tcttgggtca     2460
gtggaaattc tgcttagtag acattgtcct atctggtatg gttacaatgg acgattgaag     2520
cttttggaga ggctggctta catcaacact attgtatatc caatcacatc cattccgctt     2580
attgcctatt gtgtgcttcc cgctatctgc ctccttacca ataaatttat cattcctgag     2640
attagcaatt atgctgggat gttcttcatt cttcttttcg cctccatttt tgccactggt     2700
atattggagc ttagatggag tggtgttggc attgaagatt ggtggagaaa tgagcagttt     2760
tgggttattg gtggcacctc tgcccatctc ttcgcagtgt tccagggtct gctgaaagtg     2820
ttggctggga ttgataccaa cttcacagtt acctcaaagg catctgatga ggatggcgac     2880
tttgctgagc tatatgtgtt caagtggacc agtttgctca ttcctccgac cactgttctt     2940
gtcattaacc tggtcggaat ggtggctgga atttcttatg ccattaacag tggctaccaa     3000
tcctggggtc cgctctttgg aaagctgttc ttctcgatct gggtgatcct ccatctctac     3060
cccttcctca agggtctcat gggaaggcag aaccgcacac caacaatcgt cattgtctgg     3120
tccatccttc ttgcatctat cttctccttg ctgtgggtga agatcgatcc tttcatctcc     3180
ccgacacaga aagctgctgc cttggggcaa tgtggcgtca actgctga                  3228
```

<210> 69
<211> 3225
<212> ADN
<213> Zea mays

<400> 69

```
atggcggcca acaaggggat ggtggcaggc tctcacaacc gcaacgagtt cgtcatgatc       60
cgccacgacg gcgacgcgcc tgtcccggct aagcccacga agagtgcgaa tgggcaggtc      120
tgccagattt gtggcgacac tgttggcgtt tcagccactg gtgatgtctt tgttgcctgc      180
aatgagtgtg ccttccctgt ctgccgccct tgctatgagt acgagcgcaa ggaagggaac      240
caatgctgcc ctcagtgcaa gactagatac aagagacaga aaggtagccc tcgagttcat      300
ggtgatgatg aggaggaaga tgttgatgac ctggacaatg aattcaacta taagcaaggc      360
aatgggaagg gcccagagtg gcagcttcaa ggagatgacg ctgatctgtc ttcatctgct      420
cgccatgacc cacaccatcg gattccacgc cttacaagtg gacaacagat atctggagag      480
atccctgatg catcccctga ccgtcattct atccgcagtc caacatcgag ctatgttgat      540
ccaagcgttc cagttcctgt gaggattgtg gacccctcga aggacttgaa ttcctatggg      600
cttaatagtg ttgactggaa ggaaagagtt gagagctgga gggttaaaca ggacaaaaat      660
atgttgcaag tgactaataa atatccagag gctagaggag acatggaggg gactggctca      720
aatggagaag atatgcaaat ggttgatgat gcacgcctac ctttgagccg cattgtgcca      780
atttcctcaa accagctcaa cctttaccgg atagtaatca ttctccgtct tatcatcctg      840
tgcttcttct tccaatatcg tatcagtcat ccagtgcgta atgcttatgg attgtggcta      900
gtatctgtta tctgtgaggt ctggtttgcc ttgtcctggc ttctagatca gttcccaaaa      960
tggtatccaa tcaaccgtga gacatatctc gacaggcttg cattgaggta tgatagagag     1020
ggagagccat cacagctggc tcccattgat gtctttgtca gtacagtgga tccattgaag     1080
gaacctccac tgatcacagc caacactgtt ttgtccattc ttgctgtgga ttaccctgtt     1140
gacaaagtgt catgctatgt ttctgatgat ggctcagcta tgctgacttt tgagtctctc     1200
tctgaaactg ccgaatttgc tagaaagtgg gttccctttt gtaagaagca caatattgaa     1260
ccaagagctc cagaatttta ctttgctcaa aaaatagatt acctgaagga caaaattcaa     1320
```

ccttcatttg ttaaggaaag acgagcaatg aagagagagt atgaagaatt caaaataaga 1380
atcaatgccc ttgttgccaa agcacagaaa gtgcctgaag aggggtggac catggctgat 1440
ggaactgctt ggcctgggaa taaccctagg gaccatcctg gcatgattca ggtgttcttg 1500
gggcacagtg gtgggcttga cactgatgga aatgaattac cacgtcttgt ctatgtctct 1560
cgtgaaaaga gaccaggctt tcagcatcac aagaaggctg gtgcaatgaa tgcactgatt 1620
cgtgtatctg ctgtgctgac aaatggtgcc tatcttctca atgtggattg tgaccattac 1680
ttcaatagca gcaaagctct tagagaagca atgtgcttca tgatggatcc agctctagga 1740
aggaaaactt gttatgtaca atttccacaa agatttgatg gcattgactt gcacgatcga 1800
tatgctaata ggaacatagt cttctttgat atcaacatga aaggtctaga tggcattcag 1860
ggtccagtct atgtgggaac aggatgctgt ttcaataggc aggctttgta tggatatgat 1920
cctgttttga ctgaagctga tctggaacct aacattgttg ttaagagctg ctgtggtaga 1980
aggaagagaa agaacaagag ttatatggat agtcaaagcc gtattatgaa gagaacagaa 2040
tcttcagctc ccatctttaa catggaagac atcgaggagg gtattgaagg ttatgaggat 2100
gaaaggtcag tgcttatgtc ccagaggaaa ttggagaaac gctttggtca gtctccaatc 2160
ttcattgcat ccacctttat gactcaaggt ggcataccac cttcaacaaa cccagcttct 2220
ctactgaagg aagctatcca tgttatcagc tgtgggtacg aggacaaaac tgaatgggga 2280
aaagagattg gctggatcta tggttcagtt acagaggata ttctgactgg gtttaaaatg 2340
catgcaagag gctggcaatc aatctactgc atgccaccac gaccttgttt caagggttct 2400
gcaccaatca atctttctga tcgtcttaat caggtgctcc gttgggctct tgggtcagtg 2460
gaaattctgc ttagcagaca ttgtcctata tggtatggct acaatgggcg attgaagctt 2520
ttggagaggc tggcttacat taacaccatt gtttatccaa tcacatctgt tccgcttatc 2580
gcctattgtg tgcttcctgc tatctgtctt cttaccaata aatttatcat tcctgagatt 2640
agtaattatg ctggaatgtt cttcattctt ctttttgcct ccattttcgc aactggtata 2700
ttggagctca gatggagtgg tgttggcatt gaagattggt ggagaaatga gcagttttgg 2760
gttattggtg gcacctctgc ccatctcttc gcggtgttcc agggtctgct gaaagtgttg 2820
gctgggattg ataccaactt cacagttacc tcaaaggcat ctgatgagga tggcgacttt 2880
gctgagctat atgtgttcaa gtggaccagt ttgctcatcc ctccgaccac tgttcttgtc 2940
attaacctgg tcggaatggt ggcaggaatt tcgtatgcca ttaacagcgg ctaccaatcc 3000
tggggtccgc tctttggaaa gctgttcttc tcgatctggg tgatcctcca tctctacccc 3060
ttcctcaagg gtctcatggg caggcagaac cgcacgccaa caatcgtcat cgtttggtcc 3120
atcctccttg cgtctatctt ctccttgctg tgggtgaaga tcgatccttt catctccccg 3180
acacagaaag ctgccgcctt ggggcaatgt ggtgtgaact gctga 3225

<210> 70
<211> 3240
<212> ADN
<213> Zea mays

<400> 70

atggagggcg acgcggacgg cgtgaagtcg gggaggcgcg ggggagggca ggtgtgccag 60
atctgcggcg atggcgtggg cactacggcg gagggagacg tcttcaccgc ctgcgacgtc 120
tgcgggttcc cggtgtgccg cccctgctac gagtacgagc gcaaggacgg cacacaagcg 180
tgcccccagt gcaaaaacaa gtacaagcgc cacaagggga gtccagcgat ccgaggggag 240
gaaggagacg atactgatgc cgatgatgct agcgacttca actaccctgc atctggcaat 300
gacgaccaga agcagaagat tgctgacagg atgcgcagct ggcgcatgaa tgctgggggc 360
agcggggatg ttggccgccc caagtatgac agtggtgaga tcgggcttac caagtacgac 420
agtggtgaga tccctcgggg atacatcccg tcagtcacta acagccagat ttcgggagaa 480
atccctggtg cttcccctga ccatcatatg atgtctccta ctgggaacat tggcaggcgc 540
gccccatttc cctatatgaa tcattcatca aatccgtcga gggaattctc tggtagcgtt 600
gggaatgttg cctggaaaga gagggttgat ggctggaaaa tgaagcagga caagggaaca 660
attcccatga cgaatggcac aagcattgct ccctctgagg gccggggtgt tggtgatatt 720
gatgcatcaa ctgattacaa catggaagat gccttattaa acgatgaaac tcgccagcct 780
ctatctagga aagttccact tccttcctcc aggataaatc catacaggat ggtcattgtg 840
ctacgattga ttgttctaag catcttcttg cactaccgga tcacaaatcc tgtgcgtaat 900

gcatacccac tgtggcttct atctgttata tgtgagatct ggtttgctct ttcctggata 960
ttggatcagt ttccaaagtg gtttccaatc aaccgcgaga cttaccttga tagactcgca 1020
ttaaggtatg accgggaagg tgagccatct cagttggctg ctgttgacat ttttgtcagt 1080
actgtcgacc caatgaagga gcctcctctt gtcactgcca ataccgtgct atccattctc 1140
gctgtggact atcctgtgga taaggtctct tgctatgtat ctgatgatgg agctgctatg 1200
ctgacatttg atgcactagc tgagacttca gagtttgcta gaaaatgggt gccatttgtt 1260
aagaagtaca acattgaacc tagagctcct gaatggtact tctcccagaa aattgattac 1320
ttgaaggaca aagtgcaccc ttcatttgtt aaagaccgcc gggccatgaa gagagaatat 1380
gaagaattca aaattagggt aaatggcctt gttgctaagg cacaaaaagt ccctgaggaa 1440
ggatggatca tgcaagatgg cacaccatgg ccaggaaaca ataccaggga ccatcctgga 1500
atgattcagg ttttccttgg tcacagtggt ggtcttgata ctgagggtaa tgagctaccc 1560
cgtttggtct atgtttctcg tgaaaaacgt cctggattcc agcatcacaa gaaagctggt 1620
gccatgaatg ctcttgtccg cgtctcagct gtgcttacca atggacaata catgttgaat 1680
cttgattgtg atcactacat caacaacagt aaggctctca gggaagctat gtgcttcctt 1740
atggatccta acctaggaag gagtgtctgc tatgttcagt ttccccagag gttcgatggt 1800
attgatagga atgatcgata tgccaacagg aacaccgtgt ttttcgatat taacttgaga 1860
ggtcttgatg gcatccaagg accagtttat gtgggcactg gctgtgtttt caacagaaca 1920
gctctatatg gttatgagcc cccaattaag caaaagaagg gtggtttctt gtcatcacta 1980
tgtggtggca ggaagaaggg aagcaaatca aagaagggct cagacaagaa aaagtcacag 2040
aagcatgtgg acagttctgt gccagtattc aatcttgaag atatagagga gggagttgaa 2100
ggcgctggat ttgatgatga gaaatcactt cttatgtctc aaatgagctt ggagaagaga 2160
tttggccaat ctgcagcttt tgttgcgtcc actctgatgg aatatggtgg tgttcctcag 2220
tctgcgactc cagaatctct tctgaaagaa gctatccatg tcataagttg tggctacgag 2280
gacaagactg aatggggaac tgagattggg tggatctatg gttctgtgac ggaagatatt 2340
ctcactgggt tcaagatgca cgcacgaggc tggcggtcga tctactgcat gcctaagcgg 2400
ccggccttca agggatcggc tcccatcaat ctctcagacc gtctgaacca ggtgctccgg 2460
tgggctctcg gttcagtgga aatccttttc agccggcatt gccccctatg gtacggctac 2520
ggaggacgcc tgaagttctt ggagagattc gcctacatca acaccaccat ctacccgctc 2580
acgtccctcc cgctcctcat ttactgtatc ctgcctgcca tctgcctgct cacggggaag 2640
ttcatcatcc cagagatcag caacttcgct agtatctggt tcatctctct cttcatctcg 2700
atcttcgcca cgggtatcct ggagatgagg tggagcggcg tgggcatcga cgagtggtgg 2760
aggaacgagc agttctgggt catcggaggc atctccgccc acctcttcgc cgtcttccag 2820
ggcctcctca aggtgcttgc cggcatcgac accaacttca ccgtcacctc caaggcctcg 2880
gatgaagacg gcgacttcgc ggagctgtac atgttcaagt ggacgacact tctgatcccg 2940
cccaccacca tcctgatcat caacctggtc ggcgttgttg ccggcatctc ctacgccatc 3000
aacagcgggt accagtcgtg gggtccgctc ttcggcaagc tcttcttcgc cttctgggtg 3060
atcgttcacc tgtacccgtt cctcaagggt ctcatgggtc ggcagaaccg caccccgacc 3120
atcgtggttg tctgggcgat cctgctggcg tcgatcttct ccttgctgtg ggttcgcatc 3180
gatccgttca ccacccgcgt cactggcccg gatactcgaa cgtgtggcat caactgctag 3240

<210> 71
<211> 3234
<212> ADN
<213> Zea mays

<400> 71

atggagggcg acgcggacgg cgtgaagtcg gggaggcgcg gtggcggaca ggtgtgccag 60
atctgcggcg acggcgtggg caccacggcg gaggggacg tcttcgccgc ctgcgacgtc 120
tgcgggtttc cggtgtgccg cccctgctac gagtacgagc gcaaggacgg cacgcaggcg 180
tgcccccagt gcaagaccaa gtacaagcgc cacaagggga gcccggcgat ccgtggggag 240
gaaggagacg acactgatgc cgatagcgac ttcaactacc ctgcatctgg caatgaagac 300
cagaagcaga agattgccga cagaatgcgc agctggcgca tgaacgctgg gggcagcggg 360
gatgttggtc gccccaagta tgacagtggc gagatcgggc ttaccaagta tgacagtggc 420
gagatccctc ggggatacat cccatcagtc actaacagcc agatctcagg agaaatccct 480

ggtgcttccc ctgaccatca tatgatgtcc ccaactggga acattggcaa gcgtgctcca 540
tttccctatg tgaaccattc gccaaatccg tcaagggagt tctctggtag cattgggaat 600
gttgcctgga aagagagggt tgatggctgg aaaatgaagc aggacaaggg gacgattccc 660
atgacgaatg gcacaagcat tgctccctct gagggtcggg gtgttggtga tattgatgca 720
tcaactgatt acaacatgga agatgcctta ttgaacgacg aaactcgaca gcctctatct 780
aggaaagttc cacttccttc ctccaggata aatccataca ggatggtcat tgtgctgcga 840
ttgattgttc taagcatctt cttgcactac cgtatcacaa atcctgtgcg caatgcatac 900
ccattatggc ttctatctgt tatatgtgag atctggtttg ctctttcgtg gatattggat 960
cagttcccta agtggtttcc aatcaaccgg gagacgtacc ttgataggct ggcattaagg 1020
tatgaccggg aaggtgagcc atctcagttg gctgctgttg acattttcgt cagtacagtc 1080
gacccaatga aggagcctcc tcttgtcact gccaataccg tgctatccat tcttgctgtg 1140
gattaccctg tggataaggt ctcttgctat gtatctgatg atggagctgc gatgctgaca 1200
tttgatgcac tagctgagac ttcagagttt gctagaaaat gggtaccatt tgttaagaag 1260
tacaacattg aacctagagc tcctgaatgg tacttctccc agaaaattga ttacttgaag 1320
gacaaagtgc acccttcatt tgttaaagac cgccgggcca tgaagagaga atatgaagaa 1380
ttcaaagtta gggtaaatgg ccttgttgct aaggcacaga aagttcctga ggaaggatgg 1440
atcatgcaag atggcacacc atggccagga aacaatacca gggaccatcc tggaatgatt 1500
caggttttcc ttggtcacag tggtggcctt gatactgagg gcaatgagct accccgtttg 1560
gtctatgttt ctcgtgaaaa gcgtcctgga ttccagcatc acaagaaagc tggtgccatg 1620
aatgctcttg ttcgtgtctc agctgtgctt accaatggac aatacatgtt gaatcttgat 1680
tgtgatcact acattaacaa cagtaaggct ctcagggaag ctatgtgctt ccttatggac 1740
cctaacctag gaaggagtgt ctgctacgtc cagtttcccc agagattcga tggcattgac 1800
aggaatgatc gatatgccaa caggaacacc gtgtttttcg atattaactt gagaggtctt 1860
gatggcatcc aaggaccagt ttatgtcgga actggctgtg ttttcaaccg aacagctcta 1920
tatggttatg agcccccaat taagcagaag aagggtggtt tcttgtcatc actatgtggc 1980
ggtaggaaga aggcaagcaa atcaaagaag ggctcggaca agaagaagtc gcagaagcat 2040
gtggacagtt ctgtgccagt attcaacctt gaagatatag aggagggagt tgaaggcgct 2100
ggatttgacg acgagaaatc acttcttatg tctcaaatga gcctggagaa gagatttggc 2160
cagtccgcag cgtttgttgc ctccactctg atggagtatg gtggtgttcc tcagtccgca 2220
actccggagt ctcttctgaa agaagctatc catgttataa gctgtggcta tgaggacaag 2280
actgaatggg gaactgagat cgggtggatc tacggttctg tgacagaaga cattctcacc 2340
ggattcaaga tgcacgcgcg aggctggcgg tcgatctact gcatgcccaa gcggccagct 2400
ttcaaggggt ctgcccccat caatctttcg gaccgtctga accaggtgct ccggtgggct 2460
cttgggtccg tggagatcct cttcagccgg cactgccccc tgtggtacgg ctacggaggg 2520
cggctcaagt tcctggagag attcgcgtac atcaacacca ccatctaccc gctcacgtcc 2580
atcccgcttc tcatctactg catcctgccc gccatctgtc tgctcaccgg aaagttcatc 2640
attccagaga tcagcaactt cgccagcatc tggttcatct ccctcttcat ctcgatcttc 2700
gccacgggca tcctggagat gaggtggagc ggggtgggca tcgacgagtg gtggaggaac 2760
gagcagttct gggtgatcgg gggcatctcc gcgcacctct tcgccgtgtt ccagggcctg 2820
ctcaaggtgc tggccggcat cgacaccaac ttcaccgtca cctccaaggc ctcggacgag 2880
gacggcgact tcgcggagct gtacatgttc aagtggacga cgctcctgat cccgcccacc 2940
accatcctga tcatcaacct ggtcggcgtc gtcgccggca tctcctacgc catcaacagc 3000
ggataccagt cgtggggccc gctcttcggc aagctcttct tcgccttctg ggtcatcgtc 3060
cacctgtacc cgttcctcaa gggcctcatg ggcaggcaga accgcacccc gaccatcgtc 3120
gtcgtctggg ccatcctgct ggcgtccatc ttctccttgc tgtgggttcg catcgacccc 3180
ttcaccaccc gcgtcactgg cccggatacc cagacgtgtg gcatcaactg ctag 3234

<210> 72
<211> 3246
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 72

atggaagctt cagctggact tgttgctgga tcttacagaa gaaacgagct tgttaggatc 60

aggcacgagt ctgatggtgg aactaagcct ctcaagaaca tgaacggaca gatctgccaa 120
atctgcggag atgatgttgg actcgctgag actggtgatg ttttcgttgc ttgtaacgag 180
tgcgctttcc ctgtgtgtag accttgttac gagtacgaga gaaaggatgg aactcagtgt 240
tgccctcagt gcaagaccag attcagaagg catagaggat ctccaagggt tgagggtgat 300
gaagatgagg atgatgtgga tgatatcgag aacgagttca actacgctca gggtgctaac 360
aaggctagac atcagagaca cggtgaagag ttctcttcat cttctaggca cgagagtcag 420
cctatccctc ttctcactca tggacacact gtgtctggtg agatcagaac ccctgatacc 480
cagtctgtga gaactacttc tggacctctc ggaccttctg ataggaacgc tatctcttct 540
ccttacatcg atcctaggca gcctgtgcct gttagaatcg tggatccttc taaggatctc 600
aactcttacg gactcggaaa tgtggattgg aaagagagag ttgagggttg gaagctcaag 660
caagagaaga acatgctcca gatgaccgga aagtaccacg aaggtaaggg tggtgagatt 720
gagggaactg gatctaacgg tgaggaactc cagatggctg atgataccag actccctatg 780
tctagggttg tgccaatccc ttcatctagg ctcacccctt acagagtggt gatcatcctt 840
aggcttatca tcctctgctt tttcttgcag tacaggacca cccaccctgt gaagaatgct 900
taccctcttt ggctcacctc tgtgatctgc gagatttggt tcgctttctc ttggctcctc 960
gatcagttcc ctaagtggta tcctatcaac agggaaacct acctcgatag gctcgctatc 1020
aggtacgata gagatggtga gccttctcag ctcgttcctg ttgatgtgtt cgtgtctact 1080
gtggatcctc tcaaagagcc tcctctcgtt actgctaaca ccgtgctttc tatcctctca 1140
gtggattacc ctgtggataa ggtggcatgc tacgtgtcag atgatggatc tgctatgctc 1200
accttcgagt ctctcagtga gactgctgag ttcgctaaga agtgggttcc attctgcaag 1260
aagttcaata tcgagcctag ggctcctgag ttctacttcg cacagaagat cgattacctc 1320
aaggataaga tccaaccatc tttcgtgaaa gaaagaaggg ctatgaagag ggaatacgaa 1380
gagttcaagg tgaggatcaa cgctctcgtt gctaaggctc aaaagatccc tgaagagggt 1440
tggactatgc aggatggtac tccttggcct ggaaacaaca ctagagatca ccctggaatg 1500
atccaggtgt tcctcggaca ttctggtgga ctcgatactg atggtaacga gcttcctagg 1560
ctcatctacg tgagtagaga aaagaggcct ggattccagc accacaagaa agctggtgct 1620
atgaacgctc tcatcagggt ttcagctgtg cttaccaacg gtgcttacct cctcaatgtt 1680
gattgcgatc actacttcaa caactctaag gctatcaaag aggctatgtg cttcatgatg 1740
gatccagcta tcggaaagaa gtgctgctac gttcagttcc cacagaggtt cgatggaatc 1800
gatctccacg ataggtacgc taacagaaac atcgtgttct tcgatattaa catgaaggga 1860
ctcgatggta tccagggacc tgtttacgtt ggaactggtt gctgcttcaa caggcaggct 1920
ctttacggat acgatcctgt gctcactgag gaagatctcg agcctaacat catcgtgaag 1980
tcttgctgcg gatctaggaa gaagggaaag tcatctaaga agtacaacta cgagaagaga 2040
aggggaatca acaggtctga ttctaacgct ccactcttca acatggaaga tatcgatgag 2100
ggattcgagg gatacgatga tgagagatca atcctcatgt ctcagagatc tgtggaaaag 2160
aggttcggac agtctcctgt gttcattgct gcaaccttca tggaacaggg tggaatccct 2220
cctactacta accctgctac tctcctcaaa gaagctatcc acgttatctc ttgcggatac 2280
gaggataaga ccgagtgggg aaaagaaatc ggatggatct acggatctgt gaccgaggat 2340
atcttgaccg gattcaagat gcacgctagg ggatggatca gtatctactg caatcctcct 2400
aggcctgctt tcaagggatc tgctccaatc aacctctcag ataggctcaa ccaggttctc 2460
agatgggcac ttggatctat cgagatcctc cttagtaggc actgccctat ctggtacgga 2520
taccacggta gacttagact cctcgagagg atcgcttaca tcaacaccat cgtgtaccct 2580
atcacctcta tcccacttat cgcttactgc atccttcctg ctttctgcct catcaccgat 2640
agattcatca tccctgagat ctctaactac gcttctatct ggttcatcct ccttttcatc 2700
tcaatcgctg tgaccggaat cctcgagctt agatggtctg gtgtgtctat cgaggattgg 2760
tggaggaatg agcagttctg ggttatcgga ggaacttctg ctcatctctt cgctgttttc 2820
cagggactcc ttaaggttct cgctggaatt gataccaact tcactgtgac ctcaaaggct 2880
accgatgagg atggtgattt cgctgagctt tacatcttca agtggaccgc tctcctcatc 2940
cctccaacaa ctgttctcct cgttaacctc atcggaatcg tggctggtgt ttcttacgct 3000
gtgaactctg gttaccagtc ttggggacca ctcttcggaa agcttttctt cgctctttgg 3060
gtgatcgcac acctctaccc attccttaag ggacttctcg gaaggcagaa caggactcct 3120
actatcgtta tcgtgtggtc tgtgctcctc gcttcaatct tctcattgct ctgggtgaga 3180
atcaaccctt tcgtggatgc taaccctaac gctaacaact tcaacggaaa aggtggtgtg 3240
ttctga 3246

<210> 73
<211> 3246
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 73

atggaagctt cagctggact tgttgctgga tcttacagaa gaaacgagct tgttaggatc 60
aggcacgagt ctgatggtgg aactaagcct ctcaagaaca tgaacggaca gatctgccaa 120
atctgcggag atgatgttgg actcgctgag actggtgatg ttttcgttgc ttgtaacgag 180
tgcgctttcc ctgtgtgtag accttgttac gagtacgaga gaaaggatgg aactcagtgt 240
tgccctcagt gcaagaccag attcagaagg catagaggat ctccaagggt tgagggtgat 300
gaagatgagg atgatgtgga tgatatcgag aacgagttca actacgctca gggtgctaac 360
aaggctagac atcagagaca cggtgaagag ttctcttcat cttctaggca cgagagtcag 420
cctatccctc ttctcactca tggacacact gtgtctggtg agatcagaac ccctgatacc 480
cagtctgtga gaactacttc tggacctctc ggaccttctg ataggaacgc tatctcttct 540
ccttacatcg atcctaggca gcctgtgcct gttagaatcg tggatccttc taaggatctc 600
aactcttacg gactcggaaa tgtggattgg aaagagagag ttgagggttg gaagctcaag 660
caagagaaga acatgctcca gatgaccgga aagtaccacg aaggtaaggg tggtgagatt 720
gagggaactg gatctaacgg tgaggaactc cagatggctg atgataccag actccctatg 780
tctagggttg tgccaatccc ttcatctagg ctcacccctt acagagtggt gatcatcctt 840
aggcttatca tcctctgctt tttcttgcag tacaggacca cccaccctgt gaagaatgct 900
taccctcttt ggctcacctc tgtgatctgc gagatttggt tcgctttctc ttggctcctc 960
gatcagttcc ctaagtggta tcctatcaac agggaaacct acctcgatag gctcgctatc 1020
aggtacgata gagatggtga gccttctcag ctcgttcctg ttgatgtgtt cgtgtctact 1080
gtggatcctc tcaaagagcc tcctctcgtt actgctaaca ccgtgctttc tatcctctca 1140
gtggattacc ctgtggataa ggtggcatgc tacgtgtcag atgatggatc tgctatgctc 1200
accttcgagt ctctcagtga gactgctgag ttcgctaaga agtgggttcc attctgcaag 1260
aagttcaata tcgagcctag ggctcctgag ttctacttcg cacagaagat cgattacctc 1320
aaggataaga tccaaccatc tttcgtgaaa gaaagaaggg ctatgaagag ggaatacgaa 1380
gagttcaagg tgaggatcaa cgctctcgtt gctaaggctc aaaagatccc tgaagagggt 1440
tggactatgc aggatggtac tccttggcct ggaaacaaca ctagagatca ccctggaatg 1500
atccaggtgt tcctcggaca ttctggtgga ctcgatactg atggtaacga gcttcctagg 1560
ctcatctacg tgagtagaga aaagaggcct ggattccagc accacaagaa agctggtgct 1620
atgaacgctc tcatcagggt ttcagctgtg cttaccaacg gtgcttacct cctcaatgtt 1680
gattgcgatc actacttcaa caactctaag gctatcaaag aggctatgtg cttcatgatg 1740
gatccagcta tcggaaagaa gtgctgctac gttcagttcc cacagaggtt cgatggaatc 1800
gatctccacg ataggtacgc taacagaaac atcgtgttct tcgatattaa catgaaggga 1860
ctcgatggta tccagggacc tgtttacgtt ggaactggtt gctgcttcaa caggcaggct 1920
ctttacggat acgatcctgt gctcactgag gaagatctcg agcctaacat catcgtgaag 1980
tcttgctgcg gatctaggaa gaagggaaag tcatctaaga agtacaacta cgagaagaga 2040
aggggaatca acaggtctga ttctaacgct ccactcttca acatggaaga tatcgatgag 2100
ggattcgagg gatacgatga tgagagatca atcctcatgt ctcagagatc tgtggaaaag 2160
aggttcggac agtctcctgt gttcattgct gcaaccttca tggaacaggg tggaatccct 2220
cctactacta accctgctac tctcctcaaa gaagctatcc acgttatctc ttgcggatac 2280
gaggataaga ccgagtgggg aaaagaaatc ggatggatct acggatctgt gaccgaggat 2340
atcttgaccg gattcaagat gcacgctagg ggatggatca gtatctactg caatcctcct 2400
aggcctgctt tcaagggatc tgctccaatc aacctctcag ataggctcaa ccaggttctc 2460
agatgggcac ttggatctat cgagatcctc cttagtaggc actgccctat ctggtacgga 2520
taccacggta gacttagact cctcgagagg atcgcttaca tcaacaccat cgtgtaccct 2580
atcacctcta tcccacttat cgcttactgc atccttcctg ctttctgcct catcaccgat 2640
agattcatca tccctgagat ctctaactac gcttctatct ggttcatcct ccttttcatc 2700
tcaatcgctg tgaccggaat cctcgagctt agatggtctg gtgtgtctat cgaggattgg 2760
tggaggaatg agcagttctg ggttatcgga ggaacttctg ctcatctctt cgctgttttc 2820

cagggactcc ttaaggttct cgctggaatt gataccaact tcactgtgac ctcaaaggct 2880
accgatgagg atggtgattt cgctgagctt tacatcttca agtggaccgc tctcctcatc 2940
cctccaacaa ctgttctcct cgttaacctc atcggaatcg tggctggtgt ttcttacgct 3000
gtgaactctg gttaccagtc ttggggacca ctcttcagaa agcttttctt cgctctttgg 3060
gtgatcgcac acctctaccc attccttaag ggacttctcg gaaggcagaa caggactcct 3120
actatcgtta tcgtgtggtc tgtgctcctc gcttcaatct tctcattgct ctgggtgaga 3180
atcaaccctt tcgtggatgc taaccctaac gctaacaact tcaacggaaa aggtggtgtg 3240
ttctga 3246

<210> 74
<211> 3198
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 74

atggaatctg aaggtgaaac tgctggaaag cctatgaaga acatcgtgcc tcagacttgc 60
cagatctgct ctgataacgt gggaaagacc gtggatggtg atagattcgt ggcttgcgat 120
atctgctcat tccctgtgtg tagaccttgc tacgagtacg agaggaagga tggaaaccag 180
tcttgtcctc agtgcaagac cagatacaag aggctcaagg gatctcctgc tatccctggt 240
gataaggatg aggatggact tgctgatgag ggaaccgttg agttcaacta ccctcagaaa 300
gagaagatct ctgagaggat gctcggatgg catctcacta gaggtaaggg tgaagaaatg 360
ggagagcctc agtacgataa ggaagtgtct cataaccacc tccctaggct cacctctaga 420
caggatactt ctggtgagtt ctctgctgct tctcctgaga ggctctctgt gtcatctact 480
atcgctggtg gaaagaggct cccttactct tctgatgtga accagtctcc taacagaagg 540
atcgttgatc ctgttggact cggaaacgtg gcatggaaag aaagagtgga tggatggaag 600
atgaagcaag agaagaacac cggacctgtg tctactcaag ctgcttctga aaggggtggt 660
gtggatatcg atgcttctac cgatatcctc gcagatgagg cacttctcaa cgatgaggct 720
agacagccac tctctaggaa ggtgtcaatc ccatcttcta ggatcaaccc ttacagaatg 780
gtgatcatgc tcaggctcgt tatcctctgc ttgttcctcc actacaggat cactaaccct 840
gtgcctaacg ctttcgctct ctggctcgtt tctgttatct gcgagatctg gttcgcactc 900
tcttggatcc ttgatcagtt ccctaagtgg ttccctgtga acagagagac ttacctcgat 960
agactcgctc tcaggtacga tagagagggt gagccttctc aactcgctgc agttgatatc 1020
ttcgtgtcta ccgtggatcc tctcaaagag cctcctctcg ttactgctaa caccgtgctt 1080
tctatcctcg ctgtggatta ccctgtggat aaggtgtcat gctacgtgtc agatgatggt 1140
gctgctatgc tctcattcga gtctctcgct gagacttctg agttcgctag aaagtgggtg 1200
ccattctgca agaagtactc tatcgaacct agggctcctg agtggtactt cgctgctaag 1260
atcgattacc tcaaggataa ggttcagacc tctttcgtga aggatagaag ggctatgaag 1320
agagagtacg aagagttcaa gatcagaatc aacgctctcg tgtctaaggc tctcaagtgt 1380
cctgaagagg gatgggttat gcaggatgga actccttggc ctggaaacaa cactagagat 1440
caccctggaa tgatccaggt gttccttgga caaaacggtg gattggatgc tgagggaaac 1500
gagcttccta gactcgtgta cgtgtcaaga gaaaagaggc ctggattcca gcaccacaag 1560
aaagctggtg ctatgaacgc tcttgtgagg gtttcagctg tgctcactaa cggacctttc 1620
atcctcaacc tcgattgcga tcactacatc aacaactcta aggcactcag ggaagctatg 1680
tgcttcctca tggatcctaa cctcggaaag caggtttgct acgttcagtt cccacagagg 1740
ttcgatggaa tcgataagaa cgataggtac gctaatagga acaccgtgtt cttcgatatc 1800
aacctcagag gactcgatgg tatccaggga cctgtttacg ttggaactgg atgcgtgttc 1860
aacaggactg ctctttacgg atacgagcct cctatcaagg tgaagcacaa gaagccttca 1920
ctcctcagta agctctgcgg aggatctagg aagaagaact caaaggctaa gaaagagagt 1980
gataagaaga agtctggaag gcacaccgat tctaccgtgc ctgtgttcaa ccttgatgat 2040
attgaagagg gtgttgaggg tgctggattc gatgatgaga aagctctcct catgtctcag 2100
atgtctctcg agaagaggtt cggacagtct gctgtgttcg ttgcttcaac cctcatggaa 2160
aatggtggtg tgcctccttc tgctacccct gaaaaccttc ttaaagaggc tattcacgtt 2220
atctcttgcg gttacgagga taagtctgat tggggaatgg aaatcggatg gatctacgga 2280
tctgtgaccg aggatattct caccggattc aagatgcacg ctaggggttg gagatctatc 2340

tactgcatgc ctaagctccc tgctttcaag ggttctgctc caatcaacct ctctgatagg 2400
ctcaaccagg ttctcagatg ggctttggga tctgttgaga tcctcttcag taggcactgc 2460
cctatctggt acggatacaa cggtagactc aagttcctcg agaggttcgc ttacgtgaac 2520
actaccatct accctattac ctctatccct ctcttgatgt actgcaccct tcctgctgtt 2580
tgcctcttca ccaaccagtt catcatccct cagatctcta acattgcttc tatctggttc 2640
ctcagtctct tcctctcaat cttcgctacc ggaatccttg agatgaggtg gtctggtgtg 2700
ggaattgatg agtggtggag aaatgagcag ttctgggtta tcggtggtgt gtctgctcat 2760
ctcttcgctg ttttccaggg aatcctcaag gttctcgctg gaattgatac caacttcacc 2820
gtgacctcta aggcttctga tgaagatggt gatttcgctg agctttacct cttcaagtgg 2880
actaccctcc ttatccctcc tacaacactc ctcatcgtga acctcgttgg agttgtggct 2940
ggtgtgtcat acgctatcaa ctctggttac cagtcatggg gaccactctt cggaaagctt 3000
ttcttcgctt tctgggtgat cgtgcacctc tacccattcc ttaagggact catgggtaga 3060
cagaacagga ctcctactat cgttgtggtg tggtctgtgc tcctcgcttc aatcttctca 3120
ctcctctggg tgagaatcga tccattcact tctagagtga ccggtcctga tatcttggag 3180
tgcggaatca actgctga 3198

<210> 75
<211> 3198
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 75

atggaatctg aaggtgaaac tgctggaaag cctatgaaga acatcgtgcc tcagacttgc 60
cagatctgct ctgataacgt gggaaagacc gtggatggtg atagattcgt ggcttgcgat 120
atctgctcat tccctgtgtg tagaccttgc tacgagtacg agaggaagga tggaaaccag 180
tcttgtcctc agtgcaagac cagatacaag aggctcaagg gatctcctgc tatccctggt 240
gataaggatg aggatggact tgctgatgag ggaaccgttg agttcaacta ccctcagaaa 300
gagaagatct ctgagaggat gctcggatgg catctcacta gaggtaaggg tgaagaaatg 360
ggagagcctc agtacgataa ggaagtgtct cataaccacc tccctaggct cacctctaga 420
caggatactt ctggtgagtt ctctgctgct tctcctgaga ggctctctgt gtcatctact 480
atcgctggtg gaaagaggct cccttactct tctgatgtga accagtctcc taacagaagg 540
atcgttgatc ctgttggact cggaaacgtg gcatggaaag aaagagtgga tggatggaag 600
atgaagcaag agaagaacac cggacctgtg tctactcaag ctgcttctga aaggggtggt 660
gtggatatcg atgcttctac cgatatcctc gcagatgagg cacttctcaa cgatgaggct 720
agacagccac tctctaggaa ggtgtcaatc ccatcttcta ggatcaaccc ttacagaatg 780
gtgatcatgc tcaggctcgt tatcctctgc ttgttcctcc actacaggat cactaaccct 840
gtgcctaacg ctttcgctct ctggctcgtt tctgttatct gcgagatctg gttcgcactc 900
tcttggatcc ttgatcagtt ccctaagtgg ttccctgtga acagagagac ttacctcgat 960
agactcgctc tcaggtacga tagagagggt gagccttctc aactcgctgc agttgatatc 1020
ttcgtgtcta ccgtggatcc tctcaaagag cctcctctcg ttactgctaa caccgtgctt 1080
tctatcctcg ctgtggatta ccctgtggat aaggtgtcat gctacgtgtc agatgatggt 1140
gctgctatgc tctcattcga gtctctcgct gagacttctg agttcgctag aaagtgggtg 1200
ccattctgca agaagtactc tatcgaacct agggctcctg agtggtactt cgctgctaag 1260
atcgattacc tcaaggataa ggttcagacc tctttcgtga aggatagaag ggctatgaag 1320
agagagtacg aagagttcaa gatcagaatc aacgctctcg tgtctaaggc tctcaagtgt 1380
cctgaagagg gatgggttat gcaggatgga actccttggc ctggaaacaa cactagagat 1440
caccctggaa tgatccaggt gttccttgga caaaacggtg gattggatgc tgagggaaac 1500
gagcttccta gactcgtgta cgtgtcaaga gaaaagaggc ctggattcca gcaccacaag 1560
aaagctggtg ctatgaacgc tcttgtgagg gtttcagctg tgctcactaa cggacctttc 1620
atcctcaacc tcgattgcga tcactacatc aacaactcta aggcactcag ggaagctatg 1680
tgcttcctca tggatcctaa cctcggaaag caggtttgct acgttcagtt cccacagagg 1740
ttcgatggaa tcgataagaa cgataggtac gctaatagga acaccgtgtt cttcgatatc 1800
aacctcagag gactcgatgg tatccaggga cctgtttacg ttggaactgg atgcgtgttc 1860
aacaggactg ctctttacgg atacgagcct cctatcaagg tgaagcacaa gaagccttca 1920

ctcctcagta agctctgcgg aggatctagg aagaagaact caaaggctaa gaaagagagt 1980
gataagaaga agtctggaag gcacaccgat tctaccgtgc ctgtgttcaa ccttgatgat 2040
attgaagagg gtgttgaggg tgctggattc gatgatgaga aagctctcct catgtctcag 2100
atgtctctcg agaagaggtt cggacagtct gctgtgttcg ttgcttcaac cctcatggaa 2160
aatggtggtg tgcctccttc tgctaccct gaaaaccttc ttaaagaggc tattcacgtt 2220
atctcttgcg gttacgagga taagtctgat tggggaatgg aaatcggatg gatctacgga 2280
tctgtgaccg aggatattct caccggattc aagatgcacg ctaggggttg gagatctatc 2340
tactgcatgc ctaagctccc tgctttcaag ggttctgctc caatcaacct ctctgatagg 2400
ctcaaccagg ttctcagatg ggctttggga tctgttgaga tcctcttcag taggcactgc 2460
cctatctggt acggatacaa cggtagactc aagttcctcg agaggttcgc ttacgtgaac 2520
actaccatct accctattac ctctatccct ctcttgatgt actgcaccct tcctgctgtt 2580
tgcctcttca ccaaccagtt catcatccct cagatctcta acattgcttc tatctggttc 2640
ctcagtctct tcctctcaat cttcgctacc ggaatccttg agatgaggtg gtctggtgtg 2700
ggaattgatg agtggtggag aaatgagcag ttctgggtta tcggtggtgt gtctgctcat 2760
ctcttcgctg ttttccaggg aatcctcaag gttctcgctg gaattgatac caacttcacc 2820
gtgacctcta aggcttctga tgaagatggt gatttcgctg agctttacct cttcaagtgg 2880
actaccctcc ttatccctcc tacaacactc ctcatcgtga acctcgttgg agttgtggct 2940
ggtgtgtcat acgctatcaa ctctggttac cagtcatggg gaccactctt cggaaagctt 3000
ttcttcgctt tctgggtgat cgtgcacctc tacccattcc ttaagggact catgggtaga 3060
cagaacagga ctcctactat cgttgtggtg tggtctgtgc tcctcgcttc aatcttcttg 3120
ctcctctggg tgagaatcga tccattcact tctagagtga ccggtcctga tatcttggag 3180
tgcggaatca actgctga 3198

<210> 76
<211> 3198
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 76

atggaatctg aaggtgaaac tgctggaaag cctatgaaga acatcgtgcc tcagacttgc 60
cagatctgct ctgataacgt gggaaagacc gtggatggtg atagattcgt ggcttgcgat 120
atctgctcat tccctgtgtg tagaccttgc tacgagtacg agaggaagga tggaaaccag 180
tcttgtcctc agtgcaagac cagatacaag aggctcaagg gatctcctgc tatccctggt 240
gataaggatg aggatggact tgctgatgag ggaaccgttg agttcaacta ccctcagaaa 300
gagaagatct ctgagaggat gctcggatgg catctcacta gaggtaaggg tgaagaaatg 360
ggagagcctc agtacgataa ggaagtgtct cataaccacc tccctaggct cacctctaga 420
caggatactt ctggtgagtt ctctgctgct tctcctgaga ggctctctgt gtcatctact 480
atcgctggtg gaaagaggct cccttactct tctgatgtga accagtctcc taacagaagg 540
atcgttgatc ctgttggact cggaaacgtg gcatggaaag aaagagtgga tggatggaag 600
atgaagcaag agaagaacac cggacctgtg tctactcaag ctgcttctga aaggggtggt 660
gtggatatcg atgcttctac cgatatcctc gcagatgagg cacttctcaa cgatgaggct 720
agacagccac tctctaggaa ggtgtcaatc ccatcttcta ggatcaaccc ttacagaatg 780
gtgatcatgc tcaggctcgt tatcctctgc ttgttcctcc actacaggat cactaaccct 840
gtgcctaacg ctttcgctct ctggctcgtt tctgttatct gcgagatctg gttcgcactc 900
tcttggatcc ttgatcagtt ccctaagtgg ttccctgtga acagagagac ttacctcgat 960
agactcgctc tcaggtacga tagagagggt gagccttctc aactcgctgc agttgatatc 1020
ttcgtgtcta ccgtggatcc tctcaaagag cctcctctcg ttactgctaa caccgtgctt 1080
tctatcctcg ctgtggatta ccctgtggat aaggtgtcat gctacgtgtc agatgatggt 1140
gctgctatgc tctcattcga gtctctcgct gagacttctg agttcgctag aaagtgggtg 1200
ccattctgca agaagtactc tatcgaacct agggctcctg agtggtactt cgctgctaag 1260
atcgattacc tcaaggataa ggttcagacc tctttcgtga aggatagaag ggctatgaag 1320
agagagtacg aagagttcaa gatcagaatc aacgctctcg tgtctaaggc tctcaagtgt 1380
cctgaagagg gatgggttat gcaggatgga actccttggc ctggaaacaa cactagagat 1440
caccctggaa tgatccaggt gttccttgga caaaacggtg gattggatgc tgagggaaac 1500

```
gagcttccta gactcgtgta cgtgtcaaga gaaaagaggc ctggattcca gcaccacaag     1560
aaagctggtg ctatgaacgc tcttgtgagg gtttcagctg tgctcactaa cggacctttc     1620
atcctcaacc tcgattgcga tcactacatc aacaactcta aggcactcag ggaagctatg     1680
tgcttcctca tggatcctaa cctcggaaag caggtttgct acgttcagtt cccacagagg     1740
ttcgatggaa tcgataagaa cgataggtac gctaatagga acaccgtgtt cttcgatatc     1800
aacctcagag gactcgatgg tatccaggga cctgtttacg ttggaactgg atgcgtgttc     1860
aacaggactg ctctttacgg atacgagcct cctatcaagg tgaagcacaa gaagccttca     1920
ctcctcagta agctctgcgg aggatctagg aagaagaact caaaggctaa gaaagagagt     1980
gataagaaga agtctggaag gcacaccgat tctaccgtgc ctgtgttcaa ccttgatgat     2040
attgaagagg gtgttgaggg tgctggattc gatgatgaga aagctctcct catgtctcag     2100
atgtctctcg agaagaggtt cggacagtct gctgtgttcg ttgcttcaac cctcatggaa     2160
aatggtggtg tgcctccttc tgctacccct gaaaaccttc ttaaagaggc tattcacgtt     2220
atctcttgcg gttacgagga taagtctgat tggggaatgg aaatcggatg gatctacgga     2280
tctgtgaccg aggatattct caccggattc aagatgcacg ctaggggttg gagatctatc     2340
tactgcatgc ctaagctccc tgctttcaag ggttctgctc caatcaacct ctctgatagg     2400
ctcaaccagg ttctcagatg ggctttggga tctgttgaga tcctcttcag taggcactgc     2460
cctatctggt acggatacaa cggtagactc aagttcctcg agaggttcgc ttacgtgaac     2520
actaccatct accctattac ctctatccct ctcttgatgt actgcaccct tcctgctgtt     2580
tgcctcttca ccaaccagtt catcatccct cagatctcta acattgcttc tatctggttc     2640
ctcagtctct tcctctcaat cttcgctacc ggaatccttg agatgaggtg gtctggtgtg     2700
ggaattgatg agtggtggag aaatgagcag ttctgggtta tcggtggtgt gtctgctcat     2760
ctcttcgctg ttttccaggg aatcctcaag gttctcgctg gaattgatac caacttcacc     2820
gtgacctcta aggcttctga tgaagatggt gatttcgctg agctttacct cttcaagtgg     2880
actaccctcc ttatccctcc tacaacactc ctcatcgtga acctcgttgg agttgtggct     2940
ggtgtgtcat acgctatcaa ctctggttac cagtcatggg gaccactctt cgataagctt     3000
ttcttcgctt tctgggtgat cgtgcacctc tacccattcc ttaagggact catgggtaga     3060
cagaacagga ctcctactat cgttgtggtg tggtctgtgc tcctcgcttc aatcttctca     3120
ctcctctggg tgagaatcga tccattcact tctagagtga ccggtcctga tatcttggag     3180
tgcggaatca actgctga                                                   3198
```

<210> 77
<211> 3198
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 77

```
atggaatctg aaggtgaaac tgctggaaag cctatgaaga acatcgtgcc tcagacttgc       60
cagatctgct ctgataacgt gggaaagacc gtggatggtg atagattcgt ggcttgcgat      120
atctgctcat tccctgtgtg tagaccttgc tacgagtacg agaggaagga tggaaaccag      180
tcttgtcctc agtgcaagac cagatacaag aggctcaagg gatctcctgc tatccctggt      240
gataaggatg aggatggact tgctgatgag ggaaccgttg agttcaacta ccctcagaaa      300
gagaagatct ctgagaggat gctcggatgg catctcacta gaggtaaggg tgaagaaatg      360
ggagagcctc agtacgataa ggaagtgtct cataaccacc tccctaggct cacctctaga      420
caggatactt ctggtgagtt ctctgctgct tctcctgaga ggctctctgt gtcatctact      480
atcgctggtg gaaagaggct cccttactct tctgatgtga accagtctcc taacagaagg      540
atcgttgatc ctgttggact cggaaacgtg gcatggaaag aaagagtgga tggatggaag      600
atgaagcaag agaagaacac cggacctgtg tctactcaag ctgcttctga aaggggtggt      660
gtggatatcg atgcttctac cgatatcctc gcagatgagg cacttctcaa cgatgaggct      720
agacagccac tctctaggaa ggtgtcaatc ccatcttcta ggatcaaccc ttacagaatg      780
gtgatcatgc tcaggctcgt tatcctctgc ttgttcctcc actacaggat cactaaccct      840
gtgcctaacg ctttcgctct ctggctcgtt tctgttatct gcgagatctg gttcgcactc      900
tcttggatcc ttgatcagtt ccctaagtgg ttccctgtga acagagagac ttacctcgat      960
agactcgctc tcaggtacga tagagagggt gagccttctc aactcgctgc agttgatatc     1020
ttcgtgtcta ccgtggatcc tctcaaagag cctcctctcg ttactgctaa caccgtgctt     1080
```

tctatcctcg ctgtggatta ccctgtggat aaggtgtcat gctacgtgtc agatgatggt 1140
gctgctatgc tctcattcga gtctctcgct gagacttctg agttcgctag aaagtgggtg 1200
ccattctgca agaagtactc tatcgaacct agggctcctg agtggtactt cgctgctaag 1260
atcgattacc tcaaggataa ggttcagacc tctttcgtga aggatagaag ggctatgaag 1320
agagagtacg aagagttcaa gatcagaatc aacgctctcg tgtctaaggc tctcaagtgt 1380
cctgaagagg gatgggttat gcaggatgga actccttggc ctggaaacaa cactagagat 1440
caccctggaa tgatccaggt gttccttgga caaaacggtg gattggatgc tgagggaaac 1500
gagcttccta gactcgtgta cgtgtcaaga gaaaagaggc ctggattcca gcaccacaag 1560
aaagctggtg ctatgaacgc tcttgtgagg gtttcagctg tgctcactaa cggacctttc 1620
atcctcaacc tcgattgcga tcactacatc aacaactcta aggcactcag ggaagctatg 1680
tgcttcctca tggatcctaa cctcggaaag caggtttgct acgttcagtt cccacagagg 1740
ttcgatggaa tcgataagaa cgataggtac gctaatagga acaccgtgtt cttcgatatc 1800
aacctcagag gactcgatgg tatccaggga cctgtttacg ttggaactgg atgcgtgttc 1860
aacaggactg ctctttacgg atacgagcct cctatcaagg tgaagcacaa gaagccttca 1920
ctcctcagta agctctgcgg aggatctagg aagaagaact caaaggctaa gaaagagagt 1980
gataagaaga agtctggaag gcacaccgat tctaccgtgc ctgtgttcaa ccttgatgat 2040
attgaagagg gtgttgaggg tgctggattc gatgatgaga aagctctcct catgtctcag 2100
atgtctctcg agaagaggtt cggacagtct gctgtgttcg ttgcttcaac cctcatggaa 2160
aatggtggtg tgcctccttc tgctacccct gaaaaccttc ttaaagaggc tattcacgtt 2220
atctcttgcg gttacgagga taagtctgat tggggaatgg aaatcggatg gatctacgga 2280
tctgtgaccg aggatattct caccggattc aagatgcacg ctaggggttg gagatctatc 2340
tactgcatgc ctaagctccc tgctttcaag ggttctgctc caatcaacct ctctgatagg 2400
ctcaaccagg ttctcagatg ggctttggga tctgttgaga tcctcttcag taggcactgc 2460
cctatctggt acggatacaa cggtagactc aagttcctcg agaggttcgc ttacgtgaac 2520
actaccatct accctattac ctctatccct ctcttgatgt actgcaccct tcctgctgtt 2580
tgcctcttca ccaaccagtt catcatccct cagatctcta acattgcttc tatctggttc 2640
ctcagtctct tcctctcaat cttcgctacc ggaatccttg agatgaggtg gtctggtgtg 2700
ggaattgatg agtggtggag aaatgagcag ttctgggtta tcggtggtgt gtctgctcat 2760
ctcttcgctg ttttccaggg aatcctcaag gttctcgctg gaattgatac caacttcacc 2820
gtgacctcta aggcttctga tgaagatggt gatttcgctg agctttacct cttcaagtgg 2880
actaccctcc ttatccctcc tacaacactc ctcatcgtga acctcgttgg agttgtggct 2940
ggtgtgtcat acgctatcaa ctctggttac cagtcatggg gaccactctt cggaaagctt 3000
ttcttcgctt tctgggtgat cgtgcacctc tacccattcc ttaagggact catgggtaga 3060
cagaacagga ctcctactat cgttgtggtg tggtctgtgc tcctcgcttt tatcttctca 3120
ctcctctggg tgagaatcga tccattcact tctagagtga ccggtcctga tatcttggag 3180
tgcggaatca actgctga 3198

<210> 78
<211> 24
<212> PRT
<213> Nhân tạo

<220>
<223> Motif 1a

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (1)..(1)
<223> / thay thế = "Ile"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (2)..(2)
<223> / thay thế = "Val"

<220>
<221> BIẾN THỂ

<222> (4)..(4)
<223> / thay thế = "Ile" hoặc "Phe"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (5)..(5)
<223> / thay thế = "Thr"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (6)..(6)
<223> / thay thế = "Asp", "Asn", hoặc "Ala"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (8)..(8)
<223> / thay thế = "Ile", hoặc "Leu"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (9)..(9)
<223> / thay thế = "Ser", hoặc "Gly"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (10)..(10)
<223> / thay thế = "Asn"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (12)..(12)
<223> / thay thế = "Phe", hoặc "Glu"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (13)..(13)
<223> / thay thế = "Asp", "Gly", "Glu", hoặc "His"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (14)..(14)
<223> / thay thế = "Ala"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (17)..(17)
<223> / thay thế = "Ala"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (19)..(19)
<223> / thay thế = "Met", hoặc "Leu"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (21)..(21)
<223> / thay thế = "Arg"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (22)..(22)
<223> / thay thế = "Val"

<220>

<221> BIẾN THỂ
<222> (23)..(23)
<223> / thay thế = "Leu"

<400> 78
Val Ala Gly Val Ser Tyr Ala Val Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly
1 5 10 15

Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe
20

<210> 79
<211> 24
<212> PRT
<213> Nhân tạo

<220>
<223> Motif 1b

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (1)..(1)
<223> / thay thế = "Ile"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (4)..(4)
<223> / thay thế = "Ile"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (6)..(6)
<223> / thay thế = "Asp" hoặc "Asn"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (8)..(8)
<223> / thay thế = "Ile"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (9)..(9)
<223> / thay thế = "Ser"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (10)..(10)
<223> / thay thế = "Asn"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (12)..(12)
<223> / thay thế = "Phe"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (13)..(13)
<223> / thay thế = "Asp"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (19)..(19)

<223> / thay thế = "Met" hoặc "Leu"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (21)..(21)
<223> / thay thế = "Arg"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (23)..(23)
<223> / thay thế = "Leu"

<400> 79
Val Ala Gly Val Ser Tyr Ala Val Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly
1 5 10 15

Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe
20

<210> 80
<211> 24
<212> PRT
<213> Nhân tạo

<220>
<223> Motif 1c

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (4)..(4)
<223> / thay thế = "Ile"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (8)..(8)
<223> / thay thế = "Ile"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (19)..(19)
<223> / thay thế = "Met"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (23)..(23)
<223> / thay thế = "Leu"

<400> 80
Val Ala Gly Val Ser Tyr Ala Val Asn Ser Gly Tyr Gln Ser Trp Gly
1 5 10 15

Pro Leu Phe Gly Lys Leu Phe Phe
20

<210> 81
<211> 20
<212> PRT
<213> Nhân tạo

<220>
<223> Motif 2a

<220>
<221> BIẾN THỂ

<222> (1)..(1)
<223> / thay thế = "Leu" hoặc "Ile"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (3)..(3)
<223> / thay thế = "Ala"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (4)..(4)
<223> / thay thế = "Ala" hoặc "Ile"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)..(7)
<223> / thay thế = "Ser"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (9)..(9)
<223> / thay thế = "Phe" hoặc "Val"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (10)..(10)
<223> / thay thế = "Leu"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (11)..(11)
<223> / thay thế = "Thr"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (12)..(12)
<223> / thay thế = "Val"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (13)..(13)
<223> / thay thế = "Met", "Val", hoặc "Ile"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (16)..(16)
<223> / thay thế = "Lys"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (17)..(17)
<223> / thay thế = "Val"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (18)..(18)
<223> / thay thế = "Asp"

<400> 81
Val Trp Ser Val Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg
1 5 10 15

Ile Asn Pro Phe
20

<210> 82
<211> 20
<212> PRT
<213> Nhân tạo

<220>
<223> Motif 2b

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (3)..(3)
<223> / thay thế = "Ala"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (4)..(4)
<223> / thay thế = "Ala" hoặc "Ile"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (7)..(7)
<223> / thay thế = "Ser"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (9)..(9)
<223> / thay thế = "Phe"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (10)..(10)
<223> / thay thế = "Leu"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (11)..(11)
<223> / thay thế = "Thr"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (13)..(13)
<223> / thay thế = "Met"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (16)..(16)
<223> / thay thế = "Lys"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (17)..(17)
<223> / thay thế = "Val"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (18)..(18)
<223> / thay thế = "Asp"

<400> 82
Val Trp Ser Val Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg
1 5 10 15

Ile Asn Pro Phe

20

<210> 83
<211> 20
<212> PRT
<213> Nhân tạo

<220>
<223> Motif 2c

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (3)..(3)
<223> / thay thế = "Ala"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (4)..(4)
<223> / thay thế = "Ala" hoặc "Ile"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (13)..(13)
<223> / thay thế = "Met"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (16)..(16)
<223> / thay thế = "Lys"

<220>
<221> BIẾN THỂ
<222> (18)..(18)
<223> / thay thế = "Asp"

<400> 83
Val Trp Ser Val Leu Leu Ala Ser Ile Phe Ser Leu Leu Trp Val Arg
1 5 10 15

Ile Asn Pro Phe
20